

TRANSFORMAÇÃO DE DADOS NAS ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DA RESISTÊNCIA DOS CULTIVARES DE SOJA UBERABA E BOSSIER À *Cercospora sojina* HARA¹

Geraldo de Amaral Gravina^{2,5}
Paulo Roberto Cecon³
Sebastião Martins Filho⁴
Carlos Sigueyuki Sedyama²

RESUMO

Foram estudados os efeitos da transformação de dados sobre a significância de parâmetros genéticos da herança da resistência da soja à *Cercospora sojina* Hara. As médias e variâncias das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RCS e RCR de um cruzamento envolvendo o cultivar resistente Uberaba e o suscetível Bossier foram avaliadas utilizando cinco características associadas com a doença: grau de infecção avaliado visualmente (GI); número de lesões por folíolo (NLF); diâmetro médio da lesão (DML); porcentagem de área foliar lesionada (PAFL); e índice de doença (ID). As transformações estudadas foram: raiz quadrada de (x), (x+1), (x+0,5) e (x+3/8) e logaritmo de (x+1). Os resultados evidenciaram que: a) as transformações de dados não alteraram as significâncias das estimativas dos parâmetros genéticos (m, a, d) de todos os caracteres estudados, exceto do caráter PAFL transformado em raiz quadrada de (x+1); b) a transformação logaritmo de (x+1) alterou a significância da interação aditivo-dominante (ad) nos caracteres GI, NLF e ID e da interação aditivo-aditivo (aa) no caráter PAFL; c) a transformação raiz quadrada de (x+1)

¹ Aceito para publicação em 31.10.2003.

² Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), 36570-000 Viçosa, Minas Gerais. E-mail: csedyama@ufv.br

³ Departamento de Informática, UFV. E-mail: cecon@dpi.ufv.br

⁴ Departamento de Engenharia Rural, Caufes, Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), 29500-000, Alegre, Espírito Santo. E-mail: smartins@npd.ufes.br.

⁵ Autor para correspondência. E-mail: gravina@escola24horas.com.br.

alterou a significância da interação ad no caráter GI e da interação aa no caráter PAFL; e d) os efeitos genéticos aditivos foram os mais importantes na determinação dos caracteres relacionados com a resistência da soja à cercosporiose, tanto com os dados transformados como com os não-transformados.

Palavras-chave: *Glycine max*, mudança de escala, análise de gerações, mancha-olho-de-rã.

ABSTRACT

DATA TRANSFORMATION ON THE ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS OF UBERABA AND BOSSIER SOYBEAN RESISTANCE TO *Cercospora sojina* HARA

The effect of data transformation on the estimates of genetic parameters of soybean resistance to *Cercospora sojina* Hara inheritance was studied. The means and variances of P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , backcross to the susceptible parent - RCS and backcross to the resistant parent - RCR populations of a cross involving the resistant (Uberaba - P_1) and the susceptible (Bossier - P_2) cultivars were evaluated for five characteristics associated with the disease: visually evaluated infection degree (GI), number of lesions per foliole (NLF), lesion mean diameter (DML), percentage of lesioned leaf area (PAFL) and disease index (ID). The studied transformations were: square root of (x) , $(x+1)$, $(x+0.5)$ and $(x+3/8)$ and logarithm of $(x+1)$. The results evidenced that: a) the transformations did not alter the significance of the estimated genetic parameters (m , a , d) for all evaluated characters, except for square root of $(x+1)$ of PAFL; b) the logarithm of $(x+1)$ transformation altered the significance of the additive-dominant interaction (ad) on GI, NLF and ID characters and the additive-additive interaction (aa) on PAFL character; c) the square root of $(x+1)$ transformation altered the significance of the ad interaction on GI character and of aa interaction on PAFL; and d) the additive genetic effects were the most important in the determination of all characters related with the resistance of soybean to frogeye leaf spot, both for the transformed and non-transformed data.

Key words: *Glycine max*, scale change, generation analysis, frogeye leaf spot.

INTRODUÇÃO

A mancha-olho-de-rã ou cercosporiose, uma das principais doenças foliares da soja, está entre os fatores que limitam a obtenção de altos rendimentos em soja. Atualmente, essa doença está sob controle através de resistência genética e sua ocorrência é esporádica, mas novas raças fisiológicas estão sujeitas a surgir (14).

O uso de cultivares resistentes e a incorporação de genes de resistência em cultivares comerciais suscetíveis são os meios mais

econômicos e eficientes de controle da mancha olho-de-rã (4, 9). Para essa finalidade, faz-se necessário conhecer o mecanismo de herança através da avaliação da natureza, magnitude e significância dos efeitos gênicos aditivos, dominantes e epistáticos que controlam os caracteres quantitativos (6).

Dentre os procedimentos genético-estatísticos úteis na estimação dos efeitos gênicos, tem-se a análise de gerações, a partir do estudo das médias e variâncias de diferentes populações. Um problema que surge na estimação é a distribuição amostral dos dados experimentais. Para estimar os parâmetros genéticos, não se requer normalidade dos dados, mas, para testar a significância dos efeitos do modelo, essa suposição faz-se necessária. Em experimentos dessa natureza, trabalha-se com muitas variáveis; em alguns casos, pode ser necessário a transformação de dados, de acordo com a natureza da sua distribuição.

A transformação logarítmica pode ser usada quando o desvio-padrão é proporcional à média e, quando a variância é proporcional à média, a transformação raiz quadrada pode ser adequada (3). Segundo Demétrio (7), podem-se utilizar as seguintes transformações, a fim de obter a estabilização das variâncias: arco seno, para variáveis binomiais; raiz quadrada, para as que seguem a distribuição de Poisson, com variância proporcional à média; transformação logarítmica, quando a variância é proporcional ao quadrado da média; e arco seno hiperbólico para variáveis binomiais negativas.

Trabalhando-se simultaneamente com dados provenientes de gerações segregantes (F_2 e RC) e gerações não-segregantes (genitores e F_1) num mesmo experimento, geralmente os dados não possuem variâncias homogêneas, podendo-se optar pela transformação dos dados para atender-se à pressuposição de homogeneidade de variância nos testes de significância, não havendo, entretanto, indicação definitiva de qual transformação deve ser utilizada. Essa transformação poderá afetar a significância das estimativas dos parâmetros genéticos nesse tipo de experimento (10).

O objetivo deste trabalho foi verificar as possíveis alterações que as transformações de dados podem trazer à significância das estimativas dos parâmetros genéticos da resistência da soja à *C. sojina* Hara, usando o método da análise de gerações, proposto por Mather e Jinks (10), também chamado de teste de escala conjunta.

MATERIAL E MÉTODOS

Avaliou-se a resistência dos genitores (P_1 e P_2) e das gerações F_1 , F_2 , RCS e RCR de um cruzamento envolvendo um cultivar de soja resistente

(Uberaba) e um suscetível (Bossier) ao fungo *Cercospora sojina* Hara. O experimento foi conduzido em casa de vegetação do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, onde as plantas de soja receberam a inoculação artificial do fungo. O número de plantas avaliadas em cada população foram os seguintes: 26 P₁, 26 P₂, 23 F₁, 124 F₂, 60 RCS e 45 plantas RCR. O delineamento experimental adotado foi o inteiramente casualizado.

A raça 04 de *C. sojina* foi obtida do Centro Nacional de Pesquisa de Soja – Embrapa, Londrina-PR. Sua multiplicação foi feita em placas de Petri, contendo, como meio de cultura, suco de tomate sem tempero (Superbom-agar), preparado semelhante ao V8-agar descrito por Veiga (13), substituindo-se apenas o V8 pelo suco de tomate.

O patógeno foi inoculado quando as plântulas apresentaram a terceira folha trifoliolada completamente desenvolvida, pulverizando-se cerca de 10 mL da suspensão de conídios por planta, na concentração de 40.000 conídios por mL. Imediatamente após a inoculação, os vasos foram levados à câmara úmida onde permaneceram por três dias com umidade relativa de, aproximadamente, 100%.

Vinte dias após a inoculação, quando os sintomas da doença já estavam estabelecidos, foram avaliadas as seguintes características: a) grau de infecção (GI) - em escala de notas visuais, sendo 1,0 - sem infecção aparente, e 5,0 - o grau máximo de infecção; b) número de lesões por folíolo (NLF) - no folíolo mais infectado da planta; c) diâmetro médio da lesão (DML) - média das 10 maiores lesões do folíolo mais infectado, em milímetros; d) porcentagem da área foliar lesionada (PAFL) - dividindo a área foliar lesionada pela área do folíolo e multiplicada por cem; e e) índice de doença (ID) - o número de lesões por folíolo multiplicado pelo quadrado do diâmetro médio de lesão (cm), ou seja, $ID = NLF \times DML^2$. Os itens de a) até e) foram calculados de acordo com metodologia utilizada por outros autores (4, 9, 13).

Os dados coletados foram analisados com e sem as transformações: raiz quadrada de (x); de (x+1), (x+0,5) e (x+3/8); e logaritmo de (x+1), sendo (x) o valor original da variável.

As análises genéticas da herança da resistência da soja à *C. sojina* baseadas nas médias e variâncias das gerações foram feitas pelo método de Mather e Jinks (10), usando o aplicativo GENES (5).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As transformações raiz quadrada de (x+0,5) e de (x+3/8) apresentaram os mesmos resultados da transformação raiz quadrada de

($x+1$) e, por isso, serão discutidos somente esta e a em logaritmo de ($x+1$). As médias, variâncias e variâncias das médias dos dados originais e transformados de cada um dos caracteres estudados encontram-se no Quadro 1. As médias dos caracteres avaliados em F_1 e em RCR posicionaram-se próximas às do genitor resistente (Uberaba), indicando dominância do(s) gene(s) da resistência ao fungo. As médias das gerações F_2 e RCS ficaram um pouco mais distantes da média do genitor resistente, como era de se esperar, porque em F_2 há o efeito da segregação dos genes e em RCS ocorre a expressão dos alelos recessivos. Observou-se alta variância da média para alguns caracteres, como número de lesões por folíolo (NLF). Porém, tanto a transformação raiz quadrada quanto a logarítmica reduziram a variância da média, principalmente do genitor de maior expressão dos sintomas da doença (P_1).

Após essas transformações, as gerações que apresentaram maiores variâncias foram a F_2 e a RCS, como era de se esperar. A alta variância (dados sem transformação), da variável NLF, pode ser devido ao fato das lesões coalescerem e dificultarem a avaliação do número de pontos lesionados em algumas folhas. Para outras características analisadas, obtiveram-se menores variâncias, como a nota do grau de infecção (GI), uma das características consideradas por vários autores (1, 2, 4, 9) como a mais confiável, apesar de ser subjetiva. A maior variância foi observada na população RCS e na F_2 , por ser a geração de maior segregação dos genes. Para GI, as transformações usadas reduziram as variâncias promovendo pequenas alterações no comportamento das mesmas.

As estimativas e a significância da hipótese de nulidade de cada parâmetro do modelo completo dos caracteres, para os dados com e sem transformação, encontram-se no Quadro 2. Pelo menos uma das interações não-alélicas foi significativa para todos os caracteres analisados, com transformação ou sem ela, exceto para os dados de PAFL transformados em logaritmo de ($x+1$), cujas interações não-alélicas não diferiram significativamente de zero, a 5% de probabilidade, pelo teste t. Assim, PAFL poderia ser analisada utilizando-se o modelo mais simples (aditivo-dominante), se os dados forem transformados.

QUADRO 1 – Médias (\hat{m}), variâncias ($\hat{\sigma}^2$) e variâncias das médias [$\hat{v}(\hat{m})$] dos pais e suas populações derivadas dos caracteres (GI, NLF, DML, PAFL e ID) avaliados no ensaio de reação da soja à *C. sojina* Hara¹

Pop. ²	GI			Raiz quadrada (GI+1)			Log (GI+1)		
	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$
P ₁	4,60	0,1604	0,0062	2,3642	0,0073	0,00028	0,7468	0,0010	0,00004
P ₂	1,15	0,0266	0,0010	1,4653	0,0030	0,00012	0,3312	0,0010	0,00004
F ₁	1,86	0,4498	0,0196	1,6807	0,0378	0,00164	0,4455	0,0098	0,00042
F ₂	1,81	1,1016	0,0089	1,6520	0,0804	0,00065	0,4248	0,0185	0,00015
RCS	2,29	1,7685	0,0295	1,7762	0,1359	0,00226	0,4805	0,0325	0,00054
RCR	1,06	0,0348	0,0008	1,4325	0,0037	0,00008	0,3115	0,0012	0,00003
Pop.	NLF			Raiz quadrada (NLF+1)			Log (NLF+1)		
	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$
P ₁	139,69	1872,78	72,0300	11,73	3,1064	0,1195	2,13	0,0160	0,00062
P ₂	1,46	2,66	0,1022	1,49	0,2535	0,0098	0,30	0,0839	0,00323
F ₁	37,43	1976,17	85,9203	5,20	11,9382	0,5191	1,21	0,4459	0,01939
F ₂	16,48	803,75	6,4818	3,24	7,0732	0,0570	0,77	0,4097	0,00330
RCS	16,27	357,55	5,9592	3,43	5,5679	0,0928	0,81	0,5182	0,00864
RCR	1,07	13,20	0,2933	1,24	0,5506	0,0122	0,11	0,0995	0,00221
Pop.	DML			Raiz quadrada (DML+1)			Log (DML+1)		
	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$
P ₁	0,35	0,0041	0,00016	1,16	0,0008	0,00003	0,13	0,0004	0,000016
P ₂	0,06	0,0028	0,00011	1,03	0,0007	0,00003	0,02	0,0004	0,000018
F ₁	0,12	0,0029	0,00013	1,06	0,0007	0,00003	0,05	0,0004	0,000019
F ₂	0,17	0,0149	0,00012	1,08	0,0032	0,00003	0,06	0,0021	0,000017
RCS	0,21	0,0406	0,00068	1,10	0,0084	0,00014	0,08	0,0052	0,000087
RCR	0,02	0,0035	0,00008	1,01	0,0008	0,00002	0,01	0,0005	0,000012
Pop.	PAFL			Raiz quadrada (PAFL+1)			Log (PAFL+1)		
	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$
P ₁	23,08	148,60	5,7157	4,79	1,1931	0,04589	1,34	0,03378	0,00130
P ₂	0,02	0,0005	0,00002	1,01	0,0001	0,00001	0,008	0,00008	0,000003
F ₁	1,41	4,7543	0,2067	1,44	0,3365	0,01463	0,27	0,08506	0,003698
F ₂	2,38	30,3931	0,2451	1,54	1,0003	0,00807	0,27	0,15465	0,001247
RCS	10,03	206,03	3,4338	1,71	3,7594	0,06266	0,64	0,40598	0,006766
RCR	0,10	0,1358	0,0030	1,04	0,0196	0,00044	0,03	0,00909	0,000202
Pop.	ID			Raiz quadrada (ID+1)			Log (ID+1)		
	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$	(\hat{m})	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{v}(\hat{m})$
P ₁	16,88	47,9776	1,8453	4,16	0,5866	0,02256	0,55	0,0066	0,00026
P ₂	0,02	0,0003	0,00001	1,01	0,00006	0,000002	0,03	0,0006	0,00002
F ₁	0,97	2,5211	0,1096	1,33	0,2212	0,00962	0,14	0,0107	0,00046
F ₂	1,65	15,7664	0,1271	1,42	0,6531	0,00527	0,15	0,0265	0,00021
RCS	2,61	15,6133	0,2602	1,70	0,7273	0,01212	0,22	0,0469	0,00078
RCR	0,04	0,019	0,0004	1,02	0,0037	0,00008	0,02	0,0022	0,00005

¹ GI – nota do grau de infecção; NLF – número de lesões por folhelo; DML – diâmetro médio de lesão; PAFL – porcentagem de área foliar lesionada; e ID- índice de doença.

² P₁ (Bossier), P₂ (Uberaba), RCS (F₁ x Bossier), RCR (F₁ x Uberaba). P₁ (N=26 plantas); P₂ (N=26); F₁ (N=23); F₂ (N=124); RCS (N=60); e RCR (N=45).

QUADRO 2 – Estimativa dos parâmetros genéticos do modelo completo, ajustado para GI, NLF, DML, ID e PAFL com base nas médias das seis gerações de soja (P₁, P₂, F₁, F₂, RCS, RCR) utilizadas no ensaio da resistência da soja à *C. sojina* Hara¹

P. ⁽²⁾	GI			Raiz quadrada (GI+1)			Log (GI+1)		
	estimativa	variância	t	estimativa	variância	t	estimativa	variância	t
m	3,42	0,2649	6,64**	2,11	0,0199	14,94**	0,65	0,0047	9,56**
a	1,72	0,0018	40,64**	0,45	0,0001	45,06**	0,21	0,00001	47,10**
d	-4,89	1,6932	-3,76**	-1,39	0,1285	-3,88**	-0,71	0,0306	-4,05**
aa	-0,55	0,2631	-1,07 ^{ns}	-0,19	0,0197	-1,36 ^{ns}	-0,12	0,0047	-1,69 ^{ns}
ad	-0,98	0,1282	-2,74**	-0,21	0,0098	-2,14*	-0,08	0,0024	-1,60 ^{ns}
dd	3,33	0,7115	3,94**	0,96	0,0549	4,11**	0,50	0,0133	4,34**
P. ⁽²⁾	NLF			Raiz quadrada (NLF+1)			Log (NLF+1)		
	estimativa	variância	t	estimativa	variância	t	estimativa	variância	t
m	101,85	146,75	8,41**	10,21	1,3651	8,74**	2,47	0,0972	7,93**
a	69,12	18,03	16,28**	5,12	0,0323	28,50**	0,92	0,0010	29,54**
d	-277,04	888,15	-9,30**	-22,90	8,2417	-7,98**	-5,54	0,6301	-6,98**
aa	-31,27	128,72	-2,76**	-3,60	1,3328	-3,12**	-1,26	0,0962	-4,06**
ad	-107,83	97,14	-10,94**	-5,85	0,5494	-7,89**	-0,42	0,0472	-1,93 ^{ns}
dd	212,63	619,56	8,54**	17,88	4,7986	8,16**	4,28	0,3079	7,72**
P. ⁽²⁾	DML			Raiz quadrada (DML+1)			Log (DML+1)		
	estimativa	variância	t	estimativa	variância	t	estimativa	variância	t
m	0,42	0,0050	5,86**	1,20	0,0011	36,96**	0,17	0,0007	6,44**
a	0,14	0,00007	17,71**	0,07	0,00001	17,62**	0,05	0,00001	18,02**
d	-0,70	0,0355	-3,70**	-0,34	0,0075	-3,97**	-0,29	0,0047	-4,24**
aa	-0,21	0,0049	-3,00**	-0,10	0,0010	-3,25**	-0,09	0,0007	-3,50**
ad	-0,09	0,0033	1,60 ^{ns}	0,04	0,0007	1,59 ^{ns}	0,03	0,0004	1,60 ^{ns}
dd	0,41	0,0147	3,35**	0,20	0,0031	3,65**	0,18	0,0020	3,95**
P. ⁽²⁾	PAFL			Raiz quadrada (PAFL+1)			Log (PAFL+1)		
	estimativa	variância	t	estimativa	variância	t	estimativa	variância	t
m	0,80	19,10	0,18 ^{ns}	1,58	0,6929	2,52*	0,40	0,0482	1,83 ^{ns}
a	11,53	1,42	9,65**	1,89	0,1015	17,64**	0,67	0,0003	36,93**
d	5,71	152,48	0,46 ^{ns}	-0,01	2,9056	-0,01 ^{ns}	-0,41	0,3373	-0,70 ^{ns}
aa	10,75	17,67	2,56*	1,32	0,3814	2,13 ^{ns}	0,27	0,0478	-1,25 ^{ns}
ad	-3,20	19,46	-0,72 ^{ns}	-0,44	0,2983	-0,81 ^{ns}	-0,11	0,0292	-0,64 ^{ns}
dd	-5,10	65,45	-0,63 ^{ns}	-0,13	1,2430	-0,12 ^{ns}	0,27	0,1475	0,71 ^{ns}
P. ⁽²⁾	ID			Raiz quadrada (ID+1)			Log (IDL+1)		
	estimativa	variância	t	estimativa	variância	t	estimativa	variância	t
m	9,77	3,5383	5,19**	2,81	0,1387	7,55**	0,41	0,0068	5,02**
a	8,43	0,4613	12,42**	1,58	0,0056	21,00**	0,26	0,0001	31,41**
d	-23,66	21,7825	-5,07**	-4,10	0,8368	-4,48**	-0,78	0,0446	-3,71**
aa	-1,32	3,0770	-0,75 ^{ns}	-0,23	0,1331	-0,62 ^{ns}	-0,13	0,0067	-1,55 ^{ns}
ad	-11,72	2,8879	-6,90**	-1,79	0,0714	-6,68**	-0,12	0,0036	-1,92 ^{ns}
dd	14,87	8,4885	5,10**	2,62	0,3406	4,48**	0,50	0,0188	3,69**

¹ GI – nota do grau de infecção; NLF – número de lesões por folíolo; DML – diâmetro médio de lesão; PAFL – porcentagem de área foliar lesionada e ID- índice de doença.

² Parâmetros: m = média das linhagens homocigóticas derivadas de F₂; a = medida do efeito gênico aditivo; d = medida dos desvios da dominância, aa = medida das interações aditivo x aditivo; ad = medida das interações aditivo x dominante; dd = medida das interações dominante x dominante.

* Significativo a 5% de probabilidade; ** Significativo a 1% de probabilidade; ns = não-significativo a 5% de probabilidade.

As transformações nos dados não alteraram a significância das estimativas dos parâmetros (m , a e d) em todos os caracteres estudados, exceto em PAFL em que m apresentou t significativo a 5%, na transformação raiz quadrada de $(x+1)$. A transformação logaritmo de $(x+1)$ alterou a significância do efeito epistático aditivo-dominante (ad) nos caracteres GI, NLF e ID; a transformação raiz quadrada de $(x+1)$ alterou a significância do efeito "ad" nos caracteres GI e PAFL, e do efeito aditivo-aditivo (aa) em PAFL.

A contribuição relativa ou coeficiente de determinação múltiplo, parcial e relativo (R^2), dá idéia da importância de um particular efeito genético sobre a variabilidade disponível dos caracteres estudados, apesar de a decomposição apresentada no Quadro 3 não ser ortogonal. Assim, não considerando o efeito da média, observa-se tanto para os dados originais como para os transformados, que o efeito genético mais importante na determinação dos caracteres foi o efeito gênico aditivo. Para os dados não transformados, variou de 42,57% para NLF até 95,24% para GI, enquanto o efeito devido à dominância foi o de menor importância, variando de 0,22% para PAFL até 13,89% para NLF. Esse fato evidencia a possibilidade de obtenção de materiais homozigóticos superiores, por meio de seleção a partir da geração F_2 e que os ganhos nos ciclos de seleção serão satisfatórios, uma vez que o componente de natureza aditiva é de elevada magnitude.

Em materiais selecionados, o efeito gênico aditivo é reduzido, especialmente em caracteres de herança menos complexa. Em caracteres quantitativos de herança mais complexa a contribuição dos efeitos gênicos decorrentes da dominância torna-se maior. Os caracteres governados pela ação gênica devido à dominância não podem ser fixados e a exploração da heterozigose, nesse caso, é a única solução (1, 8). Efeitos de dominância e suas interações epistáticas são de menor significância para espécies autógamas. Nesse sentido, técnicas de melhoramento que tirem proveito da variância aditiva para obtenção de maior ganho serão mais importantes no melhoramento da soja visando resistência à cercosporiose.

Ainda no Quadro 3, nos dados originais, evidencia-se que as interações epistáticas aditiva x aditiva, aditiva x dominante e dominante x dominante influíram em 1,40% para GI até 32,19% para NLF, na determinação das médias das gerações estudadas. Logo, os resultados sugerem que o modelo aditivo-dominante pode explicar a maior parte das variações no caráter GI, em razão da baixa contribuição dos efeitos das interações epistáticas. Entretanto, o uso desse modelo reduzido está sujeito a um viés, porque as epistasias ad e dd foram significativas e não devem ser desconsideradas. Para os caracteres com alta influência dos efeitos epistáticos, como NLF, o estudo das médias das gerações pelo modelo aditivo-dominante-epistático é o mais adequado.

QUADRO 3 – Decomposição não-ortogonal da soma de quadrados de parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd), pelo método de eliminação de Gauss para GI, NLF, DML, PAFL e ID, avaliados no ensaio da reação da soja à <i>C sojina</i> Hara (genitores e suas populações derivadas)¹						
Fontes de variação⁽²⁾	GI		Raiz quadrada (GI+1)		Log (GI+1)	
	SQ	'R' (%)	SQ	'R²' (%)	SQ	'R²' (%)
m/a, d, aa, ad, dd	44,17	2,54	223,29	9,74	91,42	3,89
a/m, d, aa, ad, dd	1651,35	95,24	2030,85	88,58	2218,70	94,37
d/m, a, aa, ad, dd	14,11	0,81	15,02	0,66	16,43	0,70
aa/m, a, d, ad, dd	1,14	0,07	1,84	0,08	2,85	0,12
ad/m, a, d, aa, dd	7,50	0,43	4,57	0,20	2,55	0,11
dd/m, a, d, aa, ad	15,56	0,90	16,94	0,74	18,89	0,80
Soma	1733,83	100	2292,52	100	2350,84	100
Fontes de variação⁽²⁾	NLF		Raiz quadrada (NLF+1)		Log (NLF+1)	
	SQ	'R²' (%)	SQ	'R²' (%)	SQ	'R²' (%)
m/a, d, aa, ad, dd	70,68	11,36	76,41	7,00	62,98	5,92
a/m, d, aa, ad, dd	264,90	42,57	812,30	74,46	872,62	82,00
d/m, a, aa, ad, dd	86,41	13,89	63,61	5,83	48,77	4,58
aa/m, a, d, ad, dd	7,60	1,22	9,73	0,89	16,49	1,55
ad/m, a, d, aa, dd	119,69	19,24	62,30	5,71	3,72	0,35
dd/m, a, d, aa, ad	72,97	11,73	66,62	6,11	59,55	5,60
Soma	622,25	100	1090,98	100	1064,14	100
Fontes de variação⁽²⁾	DML		Raiz quadrada (DML+1)		Log (DML+1)	
	SQ	'R²' (%)	SQ	'R²' (%)	SQ (x10⁻⁴)	'R²' (%)
m/a, d, aa, ad, dd	34,38	8,94	1365,71	79,47	41,45	10,00
a/m, d, aa, ad, dd	313,55	81,57	310,60	18,07	324,71	78,32
d/m, a, aa, ad, dd	13,69	3,56	15,76	0,92	17,99	4,34
aa/m, a, d, ad, dd	9,01	2,34	10,58	0,62	12,24	2,95
ad/m, a, d, aa, dd	2,56	0,67	2,54	0,15	2,57	0,62
dd/m, a, d, aa, ad	11,20	2,91	13,30	0,77	15,61	3,77
Soma	384,39	100	1718,50	100	414,58	100
Fontes de variação⁽²⁾	PAFL		Raiz quadrada (PAFL+1)		Log (PAFL+1)	
	SQ	'R²' (%)	SQ	'R²' (%)	SQ	'R²' (%)
m/a, d, aa, ad, dd	0,03	0,03	6,36	1,97	3,36	0,25
a/m, d, aa, ad, dd	93,07	92,34	311,25	96,41	1363,81	99,54
d/m, a, aa, ad, dd	0,21	0,22	0,00003	0,00	0,50	0,04
aa/m, a, d, ad, dd	6,55	6,50	4,56	1,41	1,55	0,11

Continua...

QUADRO 3 - Continuação.						
Fontes de variação ⁽²⁾	PAFL		Raiz quadrada (PAFL+1)		Log (PAFL+1)	
ad/m, a, d, aa, dd	0,53	0,52	0,65	0,20	0,42	0,03
dd/m, a, d, aa, ad	0,40	0,39	0,01	0,004	0,51	0,04
Soma	100,79	100	322,84	100	1370,14	100
Fontes de variação ⁽²⁾	ID		Raiz quadrada (ID+1)		Log (ID+1)	
	SQ	'R ² '(%)	SQ	'R ² '(%)	SQ (x10 ⁻⁴)	'R ² '(%)
m/a, d, aa, ad, dd	26,96	9,59	57,00	9,78	25,25	2,42
a/m, d, aa, ad, dd	154,18	54,85	440,86	75,60	986,67	94,39
d/m, a, aa, ad, dd	25,70	9,15	20,10	3,45	13,77	1,32
aa/m, a, d, ad, dd	0,56	0,20	0,39	0,07	2,41	0,23
ad/m, a, d, aa, dd	47,60	16,94	44,65	7,66	3,70	0,35
dd/m, a, d, aa, ad	26,05	9,27	20,10	3,45	13,59	1,30
Soma	281,05	100	583,11	100	1045,39	100

¹ GI – nota do grau de infecção; NLF – número de lesões por folíolo; DML – diâmetro médio de lesão; PAFL – porcentagem de área foliar lesionada; e ID- índice de doença.

² m = média das linhagens homozigóticas derivadas de F₂; a = medida do efeito gênico aditivo; d = medida dos desvios da dominância, aa = medida das interações aditivo x aditivo; ad = medida das interações aditivo x dominante; dd = medida das interações dominante x dominante.

Segundo Arias (1), efeitos de dominância e interações gênicas são de menor importância para as espécies autógamas. Todavia, modelos genéticos que negligenciam as epistasias podem estar de alguma maneira viesados (Quinby, J. R., 1963), segundo Scapim (12).

As transformações influíram na magnitude, mas não alteraram a ordem de importância dos efeitos gênicos estimados de todos os caracteres avaliados. Desse modo, as conclusões serão as mesmas para os dados com ou sem as transformações.

Resultados semelhantes foram encontrados por Otsuk et al. (11), na estimação de componentes de variância, trabalhando com dados simulados, quando estes seguem distribuição binomial ou de Poisson. Esses autores encontraram pequenas diferenças entre os componentes de variância estimados com os dados originais e os dados submetidos às transformações raiz quadrada, logarítmica e arco seno. Concluíram que se pode usar, em melhoramento genético, as estimativas dos componentes de variância oriundos dos dados não-transformados.

CONCLUSÕES

1) As transformações de dados não alteram as significâncias das estimativas dos parâmetros genéticos (m, a, d) em todos os caracteres estudados, exceto na porcentagem de área foliar lesionada (PAFL) transformada em raiz quadrada de (x+1).

2) A transformação logaritmo de $(x+1)$ altera a significância da interação aditivo-dominante (ad) nos caracteres grau de infecção (GI), número de lesões por folíolo e índice de doença e da interação aditivo-aditivo (aa) no caráter PAFL.

3) A transformação raiz quadrada de $(x+1)$ altera a significância da interação ad no caráter GI e da interação aa no caráter PAFL.

4) Os efeitos genéticos aditivos são os mais importantes na determinação dos caracteres relacionados com a resistência da soja à cercosporiose, tanto com os dados transformados como com os não-transformados.

REFERÊNCIAS

1. ARIAS, E.R.A. Teste de escala conjunta na estimação de parâmetros genéticos em soja (*Glycine max* (L) Merrill). Viçosa, UFV, 1986. 86 p. (Tese de mestrado).
2. BARBIERI, R.L.; CARVALHO, F.I.F.; BARBOSA NETO, J.F.; CAETANO, V.R.; MARCHIORO, V.R.; AZEVEDO, R. & LONRECETTI, C. Análise dialéctica para tolerância ao vírus do nanismo-amarelo-da-cevada em cultivares brasileiras de trigo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 36:131-5, 2001.
3. BARTLETT, M.S. The square root-transformation in the analysis of variance. *Journal of the Royal Statistic Society*, 3:68-78, 1936.
4. CORDEIRO, A.C.C.; SEDIYAMA, T.; GOMES, J.L.P.; SEDIYAMA, C.S. & REIS, M.S. Herança da resistência da soja à *Cercospora sojina* Hara, isolado de São Gotardo, Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 27: 1035-42, 1992.
5. CRUZ, C.D. Programa Genes: versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, Editora UFV, 2001. 648p.
6. CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed. Viçosa, UFV, 2001. 390p.
7. DEMÉTRIO, C.G.B. Transformação de dados: efeitos sobre análise da variância. Piracicaba, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP, 1978. 113p. (Dissertação de mestrado).
8. GAMBLE, E.E. Gene effects in corn (*Zea mays* L.). I. Separation and relative importance of gene effects for yield. *Canadian Journal of Plant Science*, 42:339-48, 1962.
9. MARTINS FILHO, S. Mancha olho-de-rã da soja: análise genética e identificação de marcadores moleculares. Viçosa, UFV, 1999. 59p. (Tese de doutorado).
10. MATHER, F.R.S. & JINKS, F.R.S. Introdução à genética biométrica. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1984. 390p.
11. OTSUK, I.P.; BARBIN, D. & CORRENTE, J.E. Influência de transformações de dados sobre a estimação dos componentes de variância. *Boletim da Indústria Animal*, 48:129-39, 1991.
12. SCAPIM, C.A. Efeitos gênicos, heterose e depressão endogâmica em caracteres de sorgo granífero e forrageiro (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). Viçosa, UFV, 1997. 89p. (Tese de doutorado).
13. VEIGA, P. *Cercospora sojina* Hara: obtenção de inóculo, inoculação e avaliação da resistência em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Piracicaba, ESALQ/USP, 1973. 32p. (Dissertação de mestrado)
14. YORINORI, J.T. & KLINGELFUSS, L.H. Novas raças de *Cercospora sojina* em soja. *Fitopatologia Brasileira*, 24:509-12, 2000.