

SELEÇÃO DE TESTADORES COM AUXÍLIO DE RESULTADOS DE CRUZAMENTOS DIALÉLICOS.

Cleso Antonio Patto Pacheco¹, Manoel Xavier dos Santos¹, Elto Eugênio Gomes e Gama¹, Paulo Evaristo Oliveira Guimarães¹ e Sidney Netto Parentoni¹.

Palavras chave: topcrosses, CGC, CEC.

INTRODUÇÃO

O critério para seleção de genitores e híbridos pela metodologia de Griffing (1956) é baseado nos gi's e sij's. Segundo Cruz e Regazzi (1994), as estimativas dos efeitos da CGC (gi) proporcionam informações sobre a concentração de genes predominantemente aditivos em seus efeitos e tem sido de grande utilidade na indicação de genitores a serem utilizados em programas de melhoramento intrapopulacional. Os efeitos da CEC (sij), estimados como desvio de um híbrido em relação ao que seria esperado com base na CGC de seus genitores, são medidas dos efeitos gênicos não aditivos. Normalmente, interessa ao melhorista as combinações híbridas com estimativas de sij mais favorável, que envolvam pelo menos um dos genitores que tenha apresentado o mais alto efeito de gi. Pode-se, adicionalmente, analisar os dados dos $p(p-1)/2$ híbridos, resultantes do acasalamento entre p genitores, como se fossem dados de p topcrosses, e comparar os dados gerados pelos dois sistemas com o objetivo de verificar os efeitos que as diferenças nas freqüências alélicas e na dominância gênita podem exercer na escolha dos testadores.

Materiais e Métodos

Os dados utilizados nesse estudo referem-se a um dialelo de 28 populações de milho avaliado em dez ambientes, originalmente analisados pelo método 2, modelo 1, de Griffing, por Pacheco (1997). Para estimar as capacidades gerais de combinação do topcross (CGC) para cada uma das populações utilizadas como testadores de todas as 28, medida pela diferença entre a média do caráter exibido pelo cruzamento e a média de todos os cruzamentos com cada uma dessas populações, segundo Vencovsky (1978), foi utilizado o Microsoft Excell 1997. Foi criada uma planilha de 28 linhas por 28 colunas, com as médias de peso de espigas em kg/ha das 28 populações e seus 378 híbridos com as médias dos pais, Y_{ii} , na diagonal, dos F_1 's, Y_{ij} , abaixo da diagonal, sendo as posições dos recíprocos, Y_{ji} , acima da diagonal, ocupadas por seu valor correspondente na posição Y_{ij} . Abaixo das estimativas das CGC's, dispostas nas linhas, foram incluídas as estimativas dos parâmetros obtidas pela análise dialélica: gi (capacidade geral de combinação), sii (capacidade

¹ Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, Cx.P. 151, 35701-970, Sete Lagoas, MG. Enviar correspondência para CAPP: cleso@cnpms.embrapa.br

específica de combinação de uma população com ela mesma) e S0 (média da população em panmixia); as estimativas dos parâmetros genéticos estimados pela metodologia de Gardner (1965), citada por Vencovsky e Barriga (1992) para o estudo da depressão por endogamia: S1 (média das populações após uma geração e autofecundação), S0-S1 (depressão por endogamia), %endog (depressão por endogamia percentual) e u+a (médias das possíveis linhagens puras extraídas das populações) além das estimativas das médias dos cruzamentos ou topcrosses (mTC's). Em seguida foi gerada uma segunda tabela com as correlações simples (r^2) entre as CGC's e os parâmetros genéticos citados acima. Não foram feitas análises de variância ou topcrosses nem teste de significância para os coeficientes de regressão.

Resultados e discussão

As CGC's de maior magnitude dentro de cada topcross, valores em negrito dentro de cada linha da Tabela 1, variaram de 655 kg/ha, para a população Nitroflint no topcross da CMS 28 até 1553 kg/ha, para a BR 106 no topcross da CMS 50. Interessante mencionar que no dialelo a maior capacidade específica de combinação também resultou do cruzamento BR 106 x CMS 50, Pacheco et al. (2003, no prelo), indicando que, mesmo quando o testador tem base ampla, a CGC estimada em topcross pode ser fortemente influenciada pelos desvios devidos à dominância. Ainda assim, os efeitos aditivos parecem ter sido os mais fortes determinantes das CGC's uma vez que os cruzamentos com as populações de maiores gi's, BR 106 e BR 105, apresentaram as maiores CGC's em 17 dos 28 topcrosses (Tabela 1). Os parâmetros genéticos apresentados na parte de baixo da Tabela 1, discutidos por Pacheco et al. (2002), foram utilizados num estudo de correlações incluindo as médias das CGC's, cujas estimativas podem ser vistas na Tabela 2. Desconsiderando-se as já esperadas "correlações perfeitas" entre as médias das CGC's e os gi's e entre as médias das CGC's e as médias dos topcrosses (mTC's), observou-se que as populações (S0) de médias mais elevadas contribuíram para elevar as médias dos seus topcrosses ($r=0,8359$), indicando que, na escolha de um testador a produtividade é um fator importante. Embora um pouco mais baixa, $r=0,7364$, a correlação das CGC's com as médias da primeira geração de endogamia das populações (S1) mostra que a carga genética pode influenciar o desempenho do testador. As correlações com a capacidade específica de combinação das populações com ela mesma (sii), com o percentual de endogamia (%endog) e com as médias das possíveis linhagens puras extraídas das populações (u+a) foram todas muito baixas. As demais correlações apresentadas na parte baixa da tabela 2 foram bem discutidas por Pacheco et al. (2002), com destaque para a forte relação negativa ($r = -0,9839$) entre (u+a) e %endog. No entanto, é na parte superior da Tabela 2 que estão os resultados mais interessantes. Deve-se mencionar que as CGC's das populações com elas mesmas não foram consideradas no cálculo das correlações entre as médias das CGC's e os gi's. As

médias dessas correlações ratificam os resultados obtidos na parte baixa da Tabela 2. Para várias populações a correlação entre as CGC's e os gi's foi superior a 0,80 evidenciando a sua capacidade em discriminar as populações em função dos efeitos aditivos estimados no dialelo. A maior parte dessas populações, cujos coeficientes de correlação foram marcados em negrito (Tabela 2), tinham baixas freqüências de alelos favoráveis (gi's negativos ou baixos) com destaque para a BA III – Tusón com o segundo mais baixo gi do dialelo e à exceção da BR 106, a de maior gi (Tabela 1). Essas duas populações, só não são ideais para discutir o eleito da freqüência de alelos favoráveis na escolha do testador porque apresentaram uma baixa capacidade específica de combinação (sij), dado não apresentado, indicando que devem compartilhar parte da série de alelos desfavoráveis que condicionam a baixa produtividade da BA III – Tusón. Segundo Cruz e Vencovsky (1989), num dialelo, o sinal dos sii é um importante indicador da existência de dominância unidirecional e da heterose varietal no dialelo. Além disso, a população com o maior sii, a despeito de ser a mais divergente geneticamente, será aquela de maior contribuição para a heterose varietal, pela predominância de locos em heterozigose na média dos cruzamentos em que participou, sendo menos apropriada para o melhoramento intrapopulacional por apresentar baixa freqüência de alelos favoráveis. Isso é realçado quando esses sii's estiverem associados à grandes gi's negativos, como é o caso da população BA III – Tusón, sugerindo que essa população, dentre as 28 avaliadas, possui a mais elevada freqüência de locos em homozigose recessiva. Vencovsky (1978) comenta algumas situações onde variam as freqüências alélicas e as relações de dominância entre os locos nos testadores e nas populações. Cita que os testadores mais adequados parecem ser os de freqüência alélica menor que 0,5 porque nesse caso os efeitos de dominância também passarão a auxiliar na seleção do material. As populações BA III – Tusón e BR 106, apesar das diferenças nas freqüências alélicas apontadas pelo dialelo, foram igualmente eficientes em discriminar as populações quanto à sua CGC, como se pode observar pelos coeficientes de regressão na coluna 1 da Tabela 2. Entretanto, os topcrosses da BR 106 foram em média 1469 kg/ha mais produtivos que os da BA III – Tusón. Quanto ao aspecto do aproveitamento dos efeitos de dominância, na última coluna da Tabela 2, onde são apresentadas as correlações entre as CGC's e os sij's pode-se constatar que foram até mais importantes que os efeitos aditivos na explicação da CGC's, sobretudo quando a freqüência alélica do testador parece ser menor que 0,5, como na BA III – Tusón cujo coeficiente de correlação foi quase $r=0,9000$, ao contrário da BR 106 cuja freqüência alélica mais elevada parece ter contribuído para que essa correlação fosse inferior à da CGC's com os gi's. Os mesmos comentários podem ser feitos para a CMS 1, que apresentou resultados parecidos com os da BA III – Tusón, inclusive quanto aos parâmetros genéticos, com destaque para a menor %endog em relação às outras populações. A CMS 23, população de menor gi no dialelo, entretanto, foi um dos

piores testadores na discriminação dos gi's e, provavelmente contribuíram para isso sua alta carga genética e baixa heterose varietal. Alta freqüência de alelos favoráveis acompanhada somente por baixa carga genética, como na BR 105, também não foram características suficientes na discriminação das populações, provavelmente em função da baixa heterose varietal. Por outro lado os resultados da CMS 14C mostram que valores intermediários de gi e da heterose varietal foram suficientes para ser um bom testador quando a carga genética era baixa, embora tenham sido encontrados bons testadores com a carga genética elevada, com a BR 136 e a Nitrodent.

CONCLUSÕES

Estes resultados mostram que: o testador ideal para discriminar populações por suas capacidades de combinação pode ser uma população de baixa freqüência de alelos favoráveis desde que tenha uma baixa carga genética e alta heterose varietal; se esse testador ideal, além da baixa carga genética e eleva heterose varietal tiver alta freqüência de alelos favoráveis, poderá, além discriminar as populações, economizar tempo e aumentar a eficiência do processo seletivo; embora as capacidades gerais de combinação estimadas nos topcrosses sejam determinadas principalmente pelos efeitos aditivos, os efeitos dos desvios devidos à dominância não devem ser negligenciados e, para que possam ser explorados, os cruzamentos precisam ser orientados por grupos heteróticos bem definidos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CRUZ, C.D. e REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. UFV, Impr. Univ., Viçosa, MG, pp.390. 1994.
- CRUZ C.D. and VENCOVSKY R. **Comparação de alguns métodos de análise dialélica**. R. Bras. Genet., 12: 425-438. (1989).
- GRIFFING, B.A. **Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems**. Austr. J. Scie. 9:463-493. 1956.
- PACHECO, C.A.P. **Associação das metodologias de análise dialélica de Griffing e de análise de adaptabilidade e estabilidade de Eberhart e Russell**. PhD thesis, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 1997.
- PACHECO, C.A.P., SANTOS, M.X., CRUZ, C.D., PARENTONI, S.N., GUIMARÃES, P.E.O., GAMA, E.E.G., SILVA, A.E., CARVALHO, H.W.L., VIEIRA JÚNIOR, P.A. 2002. Inbreeding depression of 28 maize elite open pollinated varieties. Genetics and Molecular Biology, 25:441-448.

PACHECO, C.A.P., SANTOS, M.X., CRUZ, C.D., GUIMARÃES, P.E.O., PARENTONI, S.N., GAMA, E.E.G.. 2003. Topics on genetics of maize yield stability, *Crop Breeding and Applied biotechnology*. (no prelo).

VENCOVSKY,R. 1978. Herança quantitativa. In: **Melhoramento e Produção do Milho no Brasil**. Fundação Cargill, Campinas, pp.122-201.

VENCOVSKY, R., BARRIGA, p.1992. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: s.n., 496 p.

Tabela 1 – Capacidades gerais de combinação dos testadores (CGC's) das 28 populações e os gis (capacidade geral de combinação), sii (capacidade específica de combinação de uma população com ela mesma) e S0's (média da população em panmixia); S1's (média das populações após uma geração e autofecundação), S0-S1 (depressão por endogamia), %endog (depressão por endogamia percentual) e u+a (médias das possíveis linhagens puras extraídas das populações) além das estimativas das médias dos cruzamentos ou topcrosses (mTC's)

Populações	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
1 CMS 1	-1883	-367	327	340	153	40	702	-789	-151	-914	265	-480	-164	-435	165	833	-621	-347	503	755	484	507	384	372	-1328	414	305	930
2 CMS 2	-473	-1247	156	572	-604	-167	1482	-98	607	-138	49	173	-815	-1075	-302	114	-287	-196	107	865	185	566	-421	439	-681	455	221	513
3 CMS 3	34	-31	-870	-327	227	1328	492	-506	-136	-768	4	-771	-210	-862	393	595	-239	-359	66	-360	756	84	-8	467	-161	349	68	743
4 CMS 4N	-381	-43	-754	202	241	69	1304	-527	92	-139	726	-435	-889	-399	-539	279	-358	-782	193	124	-36	613	-292	371	-9	-190	390	1168
5 CMS 4C	-430	-1082	-63	378	-199	199	1254	-296	-161	-496	205	-134	-296	-365	-128	507	-1181	-494	379	340	224	265	90	-255	-214	355	736	861
6 BR 105	-963	-1064	619	-213	-220	526	902	-433	-589	-274	6	235	698	-1563	113	-338	-828	-52	45	22	313	899	-208	730	31	1009	292	304
7 BR 106	-673	213	-589	650	463	530	-218	-522	482	-168	513	-368	172	-956	-133	-120	117	-323	173	12	1032	167	-467	-557	-956	246	389	891
8 BR 107	-1032	-235	-456	-50	44	327	609	-284	-125	-108	291	-36	459	-721	-102	116	91	-396	-131	452	398	723	-85	424	-869	203	13	479
9 BR 111	-683	181	-375	280	-109	-118	1324	-414	-540	-267	627	-94	265	-1583	452	-4	-203	-401	-335	824	330	676	369	-442	-501	168	-69	640
10 BR 112	-1205	-322	-766	290	-203	438	915	-156	-25	-518	517	-875	491	99	562	117	-779	-226	-86	238	1316	-193	197	-900	-702	461	435	877
11 CMS 14C	-407	-517	-375	774	116	336	1215	-138	487	136	-529	-842	-487	-769	-411	-253	-1017	-72	525	-241	464	431	-329	75	-792	619	747	1254
12 CMS 15	-715	44	-713	50	214	1002	771	-28	203	-820	-406	87	-797	-749	503	67	-1077	505	-231	326	868	-33	279	182	-614	182	620	280
13 CMS 22	-496	-1040	-248	-500	-44	1369	1215	371	466	450	-146	-892	-895	-58	-847	358	93	-97	121	163	292	189	-224	-771	-258	493	710	225
14 CMS 23	-224	-758	-358	532	429	-350	630	-267	-841	600	114	-303	484	-1073	868	34	-334	-142	-960	463	605	525	-117	-12	-522	298	88	589
15 BR 126	-282	-642	240	-265	9	669	795	-306	537	406	-185	292	-962	210	-1722	725	97	407	-246	316	316	888	-308	-309	-522	157	-324	189
16 CMS 28	106	-507	161	273	364	-63	528	-368	-199	-319	-307	-424	-38	-904	445	-707	-792	222	186	104	616	270	-164	288	76	363	655	136
17 CMS 29	-741	-301	-65	243	-717	54	1372	214	210	-608	-464	-961	304	-665	424	-185	-468	449	-54	-251	708	581	398	598	-526	430	-191	218
18 CMS 30	-587	-329	-306	-301	-150	712	813	-392	-108	-175	361	501	-6	-592	614	710	329	-871	-132	174	520	-237	-287	-619	-542	157	235	32
19 BR 136	28	-262	-116	439	487	572	1072	-363	-278	-270	722	-471	-23	-1646	-275	438	-410	-366	-741	-271	471	464	75	170	-406	302	183	476
20 CMS 39	22	237	-800	111	190	290	653	-39	622	-205	-302	-172	-240	-481	-151	97	-865	-320	-529	-299	-64	814	-306	222	-418	815	549	570
21 CMS 50	-369	-562	196	-169	-46	1553	-213	8	753	283	-251	-231	-459	-91	489	-34	-94	93	-184	-811	533	-2311	-865	22	616	560	620	
22 Sintético Elite	-352	-186	-481	475	-10	1043	683	107	350	-760	245	-655	-339	-544	477	138	-158	-382	80	690	528	-104	-798	-384	-723	421	266	370
23 África do Sul ph4	177	-522	78	222	466	588	701	-49	694	281	137	308	-99	-534	-68	356	311	-255	343	221	-1665	-146	-1333	-497	-990	497	650	129
24 Cunha	-89	83	299	630	-132	1271	357	206	-371	-1070	286	-44	-901	-684	-323	554	257	-841	184	494	-473	13	-752	-1312	-691	494	1113	1443
25 BA III - Tusón	-1234	-481	226	806	464	1128	513	-532	126	-317	-25	-284	167	-638	19	898	-312	-209	163	410	970	230	-689	-136	-2668	194	721	492
26 Saracura	-390	-243	-162	-274	134	1207	817	-358	-105	-52	488	-386	20	-717	-201	286	-254	-408	-27	745	665	476	-100	151	-704	181	-149	-639
27 Nitroflint	-484	-461	-428	322	531	506	975	-532	-326	-63	631	67	253	-911	-666	593	-858	-314	-131	494	625	339	68	786	-161	-134	-182	-539
28 Nitrodent	-34	-345	73	925	481	343	1302	-241	209	204	963	-448	-408	-585	-329	-101	-626	-692	-13	340	510	264	-628	940	-567	-799	-714	-23
média das CGC's	-491	-385	-198	229	92	511	883	-248	41	-201	181	-256	-160	-702	-45	236	-372	-252	-16	242	362	367	-285	-30	-586	313	297	472
g's	-516	-392	-199	250	104	534	869	-228	43	-189	179	-222	-163	-692	-79	226	-355	-251	-18	246	345	373	-297	-51	-633	330	303	478
S0	4745	5487	6051	7551	7012	8157	7785	6587	6620	6400	6771	6951	6063	5345	5352	6648	6279	5996	6362	7062	6670	7382	5501	5777	3865	7613	7235	7569
S1	3104	2922	3719	3725	3475	4971	4424	2741	4176	3380	3813	3304	2867	2523	2547	3625	3109	2446	2953	3644	3266	3772	2432	2576	2119	3500	3360	3501
mTC's	6628	6734	6921	7348	7211	7630	8003	6871	7160	6919	7300	6864	6959	6417	7074	7355	6748	6867	7103	7362	7481	7486	6835	7089	6534	7432	7416	7592
sii's	-1320	-826	-648	-46	-293	-7	-1049	-55	-563	-318	-684	299	-707	-367	-1587	-901	-112	-599	-698	-527	-1116	-461	-1000	-1218	-1965	-144	-468	-484
%endog	35	47	39	51	50	39	43	58	37	47	44	52	53	53	52	45	50	59	54	48	51	49	56	55	45	54	54	54
So-S1	1641	2565	2332	3825	3538	3186	3361	3846	2443	3020	2958	3647	3197	2821	2805	3023	3171	3550	3409	3418	3404	3610	3070	3201	1747	4114	3875	4067
M. u+a	1462	357	1387	-100	-63	1785	1062	-1105	1733	360	856	-343	-330	-298	-258	602	-62	-1104	-457	226	-138	162	-638	-625	372	-614	-515	-566

Tabela 2 – Correlações simples (r^2) entre as capacidades gerais de combinação dos testadores (CGC's) das 28 populações e os gis (capacidade geral de combinação), sii (capacidade específica de combinação de uma população com ela mesma) e S0's (média da população em panmixia); S1's (média das populações após uma geração e autofecundação), S0-S1 (depressão por endogamia), %endog (depressão por endogamia percentual) e u+a (médias das possíveis linhagens puras extraídas das populações) além das estimativas das médias dos cruzamentos ou topcrosses (mTC's)

Populações	r^2 q'i's q'i	r^2 q'i's S0	r^2 q'i's S1	r^2 q'i's m TC	r^2 q'i's sii	r^2 q'i's % endog	r^2 q'i's S0-S1	r^2 q'i's u+a	r^2 q'i's sii's
1 CMS 1	0.7392	0.6203	0.3887	0.7446	0.1099	0.2211	0.5766	-0.1288	0.8456
2 CMS 2	0.7602	0.6529	0.5723	0.7629	0.1439	-0.0872	0.4352	0.1286	0.7944
3 CMS 3	0.6378	0.3518	0.3647	0.6518	-0.2480	-0.1066	0.1751	0.1606	0.7115
4 CMS 4N	0.6957	0.4972	0.4903	0.7065	-0.0602	-0.1515	0.2740	0.1862	0.7222
5 CMS 4C	0.8029	0.5913	0.4822	0.8035	-0.0220	-0.0184	0.4320	0.0581	0.7221
6 BR 105	0.6294	0.4702	0.3202	0.6490	-0.0311	0.1036	0.4102	-0.0562	0.8082
7 BR 106	0.7939	0.6668	0.5356	0.6566	0.3127	-0.0047	0.4959	0.0522	0.7053
8 BR 107	0.7925	0.7269	0.4964	0.7909	0.2392	0.1847	0.6326	-0.0847	0.5171
9 BR 111	0.7307	0.5073	0.3960	0.7230	-0.0644	0.0253	0.3893	0.0212	0.7608
10 BR 112	0.6670	0.5076	0.3168	0.6769	-0.0015	0.1866	0.4731	-0.1074	0.7981
11 CMS 14C	0.8264	0.6709	0.5054	0.7952	0.1327	0.0397	0.5343	-0.0018	0.8146
12 CMS 15	0.6793	0.5100	0.3404	0.6763	0.0037	0.1580	0.4522	-0.0722	0.7424
13 CMS 22	0.6155	0.5973	0.6239	0.6041	0.2586	-0.2041	0.2925	0.2802	0.7844
14 CMS 23	0.5023	0.4017	0.2038	0.5814	-0.0629	0.1724	0.4239	-0.1610	0.7273
15 BR 126	0.4946	0.5348	0.6054	0.4039	0.4167	-0.2711	0.2127	0.3265	0.7705
16 CMS 28	0.5974	0.2413	0.1264	0.5393	-0.2949	0.0784	0.2503	-0.0902	0.5774
17 CMS 29	0.5565	0.3185	0.1556	0.5863	-0.2195	0.2093	0.3423	-0.1374	0.7298
18 CMS 30	0.6745	0.5769	0.6015	0.6691	0.1339	-0.1894	0.2837	0.2688	0.6072
19 BR 136	0.8106	0.5653	0.5937	0.7930	-0.0545	-0.2353	0.2735	0.2703	0.7339
20 CMS 39	0.6704	0.5395	0.4622	0.6432	0.1016	-0.0709	0.3708	0.0890	0.6067
21 CMS 50	0.5920	0.5252	0.5825	0.5161	0.2476	-0.2825	0.2215	0.3012	0.8386
22 Sintético Elite	0.8151	0.6769	0.6548	0.7898	0.1506	-0.1614	0.3864	0.2329	0.6651
23 África do Sul ph4	0.3780	0.5611	0.6249	0.3834	0.4917	-0.3015	0.2338	0.3261	0.7894
24 Cunha	0.6173	0.6452	0.6180	0.5686	0.3927	-0.1959	0.3749	0.2119	0.8443
25 BA III - Tusón	0.8175	0.8242	0.6654	0.7748	0.4362	0.0281	0.6093	0.0701	0.8988
26 Saracura	0.7188	0.5825	0.6803	0.7215	0.0731	-0.2833	0.2096	0.3895	0.6244
27 Nitroflint	0.6518	0.4430	0.4478	0.6398	-0.0677	-0.1114	0.2327	0.1835	0.7030
28 Nitrodent	0.5844	0.3985	0.5548	0.5712	-0.0549	-0.3563	0.0493	0.4112	0.7671
Médias	0.6733	0.5430	0.4789	0.6580	0.0880	-0.0580	0.3588	0.1117	0.7361
	gl	S0	S1	mTC	sii	% endog	S0-S1	u+a	
CGC's	0.9988	0.8359	0.7364	1.0000	0.1527	-0.0885	0.5533	0.1706	
gi		0.8614	0.7506	0.9988	0.2003	-0.0785	0.5788	0.1625	
S0			0.7871	0.8359	0.6701	0.0391	0.7606	0.0522	
S1				0.7364	0.4214	-0.5782	0.1983	0.6570	
mTC					0.1527	-0.0885	0.5533	0.1706	
sii						0.1902	0.6213	-0.1367	
% endog							0.6707	-0.9839	
S0-S1								-0.6086	

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DA RESISTÊNCIA DA SOJA A *Cercospora sojina* Hara

**Geraldo de Amaral Gravina¹; Sebastião Martins Filho²; Carlos Sigueyuki Sedyiyama³,
Cosme Damião Cruz⁴ e Marcus Altoé⁵.**

Palavras-Chave: *Glycine max*, teste de escala conjunta, Mancha olho-de-rã

INTRODUÇÃO

No Brasil, as doenças são responsáveis por perdas na cultura da soja (*Glycine max* (L.) Merrill) de cerca dois bilhões de dólares anuais. Dentre essas doenças, a cercosporiose, também conhecida por mancha olho-de-rã, causada pelo fungo *Cercospora sojina* Hara tem-se destacado (Yorinori, 1997). Essa doença foi responsável por grandes perdas de soja no Brasil. Atualmente, está sob controle através de resistência genética e sua ocorrência é esporádica, sendo limitada ao Sul do Maranhão (Balsas) e Norte de Goiás (Niquelândia).

O uso de cultivares resistentes é o meio mais econômico e eficiente de controle da mancha olho-de-rã. O melhoramento de cultivares resistentes requer conhecimento dos mecanismos de herança do caráter. A avaliação da natureza e magnitude dos efeitos gênicos sobre os caracteres quantitativos associados com a resistência à *C. sojina* Hara, é de grande importância para o melhorista que visa incorporar genes de resistência em cultivares de soja. É fundamental investigar, na fração genética, quais as proporções que podem ser atribuídas aos fatores gênicos aditivos, dominantes e epistáticos. Essas avaliações estão intimamente relacionadas com os objetivos do melhoramento genético (Cruz e Regazzi, 2001).

Estimativas das porções relativas dos efeitos gênicos aditivos, dominantes e epistáticos, têm sido relatados para diversas culturas, usando os mais diversos tipos de híbridos e populações e variados procedimentos genético-estatísticos. Entre outras metodologias úteis nessa etapa do melhoramento tem-se a análise de gerações, a partir do estudo das médias e variâncias (Mather e Jinks, 1982).

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos associados à resistência da soja à *C. sojina* Hara, por meio da análise de gerações, denominada de teste de escala conjunta.

¹ Eng. Agrônomo, M.S., Estudante de Doutorado do Depto. de Fitotecnia, UFV, 36571-000 Viçosa, MG.

² Prof. Adjunto, D.S., Depto. de Engenharia Rural, CCAUFES, 29500-000 Alegre, ES.

³ Prof. Titular, Ph.D., Depto. de Fitotecnia, UFV, 36571-000 Viçosa, MG.

⁴ Prof. Titular, Ph.D., Depto. de Biologia Geral, UFV, 36571-000 Viçosa, MG.

⁵ Estudante de Iniciação Científica, CCAUFES, 29500-000 Alegre, ES