

HERANÇA DA RESISTÊNCIA DAS CULTIVARES DE SOJA FT-2 E DOURADOS À MANCHA PARDA (*Septoria glycines*)

Apoio: CAPES

Rodrigo Luis Brogin¹, Carlos Alberto Arrabal Arias², José Francisco Ferraz de Toledo³ e José Tadashi Yorinori⁴

¹Engº Agrº, Mestre, Bolsista CAPES, Universidade Estadual de Londrina, Caixa Postal 6001, CEP 86.051-970, Londrina, PR, e-mail: rodrigo@cnpso.embrapa.br.

²Engº Agrº, Doutor, Embrapa Soja, Caixa Postal 231, CEP 86.001-970, Londrina, PR, e-mail: arias@cnpso.embrapa.br.

³Engº Agrº, Doutor, Embrapa Soja, Caixa Postal 231, CEP 86.001-970, Londrina, PR, e-mail: toledo@cnpso.embrapa.br.

⁴Engº Agrº, Doutor, Embrapa Soja, Caixa Postal 231, CEP 86.001-970, Londrina, PR, e-mail: tadashi@cnpso.embrapa.br.

A ocorrência de doenças em soja tem aumentado nos últimos anos e vem provocando perdas severas nas lavouras, exigindo respostas rápidas da pesquisa no desenvolvimento e aplicação de técnicas de controle. Problemas com doenças importantes como a mancha olho-de-rã (*Cercospora sojina*) e o cancro da haste (*Diaporthe phaseolorum*) foram rapidamente solucionados com a incorporação de genes de resistência nas cultivares. Foi um processo rápido em função da herança genética relativamente simples e da existência de métodos eficientes de avaliação desenvolvidos pela pesquisa. Outros problemas, como as perdas provocadas pelo "complexo doenças de final de ciclo" e nematóides formadores de galhas, têm se agravado nos últimos anos.

Uma das doenças que ocorrem no final do ciclo da soja é a mancha parda, causada pelo fungo *Septoria glycines*, o qual está disseminado por todas as regiões brasileiras produtoras de soja, diferindo em importância de uma região para outra. A complexidade inerente dessa doença não tem permitido uma avaliação segura do nível de perdas provocado a campo. Embora pouco precisas, as estimativas de perdas são relativamente elevadas, variando muito em função do clima predominante na região, do ano avaliado e da variedade cultivada. Neste caso, existe variabilidade genética a ser explorada no melhoramento, mas o controle genético é complexo, o que exige um grande esforço da pesquisa para desenvolver métodos eficientes e seguros de avaliação dos sintomas e danos provocados.

O conhecimento dos efeitos genéticos que controlam uma característica é uma boa ferramenta para direcionar o programa de melhoramento para que se tenham ganhos no processo de seleção. Portanto, o objetivo deste trabalho foi estudar a herança da resistência das cultivares de soja Dourados e FT-2 à mancha parda e definir estratégias de avaliação para a doença e para a condução do programa de melhoramento para o caráter.

Dois experimentos foram realizados em casa-de-vegetação na Embrapa Soja, com avaliações nos estádios iniciais de crescimento da soja. O material genético utilizado incluiu duas cultivares consideradas tolerantes à mancha parda (FT-2 e Dourados) e duas suscetíveis (Davis e Paraná), além das gerações segregantes F2 e F3 derivadas dos cruzamentos entre as cultivares. Foi avaliado o nível de infecção nos três primeiros trifólios após a inoculação com o patógeno, utilizando-se uma escala de notas de zero a dez.

O caráter apresentou distribuição contínua, não sendo possível evidenciar a presença de genes maiores. Foram ajustados modelos genéticos às médias e variâncias das gerações. Nos modelos genéticos de média, predominaram efeitos aditivos [d] para cada trifólio avaliado e também para as análises da média dos trifólios na maioria dos cruzamentos. Dominância [h] no sentido de aumentar o nível de infecção foi observada principalmente no cruzamento FT-2 x Davis e também no cruzamento Paraná x Davis, não ocorrendo nos demais cruzamentos. Interação não alélica do tipo aditivo x aditivo foi observada com maior frequência no cruzamento Paraná x FT-2, no sentido da resistência (Tabela 1).

Os modelos genéticos de variância ajustados para cada trifólio comprovaram a complexidade do caráter, predominando efeitos não aditivos estimados como efeito de dominância (H) e também

como interação genótipo x microambiente (E1 e E2). A variância genética aditiva (D) foi significativa para todos os trifólios e para a média dos trifólios no cruzamento FT-2 x Davis. Ao se utilizar a média dos trifólios para o ajuste dos modelos genéticos de variância, os efeitos aditivos predominaram, desaparecendo os efeitos de dominância, de ligação gênica e de interação genótipo x microambiente, e confirmando a complexidade da herança, muito influenciada pelo microambiente e pelo tamanho da amostra utilizada nas estimativas (Tabela 2).

A herdabilidade, obtida nos cruzamentos envolvendo cultivares resistentes, variou de 14 % a 45 % nos trifólios avaliados individualmente, e de 35 % a 52 % na média dos trifólios (Tabela 2).

Portanto, pode-se concluir com este trabalho, que o caráter provavelmente é governado por vários genes de efeito menor, possui herdabilidade de média a baixa, e a seleção deve ser realizada utilizando sempre progênies a partir da geração F₃, podendo ser efetivada nos estádios iniciais de crescimento da soja.

É possível diminuir os efeitos não aditivos e melhorar a qualidade da informação, utilizando a média de trifólios, o que torna a seleção mais segura e efetiva. É importante salientar que, devido à grande influência ambiental, as avaliações para o caráter devem ser realizadas em casa-de-vegetação, para melhor controle das variações ambientais.

O cruzamento FT-2 x Dourados mostrou-se ser o mais promissor para o desenvolvimento de novos genótipos de soja resistentes à mancha parda.

Tabela 1. Parâmetros genéticos ajustados às médias da análise conjunta dos experimentos, para o nível de infecção por *S. glycines* no primeiro, segundo e terceiro trifólios e para a média do nível de infecção nos três trifólios, de seis cruzamentos de soja.

Parâmetros genéticos, teste de χ^2 , graus de liberdade e probabilidade	Paraná X FT-2	Paraná X Dourados	Paraná X Davis	FT-2 X Dourados	FT-2 X Davis	Dourados X Davis
1º Trifólio						
M	7,10 ± 0,15	7,35 ± 0,14	7,70 ± 0,24	5,31 ± 0,15	6,77 ± 0,16	6,67 ± 0,14
[d]	1,50 ± 0,33	-	-	1,11 ± 0,37	1,73 ± 0,31	0,76 ± 0,36
[h]	-	-	1,62 ± 0,72	-	-	-
[i]	-1,30 ± 0,36	-	-	-	-0,74 ± 0,35	-
[j]	-	-	-	-	-	-
χ^2	0,01	1,28	0,99	3,88	0,05	2,63
g.l.	1	3	2	2	1	2
P	0,93	0,73	0,61	0,14	0,83	0,27
2º Trifólio						
M	4,65 ± 0,13	5,13 ± 0,14	6,59 ± 0,12	3,30 ± 0,12	4,32 ± 0,26	5,08 ± 0,14
[d]	2,06 ± 0,31	1,08 ± 0,45	-	0,80 ± 0,30	1,89 ± 0,32	1,15 ± 0,41

[h]	-	-	-	-	1,93 ± 0,83	-
[i]	-	-	-	-	-	-
[j]	-	-	-	-	-	-
χ^2	3,78	2,83	1,11	0,41	0,02	0,28
g.l.	2	2	3	2	1	2
P	0,15	0,24	0,78	0,82	0,88	0,87
3º Trifólio						
M	4,93 ± 0,15	5,12 ± 0,15	6,83 ± 0,13	3,25 ± 0,11	5,03 ± 0,13	5,23 ± 0,15
[d]	1,87 ± 0,30	-	1,08 ± 0,33	1,30 ± 0,25	3,05 ± 0,24	1,81 ± 0,34
[h]	-	-	-	-	-	-
[i]	-1,21 ± 0,33	-	-	-	-	0,76 ± 0,37
[j]	-	-	-	-	-	-
χ^2	0,12	4,60	0,75	1,37	3,34	0,19
g.l.	1	3	2	2	2	1
P	0,72	0,20	0,69	0,50	0,19	0,66
Média dos Trifólios						
M	5,61 ± 0,11	5,84 ± 0,10	7,23 ± 0,09	3,95 ± 0,10	5,10 ± 0,17	5,70 ± 0,10
[d]	1,72 ± 0,20	0,62 ± 0,25	0,48 ± 0,21	1,04 ± 0,23	2,20 ± 0,20	1,31 ± 0,25
[h]	-	-	-	-	1,56 ± 0,60	-
[i]	-1,01 ± 0,23	-	-0,44 ± 0,23	-	-	-
[j]	-	-	-	-	-	-
χ^2	0,40	1,84	0,01	2,88	0,08	2,58
g.l.	1	2	1	2	1	2
P	0,53	0,40	0,92	0,24	0,78	0,28

Tabela 2. Parâmetros genéticos ajustados às variâncias da análise conjunta dos experimentos, para o nível de infecção por *S. glycines* no primeiro, segundo e terceiro trifólios e para a média do nível de infecção nos três trifólios, de seis cruzamentos de soja.

Parâmetros genéticos, teste de χ^2 , graus de liberdade, herdabilidade e probabilidade	Paraná X FT-2	Paraná X Dourados	Paraná X Davis	FT-2 X Dourados	FT-2 X Davis	Dourados X Davis
---	---------------	-------------------	----------------	-----------------	--------------	------------------

1º Trifólio						
D	-	-	-	-	2,35 ± 1,06	-
H	10,57 ± 4,80	-	-	-	-	-
H1	-	12,44 ± 5,33	-	-	-	-
E	5,76 ± 0,85	7,15 ± 0,63	5,42 ± 0,37	9,22 ± 0,65	7,16 ± 0,70	8,28 ± 0,57
c ²	0,02	4,31	3,48	3,02	4,45	3,90
Gl	3	3	4	4	3	4
P	0,99	0,23	0,48	0,55	0,22	0,42
h ²	38,22	45,01	10,15	28,54	38,81	14,97
2º Trifólio						
D	-	-	-	-	1,86 ± 0,93	-
H	-	9,99 ± 4,31	-	-	-	-
H1	-	-	7,41 ± 3,35	14,49 ± 4,30	-	-
E	-	-	-	-	-	7,90 ± 0,54
E1	12,21 ± 1,28	10,46 ± 2,27	10,44 ± 1,86	2,96 ± 0,75	3,60 ± 0,94	-
E2	3,14 ± 0,81	7,50 ± 1,85	6,73 ± 1,64	7,45 ± 1,07	15,15 ± 2,03	-
χ ²	4,60	5,08	5,84	2,03	4,37	3,81
Gl	3	2	2	2	2	4
P	0,20	0,08	0,05	0,36	0,11	0,43
h ²	27,00	40,37	2,16	42,69	30,54	29,73
3º Trifólio						
D	-	2,49 ± 1,14	-	-	2,14 ± 1,01	-
H	9,21 ± 4,70	-	-	-	-	11,18 ± 5,16
E	6,22 ± 0,86	8,11 ± 0,77	7,03 ± 0,48	-	-	6,39 ± 0,92
E1	-	-	-	2,41 ± 0,61	2,69 ± 0,69	-
E2	-	-	-	8,26 ± 0,91	11,26 ± 1,49	-
χ ²	7,85	3,41	2,14	2,17	6,11	2,30
Gl	3	3	4	3	2	3
P	0,05	0,33	0,71	0,54	0,05	0,51

h^2	13,87	43,36	0,00	21,47	33,33	35,45
Média dos Trifólios						
D	1,46 ± 0,57	1,83 ± 0,64	-	0,92 ± 0,45	2,09 ± 0,67	-
E	3,72 ± 0,36	3,68 ± 0,37	2,99 ± 0,20	3,42 ± 0,32	3,82 ± 0,39	4,66 ± 0,32
χ^2	8,01	3,86	3,48	6,06	7,47	8,83
Gl	3	3	4	3	3	4
P	0,05	0,28	0,48	0,11	0,06	0,07
h^2	35,47	52,08	0,00	36,35	42,55	35,02

