

JOSÉ DIAS DE SOUZA NETO

ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE E VALIDAÇÃO DE
MARCADORES MICROSSATÉLITES ASSOCIADOS A QTLs PARA CONTEÚDO
DE ÓLEO E PROTEÍNA EM SOJA

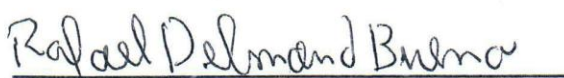
ALEGRE
ESPÍRITO SANTO-BRASIL
2015

JOSÉ DIAS DE SOUZA NETO

ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE E VALIDAÇÃO DE
MARCADORES MICROSSATÉLITES ASSOCIADOS A QTLS PARA CONTEÚDO
DE ÓLEO E PROTEÍNA EM SOJA

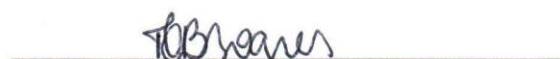
Dissertação apresentada à Universidade Federal do Espírito Santo, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento.

APROVADA: 27 de fevereiro de 2015


D.r Rafael Delmond Bueno


Ph.D. Luciano da Costa e Silva


D.r Newton Deniz Piovesan
(Coorientador)


D.ra Taís Cristina Bastos Soares
(Orientadora)

]

A Deus
A Família
Aos amigos

Agradecimentos

A D.ra Taís Cristina Bastos Soares pela orientação durante os cinco anos de pesquisa.

Ao D.r Newton Deniz Piovesan, pela coorientação, presença, e boa vontade em ajudar e incentivar-me.

Ao D.r Rafael Delmond Bueno, pela assistência, disponibilidade, amizade e atenção quanto as minhas dúvidas e problemas durante os períodos de experimentação no BIOAGRO-UFV.

Ao Ph.D. Luciano da Costa e Silva, por sua enorme paciência, presença, atenção e disponibilidade quanto a minhas análises genóticas. Muitíssimo obrigado por sua fundamental presença.

Aos amigos do BIOAGRO (Luiz Claudio, Danyelle Mayrink, Letícia Barony, Mírian Goldfarb, Leonardo Corrêa, Naldo, Glácia Silva, Marlene Medeiros, Prof.- Cleberson Ribeiro, Lermen Forigua, S.r Paulo, Verônica Faustino, Dona Maria, José Carlos) por tornarem os dias em Viçosa agradáveis e inesquecíveis.

Aos amigos e colegas da BQI (Jerusa Soares, Sandra Mendes, Natan Matos, Nubya Nascimento, Pablo Viana, Gabrielle Rocha, Roselena Guedes) e da BqMol(Ludymila Mota, Franciele Souza, Ronald Martins, Edilson Marques, Cassio Torres, Rodrigo Lorenzoni, Alexia Gope, Ugo Sartori, Arícia Leoni, Jorge Rosas) pela paciência, risadas, auxílio e presença durante os dias.

Aos colegas e amigos dos demais laboratórios (Fernanda Favoreto, Fabiano Santiliano, Gilza Barcelos, Daniele Vidal, Elziane Favoreto, Franciele Geniêr, Damielle Figueiredo, Sara Coser, Angélica Nogueira, Mateus Alves, Priscila Stinguel, Maiara Cazotti, Khétrin Maciel, Liana Mengarda, Maria Andréia, Rafael Zanotti.

Aos amigos e colegas pela ajuda, alegria e amparo até então, em especial à Vinícius Moreira, pela paciência, amizade e risadas, Mariana Ignacchiti e Jamili Suhet, pela presença e orientação, e a Jaciane Pizeta, pela paciência e sorrisos durante o período de trabalho.

A minha chefe imediata Aparecida de Fátima Madella de Oliveira pela confiança e auxílio e a Monique Moulin, pela paciência.

Ao corpo docente do Programa de Genética e Melhoramento da UFES, pelos ensinamentos didáticos, teóricos e filosóficos prestado.

A CAPES, pelo incentivo monetário fornecido e necessário para findar esta especialização.

ÍNDICE

RESUMO.....	
ABSTRACT	
1.INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
3. REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1. CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA E CARACTERÍSTICAS DA SOJA	4
3.2. ORIGEM.....	7
3.3. IMPORTÂNCIA COMERCIAL-PRODUTOS E SUBPRODUTOS.....	11
3.4. QUANTITATIVE TRAIT LOCI E SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADOR.....	15
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	19
ARTIGO 1- ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS PARA TEORES DE ÓLEO E PROTEÍNA EM SEMENTES DE UMA COLEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA.	27
1.RESUMO.....	27
2.INTRODUÇÃO	28
3.MATERIAL E MÉTODOS.....	30
4.RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
5.CONCLUSÃO.....	40
6.REFERÊNCIAS.....	41
ARTIGO 2- SELEÇÃO DE MARCADORES SSR ASSOCIADOS AOS CONTEÚDOS DE ÓLEO E PROTEÍNA EM SEMENTES DE UMA COLEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA.	44
1.RESUMO.....	44
2.INTRODUÇÃO	45
3.MATERIAL E MÉTODOS.....	47
4.RESULTADOS E DISCUSSÃO	48
5.CONCLUSÃO.....	54
6.REFERÊNCIAS.....	54
7. ANEXOS.....	57

RESUMO

A soja é uma das culturas de maior importância mundial devido ao óleo e proteína extraídos de suas sementes. Devido a esta importância, tivemos como objetivo a avaliação de linhagens do programa de Melhoramento Genético da Qualidade da soja na UFV no estado de Minas Gerais, quanto aos caracteres conteúdos de óleo e proteína, assim como para adaptabilidade e estabilidade das linhagens em três ambientes, sendo as últimas avaliadas pelas metodologias de Eberhart e Russell e Centróides. Juntamente a este, também se objetivou selecionar marcadores microssatélites associados à QTLs para conteúdo de óleo e proteína nestas linhagens. Para tal, um total de 56 locus de marcadores SSR, associados a conteúdo de óleo e proteína, foram utilizados. Assim, com relação as análises de adaptabilidade e estabilidade, foram selecionadas as linhagens 13, 18, 90, 148, 152, 172, 204, 206, 174 e 120 , para o caráter conteúdos de óleo, e as linhagens 124, 158 e 143, para proteína. Assim, na análise de agrupamento formou-se 21 grupos das 208 linhagens, com as 92, 184, Msoy 6101 e 192 apresentando maior dissimilaridade genotípica. Já para as análises de associação, não foi verificada associação a 1 e 5% de significância por meio da correção de Bonferroni. Todavia, foram selecionados os alelos 3 do marcador Satt 239 e 1 e 2 do Satt 539, para conteúdo de óleo, enquanto o alelo 1 do Satt 263, e o 3 do Satt 463, para conteúdo de proteína.

ABSTRACT

Soy is one of the most important crops worldwide due to the oil and extracted protein from its seeds. Due to this importance, our objective was the evaluation of strains of soybean, from Quality Breeding program at UFV in the state of Minas Gerais, from oil and protein content as well as adaptability and stability of the lines in three environments, the latter being evaluated by the methods of Eberhart and Russell and Centróides. Also, we aimed to select SSR markers associated with QTLs for oil content and protein in these strains. A total of 56 locus of SSR markers, were used. Regarding the analysis of adaptability and stability, the strains 13, 18, 90, 148, 152, 172, 204, 206, 174 and 120. We selected for oil content, and the lines 124, 158 and 143, for protein. The grouping analysis formed 21 groups of 208 limhagens, with 92, 184, 6101 and 192 Msoy showing greater dissimilarity genotype. The association analyzes did not reveal any association at 1 and 5% significance level using the Bonferroni correction. However, allele 3 was selected alleles in marker 239, and alleles 1 and 2 at Satt 539, for oil, while allele 1 at Satt 263, and allele 3 at Satt 463 for protein content.

1.INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma espécie autógama, que pertence a família Fabaceae, subfamília Papilonoideae, possui origem no continente asiático. Se destaca como uma das mais importantes oleaginosas cultivada no Brasil e no mundo, por apresentar alta produtividade, baixo custo de produção e alta versatilidade, sendo assim uma das principais *commodities* mundiais (CNPso, 2013), cujos principais produtos diretos são o óleo e o farelo.

Seu cultivo e produção vêm aumentando a cada ano, sendo que na safra 2014/2015, estima-se uma produção recorde de 314.37 milhões de toneladas, com o Brasil sendo o segundo maior produtor, com 95,5 milhões toneladas por ano, e os Estados Unidos o primeiro, com 108.01 milhões de toneladas (USDA, 2015).

No melhoramento genético de soja, o objetivo principal tem sido o desenvolvimento de cultivares com altos teores de proteína e óleo, alta produtividade e estabilidade na produção (VIDIC *et al.*, 2010). Contudo, os caracteres teor de óleo e proteína apresentam correlação alta e negativa, indicando a dificuldade de selecionar genótipos que sejam simultaneamente superiores para os dois caracteres (JOHNSON *et al.*, 1955; RANGEL *et al.*, 2004). Essas características estão relacionadas a um conjunto de genes influenciados grandemente pelo ambiente e, dessa forma, sendo difícil a seleção de plantas que apresentem materiais estáveis para essas características, visto que as herdabilidades desses genes são baixas (ROSA e FRAGOSO, 2011). Sendo assim, é necessário o estudo desse conjunto de genes dito QTL (*Quantitative Trait Loci*), para se verificar a presença do alelo para o caracter numa cultivar desenvolvida. O efeito de um QTL não está

distribuído uniformemente entre seus genes, sendo que alguns destes apresentam maior influência na característica à qual o QTL está associado (KLOOSTERMAN et al., 2010; YING et al., 2014). Assim, esses genes mais responsivos à característica tem maior chance de serem incorporados em um mesmo material, já que serão em menor número, se comparados com casos de que todos os genes do QTL apresentassem igual valor para uma característica. Essa variação de resposta a uma característica dentro dos genes de um QTL permite que o trabalho de seleção de materiais desejáveis seja reduzido (YING et al., 2014; LANA et al., 2010). Outro gargalo para o desenvolvimento de linhagens para o mercado seriam as avaliações do material quanto à quantidade de proteína e óleo. Um método eficiente na quantificação destas duas características é a espectroscopia no infravermelho próximo. Porém, apesar da técnica de quantificação ser rápida, ela requer como analíto a semente do material a ser avaliado, assim, o tempo de obtenção da semente torna o processo demorado. No entanto, a amostra não precisa passar por muitas etapas de análises, necessitando apenas ser triturada a menor granulometria (SIMAS, 2005). Assim, métodos que sejam rápidos e menos onerosos para obtenção das sementes, amostra necessária para certificar o sucesso do melhoramento do caráter, são desejáveis. Uma das soluções apresentadas são os marcadores moleculares. Estes necessitam de DNA do vegetal, que pode ser obtido em quaisquer estágios de desenvolvimento da planta. Assim, logo após a semente germinar e a plântula emitir suas primeiras folhas, as análises com marcadores poderão ser realizadas.

Marcadores moleculares são uma poderosa ferramenta na avaliação, certificação e seleção, bem como na análise de diversidade de um grupo de materiais. Diversas são as possibilidades de aplicação destes marcadores (FALEIRO, 2011, CAIXETA *et al.*, 2009, FERRREIRA e GRATAPAGLIA, 1998). Dentre as inúmeras classes de marcadores, os SSR estão dentre os mais utilizados para estudos de diversidade, mapeamento de genes relacionados a caracteres de interesse econômico e utilização em Seleção Assistida por Marcadores (SAM). Esses marcadores apresentam as características de serem específicos, reprodutíveis, multialélicos, amplamente distribuídos no genoma das espécies, ser uma técnica simples, de baixo custo e grande poder de resolução apresentando altos níveis de polimorfismo (CAIXETA *et al.*, 2009). Essas características têm feito do marcador SSR um marcador adequado para utilização em SAM.

A SAM é uma metodologia ao qual, se correlaciona uma marca ou ausência desta à um fenótipo, de forma a selecionar o indivíduo que possuía a característica baseando-se na ausência ou não da marca. No entanto, é necessário que o marcador apresente uma frequência de recombinação com o gene de interesse muito baixa, como forma de evitar grandes erros no processo de seleção, devido a segregação do loco do marcador e do gene de interesse. A SAM, quando posta em prática de forma correta, permite uma aceleração nos processos de melhoramento da cultura por reduzir o tempo e as necessidades de avaliação do fenótipo, além de permitir a concentração de diversos genes, ou os de maior efeito, em um único material.

Assim, esse projeto teve como objetivo a avaliação e seleção de linhagens de soja, provenientes do Programa de Melhoramento Genético da Qualidade de

Soja (PMGQS) do Instituto de Biotecnologia Aplicada a Agropecuária (BIOAGRO) na Universidade Federal de Viçosa (UFV), que apresentarem maior adaptabilidade e estabilidade para conteúdo de óleo e proteína em sementes de soja, bem como a seleção de marcadores moleculares SSR associados à conteúdo de óleo e proteína, visando futuramente a implantação de uma seleção assistida para esses caracteres.

2. OBJETIVOS

- Avaliar a adaptabilidade e estabilidade de 208 linhagens, em três ambientes (São Gotardo, Florestal e Capinópolis), quanto aos conteúdos de óleo e proteína em sementes de soja.
- Verificar a dissimilaridade genética, com uso de marcadores moleculares, nas 208 linhagens estudadas.
- Selecionar, dentre os 56 *primers* SSR, aqueles mais associados ao elevado conteúdo de óleo e proteína.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA E CARACTERÍSTICAS DA SOJA

Fabaceae, também conhecida como *Leguminosae* (leguminosas), é uma das maiores famílias botânicas com ampla distribuição geográfica, apresentando como característica a ocorrência do fruto do tipo legume ou vagem (SOUZA,

2012; LEWIS et al. 2005). A família é composta por três subfamílias: Faboideae, Caesalpinioideae e Mimosoideae, sendo a terceira a maior família de Angiospermae, após as Asteraceae e Orchidaceae. A Fabaceae possui 727 gêneros e 19325 espécies tendo ampla distribuição no mundo (LEWIS et al. 2005), com exceção das áreas árticas e antárticas e em algumas ilhas, onde cerca de 198 gêneros e 3100 espécies ocorrem no Brasil (SILVA et al. 2011).

Dentre as 19325 espécies, destacamos a soja (*Glycine max*) devido à sua importância econômica, alimentícia, industrial e energética. A semente é a parte comercial mais importante da planta. Assim, as sementes apresentam dois cotilédones, envolvidas por um tegumento que pode possuir coloração variável do preto, amarelo ou verde incluindo suas combinações, com hilo podendo ser marrom, preto ou cinza (DZIKOWSKI, 1936; OWEN, 1928). Podem ser esféricas, ovais ou elípticas com base nas dimensões altura, largura e seção lateral (USDA, 2009). Contém aproximadamente 21% de óleo, 40% de proteína, 34% de carboidratos e 5% de cinzas (BURTON, 1997).

As sementes imaturas de soja são ricas em sacarose e pobres em tocoferóis em relação as sementes maduras. Contudo seu teor de proteínas se mantém aproximadamente constante. As folhas são trifolioladas, possuindo coloração verde claro ou escura com tricomas recobrimdo sua superfície (Figura 1). O hábito de crescimento varia de determinado, semideterminado e indeterminado e seu porte pode ser 80 a 150 cm. O caule é ramoso, hispido, com tamanho entre 80 e 150 cm, possuindo na terminação um racemo, em variedades de crescimento determinado, ou não o apresentando, em variedades de crescimento indeterminado (DZIKOWSKI, 1936). As flores são perfeitas, com órgãos masculinos e femininos protegidos dentro da corola (Figura 2).

Apresenta autogamia com baixa taxa de fecundação cruzada. A baixa taxa de fecundação cruzada é promovida por insetos, principalmente abelhas. As flores podem apresentar coloração branca, púrpura diluída ou roxa, de 3 a 8 mm de diâmetro. O início da floração ocorre quando a planta apresenta de 10 até 12 folhas trifolioladas, onde os botões axilares mostram racemos com 2 até 35 flores cada um. O sistema radicular é pivotante, como visto na Figura 1, com comprimento podendo chegar a até 1,80 m. A maior parte delas encontra-se a 15 cm de profundidade. A vagem da soja é levemente arqueada, com tricomas, formado por duas valvas de um carpelo simples, medindo de 2 até 7cm, onde aloja de 1 até 5 sementes (Figura1) (DZIKOWSKI, 1936). A cor da vagem da soja varia entre amarela-palha, cinza e preta, dependendo do estágio de desenvolvimento da planta (WOODWORTH, 1923; DZIKOWSKI, 1936; MORSE e CARTTER, 1937).

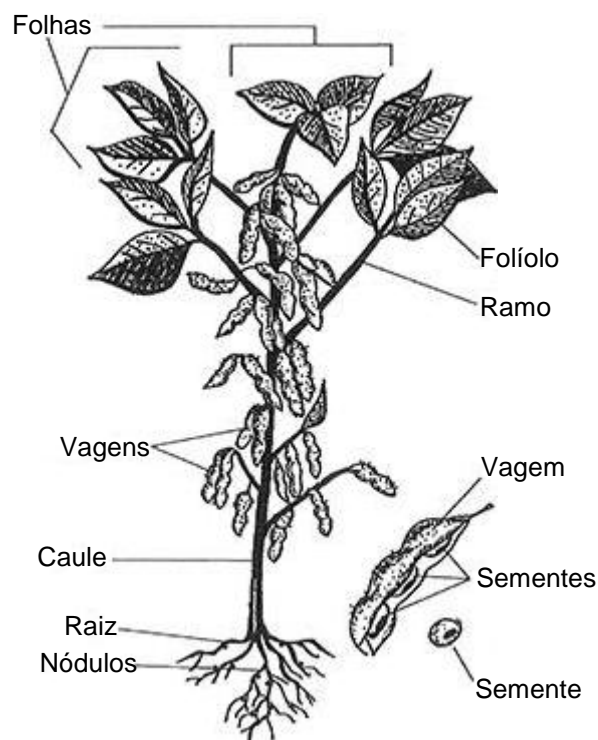


Figura 1. Iconografia de *Glycine max* (L.) Merr. com enfoques nas estruturas morfológicas, destacando aspectos destas, como hábito de crescimento e morfologia da raiz, folha, flor, sementes, vagem e inflorescência.

Fonte:

http://www.lhf.org/en/teachers/learning_fields/crops__what_are_soybeans/

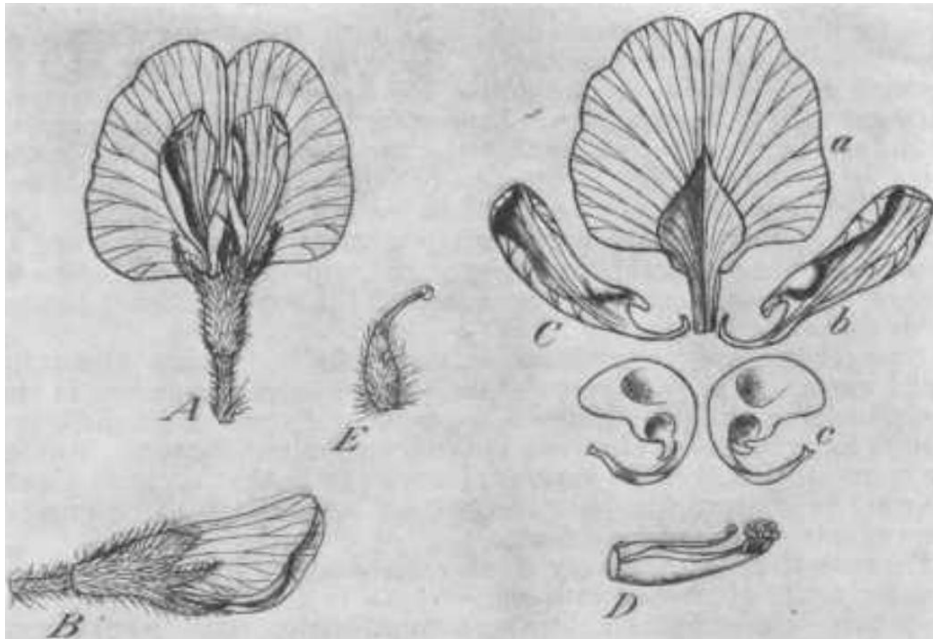


Figura 2. Flores de soja e suas partes abertas: A, vista frontal; B, vista lateral; C, partes da corola (a, normais; b, asa; c, um dos tipos de pétalas D, estames; E, pistilo (MORSE e CARTTER, 1937).

3.2. ORIGEM

A soja apresenta seu centro de origem na China, onde também apresenta uma variabilidade genética e geográfica. (DONG *et al*, 2001; VAVILOV, 1926). Segundo o primeiro autor, a soja apresenta grande distribuição nas regiões dentro e ao redor da China, com distribuição entre latitudes 53° e 24° e longitudes 134° e 97°. Em altitude, a distribuição vai dos 1,8 a 2.650 metros acima do nível do mar, além de se desenvolver em diferentes solos e condições climáticas.

A princípio se pensava que apresentasse origem poliplóide devido ao número elevado de cromossomos da maioria das espécies ($n = 20$) quando comparado com outros gêneros estreitamente relacionados (principalmente $n = 10$ ou 11 , um com $n = 14$; GOLDBLATT, 1981). Outros resultados, incluindo estudos citogenéticos com haplóides de *G. max* (CRANE *et al.*, 1982; GILL *et al*, 2009),

reforçaram essa hipótese de origem poliploide. Schuelter et al. (2004) descobriram que o genoma de *Glycine* passou através de duas grandes rodadas de duplicação, o primeiro estimado em 41,6 milhões anos atrás e outra em 14.5 milhões de anos atrás. Já Van et al. (2008), revela que a divergência entre as duas espécies de soja ocorreu em 60 e 12 milhões de anos atrás. Clarindo et al. (2007) constataram que os kariogramas apoiam a tetraploidia natural da soja ($4 \times = 40$), especificamente para a presença de cromossomos com idêntica morfologia, sugerindo que rearranjos cromossômicos podem ter ocorrido durante a especiação de *G. max*.

O gênero *Glycine* Willd. é dividido em dois subgêneros, *Glycine* (perenes) e *Soja* (Moench) F.J. Herm. (anuais). A lista de espécies do gênero *Glycine* é apresentada na Tabela 1. As espécies perenes são extremamente diversificadas em morfologia, citologia e composição do genoma. Elas crescem em diversas condições climáticas e de solo e possuem uma ampla distribuição geográfica. Estas espécies foram avaliadas para muitos parâmetros fisiológicos e bioquímicos, bem como para fontes de resistência a patógenos econômicos. Algumas espécies perenes de *Glycine* são fontes de resistência ao nematóide do cisto da soja, não possuindo também inibidores de proteases, dentre eles o de Bowman-Birk (HYMOWITZ, 2004), que é mais estável ao calor, impedindo a ação da tripsina, quimotripsina, amilase e carboxipeptidase (BENDER, 1987; XAVIER-FILHO e CAMPOS, 1989), que diminuem o aproveitamento nutricional dos grão (SILVA e SILVA, 2000).

Table 1 Espécies do gênero *Glycine*, em conjunto com o número de cromossomos $2n$, a simbologia para o genoma e a distribuição geográfica (HYMOWITZ, 2004).

Espécies	2n	Genoma a	Distribuição
Subgênero <i>Glycine</i>			
1. <i>G. albicans</i> Tind. & Craven	40	l1	Austrália

2. <i>G. aphyonota</i> B. Pfeil	40	?	Austrália
3. <i>G. arenaria</i> Tind.	40	A2A2	Austrália
4. <i>G. argyrea</i> Tind.	40	A2A2	Austrália
5. <i>G. canescens</i> F. J. Herm.	40	AA	Austrália
6. <i>G. clandestina</i> Wendl	40	A1A1	Austrália
7. <i>G. curvata</i> Tind.	40	C1C1	Austrália
8. <i>G. cyrtoloba</i> Tind.	40	CC	Austrália
9. <i>G. dolichocarpa</i> Tateishi & Ohash	80	?	(Taiwan)
10. <i>G. falcata</i> Benth.	40	FF	Austrália
11. <i>G. hirticaulis</i> Tind. & Craven	40	H1H1	Austrália
	80	?	Austrália
12. <i>G. lactirirens</i> Tind & Craven	40	I1I1	Austrália
13. <i>G. latifolia</i> (Benth.) Newell & Hymowitz	40	B1B1	Austrália
14. <i>G. latrobeana</i> (Meissn) Benth.	40	A3A3	Austrália
15. <i>G. microphylla</i> (Benth.) Tind.	40	BB	Austrália
16. <i>G. peratosa</i> B. Pferl & Tind.	40	?	Austrália
17. <i>G. pindanica</i> Tind. & B. Craven	40	H2H2	Austrália
18. <i>G. pullenii</i> B. Pfeil. Tind. & Craven	40	?	Austrália
19. <i>G. rubiginosa</i> Tind. & B. Pfeil	40	?	Austrália
20. <i>G. stenophita</i> B. Pferl & Tind.	40	B3B3	Austrália
21. <i>G. tabacina</i> (Labill.) Benth.	40	B2B2	Austrália
	80	Complexo b	Austrália
22. <i>G. tomentella</i> Hayata	38	EE	Ilhas do sul do pacífico, sul da China, Austrália
	40	DD	Austrália, Papua New Guiné, sul da China.
	78	Complexo c	Austrália, Papua New Guinea
	80	Complexo d	Austrália, Papua New Guiné, sul da China.

Subgêneros *Soja* (Moench) F. J. Herm.

23. <i>G. soja</i> Sieb. & Zucc.	40	GG	China, Rússia, Japão, Coreia (soja selvagem)
24. <i>G. max</i> (L.) Merr.	40	GG	Cultigen(soja)

a Espécies geneticamente semelhantes que carregam mesmos símbolos.

b Alopoliplóide (genoma A e B) e alopoliplóide segmentado (genoma B).

c Alopoliplóide (Genomas D e E, A e E ou alguma outra combinação desconhecida).

d Alopoliplóide (genomas A e D ou alguma outra combinação desconhecida).

Em relação ao processo de domesticação da soja, sabe-se que começou com a seleção de plantas de soja selvagens que apresentaram mutações. A partir deste ponto, a seleção tem sido promovida principalmente pelo homem, para o aumento do tamanho de sementes, que pode ter levado a modificações em outras características. Assim, o tamanho da vagem foi aumentado, a altura da

planta reduzida e a haste espessada. A diminuição no porte da planta têm sido favorável, pois permite uma maior facilidade em trabalhar com esta.

Shu et al. (1986) fizeram estudos comparativos sobre características da soja selvagem, semi-selvagens e cultivada. Os resultados mostram que, da soja selvagem a soja cultivada, a mudança mais significativa dos traços está no peso das sementes, que passaram de 1,61 g para a soja selvagem para 15,14 g, peso de 100 sementes, para a soja cultivada. Ou seja, um aumento de 9,4 vezes. Porém, o número de sementes/planta diminuiu em 8,24 vezes. Dessa forma, o peso das sementes produzidas por planta aumentaram apenas 32%. Já para o tamanho da vagem e da área foliar, estes aumentaram 4,7 e 2,6 vezes, respectivamente. A altura da planta diminuiu em 2,6 vezes e o número de ramificações diminuiu em 2,73 vezes. O número de sementes por vagem é praticamente o mesmo. O período reprodutivo foi alongado, que é favorável para a acumulação de matéria seca, dando suporte para o aumento do tamanho da semente. Para os aspectos genéticos e relacionados à diversidade a nível de DNA, da soja selvagem para a cultivada, houve grandes mudanças, onde se inclui modificações nos genes do inibidor Kunitz da tripsina (SKTI) (WANG et al., 2005, 2008b) e da acil-coenzima A-dependente diacilglicerol aciltransferase (GmDGAT) (WANG et al., 2006), globulina 11S molecular (ZAKHAROVA et al., 1989) as subunidades da glicinina (WANG et al., 2008a), variações em proteínas de estoque (NATARAJAN et al., 2006) e na quantidade dos principais alérgenos presentes nas sementes (XU et al., 2007). Assim, muitas modificações ocorreram para se chegar a soja cultivada. Outros traços desejados em cultivares elites estão presentes na soja selvagem (*G. soja* Sieb. e Zucc.) como a tolerância à salinidade (LUO et al., 2005; YANG et

al, 2007), a estresse ao frio e seca (CHEN et al., 2006) e elevado teor de luteína (KANAMARU et al., 2006), que podem ser utilizados em programas de melhoramento genético. A soja selvagem pode também ser utilizada para a produção de híbridos férteis com a soja domesticada (SINGH, 2007), sendo um dos passos para obtenção de cultivares adaptados a diferentes condições ambientais e de mercado.

3.3. IMPORTÂNCIA COMERCIAL-PRODUTOS E SUBPRODUTOS

A soja foi introduzida no Brasil, pela Bahia, em 1882 e em 1891 foi testada como forrageira em Pelotas, RS. O primeiro registro do cultivo comercial no país ocorreu em 1914 no município de Santa Rosa, RS. Mas somente a partir dos anos 40 que o cultivo da soja adquiriu alguma importância econômica. Em 1960, a soja estabeleceu-se como cultura economicamente importante para o país (HASSE, 1996). Hoje, o Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja, com 95,5 milhões toneladas por ano, perdendo apenas para os Estados Unidos (108.01 milhões de toneladas) (USDA, 2015).

Essa importância da soja é devido a esta ser uma das principal cultura oleaginosa do mundo, apresentando 59,05% da produção de sementes oleaginosas (USDA, 2015). Tal fato se deve pela importância de seus produtos, destinados tanto para o consumo animal, através do farelo da soja, quanto para o consumo humano, através do óleo. Sua produção passou a ter maior relevância nos anos de 1970, devido ao aumento das áreas de plantio e, principalmente, pelo incremento da produtividade pela utilização de novas tecnologias.

Com relação ao mercado internacional de soja, este é composto por três principais produtores (Estados Unidos, Brasil e Argentina) e um maior comprador (importador), a China. Segundo o Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), na safra 2013/2014, os EUA, Brasil e Argentina foram responsáveis por 81,40% de toda a produção mundial de soja em grão, e a China, por 64,26% de todas as importações mundiais. Para a safra 2014/2015, o USDA estima que o mundo produzirá cerca de 304,79 milhões de toneladas de soja em grãos, significando um aumento de 7,39% em relação a safra de 2013/14. Para a expectativa de preço da soja, estes tiveram uma baixa após divulgação de que os Estados Unidos produzirão 103,43 milhões de toneladas de soja em grãos que, somados às produções do Brasil e Argentina gerarão um total de 248,42 milhões de toneladas para a safra 2014/2015. Com essa notícia, os preços internacionais baixaram, chegando a ser cotado a US\$ 431,59/t em julho de 2014. Na Bolsa de Valores de Chicago em janeiro de 2015 foi estimado em aproximadamente US\$ 440,92/t. Como os preços no mercado interno acompanham as variações dos preços no mercado internacional, estima-se que os preços médios para 2015 sejam próximos de R\$ 50,00/60kg em Goiás, Mato Grosso, Paraná, Rio Grande do Sul e Mato Grosso do Sul.

Para os esmagamentos nacionais, que em 2014 foram de 36,5 milhões de toneladas, deverão aumentar 12% em 2015 devido aos baixos preços nacionais estimados e ao aumento dos percentuais de biodiesel. Assim, para 2015, o esmagamento interno deve ser de 41 milhões de toneladas (USDA, 2015).

A soja possui muitos usos, sendo fonte para extrair óleo, quando prensada, e proteína na forma de farelo, com o restante do esmagamento (QIU e CHANG,

2010). O óleo de soja pode ser utilizado para a produção de óleos comestíveis tais como óleo de cozinha, óleo de salada e outros através de refino e processamentos, além da produção de tintas e biodiesel (QIU e CHANG, 2010). Para o farelo de soja, um diferente destino é tomado. Este é principalmente utilizado para a alimentação animal, sendo a principal fonte de proteína alimentar para a pecuária. O farelo de soja branco produzido sob baixa temperatura é usado principalmente para a produção de proteína de soja isolada, concentrado proteico e proteína estrutural. Estas proteínas são utilizadas na indústria alimentícia para a produção de alimentos ricos em proteínas de soja. Por exemplo, a farinha de trigo é suplementada com certa quantidade de proteína de soja para a produção de pães e bolos. A adição de proteína de soja melhora a absorção de água na carne e a palatabilidade de salsichas. Também pode ser usada na indústria têxtil, como forma de fibras proteicas de soja (LI,2003), onde pode ser misturada com algodão, lã ou fibras químicas, permitindo uma textura macia e de alta qualidade.

Muitos produtos alimentares, incluindo produtos não-fermentados, como tofu, leite de soja e outros, podem ser obtidos usando soja não processada como matéria-prima. Na China, a soja é utilizada para produzir Bei, queijo de soja (o agente coagulante é $MgCl_2$), Nan, coalhada de feijão (o agente coagulante é $CaCl_2$), tofu lactona (o agente coagulante é gluconolactona) e outros, através de imersão, moagem, destilação e adição de agentes coagulantes diferentes. Os produtos de soja fermentados são massas de soja, soja fermentada, molho de soja e outros. Além destes, brotos de soja também podem ser usados para fazer pratos ou sopas (QIU e CHANG, 2010).

Juntamente com o desenvolvimento de pesquisas sobre os elementos constituintes da soja, tais como alimentos funcionais baseados em peptídeos de soja, isoflavonas, saponinas, fosfatídeos, esterol, oligossacarídeos e fibras comestíveis, têm sido desenvolvidos lactosoros a partir do soro produzido durante o processamento de queijo de soja e outros produtos (WANG et al., 2004).

Assim, diversos são os produtos oriundos da semente de soja, como pode ser visto na Figura 03. Dentre todos estes, o óleo e a proteína são os de maior destaque. Assim, estes têm recebido grande atenção pelos melhoristas nos últimos tempos (NICHOLS et al., 2006).

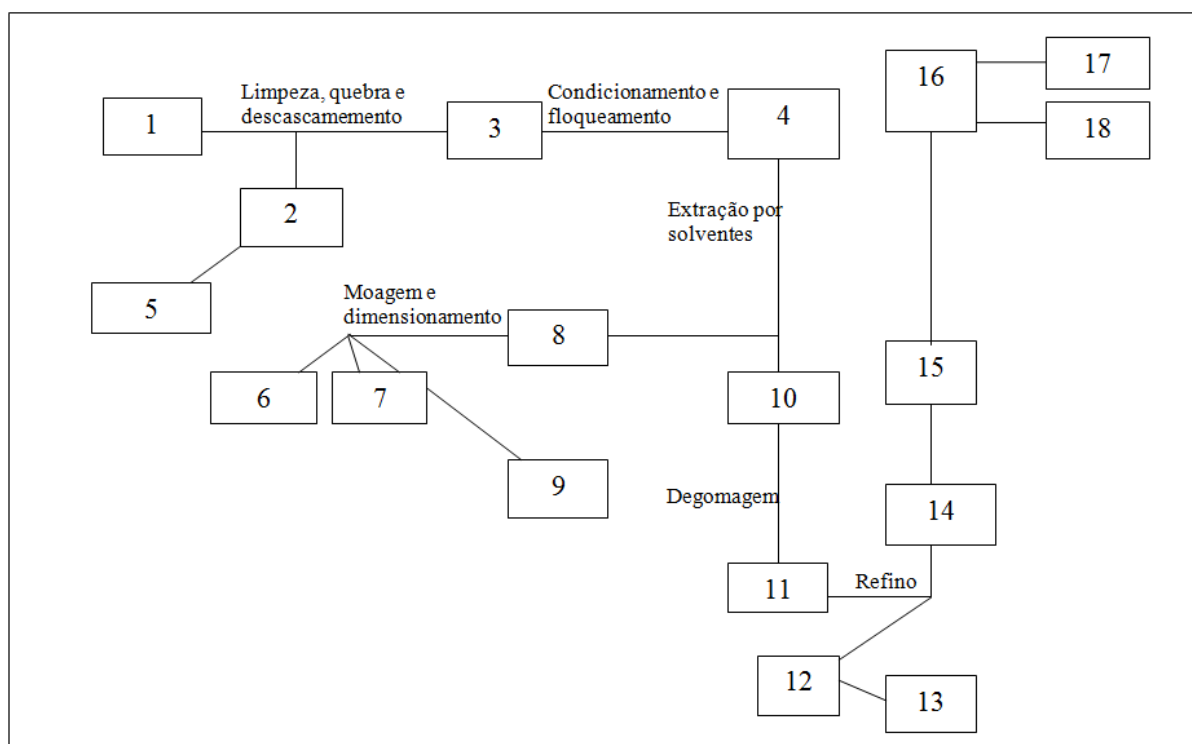


Figura 3: Esquema dos subprodutos da soja juntamente com processos para sua obtenção. Fonte: <http://nsrl.illinois.edu/content/processing-basics>

- 1- Grão de soja: Pecuária, semente, miso, tofu, tempeh, molho de soja.
- 2- Cascas de soja
- 3- Soja triturada
- 4- Soja em flocos
- 5- Alimento moído: (Cascas e rações industriais): Fibra dietética, aditivos para pães, cereais e lanches. Rações comerciais (Ruminantes-Substituição do feno).

- 6-** Farinha de soja texturizada: (Farinhas e grãos de soja): Produtos de padaria, produtos de carne, cereais para lanches, alimentos para crianças, itens de confeitaria, alimentos dietéticos.
- 7-** Proteína de soja concentrada e isolada: (Concentrado e isolado): Usos comestíveis: Alimentos para bebês, produtos de padaria, cerveja, doces, cereais, pizza congelada, hot dogs, carne para refeições, massa de macarrão. Usos técnicos: Adesivos, tintas, pesticidas, gesso, poliésteres.
- 8-** Flocos triturados
- 9-** 48% da soja esmagada: (Farelo de soja): Pecuária, ração para aves, alimento para animais, abelhas e peixes.
- 10-** Óleo de soja bruto
- 11-** Goma de soja
- 12-** Lecitina bruta
- 13-** Lecitina branqueada:(Lecitinas): Emulsificantes em: Produtos de padaria, doces, chocolates, coberturas, sorvetes, vitaminas. Produção de:Álcool, cosméticos, óleo, spray, tintas, margarinas, borrachas.
- 14-** Óleo de soja degomado
- 15-** Óleo de soja refinado: Maionese, detergente, creme em café, medicamentos, vedação.
- 16-** Óleo de soja refinado, branqueado e desodorizado
- 17-** Gordura
- 18-** Levemente hidrogenado (líquido).

3.4. QUANTITATIVE TRAIT LOCI E SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADOR

Em 1975, Geldermann designou os locus que respondem a variação fenotípica de um carácter como QTL (*Quantitative Trait loci*). Portanto, QTLs são regiões do genoma que apresentam genes responsáveis, com diferentes efeitos, pela contribuição para um carácter quantitativo. Esses caracteres são de difícil controle visto que o efeito de resposta de cada gene é muito pequeno, ao contrário das características qualitativas que por serem governadas por poucos genes estes apresentam uma maior resposta em relação ao carácter.

Dentre as metodologias para detecção de um QTL, é muito comum a utilização de marcadores moleculares como forma de associar um fenótipo a um marcador. Diversas são as características analisadas e os marcadores utilizados. Li et al. (2008) utilizando 322 marcadores SSR, identificaram novos QTLs para as características: dias de florescimento, dias para maturação, altura da planta, peso de 100 sementes, número de ramos e período de

enchimento de sementes, observando uma correlação positiva entre dias de floração e maturação numa população de 126 indivíduos derivados de uma RIL (*Recombinant Inbreed Lines*) com cruzamento entre a PI (Planta Introduzida) 171451, que apresenta maturação tardia e resistência a insetos, e a cultivar Hwaeomputkong, com vegetação e maturação precoces (HONG et al. 1995). Komatsu et al., 2012 utilizando 314 primers SSR em uma população de 143 indivíduos derivados de uma RIL do cruzamento entre IpponSangoh', que exhibe maturação precoce, e a 'Fukuyutaka', identificaram dois QTLs nos cromossomos 10 e 16 controlando o período de pós-floração em soja. Soares, et al., 2008, com população de 118 plantas obtidas de uma RIL entre as cultivares BARC-8' e Garimpo, contrastantes para teor de proteína, utilizando 567 primers SSR e 1.200 primers RAPD identificaram dois QTLs estáveis nos grupos de ligação E e L, três nos grupos de ligação C2, E, e N para o ambiente de Cascavel – PR, e dois nos grupos G e #1, para o ambiente de Viçosa – MG. Qi et al., (2014) conseguiram mapear 56 QTLs de influência no teor de óleo em soja em 15 dos 20 cromossomos da soja, com ajuda de 164 SSR. Pathan et al., 2013, também trabalhando com mapeamento para teor de óleo, porém juntamente para teor de proteína e peso de sementes, fizeram uso de mais de 900 SSR e SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) e duas populações de RIL, Magellanx PI 438489B e Magellan x PI 567516C, conseguindo identificar sete QTLs para proteína, seis para óleo e quatro para peso de sementes. Rodrigues et al., 2010, utilizando 207 indivíduos de RIL obtido pelo cruzamento entre a linhagem CS3032PTA276, com alto teor de proteína, e a variedade UFVS2012, alto teor de óleo, identificaram quatro QTLs associados ao conteúdo de proteína, nos grupos de ligação D1a, G, A1, e I, e

três para conteúdo de óleo, nos grupos A1, I e O, utilizando 357 SSRs. Assim como estes, outros pesquisadores mapearam QTLs para diversas características em soja: morfológicas (KEIM, *et al.*, 1990; MANSUR *et al.*, 1996; LEE *et al.*, 1996; ZHANG *et al.*, 2004); reprodutivas (KEIM *et al.*, 1990; MANSUR *et al.*, 1996); conteúdo de proteína e óleo no grão (DIERS *et al.*, 1992; LEE *et al.*, 1996; BRUMMER *et al.*, 1997, ORF *et al.*; 1999; QIU *et al.*, 1999; SEBOLT *et al.*, 2000; CASANADI *et al.*, 2001; CHUNG *et al.*, 2003; NICHOLS *et al.*, 2006); resistência à doenças (CONCIBIDO *et al.*, 1994; WEBB *et al.*, 1995; QIU *et al.*, 1999; YUAN *et al.*, 2002); produtividade (WANG *et al.*, 2004; CHUNG *et al.*, 2003; CONCIBIDO *et al.*, 2003), entre outras. Como visto, diversos são os trabalhos relatando QTLs, principalmente para conteúdo de óleo e proteína em sementes de soja. Assim, de posse do conhecimento desses marcadores associados a esses QTLs, vê-se a possibilidade de utilização destes na seleção assistida de genótipos para esses QTLs (BOUCHEZ *et al.*, 2002), favorecendo o melhoramento dessas características.

A seleção assistida por marcadores (SAM) consiste na associação de um fenótipo à uma região de DNA que pode ser visualizada e comparada com o fenótipo por meio de marcadores moleculares. Assim, para que isso seja possível, essa região que o marcador se associará deverá estar muito próxima, ou até dentro, da região gênica de expressão do fenótipo ou de parte dele. Assim, para fenótipos associadas a poucos genes (caracteres oligogênicas), é menos demorada seu desenvolvimento e utilização. Porém, para características reguladas por muitos genes (QTLs), a SAM apresenta alguns entraves. O primeiro seria o número de QTLs selecionados, já que a da SAM diminui com o aumento do número de QTLs, uma vez que a herdabilidade da

característica diminuir (MOREAU et al., 1998). Assim, segundo Ribaut e Betran (1999), três QTLs são adequados para realizar SAM, embora Lecomte et al. (2004) terem realizado melhoria das características de qualidade de tomates via SAM usando cinco QTLs. Porém, o número de QTLs utilizados em SAM pode ser ainda maior com o uso de marcadores SNP (*Single Nucleotide Polymorphisms*) (KUMPATLA et al., 2012). Com relação a quais QTLs utilizar, apenas os QTLs que explicarem maior proporção da variação fenotípica serão os selecionados, pois assim maior ganho será possível, viabilizando a estratégia.

Para a SAM é necessário certificar-se quanto a presença do gene no material. Assim, o uso de dois marcadores que estejam ligados com o QTL de interesse e flanqueando-o é necessário. Para tal os marcadores devem estar a menos de 5 cM do gene de interesse, a fim de garantir que apenas uma pequena proporção dos indivíduos selecionados sejam recombinantes. Para marcadores localizados no interior da sequência gênica de interesse ou muito associado com o QTL / gene, de forma a não ocorrer recombinação entre o marcador e o QTL / gene, apenas um marcador poderá ser utilizado. A eficiência da SAM diminui à medida que a frequência de recombinação entre os marcadores e genes aumenta.

A SAM é útil em quatro casos: a) quando a seleção fenotípica não é adequada, seja pelo custo ou o tempo necessário ou devido à baixa penetrância ou herança complexa da característica; b) quando a seleção depende das condições ambientais ou do estágio de desenvolvimento da planta; c) para recuperação de genomas recorrentes ou na manutenção de alelos recessivos em programas de retrocruzamentos, d) quando se deseja reunir, em um único

material, diversas características monogênicas ou vários QTLs para uma característica com herança complexa (como a tolerância à seca ou outra).

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BENDER, A.E. Effects on nutritional balance: antinutrients. *In*: WATSON, D.H. *Natural toxicants in food: progress and prospects*. London : Ellis Horwood International Publishers, p.110-124. 1987.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. *Melhoramento de Plantas*. 4 ed. UFV. 2007, 529 p.

BOUCHEZ, A.; HOSPITAL, F.; CAUSSE, M.; GALLAIS, A.; CHARCOSSET, A. Marker-assisted introgression of favorable alleles at quantitative trait loci between maize elite lines. **Genectis Society of América**, v.162, p.1945-1959, 2002.

BRUMMER, E.C.; GRAEF, G.L.; ORF, J.; WILCOX, J.R.; SHOEMAKER, R.C. Mapping QTL for seed protein and oil content in eight soybean populations. **Crop Science**, v.37, p.370-378, 1997.

BURTON, J.W., Soybean. *Crops that feed the World 2*. Soybean—worldwide production, use, and constraints caused by pathogens and pests. *Field Crops Res.* 53, 171–186. 1997.

CAIXETA, E. T.; OLIVEIRA, A. C. B.; BRITO, G. G.; SAKIYAMA, N. S. Tipos de marcadores moleculares. *In*: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. (Eds.). *Marcadores moleculares*. Viçosa, v.2, ed.2, p.11- 94. 2009.

CASANÁDI G.; VOLLMANN, J.; STIFT, G.; LELLEY, T. Seed Quality QTLs Identified in a Molecular Map of Early Maturing Soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.103, p.912-919, 2001.

CHEN, Y.Y., CHEN, P.Y. AND DE LOS REYES, G. Differential responses of the cultivated and wild species of soybean to dehydration stress. *Crop Science* 46, 2041–2046. 2006.

CHUNG, J.; BABKA, H.L.; GRAEF, G.L.; STASWICK, P.E.; LEE, D.J.; CREGAN, P.B.; SHOEMAKER, R.C.; SPEECH, J.E. The seed protein, oil, and yield QTL on soybean linkage group I. **Crop Science**, v.43, p.1053-1067, 2003.

CONCIBIDO, V.C.; VALLE, B.L.; MCLAIRD, P.; PINEDA, N.; MEYER, J.; HUMMEL, L.; YANG, J.; WU, K.; DELANNAY, X. Introgression of a quantitative trait locus for yield from *Glycine soja* into commercial soybean cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, v.106, p.575-582, 2003.

CONCIBIDO, V.C.; DENNY, R.L.; BOUTIN, S.R.; HOUTEA, R.; ORF, J.H.; YOUNG, N.D. DNA marker analysis of loci underlying resistance to soybean cyst nematode (*Heterodera glycines Ichinohe*). **Crop Science**, v.34, p.240-246, 1994.

CRANE, C.F., BWVERSDORF, W.D. AND BINGHAM, E.T. (1982) Chromosome pairing and associations at meiosis in haploid soybean (*Glycine max*). *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 24, 293–300.

CLARINDO, W.R., DE CARVALHO, C.R. e ALVES, B.M.G. Mitotic evidence for the tetraploid nature of *Glycine max* provided by high quality karyograms. *Plant Systematics and Evolution* 265, 101–107. 2007.

CNPso. Centro Nacional de Pesquisa da Soja. Disponível em: <http://www.cnpso.embrapa.br/>. Acesso em: 10 jan. 2013.

CONAB (Companhia Nacional de Abastecimento.) Perspectivas para a agropecuária. v.2, Brasília , p. 132-146 set. 2014

DIERS, B.W.; KEIM, P.; FEHR, W.R.; SHOEMAKER, R.C. RFLP analysis of soybean seed protein and oil content. **Theoretical and Applied Genetics**, v.83, p.608-612,1992.

DONG, Y. S.; ZHUANG, B. C.; ZHAO, L. M.; SUN, H. e HE, M. Y. The Genetic Diversity of Annual Wild Soybeans Grown in China, *Theoretical and Applied Genetics*, Vol. 103, No. 1, 2001, pp. 98-103. doi:10.1007/s001220000522

DZIKOWSKI, B. Studia nad soja *Glycine hispida* (Moench) Maxim. Cz. 1. Morfologia. Pamiętnik Państwowego Instytutu Naukowego Gospodarstwa Wiejskiego w Pulawach. Tom 16, zeszyt 2. Rozprawa Nr 253: 69–100. 1936.

FALEIRO, F. G. Princípio científico e análises genéticas utilizando marcadores moleculares. In: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M. de.; REIS JÚNIOR, F. B.; (Org.). Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011, v. , p. 31-52.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3º ed. Brasília: EMBRAPA, CENARGEN, p. 220, 1998.

GELDERMANN, H. Investigations on inheritance of quantitative characters in animals by gene markers. I. Methods. *Theor Appl Genet*, **46**: 319–330. 1975.

GOLDBLATT, P. CYTOLOGY AND THE PHYLOGENY of Leguminosae. In: Polhill, R.M. and Raven, P.H. (eds) *Advances in Legume Systematics*, Part 2. Royal Botanic Gardens, Kew, UK, pp. 427–463. 1981.

HARTMAN, G. L.; WEST, E. D. E HERMAN, T. K. Crops that feed the World 2. Soybean: worldwide production, use, and constraints caused by pathogens and

pests. Food Sec. 3:5?17,2011. DOI 10.1007/s12571-010-0108-x

HASSE, G. **O Brasil da soja: abrindo fronteiras, semeando cidades**. Porto alegre,RS, L&PM Editores. 256p. 1996.

HONG EH, KIM SD, KIM HS, YUN HT, KOH MH, RYU YH, LEE YH, CHOI KJ, KIM WH, CHUNG WK. An early maturity, good seed quality and vegetable soybean variety 'Hwaeomputkong'. RDA J. Agric. Sci. 37: 131-134.1995.

HYMOWITZ, T. Speciation and cytogenetics. p. 97-136. In: Boerma, H. R., and J. E. Specht (eds.) Soybeans: Improvement, production, and uses. 3rd edition, American Society of Agronomy, Inc., Madison, Wisconsin. 2004.

JIANG, G.L. Molecular Markers and Marker-Assisted Breeding in Plants. Plant Breeding from Laboratories to Fields. Capítulo 3, p.45-84. 2013. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.5772/52583>.

JOHNSON, H.W.; ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and these implications in selection. Agronomy Journal, Madison, v.47, p.477-483, 1955.

KANAMARU, K., WANG, S.D. AND ABE, J. Identification and characterization of wild soybean (*Glycine soja* Sieb. et Zecc.) strains with high lutein content. *Breeding Science* 56, 3231–3234. 2006.

KEIM, P.; DIERS, B.W.; OLSON, T.C.; SHOEMAKER, R.C. RFLP mapping in soybean: association between marker loci and variation in quantitative trait. *Genetics*,v.126, p.735-742, 1990.

KLOOSTERMAN, B. MARIAN OORTWIJN, JAN UITDEWILLIGEN , TWAN AMERICA, RIC DE VOS , RICHARD GF VISSER, CHRISTIAN WB BACHEM. From QTL to candidate gene: Genetical genomics of simple and complex traits in potato using a pooling strategy. *BMC Genomics* 2010 11:158. doi:10.1186/1471-2164-11-158

KOMATSU K, HWANG TY, TAKAHASHI M, SAYAMA T, FUNATSUKI H, OKI N, ISHIMOTO M. Identification of QTL controlling post-flowering period in soybean *Breed Sci.* 2012 Jan;61(5):646-52. doi: 10.1270/jsbbs.61.646. Epub 2012.

KUMPATLA, S.P.; BUYYARAPU, R.;ABDURAKHMONOV, I.Y. ;MAMMADOV, J.A. Genomics-assisted plant breeding in the 21st century: technological advances and progress. In: I.Y. Abdurakhmonov (ed.), *Plant Breeding, InTech*, pp 131-184. 2012.

LANA, U. G. DE P.; GUIMARÃES, C. T. ; SOUZA, I. R. P. de e BELICUAS, S. N. J.. Desenvolvimento de marcadores moleculares baseados em análogos de genes de resistência associados a QTLs de resistência à mancha-branca-do-milho. XXVIII Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 2010, Goiânia: Associação Brasileira de Milho e Sorgo. CD-Rom. pp34. Disponível em:<

<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/25142/1/0251.pdf>>. Acesso 16 fev 2015.

LECOMTE, L., P. DUFFÉ, M. BURET, B. SERVIN, F. HOSPITAL, e M. CAUSSE. Markerassisted introgression of five QTLs controlling fruit quality traits into three tomato lines revealed interactions between QTLs and genetic backgrounds. *Theor. Appl. Genet.* 109: 568-668. 2004.

LEE, S.H.; BAILEY, M.A.; MIAN M.A.R.; SHIPE, E.R. ASHLEY, D.A.; PARROT W.A.; HUSSEY, R.S.; BOERMA, H.R. Identification of quantitative trait loci for plantheight, lodging, and maturity in a soybean population segregating for growth habit. **Theoretical and Applied Genetics**, v.92, p.516-523, 1996.

LEWIS, G.P., SCHRIRE, B., MACHINDER, B. e LOCK, M. Legumes of the World. Royal Botanic Gardens, Kew. 2005.

LI, G. (2003). Phytoprotein synthetic fibre and the method of making the same, WO/2003/056076

LI, W., ZHENG, D. H., VAN, K., & LEE, S. H. QTL mapping for major agronomic traits across two years in soybean (*Glycine max* L. Merr.). *J. Crop Sci. Biotech*, 11, 171-190. 2008 <http://dx.doi.org/10.1093/aob/mcm149>

LUO, Q., YU, B. e LIU, Y. Differential sensitivity to chloride and sodium ions in seedlings of *Glycine max* and *G. soja* under NaCl stress. *Journal of Plant Physiology* 162, 1003–1012. 2005.

MANSUR, L.M.; ORF, J.H.; CHASE, K.; JARVIK, T.; CREGAN, P.B.; LARK, K.G. Genetic mapping of agronomic traits using recombinant inbred lines of soybean. **Crop Science**, v.36, p.1327-1336, 1996.

MOREAU, L., CHARCOSSET, A.; HOSPITAL, F. E GALLAIS, A. Marker-assisted selection efficiency in populations of finite size. **Genetics** 148: 1353-1365. 1998.

MORSE, W.J.; CARTER, J.L. Improvement in soybeans. **US. Dept. Agr.** Yearbook .p.1154-1189. 1937.

NATARAJAN, S.S., XU, C. AND BAE, H. Characterization of storage proteins in wild (*Glycine soja*) and cultivated (*Glycine max*) soybean seeds using proteomic analysis. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 54, 3114–3120. 2006.

NAVDEEP GILL, SETH FINDLEY, JASON G. WALLING, CHRISTIAN HANS, JIANXIN MA, JEFF DOYLE, GARY STACEY, AND SCOTT A. JACKSON. Molecular and Chromosomal Evidence for Allopolyploidy in Soybean1[OA] **Plant Physiology**, Vol. 151, pp. 1167–1174. 2009.

NICHOLS, D.M.; GLOVER, K.D.; CARLSON, S.R.; SPECHT, J.E.; DIERS, B.W. Fine mapping of a seed protein QTL on soybean linkage group I and its correlated effects on agronomic traits. **Crop Science**, v.46, p.834-839, 2006

ORF, J.H.; CHASE, K; ADLER, F.R.; MANSUR, L.M.; LARK, K.G. Genetics of soybean agronomic traits: Interactions between yield quantitative trait loci in soybean. **Crop Science**, v.39, n.6, p.1652-1657, 1999.

OWEN, F. V. INHERITANCE STUDIES IN SOYBEANS.111. Seed-coat color and summary of all other mendelian characters thus far reported. **GENETICS** 3: 50 Ja 1928.

PATHAN MS, VUONG T, CLARK K, LEE J-D, SHANNON JG, ROBERTS CA, ELLERSIECK MR, BURTON JW, CREGAN PB, HYTEN DL, NGUYEN HT, SLEPER DA. Genetic mapping and confirmation of quantitative trait loci for seed protein and oil contents and seed weight in soybean. **Crop Sci.** 53:765–774. 2013.

QI, Z.; HAN, X.; HOU, M.; XIN, D.; WANG, Z.; ZHU, R.; HU, Z. JIANG, H.; LI, C.; LIU, C.; HU, G. e CHEN, Q. QTL analysis of soybean oil content under 17 environments . **Can. J. Plant Sci.** 94: 245-261. 2014. doi:10.4141/CJPS2013-219

QIU, L.-J. e CHANG, R.-Z. Origin and History of Soybean. SINGH, G. The Soybean: Botany, Production and Uses. p.7-9. **CAB International** 2010.

QIU, B.X.; ARELLI, P.R.; SLEPOR, D.A. RFLP markers associated with soybean cyst nematode resistance and seeds composition in a “Peking” x “Essex” population. **Theoretical and Applied Genetics**, v.98, p.356-364, 1999.

RANGEL, M.A.S.; CAVALHEIRO, L.R.; CAVICHIOLO, D.; CARDOSO, P.C. Efeito do genótipo e do ambiente sobre os teores de óleo e proteína nos grãos de soja, em quatro ambientes da Região Sul de Mato Grosso do Sul, safra 2002/ 2003. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2004. (Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 17)

RIBAUT, J.M., e Betran, J. Single large-scale marker-assisted selection (SLSMAS). *Mol. Breeding* 5: 531-541. 1999.

RODRIGUES, J. I. S.; MIRANDA, F. D.; FERREIRA, A.; BORGES, L. L.; FERREIRA, M.F. S.; GOOD-GOD, P. I. V.; PIOVESAN, N. D.; BARROS, E.G.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, M. A. Mapeamento de QTL para conteúdos de proteína e óleo em soja. *Pesq. Agropec. Bras.*, Brasília, v.45, n.5, p.472-480, 2010.

ROSA, A. J. de M.; FRAGOSO, R. da R. Análise genômica aplicada a produção animal. In: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M. de.; REIS JÚNIOR, F. B.; (Org.). *Biotechnology: estado da arte e aplicações na agropecuária*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011a, p. 579-580.

SCHUELTER, J.A., DIXON, P., GRANGER, C., GRANT, D., CLARK, L., DOYLE, J. AND SHOEMAKER, R. Mining the EST databases to resolve evolutionary events in major plant species. *Genome* 47, 868–876. 2004.

SCHUSTER, I. Marker-assisted selection for quantitative traits.. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* S1: 50-55, 2011

SEBOLT, A.M.; SHOEMAKER, R.C; DIERS, B.W. Analysis of a quantitative trait locus allele from wild soybean that increases seed protein. **Crop Science**, v.40, p.1438-1444, 2000.

SHU, S.Z., LI, F.S. AND CHANG, R.Z. Preliminary study on evolution of main traits in soybean. *Acta Agronomica Sinica* 4, 255–259. 1986.

SILVA, M. R.; SILVA, M. A. A. P. Fatores Antinutricionais: Inibidores de Proteases e Lectinas. *Revista de Nutrição, Campinas*, 13 (1):. 2000.

SILVA, R. L. ; SOUZA, L. A. G. ; SOUSA, S. G. A. ; CASTRO, R. S. Levantamento de Fabaceae com potencial para recuperação de solo, em diversos ambientes no município de Codajás- AM. In: Congresso Brasileiro de Agroecologia, 2011, Fortaleza. Caderno de Agroecologia, 2011. v. 6.

SIMAS, R. C. Determinação de proteína bruta e aminoácidos em farelo de soja por espectrometria no infravermelho próximo. Dissertação mestrado, UNICAMP, Campinas, SP, 2005, p.22-23.

SINGH, R.J. Methods for producing fertile crosses between wild and domestic soybean species. US Patent. Application number 11/417,369. Publication number US 2007/0261139. 2007.

SOARES T.C.B., GOOD-GOD P.I.V., MIRANDA F.D., SOARES Y.J.B., SCHUSTER I., PIOVESAN N.D., BARROS S.E.G., MOREIRA M.A. QTL mapping for protein content in soybean cultivated in two tropical environments. *Pesq Agropec Bras.* 2008;43:1533–1541

SOUZA, L.A. G. de. Guia da biodiversidade de fabaceae do Alto Rio Negro. Manaus. INPA. [s.n.], 2012. 118 p. Disponível em: <ftp://ftp.inpa.gov.br/pub/incoming/projeto_fronteras/10-Luiz-Augusto/Guia%20Fabaceae%20-%20Livro.pdf>. Acesso em 16 fev 2015.

USDA. World Agricultural Supply and Demand Estimates. WASDE - 537 Approved by the World Agricultural Outlook Board. January 12, 2015.

USDA. OBJECTIVE DESCRIPTION OF VARIETY Soybean (*Glycine max* (L.) Merr.). 2009. Disponível em: <http://www.ams.usda.gov/AMSV1.0/getfile?dDocName=STELDEV3002587>>. Acesso em 03 fev 2015.

VAN, K., KIM, D.H. e CAI, C.M. Sequence level analysis of recently duplicated regions in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] genome. *DNA Research* 15, 93–102.2008.

VAVILOV, N.I. Centres of origin of cultivated plants. *Tr. po Prikl. Bot. Genet. Sel. Bull. Appl. Bot. & Genet. Sel* 16(2):139-248 [in Russian] .1926.

VIDIC, M.; HRUSTIC, M.; MILADINOVIC, J.; DJUKIC, V.; DJORDJEVIC, V.; POPOVIC, V. Latest NS varieties of soybean. **Field and Vegetable Crops Research**, v.47, p.347-355, 2010.

WANG, D.; GRAEF, G.L.; PROCOPIUK, A.M.; DIERS, B.W. Identification of putative QTL that underlie yield in interspecific soybean backcross populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, p.458-467, 2004.

WANG, Q.R., LI, S.F., YANG, Z.Y., ZHOU, L.L., GAO, H., XU, B.H., FANG, Z.L., GONG, S.L., GAO, J., WU, Y.M., CAI, M.Y., SHI, W.Y. e GE, C.H. The effects of soybean peptides supplementation on serum biomarkers in distance runners. **Chinese Journal of Sports Medicine** 1, 33–37.2004.

WANG, K.J., TAKAHATA, Y. and KONO, Y. Entity evidence for differentiation between Tia and Tib types of soybean Kunitz trypsin inhibitor: Detection of a novel transitional variant type between Tia and Tib in wild soybean (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.). **Theoretical and Applied Genetics** 112, 66–71. 2005

WANG, H.W., ZHANG, J.S. and GAI, J.Y. Cloning and comparative analysis of the gene encoding diacylglycerol acyltransferase from wild type and cultivated soybean. **Theoretical and Applied Genetics** 112, 1086–1097. 2006.

WANG, C.M., WU, X.L. and JIA, F.X. Genetic variations of glycinin subunit genes among cultivated and wild type soybean species. **Progress in Natural Science** 18, 33–41. 2008a

WANG, K.J., TAKAHATA, Y. and KONO, Y. Allelic differentiation of Kunitz trypsin inhibitor in wild soybean (*Glycine soja*). **Theoretical and Applied Genetics** 117, 565–573. 2008b

WEEB, D.M.; BALTAZAR, B.M.; RAO-ARELLI, A.P.; SCHUPP, J.; CALYTON, K.; KEIM, P.; BEAVIS, W.D. Genetic mapping of soybean cyst nematode race-3 resistance loci in soybean PI437654. **Theoretical and Applied Genetics**, v.91, p.574-581, 1995.

WOODWORTH, C. M. Inheritance of growth habit, pod color, and flower color in soybeans. **Jour. Amer. Soc. Agron.** 15: 481-495, illus. 1923.

XAVIER-FILHO, J., CAMPOS, F.A.P. Proteinase inhibitors. *In*: CHEEK, P.R. **Toxicants of plant origin**. Boca Raton : CRC Press, v.3: p.1-27. 1989.

XU, C.P., CAPERNA, T.J. AND GARRETT, W.M. Proteomic analysis of the distribution of the major seed allergens in wild, landrace, ancestral, and modern soybean genotypes. **Journal of the Science of Food and Agriculture** 87, 2511–2518. 2007.

YANG, Y., YAN, C.Q. AND CAO, B.H. Some photosynthetic responses to salinity resistance are transferred into the somatic hybrid descendants from the

wild soybean *Glycine cyrtoloba* ACC547. **Physiologia Plantarum** 129, 658–669. 2007.

YING, J.-Z.; CHEN, Y.-Y. e ZHANG, H.-W. Functional Characterization of Genes/QTLs for Increasing Rice Yield Potential, Rice - Germplasm, Genetics and Improvement, Dr. Wengui Yan (Ed.), ISBN: 978-953-51-1240-2, InTech, 2014. DOI: 10.5772/56820. Available from: <http://www.intechopen.com/books/rice-germplasm-genetics-and-improvement/functional-characterization-of-genes-qtls-for-increasing-rice-yield-potential>

YUAN, J.; NJITI, V.N.; MEKSEM, K.; IQBAL, M.J.; TRIWITAYKORN, K.; KASSEN, M.A.; DAVIS, G.T.; SCHIMIDT, M.E.; LIGHHFOOT, D.A. Quantitative trait loci in two soybean recombinant inbred line populations segregating for yield and disease resistance. **Crop Science**, v.42, p.271-277, 2002.

ZAKHAROVA, E.S., EPISHIN, S.M. AND VINETSKI, Y.P. An attempt to elucidate the origin of cultivated soybean via comparison of nucleotide sequences encoding glycinin B4 polypeptide of cultivated soybean, *Glycine max*, and its presumed wild progenitor, *Glycine soja*. **Theoretical and Applied Genetics** 78, 852–856. 1989

ZHANG, W.K.; WANG, Y.J.; LUO, G.Z.; ZHANG, J.S.; HE, C.Y.; WU, X.L.; GAI, J.Y.; CHEN, S.Y. QTL mapping of ten agronomic traits on the soybean genetic map and their association with EST markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.108,p.1131-1139, 2004.

ARTIGO 1

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS PARA TEORES DE ÓLEO E PROTEÍNA EM SEMENTES DE UMA COLEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA.

1.RESUMO

A soja é uma das culturas de maior importância mundial devido ao óleo e proteína extraídos de suas sementes. Devido a esta importância, tivemos como objetivo a avaliação de linhagens do programa de Melhoramento Genético da Qualidade da soja na UFV no estado de Minas Gerais, quanto aos caracteres conteúdos de óleo e proteína, assim como para adaptabilidade e estabilidade das linhagens em três ambientes, sendo as últimas avaliadas pela metodologia de Eberhart e Russell e pela de Centróides. Foram selecionadas as linhagens 13, 18, 90, 148, 152, 172, 204, 206, 174 e 120 , pois apresentaram altos conteúdos de óleo juntamente com alta adaptabilidade para os métodos e três para conteúdo de proteína (linhagens 124, 158 e 143). Assim, esta linhagens selecionadas poderão ser selecionadas para futuros programas de melhoramento de forma a gerar populações recombinantes para estudos futuros destes dois caracteres ou poderão ser destinadas como possíveis linhagens comerciais.

Termos para indexação: *Glycine max*, adaptabilidade, estabilidade

2.INTRODUÇÃO

A soja [*Glycine max* (L.) Merr.] é uma das principais *commodities*, apresentando 59,05% da produção de sementes oleaginosas no mundo. Levando-se em consideração a produção mundial, o Brasil ocupa a segunda posição, com 95,5 milhões toneladas de soja por ano, perdendo apenas para os Estados Unidos (108.01 milhões de toneladas) (USDA, 2015a). Boa parte da soja é destinada, pela indústria, para a obtenção de dois subprodutos: o óleo e o farelo, este último rico em proteínas. A produção mundial de óleo de soja está em torno de 47,15 Milhões de toneladas, destas, 7,215 Milhões de toneladas provém do Brasil (USDA,2015b). O óleo de soja é utilizado tanto na alimentação humana, devido ao seu valor energético e nutricional (RIBEIRO e SERAVALLI, 2004; KRATZ,2002; ORNELLAS, 2001 ; GREGÓRIO e ANDRADE, 2004; MIKCHAILOV, 1996, NICHOLS et al.,2006; WANG et al., 2006), além de ser empregado na constituição de cosméticos, tintas, combustíveis (biodiesel) (HARTMAN et al, 2011), e espumas para estofados (AUTOESTRADA, 2006). Em relação à proteína oriunda de fontes vegetais, a expectativa de produção é, segundo a USDA (2015a), de 292,59 milhões de toneladas, com a soja representando 68,18% dessa produção. Desse montante, o Brasil ocupa o quarto lugar, com 29,0 milhões de toneladas, sendo o segundo maior exportador, 14,10 milhões de toneladas, perdendo apenas para a Argentina, 28,16 milhões de toneladas. Contudo, metade da produção nacional de proteína de soja se destina ao consumo interno, visto a sua ampla utilização na alimentação humana e animal (HARTMAN *et al*, 2011).

Este emprego da soja por diferentes indústrias (alimentação humana e animal, farmacêutica e de biodiesel) se deve à sua constituição. A semente de soja

contém cerca de 40% de proteína e 20% de óleo quando madura (RODRIGUES et al., 2014). Os teores de óleo e proteína em sementes de soja são características quantitativas, sendo assim, apresentam grande influência das condições nas quais a soja é cultivada (RODRIGUES et al., 2014; DORNBOS e MULLEN, 1992; ; FEHR et al., 2003; WILSON, 2004; NICHOLS et al., 2006; ROTUNDO e WESTGATE, 2009). Vollmann et al., (2000) verificaram que tanto a adubação nitrogenada após enchimento do grão quanto a aplicação de *Rhizobium* no semeio, promoveram o aumento das quantidades de proteínas na sementes. No entanto, estes autores afirmam que o aumento de chuvas e a redução de temperatura podem levar a baixas quantidades de proteínas na semente, com incremento no teor de óleo. Fato também verificado por Dornbos e Mullen, (1992) ; Fehr et al., (2003); Wilson, (2004); Nichols et al., (2006) e Rotundo e Westgate, (2009). Essa variação nos teores se dá devido não somente a variação ambiental, mas também pela interação desta com o genótipo do material, uma vez que as condições ambientais promovem a expressão de genes que permitam melhor adaptação da planta quanto à nova condição. Estas variações na expressão destas características são devido ao fato das mesmas serem controladas por diferentes genes. Assim, são ditas quantitativas, e os locos envolvidos em seus controles são denominados locos de características quantitativas (QTLs – *Quantitative Trait Loci*). Esses locos apresentam resposta diferenciada na expressão gênica e são encontrados em grande número no genoma da soja (Qi et al., 2014; HWANG et al. 2014; ESKANDARI et al. 2013). De acordo com o Soybase (2015), em janeiro do mesmo ano, 179 QTLs foram identificados para teor de óleo e 145 para teor de proteína em sementes de soja. Contudo, uma única planta dificilmente

conseguirá reunir todos esses QTLs. Outro aspecto a ser levado em consideração no estudo dos conteúdos de óleo e proteína é a existência de uma correlação negativa entre estas duas características, ou seja, o aumento da expressão de um culmina da redução do outro, e há também a expressão diferenciada dos genes do QTL. Assim, pode-se selecionar o(s) QTL(s) que apresente(m) maior(es) resposta(s) para cruzamentos com materiais elite visando plantas com incremento dessa característica. Para tal, lança-se mão de ferramentas que identifiquem esses QTLs. E uma dessas ferramentas são os marcadores moleculares. Diversos são os marcadores moleculares utilizados para tal finalidade, contudo os microssatélites são os mais descritos devido a baixa tecnologia requerida, repetibilidade e fácil manuseio. Outra importância dos marcadores moleculares é sua associação com um loco responsivo de um caráter, de forma a permitir a seleção de materiais, com base na presença ou ausência de tal loco, revelada pelo marcador. Isto se constitui na Seleção Assistida por Marcador (SAM). Assim, objetivou-se identificar, dentro das linhagens trabalhadas, as com maiores conteúdos de proteína e de óleo, também apresentando elevada adaptabilidade e estabilidade como forma a constituírem possíveis genitores em programas de melhoramento para estas características ou como cultivares comerciais.

3.MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisadas 200 linhagens de soja e oito testemunhas: linhagens 201 (VX-04-5622), 202 (Suprema), 203 (UFVTN 105AP), 204 (A 7002), 205 (Conquista), 206 (Msoy 6101), 207 (CS 030) e 208 (VX-04-5692), pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Qualidade de Soja

(PMGQS) do BIOAGRO, cultivadas nas regiões de Rio Paranaíba (Centro Experimental da COOPADAP) nos períodos de 2011-2012 e 2012-2013, de Capinópolis (UFV-CEPET) e no *campus* da UFV em Florestal (2012-2013), todas no estado de Minas Gerais. O delineamento foi o de blocos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída de 4 fileiras de 5 m e espaçamento entre fileiras de 0,5m, totalizando uma área de 2080 m². O plantio ocorreu entre novembro e dezembro de 2012.

As sementes oriundas foram moídas em moinho industrial (modelo MA020, Marconi) e a farinha resultante foi analisada pelo método de espectrometria do infravermelho utilizando um analisador FT-NIR (modelo Antaris II, Thermo Scientific) para determinação dos teores de óleo e proteína em soja (RODRIGUES *et al.*, 2014).

Para análise estatística dos dados fenotípicos, foi realizada a análise de variância individual e conjunta, com base no modelo fatorial para testar os efeitos de genótipo, ambiente e da interação genótipo x ambiente por meio do teste F, utilizando os modelos estatísticos :

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + e_{ij} \text{ (ANOVA Individual)}$$

e

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B_k + A_{jk} + \varepsilon_{ijk} \text{ (ANOVA Conjunta) com os efeitos G e A aleatórios.}$$

Posteriormente à ANOVA, foram feitos estudos de estratificação ambiental e análises de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos de Centróide (ROCHA *et al.*, 2005) e Eberhart e Russell (1966). Também foi realizado o agrupamento das linhagens baseadas nos valores fenotípicos utilizando a distância

Euclidiana média, de forma a verificar a similaridade do material e estimar o número de grupos.

4.RESULTADOS E DISCUSSÃO

Analisando-se a Tabela 1, verifica-se que as médias de conteúdo de óleo e proteína na semente variaram de 20.40 a 21.48 % e 38.02 a 39.62 % respectivamente, sendo a maior média de conteúdo de óleo para o ambiente São Gotardo e a maior de conteúdo de proteína para Florestal. O coeficiente de variação apresentou valores percentuais reduzidos, de 3.16 a 8.05% para óleo e 1.88 a 3.84% para proteína, indicando grande controle local dentro dos blocos. A herdabilidade variou de 65.97 a 95.90% para conteúdo de óleo e 82.18 a 97.32% para conteúdo de proteína, sendo considerados elevados por Pinheiro *et al.*, (2013) e Soares *et al.*,(2008). A razão CV_g/CV_e variou entre os ambientes de 0.8 a 2.79 para conteúdo de óleo e 1.24 a 3.48 , indicando uma maior contribuição da variância genética em relação à ambiental. Com relação ao fator linhagem, verifica-se que tanto para teor de proteína e óleo foram significativos a 1% de probabilidade, sugerindo variabilidade entre os genótipo. Pela análise dos dados da Tabela 2 observa-se que a média do conteúdo de óleo e proteína para os três ambientes foi próxima de 21% e 39%,respectivamente, sendo um valor médio conforme a literatura (BOERMA e SPECHT, 2004). Contudo, para os genótipos analisados, a média geral do conteúdo de óleo variou entre 23,63, para a linhagem 174, a 16,66, para 131(Tabela A1). Assim, para a mesma tabela, as linhagens 174, 204, 119,120, 175, 179 e 49 foram as que apresentaram teores de óleo próximo a 23%. Contudo, apresentaram CV (coeficiente de variação) entre 2,41 e 7,63%. A

linhagem que apresentou maior conteúdo de óleo e menor valor de CV foi a 182, com 22,95% e 0,38 % respectivamente. Em relação às avaliações dos teores de proteína as linhagens 143, 72, 158,147 e102 foram as que se destacaram, apresentando valores acima de 43%. Considerando os valores de CV, as linhagens 190, 161, 169, 159 e 158 apresentaram os menores valores em relação aos demais materiais, com a última sendo a mais indicada como cultivar para plantio ou como genitora em programas de melhoria, visto que apresentou elevados teores de proteína e reduzidos valores de CV (0,74%), sendo pouco variável entre os ambientes (Tabela A1).

A variação dos teores de óleo e proteína nos ambientes, mostrado pelos valores de CV na Tabela A1, é devido principalmente a interação genótipo x ambiente, que foi significativa a 1% de probabilidade pelo teste F, como pode ser visto na Tabela 2. Isto mostra que há linhagens cuja expressão é diferenciada entre os ambientes, sendo mais indicadas à estes. Já para o fator ambiente, houve significância a 1%, juntamente com o fator genótipo, mostrando que os ambientes apresentaram diferenças entre si e, para o fator genótipos, que estes apresentam diversidade genética, o que poderia se esperar por se tratarem de linhagens distintas. Em relação aos ambientes, o que apresentou melhores condições para expressão de proteína foi Capinópolis (2,94), seguido por Florestal (1,62) e São Gotardo (1,46), baseado na soma das diferenças entre a média de cada linhagem para os ambientes (Tabela A2). Isso pode ser explicado pelas condições meteorológicas que local apresentava no período de enchimento do grão. Segundo Dornbos e Mullen, (1992), altas temperaturas favorecem o acúmulo de proteína na semente de soja, o que pode verificar para o ambiente Capinópolis, já que este localiza-se

no interior de Minas Gerais a 620,6 m de altitude (INMET, 2015), possuindo maiores temperaturas que localidades próximas de maior altitude. Já para teor de óleo, São Gotardo apresentou maior valor (1,11), seguido por Florestal (1,02) e Capinópolis (0,9). Contudo, devido ao conteúdo de proteína e óleo apresentarem correlação negativa (RODRIGUES et al., 2014), as baixas temperaturas do ar indiretamente favorecem o aumento do conteúdo de óleo em sementes de soja. Assim, baseado na altitude da região de São Gotardo, que é de 1.100 metros (IBGE, 2015), verifica-se as condições de médias de temperatura tendem a ser menores quando comparadas com Capinópolis, no mesmo estado.

O valor do coeficiente de variação foi alto para ambos os teores, sugerindo que outros fatores influenciaram na análise experimental, que pode ocorrer devido a uma grande diferença na expressão dos caracteres nos diferentes ambientes, ou a perdas de repetições, o que ocorreu para alguns materiais.

A razão CV_g/CV_e foi maior que 1.00 tanto para óleo quanto para proteína, indicando maior influencia da ação genética sobre a variação encontrada (Tabela 2).

Já para herdabilidade da característica teor de óleo, essa apresentou valor próximo a 89% enquanto para proteína foi de 87.7%. Este parâmetro refere-se a proporção da variação fenotípica atribuída ao material genético expresso do indivíduo. Valores elevados de herdabilidade estão relacionados com alta eficiência de seleção fenotípica, já que grande parte da variância fenotípica é explicada pela variância genética. (KENWORTHY e BRIM, 1979)

Tabela 1. Resumo da análise de variância individual dos percentuais de óleo para os 208 genótipos de soja cultivados nas localidades de Florestal; Carpinópolis (CEPET) e São Gotardo, MG.

FV	GL	QM (CEPET)		QM (São Gotardo)		QM (Florestal)	
		OIL	PTN	OIL	PTN	OIL	PTN
Blocos	2	23.675	27.1955	13.9831	5.8667	0.351	31.9344
Linhagens	207	7.9398**	12.9078**	11.2442**	19.0826**	8.9414**	20.6208**
Resíduo	414	2.7017	2.3007	0.4608	0.5108	0.728	1.5485
Médias(%)	-	20.42	39.5	21.48	38.02	20.5	39.62
CV(%)	-	8.05	3.84	3.16	1.88	4.16	3.14
Razão CVg/CVe	-	0.8	1.24	2.79	3.48	1.94	2.03
Herdabilidade(%)	-	65.97	82.18	95.9	97.32	91.86	92.49

significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. **FV: Fonte de variação. **GL**: Graus de liberdade. **QM**: Quadrado Médio. **OIL**: característica Conteúdo de óleo na sementes de soja. **PTN**: Característica Conteúdo de proteína na sementes de soja. **Médias**: Valores de média em porcentagem. **CV**: Valores de Coeficiente de variação (em porcentagem). **RazãoCVg/CVe**: Razão entre o Coeficiente de variação genético e o ambiental. **Herdabilidade**: Valores de herdabilidade

1 Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta dos percentuais de óleo
 2 para os 208 genótipos de soja cultivados nas localidades de Florestal;
 3 Carpinópolis (CEPET) e São Gotardo, MG.

FV	GL	QM	
		OIL	PTN
Blocos/Amb	6	12.66984	21.66555
Linhagens	207	23.05952**	42.20832**
Ambientes	2	221.14762**	494.49572**
Lin x Amb	414	2.53293**	5.20145**
Resíduo	1242	1.29669	1.45336
Médias(%)	-	20.79904	39.04595
CV(%)	-	5.47487	3.08753
Razão CVg/CVe	-	1.326	1.682
Herdabilidade(média %)	-	89.0157	87.6767

5 **significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. **FV**: Fonte de variação. **GL**: Graus de
 6 liberdade. **QM**: Quadrado Média. **OIL**: característica Conteúdo de óleo na sementes de soja.
 7 **PTN**: Característica Conteúdo de proteína na sementes de soja. **Blocos/Amb**: Blocos por
 8 ambiente. **Lin x Amb**: Fator interação linhagem x ambiente. **Médias**: Valores de média em
 9 porcentagem. **CV**: Valores de Coeficiente de variação (em porcentagem). **RazãoCVg/Cve**:
 10 Razão entre o Coeficiente de variação genético e o ambiental. **Herdabilidade**: Valores de
 11 herdabilidade média em porcentagem.

12
 13 Devido a interação genótipo x ambiente ser significativa, faz-se necessária a
 14 identificação das linhagens mais adequadas para cada condição. Essa
 15 interação genótipo x ambiente é um fator que dificulta o melhoramento, pois
 16 exige que as avaliações da cultivar sejam feitas na mesma região que o
 17 material será cultivado. Isto ocorre porque um material pode apresentar-se
 18 superior em um ambiente e no outro inferior (BRADSHAW, 1965). Ou seja, as
 19 condições do primeiro ambiente serem propícias a expressão de seu potencial.
 20 Assim, diferentes metodologias buscam selecionar os materiais mais
 21 adaptáveis e estáveis aos diferentes ambientes aos quais são cultivados. Uma
 22 dessas metodologias é a de Eberhart e Russell (1966).

23 O método de Eberhart e Russell (1966) consegue detalhar o comportamento
 24 dos genótipos, estimando a adaptabilidade, estabilidade e o coeficiente de

1 previsibilidade de cada genótipo (Regressão). A adaptabilidade do genótipo é
2 definida pela inclinação da reta (β_1), obtida pela regressão da média de cada
3 genótipo em cada ambiente em relação a um índice ambiental. Assim, quando
4 β_1 for maior que 1 (F) o genótipo é mais adaptado a ambientes favoráveis.
5 Caso β_1 seja menor que 1 (D) o genótipo é adaptado a ambientes
6 desfavoráveis. Quando o β_1 for igual a 1 (G), os genótipos apresentam
7 adaptabilidade ampla aos ambientes. Este método também apresenta o
8 coeficiente de determinação da regressão, onde os valores indicam a
9 previsibilidade (R^2) dos genótipos nos ambientes. Dessa forma, quanto maior o
10 valor de R^2 , mais previsível é o genótipo no ambiente. Junto desses valores é
11 necessário verificar os desvios em torno da reta, já que estes indicam a
12 estabilidade. Portanto, quanto menor o desvio e maior o R^2 , mais previsível é o
13 genótipo para o ambiente.

14 Com base na metodologia de Eberhart e Russell (1966), e tomando-se como
15 critérios estabelecidos neste trabalho os valores de desvio entre -0.2 e 0.2,
16 regressão acima de 90%, valores médios de proteína acima de 41,5% em base
17 seca (MORAES et al., 2006), e acima de 21.0% para conteúdo médio de óleo,
18 pode selecionar as linhagens da seguinte forma:

19 Para valores referentes a conteúdo de óleo:

20 1- As que apresentaram valores dentro dos critérios estabelecidos foram
21 as linhagens 13, 18, 90, 148, 152, 172, 204, 206.;

22 2- As que apresentaram média e regressão dentro dos estabelecido: 58,
23 69, 79, 82, 98, 144, 153, 154, 155, 175;

24 3- As que apresentam valores de média e desvio dentro do estabelecido:
25 22, 40, 83, 97, 129, 130, 168, 176, 203.

1 Para valores referentes a conteúdo de proteína:

2 1- A que apresentou valor dentro dos critérios estabelecidos foi a
3 linhagem: 124;

4 2- A que apresentou média e regressão dentro dos estabelecido:158;

5 3- As que apresentaram valores de média e desvio dentro do estabelecido:
6 25, 70, 155.

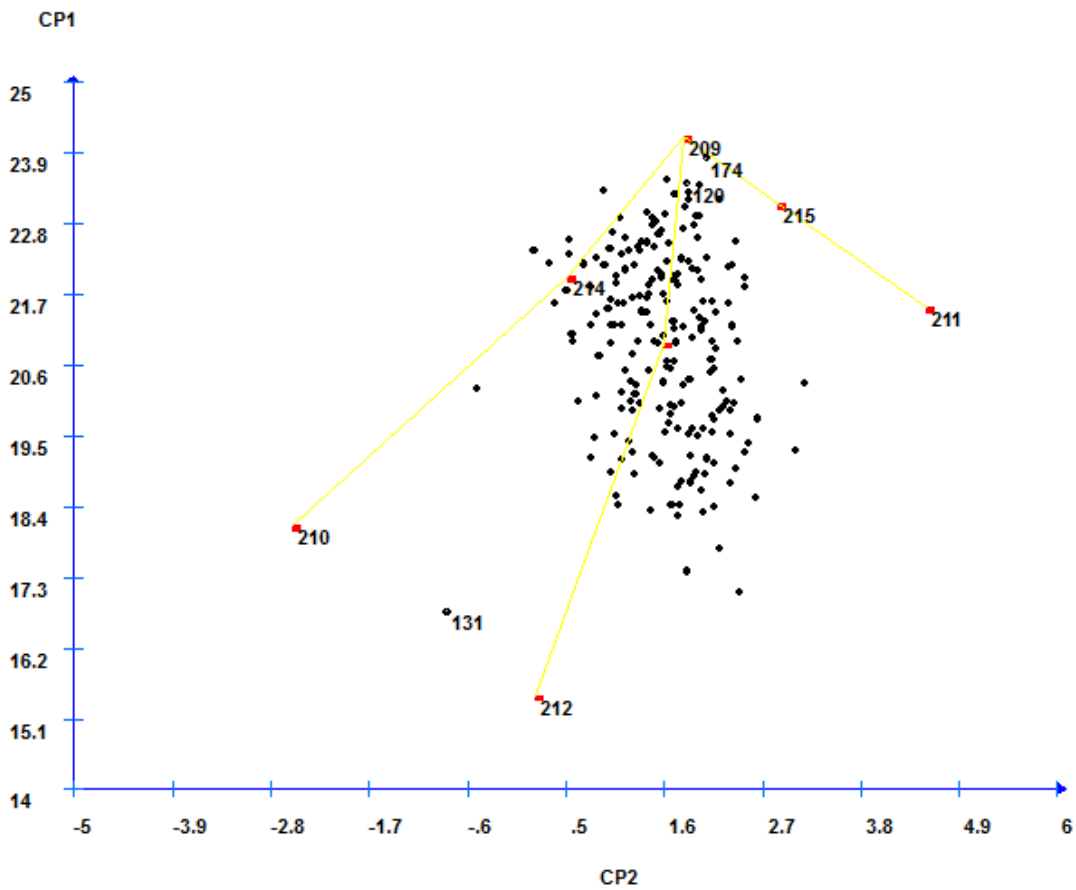
7 Na metodologia centróide é assumido que o material que possui adaptabilidade
8 geral alta é aquele que apresenta valores máximos da variável nos ambientes
9 favoráveis e desfavoráveis, enquanto um genótipo com valores mínimos é
10 pouco adaptado (ROCHA et al., 2005). Pela metodologia do centróides, o que
11 apresentou adaptabilidade geral alta, juntamente com elevada média para teor
12 de óleo foi para 174 (Figura 1, Tabela A3), com a linhagem 120 sendo a quarta
13 da classe I com maior teor de óleo. Para teor de proteína, a linhagem 143 se
14 destacou seguida pelas 72 e 158 (Figura 2 Tabela A3). Esse resultado condiz
15 com o método anterior, tanto para teor de óleo quanto para de proteína,
16 sugerindo que estes materiais são os maiois indicados para plantio em
17 diferentes localidades que assemelhem as avaliadas.

18

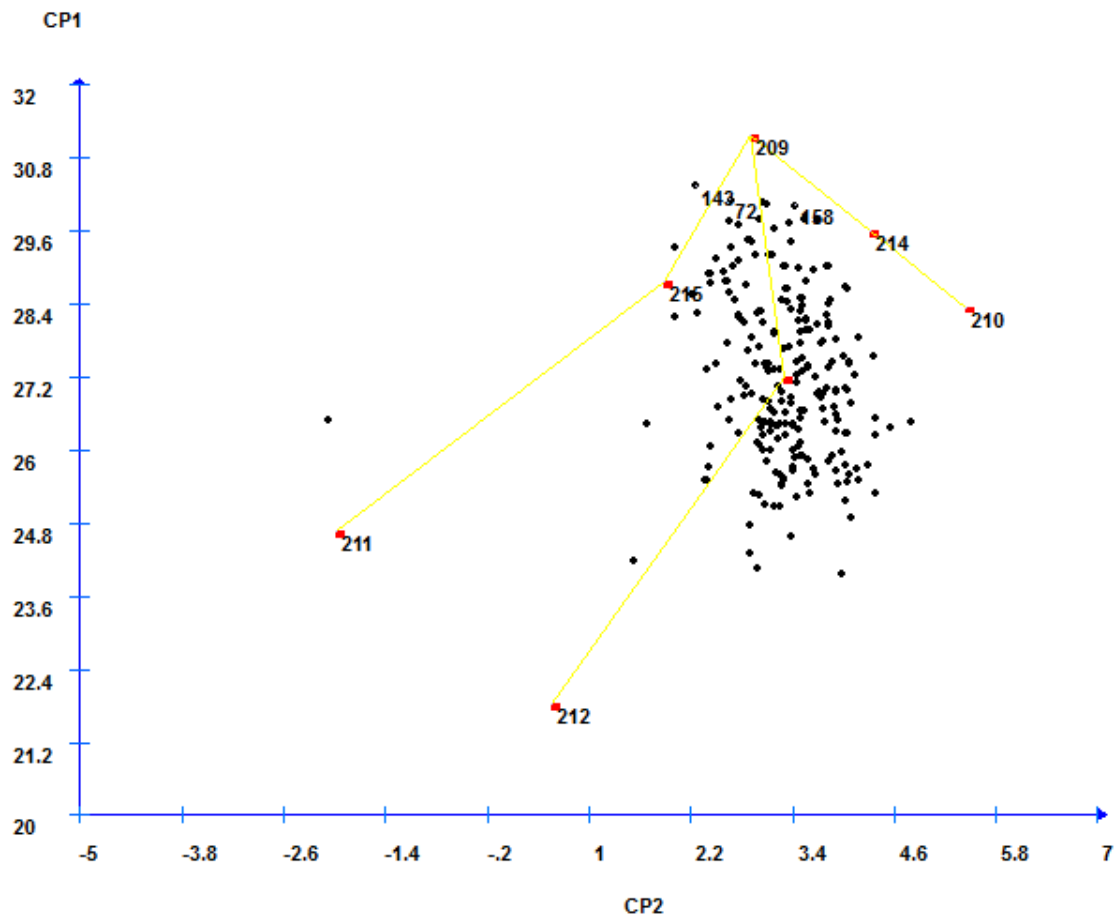
19

20

21



1
 2 Figura 1: Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais para a
 3 variável teor de óleo. CP1, CP2: componente principal 1 e 2; 1 a 208 refere-se
 4 aos genótipos de soja; 209 a 215 são referenciais; 209, adaptabilidade geral;
 5 210, adap. desfavoráveis; 211, adap. favoráveis; 212, pouco adaptado; 213,
 6 mediano; 214, adap. desfavoráveis; 215, adap. favoráveis.



1
 2 Figura 2: Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais para a
 3 variável conteúdo de proteína. CP1, CP2: componente principal 1 e 2; 1 a 208
 4 refere-se as linhagens de soja; 209 a 215 são referenciais; 209, adaptabilidade
 5 geral; 210, adap. desfavoráveis; 211, adap. favoráveis; 212, pouco adaptado;
 6 213, mediano; 214, adap. desfavoráveis; 215, adap. favoráveis.

7
 8

9 5.CONCLUSÃO

10 Pela análise de adaptabilidade e estabilidade de Eberhart e Russell, e
 11 Centróide, constatou que as linhagens 13, 18, 90, 148, 152, 172, 204, 206, 174
 12 e 120 são as com maior teor de óleo e maiores valores de adaptabilidade e
 13 estabilidade. Enquanto para o caráter conteúdo de proteína as linhagens 124,
 14 158 e 143 são as com maiores valores para conteúdo e com melhor
 15 adaptabilidade e estabilidade para as três regiões avaliadas .

16
 17

1 6.REFERÊNCIAS

- 2 AUTOESTRADA. Nova espuma para bancos é derivada da soja. 2006.
3 Disponível em : < [http://www.biodieselbr.com/noticias/biodiesel/nova-espuma-](http://www.biodieselbr.com/noticias/biodiesel/nova-espuma-bancos-derivada-soja-11-12-06.htm)
4 [bancos-derivada-soja-11-12-06.htm](http://www.biodieselbr.com/noticias/biodiesel/nova-espuma-bancos-derivada-soja-11-12-06.htm)>. Acesso em: 15 jan 2015.
5
- 6 BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. Soybeans: improvement, production and uses.
7 3rd ed. Madison: American Society of Agronomy, 1180p. 2004.
8
- 9 BRADSHAW A D. Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants.
10 **Advan. Genet.** 13:115-55, 1965.
11
- 12 DORNBOS, D.L. Jr. e MULLEN, R.E. Soybean Seed Protein and Oil Contents
13 and Fatty Acid Composition Adjustments by Drought and Temperature **JAOCs**,
14 Vol. 69, no. 3, 1992.
15
- 16 EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing
17 varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36- 40, 1966.
18
- 19 ESKANDARI, M.; COBER , E. R. e RAJCAN, I. Genetic control of soybean
20 seed oil: II. QTL and genes that increase oil concentration without decreasing
21 protein or with increased seed yield. **Theor Appl Genet**, 2013. DOI
22 10.1007/s00122-013-2083-z
23
- 24 FEHR, W.R.; HOECK, J.A.; JOHNSON, S.L.; MURPHY, P.A.; NOTT, J.D.;
25 PADILLA, G.I.; WELKE, G.A. Genotype and environment influence on protein
26 components of soybean. **Crop Science**, 43 pp. 511-514, 2003.
27
- 28 GREGÓRIO BM, ANDRADE E.C.B. Influência do aquecimento sobre as
29 propriedades físico-químicas de óleos comestíveis. **Higiene Alimentar**.
30 18(124), 78-84. 2004.
31
- 32 HARTMAN, G. L.; WEST, E. D. E HERMAN, T. K. Crops that feed the World 2.
33 Soybean: worldwide production, use, and constraints caused by pathogens and
34 pests. **Food Sec.** 3:5?17,2011. DOI 10.1007/s12571-010-0108-x
35
- 36 HWANG, E.; SONG, Q.; JIA, G.; SPECHT, J. E.; HYTEN, D. L.; COSTA, J. E
37 CREGAN, P. B. A genome-wide association study of seed protein and oil
38 content in soybean. **BMC Genomics**, 15:1, 2014.
39
- 40 IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <
41 <http://www.cidades.ibge.gov.br/painel/historico.php?lang=&codmun=316210&se>
42 [arch=%7Csao-gotardo](http://www.cidades.ibge.gov.br/painel/historico.php?lang=&codmun=316210&se)>. Acesso em 22 de mar. de 2015.
43
- 44 INMET. Disponível em:<
45 <http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=estacoes/estacoesConvencionais>>.
46 Acesso 04 fev 2015.
47
- 48 KENWORTHY WJ, BRIM CA. Recurrent selection in soybeans. I. Seed yield.
49 **Crop Science** 19, 315–318. 1979.

1
2 KINNEY, A.J. Development of genetically engineered soybean oils for food
3 applications. **Journal of Food Lipids**, 3, 273-292, 1996. DOI: 10.1111/j.1745-
4 4522.1996.tb00074.x
5
6 KRATZ M. Dietary mono and polyunsaturated fat acids similarly affect LDL size
7 in healthy men and women. **Journal of Nutrition**, 132(04), 715-718, 2002.
8
9 LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for
10 cultivars x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 68, n. 1, p.
11 193-198, 1988.
12
13 MIKCHAILOV, V.G. Seed quality of soybean varieties of Ukrainian breeding.
14 EUCARPIA, Symposium on breeding of oil and protein Crops, 2: 99-102, 1996.
15
16 MORAES, R.M.A; JOSÉ, I.C.; RAMOS, F.G.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A.
17 Caracterização bioquímica de linhagens de soja com alto teor de proteína.
18 **Pesq. agropec. bras**, v.41, n.5, p.725-729, 2006.
19
20 NICHOLS, D.M.; GLOVER, K.D.; CARLSON, S.R.; SPECHT, J.E.; DIERS,
21 B.W. Fine mapping of a seed protein QTL on soybean linkage group I and its
22 correlated effects on agronomic traits. **Crop Science**, 46: pp. 834- 839, 2006.
23
24 ORNELLAS, L. Técnica dietética: seleção e preparo de alimentos. 7 ed., São
25 Paulo, Atheneu, 323p, 2001.
26
27
28 PINHEIRO, L. C. DE M.I; GOOD GOD, P. I. V.; FARIA, V. R.; OLIVEIRA, A. G.;
29 HASUI, A. A.; PINTO, E. H. G.; ARRUDA, K. M. A.; PIOVESAN, N. D.;
30 MOREIRA, M. A. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e
31 proteína em soja via modelos mistos. **Pesq. agropec. bras**. [online]. 2013,
32 vol.48, n.9 [cited 2015-02-20], pp. 1246-1253. [http://dx.doi.org/10.1590/S0100-
33 204X2013000900008](http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2013000900008).
34
35 QI, Z.; HAN, X.; HOU, M.; XIN, D.; WANG, Z.; ZHU, R.; HU, Z. JIANG, H.;
36 LI, C.; LIU, C.; HU, G. e CHEN, Q. QTL analysis of soybean oil content under
37 17 environments . **Can. J. Plant Sci.** 94: 245-261. 2014.
38 doi:10.4141/CJPS2013-219
39
40 RIBEIRO, E.P.; SERAVALLI, E.A.G. Química de alimentos. EdgardBlcher,2,
41 p.111-143. 2004.
42
43 ROCHA, R. B.; MURO-ABAD, J. I.; ARAUJO, E. F.; CRUZ, C. D. Avaliação do
44 método centróide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de
45 *Eucalyptus grandis*. *Ciência Florestal*, Santa Maria, v. 15, n. 3, p. 255-266,
46 2005.
47
48 RODRIGUES, J. I. DA S.; ARRUDA; K. M. A.; CRUZ, C. D.; PIOVESAN, N. D.;
49 BARROS, E. G. e MOREIRA, M. A. Biometric analysis of protein and oil
50 contents of soybean genotypes in different environments. **Pesq. agropec.**

1 **bras.**, Brasília, v.49, n.6, p.475-482, 2014. DOI: 10.1590/S0100-
2 204X2014000600009
3
4 ROTUNDO, J.L.; WESTGATE, M.E. Meta-analysis of environmental effects on
5 soybean seed composition. **Field Crops Research**, v.110, p.147-156, 2009.
6 DOI: 10.1016/j.fcr.2008.07.012.
7
8 SOARES T.C.B., GOOD-GOD P.I.V., MIRANDA F.D., SOARES Y.J.B.,
9 SCHUSTER I., PIOVESAN N.D., BARROS S.E.G., MOREIRA M.A. QTL
10 mapping for protein content in soybean cultivated in two tropical
11 environments. **Pesq Agropec Bras.** 2008;43:1533–1541
12
13
14 SOYBASE, 2015. Disponível em:<
15 <http://www.soybase.org/search/index.php?qtl=Seed%20protein%20content>>.
16 Acesso em: 21 jan. 2015.
17
18 USDA. World Agricultural Supply and Demand Estimates. WASDE - 537
19 Approved by the World Agricultural Outlook Board. 2015a
20
21 USDA. Foreign Agricultural Service Approved by the World Agricultural Outlook
22 board. 2015b. Disponível em:<
23 <http://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/oilseeds.pdf>>. Acesso em: 21 jan.
24 2015.
25 VOLLMANN, J., FRITZ, C.N., WAGENTRISTL, H. & RUCKENBAUER, P.
26 Environment and genetic variation of soybean seed protein content under
27 Central European growing conditions. *Journal of the Science of Food and*
28 *Agriculture* 80:1300-1306. 2000.
29
30 WANG, L.; GUAN, R.; ZHANGXIONG, L. ; CHANG, R. E QIU, L. Genetic
31 diversity of Chinese cultivated soybean revealed by SSR markers. **Crop**
32 **Science**, 46: 1032-1038, 2006.
33
34 WILSON, R.F. Seed composition Soybeans: Improvement, Production and
35 Users. 3ed.ASA, CSSA, SSSA, Madison, WI, 2004.
36
37
38

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

ARTIGO 2

SELEÇÃO DE MARCADORES SSR ASSOCIADOS AOS CONTEÚDOS DE ÓLEO E PROTEÍNA EM SEMENTES DE UMA COLEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA.

1.RESUMO

Por ser umas das principais *commodities* do mundo, a soja gera grande renda e o seu melhoramento para conteúdos de óleo e proteína, principais produtos, deve permitir ganhos a custos reduzidos de tempo e recursos. Assim, a seleção assistida surge como solução a este problema. Com objetivou-se a seleção de marcadores SSR associados à QTLs para conteúdo de óleo e proteína em sementes de soja. Para tal, um total de 56 pares de marcadores SSR, associados a conteúdo de óleo e proteína, foram utilizados em uma coleção de 208 linhagem de soja provenientes do Programa de melhoramento Genética da Qualidade da Soja, do BIOAGRO-UFV. Por meio dos programas GENES foi realizado a análise de diversidade genotípica e através do TASSEL foram feitas as análises de associação marcador-fenótipo. Assim, como resultado houve a formação de 21 grupos das 208 linhagens avaliadas, com as linhagens 92, 184, Msoy 6101 e 192 de maior valor de dissimilaridade genotípica. Já para as análises de associação pelo TASSEL, não foi verificada associação a 1 e 5% de significância com correção de Bonferroni. Porém, o alelo 3 do marcador Satt 239 e os alelos 1 e 2 do Satt 539, para ambiente CEPET, foram os mais associados ao conteúdo de óleo, enquanto o alelo 1 do

1 Satt 263, para os três ambientes, e o alelo 3 do Satt 463 parao ambiente
2 CEPET, foram os mais significativos a 9.5 e 0.85% respectivamente.

3 Termos para indexação: *Glycine max*, microssatélites, SAM

4

5 2.INTRODUÇÃO

6 A soja é uma das principais *comodities* do mundo, apresentando 59,05% da
7 produção de sementes oleaginosas no mundo. Deste total o Brasil é o segundo
8 colocado, com 95,5 milhões toneladas de soja por ano, perdendo apenas para
9 os Estados Unidos (108.01 milhões de toneladas)(USDA, 2015). Boa parte
10 desta soja é destinada para dois produtos: o óleo e o farelo que é 'rico
11 em proteínas. Isto se deve à sua constituição. A semente de soja [*Glycine max*
12 (L.) Merr.] contém cerca de 40% de proteína e 20% de óleo quando matura
13 (RODRIGUES et al., 2014). Contudo, os teores de óleo e proteína em
14 sementes de soja são características quantitativas com grande influência das
15 condições ao qual a soja é cultivada, como constatado por Rodrigues et al.,
16 (2014), Nichols et al., (2006); Rotundo e Westgate, (2009). Essa variação nos
17 teores se dá devido não somente a variação ambiental, mas devido ação desta
18 na expressão genotípica do material (VOLLMANN et al., 2000; DORNBOS e
19 MULLEN, 1992; ; FEHR et al., 2003; WILSON, 2004). Isto ocorre devido a
20 expressão diferenciada dos genes com base na variação ambiental. Estes
21 genes que apresentam esse caracter são ditos QTLs ou locos que controlam
22 características quantitativas. Esses locos apresentam resposta diferenciada na
23 expressão tendo grande número no genoma (QI et al., 2014; HWANG et al.
24 2014; Eskandari et al. 2013). Em soja, os QTLs relacionados ao conteúdo de
25 óleo e proteína são os mais abordados devido a importância econômica desses

1 subprodutos. Todavia, a seleção simultânea desses caracteres é difícil, vista a
2 existente correlação negativa entre teor de óleo e proteína, ou seja, o aumento
3 da expressão de um culmina da redução do outro, e também a expressão
4 diferenciada dos genes do QTL. Porém, uma solução para o problema seria a
5 seleção do(s) QTL(s) que apresente(m) maior(es) resposta(s). Assim
6 cruzamentos com materiais elite permitiriam seleção de plantas com
7 incremento dessa característica. Para tal, lança-se mão de ferramentas que
8 identifiquem esses QTLs. E uma dessas ferramentas são os marcadores
9 moleculares, principalmente os microssatélites, visto serem necessitarem de
10 baixa tecnologia requerida, possuírem alta reprodutibilidade e fácil manuseio da
11 técnica. Outra importância dos marcadores moleculares é com relação à sua
12 associação com um loco responsivo de um caráter, de forma a permitir a
13 seleção de materiais, com base na presença ou ausência de tal loco, revelada
14 pelo marcador. Isto se constitui na Seleção Assistida por Marcador (SAM). A
15 SAM tem sido uma ferramenta frequentemente utilizada em programas de
16 melhoramento de diferentes culturas, já foi utilizada em cenoura para acúmulo
17 de açúcares(YAU et al. 2005), identificação de linhas resistentes ao
18 *Meloidogyne javanica* (BOITEUX et al. 2004) e hibridização (BACH et al. 2002),
19 Assim, outras espécies também apresentam estudos para SAM, como em
20 cebola (KIM et al. 2004; ENGELKE et al., 2003; SANTOS et al. 2006; IMAI et
21 al., 2002; GOKÇE et al. 2002), melão (NOGUERA et al., 2005; TEIXEIRA,
22 2004; BURGER et al. 2003), grão-de-bico (AHMAD et al., 2014) e em soja
23 (CAHILL e SCHIMIDT; 2004).

24 Assim, este trabalho teve como objetivo a validação e seleção de marcadores
25 SSR associados à QTLs para conteúdo de óleo e proteína em sementes de

1 soja , o que possam ser utilizados em programas de melhoramento da cultura.

2

3 3.MATERIAL E MÉTODOS

4 Foram analisadas 208 linhagens de soja pertencentes ao Programa de
5 Melhoramento Genético da Qualidade de Soja (PMGQS) do BIOAGRO.

6 Para a análise molecular foi extraído o DNA de folhas jovens das 208 linhagens
7 de soja, cultivadas em casa de vegetação, com uso de kit de extração
8 PROMEGA Wizard® Genomics DNA Purification. Após, as amostras foram
9 quantificadas em NanoDrop 2000c Spectrophotometer (Thermo Scientific) e
10 diluídas em água ultrapura a 10ng/μL. A partir deste ponto, foram possíveis as
11 ampliações das regiões gênicas, que se deram com auxílio de 56 pares de
12 *primers* SSR relacionados à QTLs para o teor de óleo e proteína, obtidos de
13 diferentes referências, conforme RODRIGUES et al. (2010) (Tabela A5).

14 Desta forma, as reações de amplificação apresentaram volume final de 15 μL,
15 sendo compostas por: Tris-HCl 1,2 mmol.L⁻¹ pH 8,3 ; KCl 6,0 mmol.L⁻¹;
16 MgCl₂ 2,5 mmol.L⁻¹; 100 μmol.L⁻¹ de cada um dos desoxinucleotídeos;
17 0,3 μmol.L⁻¹ de cada *primer*; uma unidade de Taq polimerase e 30 ng de
18 DNA. As condições foram: 94°C por 4 min, seguidos de 30 ciclos de 94°C por 1
19 min, 55°C por 1 min e 72° C por 2 min, com uma etapa final de 72°C por 7 min.
20 Os produtos foram separados por eletroforese em géis de poliacrilamida 10%,
21 utilizando tampão TAE 1X num período de três horas à 180 volts. A coloração,
22 realizada com nitrato de prata 2% e fotografados com um equipamento Locus
23 Biotechnology (modelo L-PIX EX) e BioRad (modelo Gel Doc XR+ system).
24 Posteriormente os dados moleculares foram analisados pelo programa GENES
25 (CRUZ, 2006) e obtido as matrizes de similaridade e de dissimilaridade a partir

1 dos dados moleculares por meio de seus índices. Com isso realizou-se o
2 agrupamento destes genótipos pelo método de agrupamento hierárquico
3 UPGMA (Ligação Média entre Grupo) obtida através da matriz de
4 dissimilaridade. O ponto de corte do dendrograma foi estabelecido com base
5 no primeiro par de genótipos com significância para os valores de
6 dissimilaridade da distância Euclidiana Média.

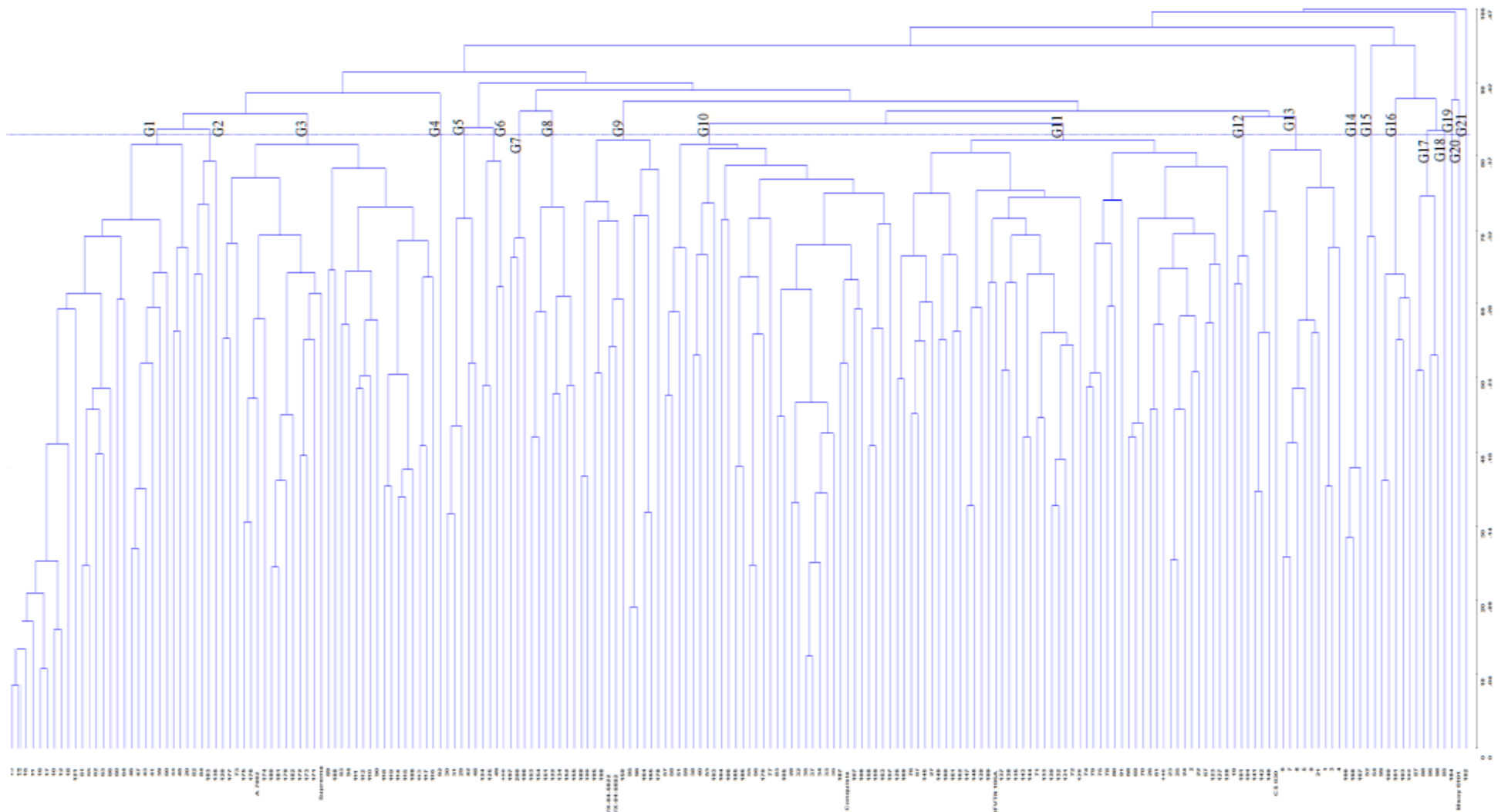
7 As análises de associação entre marcador e fenótipo foram realizadas pelo
8 programa TASSEL 5.2.1 (BRADBURY, et al.; 2007), por meio de Modelo Linear
9 de Máxima Verossimilhança.

10

11 4.RESULTADOS E DISCUSSÃO

12 Pela análise da estrutura do dendrograma (Figura 1) percebe-se que as
13 linhagens foram muito divergentes, vista a apresentarem as primeiras
14 bifurcações a 25% de dissimilaridade, além de formarem um elevado número
15 de grupos (21). BIZARI et al, (2012) trabalhando com 46 linhagens de soja e 40
16 primers SSR para óleo, apresentou dendrograma muito ramificado. Porém não
17 tanto quanto o do presente trabalho, o que evidencia maior diversidade entre
18 as linhagens aqui trabalhadas com 56 pares de microssatélites.

19



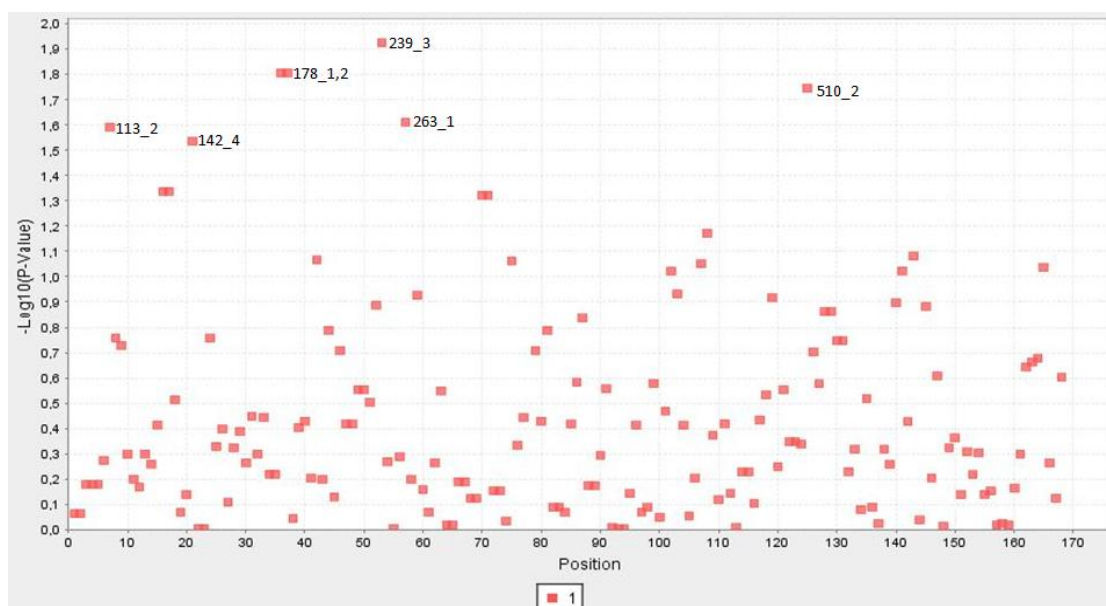
1
 Figura 1: Dendrograma genotípico das 208 linhagens agrupadas pelo método UPGMA com base nos valores de dissimilaridade obtidos pela distância Euclidiana Média.

1 O ponto de corte do dendrograma ocorreu no valor aproximado de 83%, o que
2 significa que a partir desse ponto as diferenças entre os materiais se torna menos
3 visível. O valor de 83% para um ponto de corte em uma espécie autógama indica
4 uma alta diversidade, visto que, por apresentarem autofecundação, as autógamas
5 tendem a possuírem progênies homozigóticas devido a baixa taxa de fecundação
6 cruzada (BORÉM e MIRANDA, 2013). Assim, este valor de ponto de corte indica que
7 as linhagens são muito diversas entre si, possuindo parentais diferentes e assim
8 diferentes alelos.

9 Com o ponto de corte a 83%, verifica-se que as 208 linhagens de soja do
10 PMGQS/BIOAGRO-UFV foram reunidas em 21 grupos, dos quais os grupos 3, 10 e
11 11 apresentaram maior número de linhagens agrupadas, 31, 33 e 46 linhagens
12 respectivamente. Já os grupos 4, 19, 20 e 21 compuseram-se de apenas uma
13 linhagem, 92, 184, Msoy 6101 e 192 respectivamente. Assim, essas últimas
14 linhagens são, a nível de DNA, as mais diferentes, sendo indicadas como recurso
15 contra a erosão genética causada pelo piramidamento genotípico (GUARINO, 1995),
16 comum em linhagens elite (BORÉM e MIRANDA, 2013).

17 Pela análise dos resultados obtidos pelo TASSEL para associação dos alelos dos
18 marcadores SSR com as características conteúdo de óleo e proteína, não foi
19 possível a associação a 1 e 5% de significância, com uso da correção de Bonferroni,
20 das marcas obtidas pelos marcadores com as características analisadas. Contudo,
21 algumas dessas marcas se discreparam das demais para as características, como
22 pode ser observado nas Figuras 2 e 3. Dessa forma, para conteúdo de óleo
23 podemos destacar o alelo 3 do *primer* 239, seguido dos alelos 1 e 2 do marcador
24 178 como os mais associados a característica. Demais alelos discrepantes estão
25 destacados na Figura 2.

1
2



3

4 Figura 2. Distribuição alélica dos marcadores SSR quanto ao seu valor de “p” para o
5 fenótipo teor de óleo com base nos valores médios dos ambientes, segundo análise
6 pelo programa Tassel.

7

8

9 Contudo, embora esses alelos tenham apresentado valores de associação menores
10 do que o determinado pela correção de Bonferroni para 1 e 5%, 4.164 e 3.465 em
11 valores de $-\log(p)$ respectivamente, outros alelos apresentaram um maior valor para
12 outros ambientes, como visto na Tabela 1.

13 Tabela 1. Análise da associação alélica, por meio de modelo linear misto, dos
14 marcadores SSR associados ao conteúdo de óleo em sementes de soja para os três
15 ambientes (Cepet, São Gotardo e Florestal) avaliados juntamente com os valores
16 médios destes (geral).

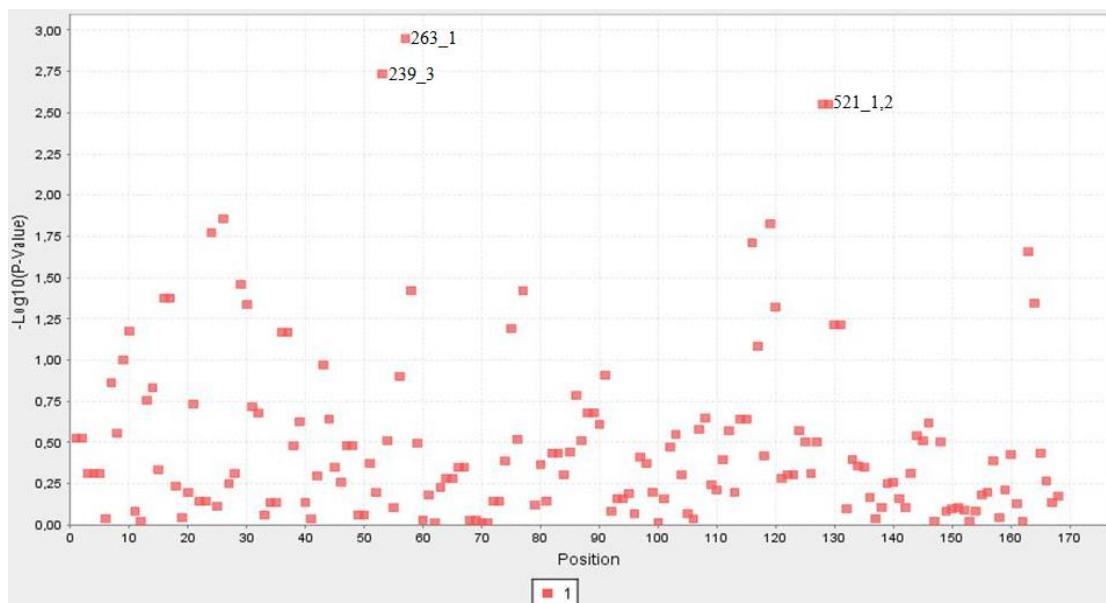
Amb	M	p	p Valor	% Bonf
Cepet	539__1	0.001	2.943	17
Cepet	539__2	0.001	2.943	17
SGotardo	239__3	0.002	2.783	24
SGotardo	468__1	0.003	2.513	45
SGotardo	394__1	0.005	2.277	77

17 M: Marcador SSR com identificação de alelo a sua frente; p: valor de associação do marcador ao
18 fenótipo; p Valor: Valor do inverso do Log(p); % Bonf: Valor de significância ao critério de correção de
19 Bonferroni

20

1 Para teor de proteína, a Figura 3 mostra um menor número de alelos associados a
2 estes fenótipos. Da mesma forma que ocorreu para a associação dos alelos com
3 conteúdo de óleo, ocorre também para conteúdo de proteína, porém com menor
4 número de alelos discrepantes dos demais. Assim, para a média do conteúdo de
5 proteína nos três ambientes, o alelo 1 do marcador Satt263 foi o que apresentou
6 menor valor de p, seguido pelo alelo 3 do *primer* 239. Ambos possuindo valor menor
7 que o de Bonferroni para 1 e 5 %. No entanto, o alelo 1 do Satt 263 torna-se
8 significativo à 9.5%, como visto na Tabela 2. Na mesma tabela vê-se que o alelo 3
9 do Satt 463 foi o que apresentou maior valor para o inverso do valor de p, 4.232,
10 sendo este, significativo a 1% pelo critério de Bonferroni, e associado a presença de
11 um QTL tendo maior expressão no ambiente CEPET. Contudo, outros marcadores
12 não apresentaram correlação menor que 10%. Assim verifica-se que, tanto para os
13 resultados de associação para óleo ou proteína, existe determinados alelos que
14 melhor se associam em um determinado ambiente que nos demais, confirmando a
15 expressão diferenciada de determinados genes à certos ambientes. Hertwig, (1894)
16 verificou que o ambiente influenciava na expressão gênica. Isso ocorre devido a
17 influência diferenciada de certos fatores ambientais na planta ().
18 E esta, por meio de mecanismos de resposta ao estímulo, promove ou não a
19 expressão de certos genes de forma a melhor responder a esse estímulo (TAIZ e
20 ZEIGER, 2009).
21 Contudo, com relação à seleção assistida para um marcador, este deve ter
22 associação à 1 ou 5% para um fenótipo, não se pode verificar. Isso pode ocorrer
23 devido a distribuição dos efeitos para um grande número de QTLs. Segundo Moreau
24 et al. (1998), o número de QTLs selecionados influi muito numa seleção assistida, já
25 que com o aumento do número de QTLs, a herdabilidade da característica tende a

1 diminuir. E segundo o Soybase (2015), 179 e 145 QTLs foram identificados para
 2 conteúdos de óleo e proteína, respectivamente, em sementes de soja. Assim,
 3 mesmo que a planta não reúna todos esses QTLs, grande parte deles podem estar
 4 presentes, distribuindo de forma semelhante os efeitos para um fenótipo. Outro
 5 ponto que pode promover uma reduzida associação do fenótipo à um marcador seria
 6 quanto a coleta insuficiente de dados de um ou ambos os testes.



7

8 Figura 3. Associação alélica dos marcadores SSR quanto ao seu valor de “p” para o
 9 fenótipo teor de proteína com base nos valores médios dos ambientes, segundo
 10 análise pelo programa Tassel.

11

12 Tabela 2. Análise da associação alélica, por meio de modelo linear misto, dos
 13 marcadores SSR associados ao conteúdo de proteína em sementes de soja para os
 14 três ambientes (Cepet, São Gotardo e Florestal) avaliados juntamente com os
 15 valores médios destes (geral).

Amb	M	p	p valor	% Bonf
Cepet	463__3	0.0001	4.232	0.8561732
geral	263__1	0.0007	3.187	9.500512
Cepet	463__1	0.0009	3.051	12.974728
Florestal	570__5	0.0010	2.987	15.038
geral	239__3	0.0015	2.839	21.17
geral	521__1	0.0019	2.728	27.302
geral	521__2	0.0019	2.728	27.302
Florestal	239__3	0.0025	2.607	36.062
SGotardo	239__3	0.0033	2.487	47.596
Cepet	soy__2	0.0059	2.226	86.724

1 M: Marcador SSR com identificação de alelo a sua frente; p: valor de associação do marcador ao
2 fenótipo; p Valor: Valor do inverso do Log(p); % Bonf: Valor de significância ao critério de Bonferroni.
3
4

5 5.CONCLUSÃO

6 O ponto de corte a 83% permitiu a formação de 21 grupos das 208 linhagens
7 avaliadas.

8 As linhagens 92, 184, Msoy 6101 e 192 são as que apresentaram maior valor de
9 dissimilaridade genotípica das 208 linhagens.

10 Pela análise de associação de marcador ao fenótipo, por meio do programa
11 TASSEL, não foi verificada associação a 1 e 5% de significância com a correção de
12 Bonferroni.

13 Para conteúdo de óleo, podemos destacar o alelo 3 do marcador Satt 239 e os
14 alelos 1 e 2 da Satt 178 para os três ambientes, e os alelos 1 e 2 do Satt 539, para o
15 ambiente CEPET. Estes últimos sendo de maior associação, 2.943, significativo a
16 16,64%.

17 Para conteúdo de proteína nos três ambientes, o alelo 1 do Satt 263 foi o mais
18 associado. Contudo, o alelo 3 do Satt 463 foi o de maior correlação, 4.232 , porém
19 para o ambiente CEPET. Ambos significativos a 9.5 e 0.85% respectivamente, pelo
20 critério de Bonferroni.

21 6.REFERÊNCIAS

22

23 AHMAD, Z.; MUMTAZ, A. S.; GHAFOR, A.; ALI, A.; NISAR, M. Marker Assisted
24 Selection (MAS) for chickpea *Fusarium oxysporum* wilt resistant genotypes using
25 PCR based molecular markers. *Mol Biol Rep*41:6755–6762. 2014. DOI
26 10.1007/s11033-014-3561-3

27 ATLIN, G.M.; FREY, K.J. Breeding crop varieties for lowinput agriculture. **American**
28 **Journal of Alternative Agriculture**, v.4, p.53-55, 1989. Disponível em:
29 <<http://journals.cambridge.org/action/displayAbstract?aid=6353476>>. Acesso em: 25
30 março 2015.doi: 10.1017/S0889189300002721.

- 1 BACH IC; OLESEN A; SIMON PW. PCR-based markers to differentiate the
2 mitochondrial genomes of petaloid and male fertile carrot (*Daucus carota* L.).
3 **Euphytica** 127: 353–365. 2002.
- 4 BIZARI, E. H.; SANDRA HELENA UNÊDA-TREVISOLI¹ , VIVANE FORMICE
5 VIANNA¹ , FABIANA MOTA DA SILVA¹ , ANTONIO ORLANDO DI MAURO.
6 SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA DIVERGENTES E COM ALTO TEOR DE
7 ÓLEO A PARTIR DE MARCADORES MICROSSATÉLITES SELECTION OF
8 DIVERGENT SOYBEAN GENOTYPES AND HIGH OIL CONTENT WITH
9 MICROSATELLITE MARKERS. V Semana de Tecnologia do Curso de
10 Biocombustíveis da Faculdade de Tecnologia de Jaboticabal. Ciência & Tecnologia:
11 Fatec-JB, Jaboticabal, v. 4, 2012.
- 12 BOITEUX LS; HYMAN R; BACH IC; FONSECA MEN; MATTHEWS WC; ROBERTS
13 PA; SIMON PW. Employment of flanking codominant STS markers to estimate allelic
14 substitution effects of a nematode resistance locus in carrot. **Euphytica** 136: 37–44.
15 2004.
- 16 BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Melhoria de plantas, Viçosa. UFV, p.145-163. 6
17 ed. 2013.
- 18 BRADBURY, PJ; ZHANG, Z; KROON, DE; CASSTEVENS, TM; RAMDOSS, Y;
19 BUCKLER, ES. TASSEL: Software for association mapping of complex traits in
20 diverse samples. *Bioinformatics* 23:2633-2635. 2007.
- 21 BURGER Y; KATZIR N; TZURI G; PORTNAY V; SAAR U; PERL-TREVES R;
22 COHEN R. Variation in the response of melon genotypes to *Fusarium oxysporum*
23 f.sp. *melonis* race 1 determined by inoculation tests and molecular markers. *Plant*
24 *Pathology* 52(2): 204-211. 2003.
- 25 CAHILL DJ; SCHMIDT DH. Use of Marker Assisted Selection in a Product
26 Development Breeding Program. In: New directions for a diverse planet. Proceedings
27 of the 4th International Crop Science Congress, 26 Sep – 1 Oct 2004, Brisbane,
28 Australia. (CDROM). 2004.
- 29 CRUZ, C.D. Programa Genes: Biometria. Viçosa: Editora UFV. 2006. 382p.
- 30 DORNBOS, D.L. Jr. e MULLEN, R.E. Soybean Seed Protein and Oil Contents and
31 Fatty Acid Composition Adjustments by Drought and Temperature *JAOCS*, Vol. 69,
32 no. 3, 1992.
- 33 ENGELKE, T.; TEREFE, D.; TATLIOGLU, T. A PCR-based marker system
34 monitoring CMS-(S), CMS-(T) and (N)-cytoplasm in the onion (*Allium cepa* L.).
35 *Theoretical and Applied Genetics*, v. 107, p.162–167, 2003.
- 36 ESKANDARI, M.; COBER , E. R. e RAJCAN, I. Genetic control of soybean seed oil:
37 II. QTL and genes that increase oil concentration without decreasing protein or with
38 increased seed yield. *Theor Appl Genet*, 2013. DOI 10.1007/s00122-013-2083-z
- 39 FEHR, W.R.; HOECK, J.A.; JOHNSON, S.L.; MURPHY, P.A.; NOTT, J.D.;
40 PADILLA, G.I.; WELKE, G.A. Genotype and environment influence on protein
41 components of soybean. *Crop Science*, 43 pp. 511-514, 2003.

- 1 GÖKÇE, AF; McCALLUM J; SATO Y; HAVEY MJ. Molecular Tagging of the Ms
2 Locus in Onion. *Journal of the American Society of Horticulture Science* 127(4):576–
3 582. 2002.
- 4 GUARINO, L .Assessing the threat of genetic erosion. In GUARINO, L.;
5 RAMANATHA, RAO V.; REID, R. (eds), *Collecting Plant Genetic Diversity: Technical*
6 *Guidelines*. CAB International, Wallingford, pp. 67–74. 1995.
- 7 HERTWIG, O. Zeit- und Streitfragen der Biologie I. Präformation oder Epigenese?
8 Grundzüge einer Entwicklungstheorie der Organismen. Jena, G. F. Translated as
9 *The biological problem of to-day: Preformation or epigenesis?* (P C Mitchell transl.)
10 (New York: Macmillan) 1894.
- 11 HWANG, E.; SONG, Q.; JIA, G.; SPECHT, J. E.; HYTEN, D. L.; COSTA, J. E
12 CREGAN, P. B. A genome-wide association study of seed protein and oil content in
13 soybean. *BMC Genomics*, 15:1, 2014.
- 14 IMAI, S; TSUGE, N; TOMOTAKE, M; NAGATOME, Y; SAWADA, H; NAGATA, T;
15 KUMAGAI, H. An onion enzyme that makes the eyes water. *Nature*, v. 419, 685.
16 2002.
- 17 KIM S; BINZEL ML; YOO KS; PARK S; PIKE LM. Pink(P), a new locus responsible
18 for a pink trait in onions (*Allium cepa*) resulting from natural mutations of
19 anthocyanidin synthase. *Molecular Genetics and Genomics* 272: 18-27. 2004.
- 20 Moreau, L., A. Charcosset, F. Hospital, and A. Gallais. Marker-assisted selec-
21 tion efficiency in populations of finite size. *Genetics* 148: 1353-1365. 1998.
- 22 NICHOLS, D.M.; GLOVER, K.D.; CARLSON, S.R.; SPECHT, J.E.; DIERS, B.W.
23 Fine mapping of a seed protein QTL on soybean linkage group I and its correlated
24 effects on agronomic traits. *Crop Science*, 46: pp. 834- 839, 2006.
- 25 NOGUERA, FJ; CAPEL J; ALVAREZ JI; LOZANO R. Development and mapping of a
26 codominant SCAR marker linked to the andromonoeciousgene of melon. *Theoretical*
27 *and applied genetics* 110:714-720. 2005.
- 28 QI, Z.; HAN, X.; HOU, M.; XIN, D.; WANG, Z.; ZHU, R.; HU, Z. JIANG, H.; LI, C.;
29 LIU, C.; HU, G. e CHEN, Q. QTL analysis of soybean oil content under 17
30 environments . *Can. J. Plant Sci.* 94: 245-261. 2014. doi:10.4141/CJPS2013-219
- 31 RODRIGUES, J. I. DA S.; ARRUDA; K. M. A.; CRUZ, C. D.; PIOVESAN, N. D.;
32 BARROS, E. G. e MOREIRA, M. A. Biometric analysis of protein and oil contents of
33 soybean genotypes in different environments. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v.49,
34 n.6, p.475-482, 2014. DOI: 10.1590/S0100-204X2014000600009
- 35 ROTUNDO, J.L.; WESTGATE, M.E. Meta-analysis of environmental effects on
36 soybean seed composition. *FieldCrops Research*, v.110, p.147-156, 2009. DOI:
37 10.1016/j.fcr.2008.07.012.
- 38 SANTOS, CAF; LEITE, DL; COSTA, ND; OLIVEIRA, VR de. Identificação do
39 citoplasma T via PCR na cultivar de cebola BRS Alfa São Francisco. In: Congresso

- 1 Brasileiro de Olericultura, 2006, Goiânia. Congresso Brasileiro de Olericultura, 46.
2 Jaboticabal : ABH, 2006. v. cdrom
- 3 SOYBASE, 2015. Dispon?vel em:<
4 <http://www.soybase.org/search/index.php?qtl=Seed%20protein%20content>>. Acesso
5 em: 21 jan. 2015.
- 6 TAIZ, L.; ZEIGER, E. Fisiologia vegetal. 4.ed. Porto Alegre: Artmed, 819p.2009.
- 7 TEIXEIRA, APM. 2004. Identificação de marcadores moleculares ligados ao gene da
8 resistência ao vírus do mosaico (PRSV-W) em melão (Cucumis melo L.). Piracicaba:
9 USP – ESALQ. 50p. (Tese de mestrado).
- 10 USDA. Foreign Agricultural Service Approved by the World Agricultural Outlook
11 board. 2015b. Disponível em:<
12 <http://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/oilseeds.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2015.
- 13 VOLLMANN, J., FRITZ, C.N., WAGENTRISTL, H. & RUCKENBAUER, P.
14 Environment and genetic variation of soybean seed protein content under Central
15 European growing conditions. Journal of the Science of Food and Agriculture
16 80:1300-1306. 2000.
- 17 WILSON, R.F. Seed composition Soybeans: Improvement, Production and Users.
18 3ed.ASA, CSSA, SSSA, Madison, WI, 2004.
- 19 YAU YY; SANTOS K; SIMON P. Molecular tagging and selection for sugar type in
20 carrot roots using co-dominant, PCR-based markers. Molecular Breeding 16:1-10.
21 2004.

22
23
24
25
26
27
28
29
30
31

32 7. ANEXOS

33 Tabela A1. Valores de média para teor de óleo e proteína provindo dos três ambientes,
34 juntamente com valores percentuais do coeficiente de variação (CV%) destas médias.

Genótipo	Óleo			Proteína		
	Media Geral	CV%	Genótipo	Media Geral	CV%	Genótipo
1	20,16	14,92	105	21,50	2,61	1
2	21,52	3,70	106	20,90	8,56	2
3	20,63	7,54	107	19,88	6,53	3
4	21,28	2,43	108	19,83	5,37	4
5	18,28	4,89	109	21,60	2,66	5

Continua...

6	20,04	5,19	110	19,96	6,48	6	40,38	2,69	110	40,56	3,00	Continua...
7	19,40	1,14	111	20,68	2,98	7	40,19	2,05	111	40,05	2,13	
8	19,48	1,49	112	21,03	3,50	8	39,37	5,18	112	38,04	4,70	
9	18,97	2,04	113	22,73	5,89	9	41,10	4,47	113	35,75	6,88	
10	21,20	6,89	114	22,54	7,04	10	38,54	2,34	114	36,64	6,52	
11	21,23	3,48	115	22,86	6,67	11	38,82	1,14	115	37,15	4,29	
12	21,46	6,46	116	20,50	2,35	12	39,98	5,00	116	37,97	4,65	
13	21,72	6,40	117	21,25	3,98	13	39,03	3,25	117	38,65	2,46	
14	22,42	3,58	118	22,79	6,62	14	37,93	1,95	118	36,44	6,32	
15	22,01	2,58	119	23,32	7,63	15	37,95	2,23	119	37,59	5,85	
16	22,45	3,73	120	23,23	2,67	16	37,94	1,97	120	35,97	2,44	
17	21,46	9,87	121	20,78	2,19	17	38,75	4,20	121	38,33	1,99	
18	22,03	2,31	122	21,36	7,31	18	37,99	1,67	122	34,45	6,74	
19	19,05	4,74	123	20,83	8,33	19	41,04	2,10	123	39,70	1,67	
20	21,26	4,24	124	18,87	7,83	20	39,39	3,01	124	42,69	3,01	
21	21,33	1,84	125	19,33	0,53	21	37,79	2,66	125	41,77	1,92	
22	19,71	3,91	126	20,16	1,03	22	41,26	2,89	126	40,40	1,37	
23	18,56	1,62	127	22,24	5,59	23	41,67	2,80	127	36,74	4,60	
24	19,39	5,19	128	21,43	3,69	24	40,73	1,96	128	37,14	3,44	
25	19,00	0,62	129	21,13	3,69	25	41,60	2,56	129	38,59	5,07	
26	21,87	1,12	130	19,44	5,97	26	36,01	2,83	130	41,20	4,04	
27	21,11	4,91	131	16,66	17,72	27	37,87	2,76	131	37,69	24,07	
28	22,08	1,83	132	18,93	4,29	28	36,77	2,03	132	41,42	3,28	
29	21,96	6,48	133	18,57	3,92	29	39,57	4,21	133	41,52	2,53	
30	19,41	0,89	134	22,58	1,43	30	41,62	1,99	134	36,34	1,22	
31	20,47	1,14	135	21,89	3,73	31	41,20	1,50	135	37,68	2,19	
32	19,03	6,81	136	20,37	5,68	32	40,31	2,56	136	37,82	6,81	
33	20,94	8,48	137	19,71	2,84	33	38,75	4,89	137	42,63	3,37	
34	21,59	8,74	138	18,62	1,27	34	36,61	5,83	138	41,63	2,06	
35	22,25	6,56	139	19,61	6,20	35	36,38	7,56	139	41,88	1,30	
36	22,24	6,37	140	19,22	3,95	36	37,31	5,25	140	39,82	2,10	
37	22,85	1,87	141	20,05	3,75	37	34,56	2,03	141	38,05	3,42	
38	20,99	4,02	142	20,40	4,88	38	39,12	2,01	142	38,14	5,54	
39	22,61	5,56	143	16,87	6,07	39	37,21	6,98	143	43,53	4,27	
40	20,32	3,15	144	17,56	4,02	40	38,32	3,72	144	42,21	3,14	
41	22,22	3,48	145	19,32	6,48	41	39,07	6,01	145	39,42	4,09	
42	20,46	1,96	146	20,13	8,24	42	40,27	4,81	146	40,36	5,52	
43	22,59	3,67	147	19,07	4,70	43	36,80	5,86	147	43,06	4,79	
44	22,00	4,95	148	18,71	3,45	44	36,86	2,91	148	42,77	1,66	
45	21,99	7,71	149	19,66	3,75	45	37,73	6,75	149	40,76	5,16	
46	21,78	4,63	150	20,79	3,76	46	37,96	1,80	150	38,38	4,01	
47	21,70	8,20	151	19,40	2,64	47	37,78	4,97	151	40,49	4,04	
48	18,18	1,86	152	19,30	3,19	48	40,61	1,62	152	42,17	2,53	
49	23,09	2,41	153	19,72	3,86	49	36,48	3,12	153	41,15	5,19	
50	20,80	2,38	154	19,90	7,32	50	36,94	6,61	154	39,31	1,89	
51	18,22	1,12	155	18,13	2,34	51	40,48	1,42	155	42,64	1,47	
52	19,78	2,92	156	20,15	2,09	52	39,68	1,69	156	39,84	3,51	
53	22,77	3,87	157	18,17	6,11	53	38,87	4,25	157	42,01	3,86	
54	19,55	1,89	158	18,42	3,11	54	40,83	1,09	158	43,08	0,74	
55	22,06	3,24	159	17,26	3,51	55	37,89	3,36	159	42,23	0,66	
56	18,94	4,42	160	20,42	4,27	56	40,77	3,26	160	39,94	1,29	
57	21,93	2,74	161	19,06	3,70	57	39,15	3,39	161	40,33	0,44	
58	20,70	3,22	162	20,38	1,86	58	39,17	2,64	162	38,59	3,51	
59	21,94	2,37	163	20,63	5,37	59	38,74	3,98	163	38,71	4,70	
60	21,81	2,49	164	21,74	4,51	60	37,29	3,09	164	37,55	3,09	
61	21,95	10,26	165	22,26	4,49	61	38,08	8,50	165	36,96	2,68	
62	21,93	10,21	166	18,63	2,71	62	38,11	7,76	166	41,10	2,27	
63	22,11	3,83	167	18,16	4,15	63	36,18	4,29	167	40,67	1,35	
64	21,75	2,96	168	18,35	6,08	64	37,32	4,48	168	40,52	3,67	
65	22,17	5,83	169	19,16	4,55	65	37,31	2,80	169	40,54	0,57	
66	21,93	3,10	170	21,02	2,75	66	36,62	3,19	170	37,87	3,94	
67	20,20	4,68	171	22,80	4,32	67	40,09	3,92	171	36,22	3,49	
68	18,35	5,82	172	22,33	3,33	68	41,69	3,06	172	37,99	2,62	
69	20,22	4,54	173	21,16	9,02	69	40,92	4,46	173	38,66	4,90	
70	18,99	3,18	174	23,63	2,55	70	41,88	1,15	174	35,49	3,66	
71	19,85	4,10	175	23,18	7,43	71	39,22	3,93	175	36,10	6,82	
72	18,73	2,82	176	22,23	10,84	72	43,14	3,51	176	38,75	6,02	Continua...

Continua...

73	18,84	2,96	177	22,04	8,01	73	40,23	3,40	177	38,45	3,80
74	18,68	1,40	178	21,07	5,93	74	41,21	3,75	178	37,62	2,89
75	19,34	2,33	179	23,11	4,44	75	41,82	3,77	179	34,84	3,51
76	19,93	6,28	180	22,72	2,41	76	40,25	3,51	180	37,41	2,31
77	19,49	5,17	181	22,50	3,24	77	39,15	2,10	181	36,35	3,90
78	22,07	6,94	182	22,95	0,38	78	38,43	5,39	182	36,74	2,64
79	21,48	3,68	183	20,09	3,86	79	36,85	5,54	183	38,07	6,86
80	21,08	7,28	184	21,71	0,87	80	37,86	7,95	184	39,29	3,48
81	22,00	7,95	185	21,54	5,64	81	39,16	6,20	185	38,65	4,09
82	22,38	5,66	186	21,41	5,49	82	37,49	1,93	186	37,72	5,36
83	21,68	2,80	187	19,75	4,78	83	38,19	2,62	187	39,87	5,05
84	21,83	2,17	188	21,48	4,58	84	36,69	6,39	188	38,35	4,39
85	22,36	8,69	189	19,10	9,05	85	37,08	4,57	189	42,01	5,28
86	20,75	2,87	190	18,75	1,78	86	39,52	2,18	190	42,55	0,36
87	20,79	5,85	191	22,35	4,68	87	39,31	3,15	191	37,17	5,80
88	20,23	7,49	192	21,27	4,28	88	38,23	3,96	192	38,42	3,01
89	22,64	3,44	193	21,50	7,50	89	37,44	2,91	193	39,66	4,38
90	18,25	0,77	194	21,11	6,92	90	42,62	2,06	194	37,54	3,54
91	20,92	6,00	195	22,25	5,85	91	36,96	4,58	195	37,16	2,80
92	21,39	1,18	196	21,07	5,45	92	38,57	1,06	196	37,82	4,66
93	22,98	2,25	197	21,67	3,93	93	36,86	3,01	197	38,42	2,41
94	22,50	4,66	198	20,39	5,66	94	35,31	3,30	198	39,88	3,85
95	19,83	1,76	199	19,90	7,81	95	40,39	1,62	199	40,88	3,01
96	21,04	6,22	200	21,71	2,17	96	38,61	2,13	200	36,89	4,00
97	21,21	4,25	201	19,94	4,16	97	38,14	4,51	201	40,89	1,13
98	22,29	2,63	202	22,23	9,41	98	36,95	6,20	202	34,57	7,34
99	22,50	7,96	203	19,68	2,67	99	40,06	4,22	203	39,79	4,32
100	21,42	5,76	204	23,35	4,90	100	39,73	2,14	204	35,95	3,65
101	20,98	1,42	205	21,08	0,81	101	39,26	1,74	205	37,79	1,11
102	19,87	4,65	206	21,82	5,19	102	43,02	4,80	206	38,17	6,34
103	18,73	4,74	207	20,94	5,39	103	42,75	1,37	207	40,81	5,52
104	21,74	6,23	208	19,83	4,73	104	37,04	6,79	208	41,70	5,91

1

- 2 Tabela A2. Valores de média para teor de óleo e proteína provindo dos três ambientes,
 3 juntamente diferença das médias entre os ambientes.

LNG	Médias						Diferença (OIL)			Diferença (PTN)		
	C(OIL)	C(PTN)	F(OIL)	F(PTN)	SG(OIL)	SG(PTN)	C - F	F - SG	SG - C	C - F	F - SG	SG - C
1	19.38	39.43	20.40	37.37	24.22	36.75	-1.03	-3.82	4.85	2.06	0.62	-2.68
2	20.76	39.41	22.68	40.21	22.94	37.93	-1.91	-0.27	2.18	-0.80	2.28	-1.48
3	19.37	40.25	20.15	41.14	22.37	36.21	-0.78	-2.22	3.00	-0.89	4.93	-4.05
4	19.96	39.48	21.68	40.73	20.83	39.14	-1.72	0.85	0.87	-1.25	1.59	-0.34
5	17.46	41.45	18.09	41.37	20.00	39.85	-0.62	-1.92	2.54	0.08	1.52	-1.60
6	17.79	43.45	19.86	41.54	21.79	39.57	-2.07	-1.93	4.00	1.91	1.97	-3.88
7	20.91	42.17	19.65	39.78	19.33	39.65	1.26	0.32	-1.58	2.39	0.13	-2.52
8	17.40	43.16	19.71	39.75	19.59	36.58	-2.31	0.12	2.19	3.41	3.17	-6.59
9	18.53	42.58	19.17	41.67	19.22	39.04	-0.64	-0.06	0.70	0.91	2.63	-3.54
10	21.48	39.26	21.89	38.83	22.18	36.55	-0.41	-0.30	0.71	0.43	2.28	-2.71
11	20.42	39.31	21.38	39.65	21.88	38.44	-0.95	-0.50	1.46	-0.34	1.21	-0.86
12	19.02	42.02	21.27	39.39	22.94	38.03	-2.25	-1.67	3.91	2.63	1.36	-4.00
13	20.54	40.20	21.39	39.22	23.25	37.68	-0.85	-1.87	2.72	0.99	1.53	-2.52
14	22.43	38.24	21.61	38.47	23.21	37.09	0.83	-1.61	0.78	-0.23	1.38	-1.15
15	21.39	39.13	22.13	39.68	22.50	36.54	-0.75	-0.37	1.11	-0.56	3.14	-2.59
16	22.61	38.24	22.27	37.39	23.36	37.09	0.34	-1.09	0.75	0.85	0.30	-1.15
17	20.53	38.44	21.38	39.14	23.62	36.97	-0.85	-2.24	3.09	-0.69	2.17	-1.48

Continua...

Continua...

18	22.72	38.00	21.65	38.62	22.61	38.13	1.07	-0.96	-0.11	-0.62	0.49	0.13
19	21.48	38.43	18.41	40.63	18.66	41.85	3.07	-0.25	-2.83	-2.20	-1.23	3.42
20	21.99	42.18	21.03	39.73	22.25	38.02	0.96	-1.22	0.26	2.46	1.70	-4.16
21	21.70	36.55	21.38	38.80	20.92	36.78	0.32	0.46	-0.78	-2.25	2.01	0.23
22	18.88	40.94	19.86	42.11	20.40	39.38	-0.98	-0.54	1.52	-1.17	2.73	-1.56
23	17.13	42.75	18.22	41.81	18.81	40.44	-1.10	-0.59	1.69	0.94	1.37	-2.32
24	18.39	41.40	18.42	40.27	20.41	39.84	-0.03	-1.98	2.01	1.13	0.43	-1.55
25	19.13	41.57	18.90	42.69	18.24	40.56	0.23	0.65	-0.88	-1.12	2.13	-1.01
26	23.00	36.39	21.67	36.11	22.16	34.93	1.33	-0.48	-0.85	0.28	1.18	-1.47
27	21.41	38.51	22.18	37.15	20.11	37.39	-0.76	2.07	-1.31	1.35	-0.23	-1.12
28	22.17	37.46	21.64	36.88	22.43	35.98	0.53	-0.79	0.26	0.58	0.90	-1.48
29	20.32	41.46	22.64	38.93	22.90	38.79	-2.32	-0.26	2.59	2.53	0.14	-2.67
30	16.95	42.57	20.25	41.03	19.22	41.26	-3.30	1.04	2.26	1.54	-0.23	-1.31
31	23.26	42.69	20.31	41.74	20.36	41.34	2.95	-0.05	-2.90	0.95	0.40	-1.36
32	19.02	39.50	19.06	40.74	20.46	39.14	-0.04	-1.40	1.44	-1.23	1.59	-0.36
33	19.10	40.76	23.02	35.68	22.64	37.00	-3.93	0.38	3.54	5.08	-1.32	-3.76
34	19.46	39.02	22.24	34.97	23.06	35.83	-2.78	-0.82	3.60	4.05	-0.85	-3.19
35	19.03	39.48	22.18	36.34	23.74	34.23	-3.15	-1.56	4.71	3.14	2.11	-5.25
36	20.84	38.46	22.21	37.06	23.67	35.49	-1.38	-1.46	2.83	1.39	1.58	-2.97
37	22.30	35.31	22.91	33.93	23.24	33.97	-0.60	-0.34	0.94	1.38	-0.04	-1.35
38	20.10	38.39	21.78	39.01	21.09	38.40	-1.68	0.69	0.99	-0.62	0.61	0.01
39	22.48	36.96	23.87	37.97	23.93	34.75	-1.39	-0.06	1.45	-1.02	3.22	-2.21
40	19.58	41.10	20.72	37.52	20.66	37.48	-1.14	0.05	1.08	3.58	0.05	-3.62
41	20.87	40.97	22.57	39.78	22.76	36.45	-1.70	-0.19	1.89	1.19	3.34	-4.53
42	20.00	41.34	20.67	41.44	20.72	38.04	-0.67	-0.04	0.72	-0.10	3.40	-3.30
43	21.56	39.13	22.73	35.88	22.83	35.82	-1.17	-0.10	1.27	3.25	0.06	-3.30
44	20.97	37.89	21.90	35.08	23.14	35.74	-0.93	-1.24	2.17	2.80	-0.66	-2.14
45	20.08	42.46	22.54	36.69	24.25	35.88	-2.46	-1.71	4.17	5.77	0.81	-6.58
46	21.16	38.74	21.24	37.71	22.94	37.44	-0.08	-1.70	1.79	1.03	0.26	-1.30
47	19.65	39.59	22.10	37.91	23.66	35.84	-2.45	-1.56	4.01	1.68	2.07	-3.75
48	17.80	41.34	17.10	40.41	18.45	40.07	0.70	-1.35	0.65	0.93	0.33	-1.27
49	22.77	37.21	22.78	37.06	23.74	35.17	-0.01	-0.96	0.97	0.16	1.89	-2.04
50	21.14	38.93	20.23	36.86	21.02	35.01	0.91	-0.79	-0.13	2.07	1.84	-3.91
51	15.96	39.84	16.93	40.65	17.22	40.94	-0.96	-0.29	1.26	-0.81	-0.30	1.11
52	19.31	39.52	18.27	39.11	19.69	40.42	1.04	-1.42	0.38	0.41	-1.31	0.91
53	22.79	38.08	21.88	40.77	23.63	38.38	0.91	-1.76	0.85	-2.69	2.39	0.30
54	19.97	41.16	18.33	43.63	19.30	40.33	1.64	-0.96	-0.68	-2.46	3.30	-0.84
55	21.95	39.43	21.41	38.61	23.57	36.42	0.54	-2.16	1.62	0.82	2.19	-3.00
56	17.99	42.01	19.28	42.48	19.56	39.37	-1.29	-0.28	1.57	-0.47	3.12	-2.64
57	22.40	37.76	21.25	40.41	22.15	39.29	1.15	-0.89	-0.25	-2.64	1.11	1.53
58	19.99	40.05	21.32	39.44	20.80	38.03	-1.32	0.52	0.80	0.62	1.40	-2.02
59	22.44	38.14	21.41	40.49	21.98	37.59	1.04	-0.58	-0.46	-2.35	2.90	-0.55
60	21.40	37.56	20.84	38.28	22.43	35.34	0.56	-1.59	1.03	-0.71	2.94	-2.23
61	18.07	43.36	23.32	36.70	22.69	35.77	-5.25	0.64	4.62	6.66	0.93	-7.59
62	21.84	38.60	19.74	40.79	24.21	34.94	2.10	-4.47	2.37	-2.19	5.86	-3.66
63	21.91	36.25	21.37	38.55	23.03	33.89	0.54	-1.66	1.12	-2.30	4.66	-2.37

Continua...

Continua...

64	22.45	36.13	21.18	38.67	21.61	37.36	1.27	-0.43	-0.83	-2.54	1.31	1.23
65	22.12	35.47	22.01	37.51	23.53	37.21	0.11	-1.52	1.41	-2.03	0.30	1.74
66	21.88	37.36	21.29	37.21	22.64	35.27	0.59	-1.35	0.76	0.15	1.95	-2.10
67	19.37	40.80	20.00	41.19	21.23	39.09	-0.63	-1.23	1.86	-0.38	2.10	-1.71
68	17.23	42.52	19.36	40.22	18.45	41.70	-2.13	0.91	1.22	2.29	-1.47	-0.82
69	21.14	37.08	18.36	45.62	20.21	41.38	2.78	-1.85	-0.93	-8.54	4.24	4.30
70	19.51	41.58	18.33	44.40	19.12	41.62	1.18	-0.80	-0.39	-2.82	2.78	0.04
71	18.96	38.64	20.05	40.16	20.55	37.44	-1.09	-0.50	1.59	-1.52	2.72	-1.19
72	17.74	41.64	18.17	44.67	18.80	43.10	-0.43	-0.63	1.06	-3.03	1.57	1.46
73	18.38	41.51	19.46	40.39	18.68	39.63	-1.08	0.78	0.30	1.12	0.76	-1.88
74	18.86	44.55	17.54	41.98	18.38	40.36	1.31	-0.84	-0.48	2.58	1.61	-4.19
75	19.64	41.36	18.82	43.58	19.55	40.54	0.82	-0.73	-0.09	-2.22	3.04	-0.82
76	18.79	41.33	18.50	41.88	20.47	39.45	0.30	-1.98	1.68	-0.55	2.43	-1.88
77	20.01	39.18	18.33	40.45	20.13	38.31	1.68	-1.80	0.12	-1.27	2.13	-0.87
78	20.33	39.12	22.66	38.51	23.22	36.32	-2.33	-0.56	2.89	0.61	2.19	-2.80
79	20.66	38.76	21.52	37.09	22.24	34.70	-0.86	-0.72	1.58	1.67	2.39	-4.06
80	19.49	39.94	21.20	37.07	22.55	34.82	-1.71	-1.35	3.06	2.87	2.25	-5.12
81	21.13	38.74	20.87	41.78	24.02	36.98	0.26	-3.15	2.89	-3.04	4.80	-1.76
82	21.65	37.54	20.79	38.19	23.85	36.74	0.87	-3.06	2.19	-0.65	1.45	-0.80
83	21.39	38.47	21.28	39.02	22.38	37.07	0.10	-1.10	1.00	-0.54	1.94	-1.40
84	21.45	38.22	21.69	34.86	22.36	35.87	-0.24	-0.67	0.91	3.37	-1.02	-2.35
85	21.54	38.99	23.04	36.49	23.86	35.76	-1.50	-0.82	2.32	2.50	0.73	-3.23
86	20.06	40.51	19.91	41.65	21.11	39.07	0.15	-1.21	1.05	-1.14	2.58	-1.44
87	19.54	38.74	20.86	38.70	21.97	37.91	-1.33	-1.10	2.43	0.04	0.79	-0.83
88	20.50	38.26	18.60	40.37	21.59	36.70	1.90	-2.99	1.09	-2.10	3.67	-1.56
89	23.12	38.69	22.82	36.68	23.31	36.96	0.30	-0.48	0.18	2.01	-0.29	-1.73
90	18.21	41.66	18.13	42.83	18.40	43.38	0.08	-0.28	0.19	-1.17	-0.54	1.72
91	21.18	37.06	20.42	37.00	22.03	35.23	0.76	-1.61	0.85	0.05	1.78	-1.83
92	21.45	38.23	21.11	39.03	21.60	38.46	0.34	-0.49	0.15	-0.80	0.57	0.22
93	22.66	36.59	22.71	38.04	23.58	36.70	-0.05	-0.87	0.92	-1.45	1.34	0.11
94	21.91	37.84	21.88	34.89	23.71	34.42	0.03	-1.83	1.80	2.95	0.47	-3.42
95	19.80	42.32	19.49	40.14	19.29	39.36	0.30	0.20	-0.51	2.18	0.78	-2.96
96	21.43	38.34	19.58	37.58	22.10	37.96	1.85	-2.53	0.68	0.76	-0.38	-0.38
97	21.44	38.50	20.22	39.66	22.65	36.28	1.22	-2.43	1.21	-1.16	3.38	-2.23
98	23.20	38.00	22.40	36.06	22.81	34.43	0.80	-0.42	-0.39	1.94	1.63	-3.57
99	22.09	40.51	21.38	41.49	24.56	38.19	0.71	-3.18	2.47	-0.98	3.29	-2.32
100	20.23	41.37	21.33	40.26	22.69	37.91	-1.10	-1.36	2.46	1.10	2.35	-3.45
101	20.68	39.74	21.28	38.48	21.70	39.56	-0.59	-0.42	1.01	1.27	-1.08	-0.19
102	19.29	42.13	19.38	45.38	20.94	41.54	-0.09	-1.55	1.64	-3.25	3.84	-0.59
103	19.07	42.15	19.03	42.42	17.74	43.52	0.04	1.30	-1.34	-0.27	-1.10	1.37
104	20.21	38.70	22.78	35.79	22.22	35.39	-2.58	0.56	2.02	2.92	0.39	-3.31
105	20.88	39.81	21.63	38.78	21.98	38.22	-0.74	-0.35	1.10	1.03	0.56	-1.59
106	20.44	41.73	21.09	38.65	22.88	36.51	-0.65	-1.79	2.44	3.09	2.14	-5.23
107	19.96	39.11	19.62	40.87	21.63	37.88	0.34	-2.01	1.67	-1.76	3.00	-1.24
108	19.64	42.72	19.71	41.38	20.98	37.99	-0.07	-1.26	1.33	1.34	3.39	-4.73
109	22.27	36.89	21.22	39.57	21.32	38.65	1.04	-0.10	-0.94	-2.68	0.92	1.76

Continua...

Continua...

110	18.54	41.96	20.27	39.93	21.07	39.45	-1.73	-0.81	2.54	2.03	0.48	-2.50
111	21.13	39.00	19.98	40.90	22.06	39.19	1.15	-2.08	0.93	-1.89	1.70	0.19
112	20.81	39.94	20.43	37.80	20.95	36.39	0.39	-0.52	0.14	2.14	1.41	-3.55
113	22.46	35.92	22.77	35.83	23.48	33.25	-0.30	-0.71	1.02	0.09	2.58	-2.67
114	22.48	39.23	22.09	36.17	23.82	34.51	0.38	-1.73	1.34	3.05	1.66	-4.71
115	22.16	38.14	21.81	37.99	25.41	35.31	0.35	-3.60	3.25	0.15	2.68	-2.83
116	20.53	39.45	20.15	38.45	21.11	36.53	0.38	-0.95	0.57	1.00	1.93	-2.92
117	20.27	39.03	21.76	38.72	21.70	37.56	-1.49	0.06	1.43	0.31	1.16	-1.46
118	22.18	37.50	23.54	34.91	24.51	33.79	-1.36	-0.97	2.33	2.59	1.11	-3.70
119	23.52	36.80	24.07	37.51	24.99	35.89	-0.56	-0.92	1.48	-0.72	1.62	-0.90
120	22.87	36.66	22.87	36.93	23.94	35.79	0.00	-1.07	1.08	-0.26	1.14	-0.87
121	20.56	37.60	20.48	38.28	21.30	39.12	0.08	-0.82	0.74	-0.68	-0.84	1.52
122	20.16	34.88	20.79	34.04	23.12	32.36	-0.62	-2.34	2.96	0.84	1.68	-2.52
123	19.01	40.08	21.02	40.09	22.46	39.52	-2.01	-1.44	3.45	-0.01	0.57	-0.56
124	18.11	42.89	17.93	43.87	19.89	41.33	0.18	-1.96	1.78	-0.98	2.55	-1.56
125	17.74	40.84	18.11	42.29	19.36	42.16	-0.37	-1.25	1.62	-1.45	0.12	1.32
126	20.06	39.91	19.20	42.33	20.03	41.00	0.86	-0.83	-0.03	-2.42	1.33	1.09
127	21.39	38.20	22.83	37.14	23.66	34.89	-1.44	-0.84	2.28	1.07	2.25	-3.31
128	22.77	36.54	21.52	35.19	22.34	36.21	1.26	-0.82	-0.43	1.35	-1.02	-0.33
129	22.74	37.51	21.24	38.96	22.00	36.33	1.50	-0.76	-0.73	-1.45	2.62	-1.17
130	20.16	41.27	18.10	43.04	20.06	40.75	2.06	-1.96	-0.10	-1.78	2.30	-0.52
131	13.32	40.94	17.75	44.00	18.92	41.77	-4.43	-1.17	5.60	-3.06	2.23	0.83
132	19.61	41.64	18.03	42.31	19.46	42.09	1.58	-1.43	-0.15	-0.67	0.23	0.44
133	19.41	38.35	18.10	42.09	17.67	42.16	1.31	0.43	-1.74	-3.74	-0.06	3.80
134	22.36	36.72	22.42	35.85	23.84	36.43	-0.06	-1.42	1.48	0.87	-0.58	-0.28
135	21.28	38.43	21.58	37.81	22.82	36.79	-0.30	-1.24	1.54	0.62	1.02	-1.64
136	20.99	35.65	19.03	39.22	21.12	38.21	1.95	-2.09	0.13	-3.57	1.01	2.56
137	20.29	43.57	19.17	44.07	19.67	42.62	1.12	-0.50	-0.61	-0.50	1.45	-0.95
138	18.72	40.69	18.34	42.42	18.52	42.24	0.38	-0.18	-0.20	-1.73	0.18	1.56
139	20.89	43.16	18.47	41.85	19.47	42.67	2.42	-1.00	-1.42	1.31	-0.82	-0.49
140	18.36	37.74	18.34	40.50	19.80	40.06	0.02	-1.46	1.44	-2.76	0.44	2.32
141	20.72	38.94	19.24	38.64	20.20	36.55	1.48	-0.97	-0.51	0.30	2.09	-2.39
142	20.34	39.33	19.25	40.17	20.15	36.74	1.09	-0.89	-0.19	-0.84	3.43	-2.58
143	17.97	42.88	16.68	46.05	15.95	45.82	1.29	0.73	-2.02	-3.17	0.23	2.94
144	18.37	41.24	17.10	43.72	16.63	42.36	1.27	0.47	-1.74	-2.48	1.36	1.12
145	18.00	40.92	19.47	39.62	20.49	37.72	-1.47	-1.02	2.49	1.31	1.90	-3.20
146	21.76	37.95	18.94	44.60	19.43	40.77	2.81	-0.49	-2.33	-6.65	3.83	2.82
147	18.82	42.08	18.32	45.43	20.06	41.68	0.50	-1.74	1.24	-3.35	3.76	-0.41
148	17.87	43.59	19.07	42.41	19.09	42.32	-1.20	-0.02	1.22	1.19	0.09	-1.27
149	20.21	41.33	18.82	43.19	20.87	39.63	1.39	-2.05	0.66	-1.86	3.57	-1.70
150	21.56	38.33	19.99	39.95	20.82	36.87	1.56	-0.82	-0.74	-1.62	3.08	-1.46
151	19.20	39.92	19.01	42.34	19.98	39.22	0.19	-0.97	0.78	-2.42	3.12	-0.70
152	20.00	41.32	19.09	44.14	18.82	41.81	0.91	0.26	-1.17	-2.82	2.33	0.49
153	20.49	39.31	18.97	43.49	19.70	40.64	1.52	-0.73	-0.79	-4.18	2.85	1.32
154	20.95	37.75	18.24	40.15	19.71	38.74	2.71	-1.47	-1.23	-2.39	1.41	0.99
155	18.62	42.65	17.82	43.27	17.96	42.01	0.79	-0.14	-0.66	-0.62	1.26	-0.64

Continua...

Continua...

156	19.76	40.96	20.09	40.29	20.60	38.27	-0.33	-0.50	0.83	0.67	2.01	-2.69
157	18.51	39.36	16.93	42.82	19.07	41.60	1.58	-2.14	0.56	-3.46	1.21	2.25
158	18.64	43.28	16.29	45.93	18.34	42.71	2.35	-2.05	-0.30	-2.65	3.22	-0.57
159	17.70	42.50	16.57	42.26	17.51	41.94	1.13	-0.94	-0.19	0.24	0.32	-0.56
160	20.29	39.53	19.61	40.51	21.21	39.82	0.68	-1.60	0.92	-0.98	0.70	0.28
161	18.59	40.31	19.45	42.25	19.48	40.52	-0.85	-0.04	0.89	-1.94	1.73	0.22
162	19.95	39.09	20.52	38.37	20.67	37.37	-0.57	-0.15	0.72	0.72	1.00	-1.72
163	19.85	40.33	20.14	37.61	21.90	36.74	-0.29	-1.76	2.05	2.73	0.86	-3.59
164	20.84	38.86	22.78	36.66	21.59	37.71	-1.94	1.20	0.75	2.20	-1.05	-1.15
165	21.29	38.07	22.35	36.64	23.21	36.16	-1.05	-0.87	1.92	1.42	0.48	-1.91
166	18.93	42.45	18.05	41.96	18.91	40.11	0.89	-0.86	-0.03	0.49	1.85	-2.34
167	18.60	43.00	17.13	42.22	17.54	40.57	1.48	-0.41	-1.07	0.78	1.65	-2.43
168	19.64	38.80	17.66	41.43	17.75	41.32	1.97	-0.08	-1.89	-2.63	0.10	2.52
169	20.13	40.27	18.89	40.66	18.45	40.69	1.24	0.44	-1.68	-0.38	-0.04	0.42
170	21.22	38.22	20.37	39.16	21.47	34.92	0.86	-1.10	0.24	-0.94	4.24	-3.30
171	22.24	37.41	22.22	36.35	23.47	34.89	0.03	-1.26	1.23	1.06	1.46	-2.52
172	22.91	37.26	21.49	39.13	22.59	37.59	1.42	-1.10	-0.32	-1.87	1.53	0.33
173	20.40	37.44	21.54	38.29	23.33	36.47	-1.13	-1.80	2.93	-0.85	1.82	-0.97
174	23.56	35.52	23.07	36.77	23.91	34.17	0.49	-0.84	0.35	-1.25	2.60	-1.35
175	21.63	37.29	22.88	36.61	25.03	33.42	-1.25	-2.16	3.40	0.68	3.19	-3.87
176	20.24	40.44	22.85	39.71	24.27	36.09	-2.61	-1.42	4.03	0.73	3.62	-4.36
177	20.75	38.31	21.33	39.98	24.06	37.07	-0.58	-2.73	3.31	-1.67	2.91	-1.24
178	19.59	37.57	20.96	37.47	22.37	36.51	-1.37	-1.42	2.79	0.10	0.96	-1.06
179	22.70	34.97	23.83	34.07	24.96	33.56	-1.14	-1.12	2.26	0.90	0.51	-1.41
180	22.59	37.49	22.25	37.33	24.25	36.51	0.34	-2.00	1.66	0.16	0.82	-0.98
181	21.80	37.97	22.46	35.68	23.25	35.39	-0.66	-0.80	1.45	2.30	0.29	-2.59
182	23.01	37.44	22.85	37.14	22.98	35.63	0.16	-0.13	-0.03	0.30	1.51	-1.81
183	19.20	41.96	20.48	37.98	20.60	35.51	-1.28	-0.12	1.40	3.98	2.48	-6.45
184	21.70	40.96	20.62	42.53	21.07	38.05	1.08	-0.46	-0.62	-1.57	4.48	-2.91
185	20.79	38.93	20.89	39.07	22.95	37.50	-0.10	-2.05	2.15	-0.14	1.58	-1.44
186	20.30	39.82	21.28	37.58	22.64	35.78	-0.98	-1.36	2.34	2.24	1.80	-4.04
187	18.83	41.18	19.83	40.88	20.65	36.99	-0.99	-0.83	1.82	0.30	3.89	-4.19
188	20.42	38.44	21.64	38.29	22.37	36.70	-1.21	-0.73	1.95	0.15	1.58	-1.73
189	20.34	40.12	17.72	43.58	18.51	42.87	2.62	-0.79	-1.84	-3.46	0.71	2.75
190	19.06	42.38	17.27	44.85	18.79	42.64	1.79	-1.52	-0.27	-2.48	2.21	0.27
191	21.40	38.83	22.18	37.96	23.47	34.74	-0.79	-1.29	2.07	0.87	3.22	-4.09
192	20.46	38.78	22.03	39.35	22.26	36.56	-1.57	-0.23	1.80	-0.57	2.79	-2.22
193	22.08	39.15	22.02	38.93	22.74	39.22	0.06	-0.72	0.66	0.22	-0.30	0.08
194	19.98	36.72	20.59	38.65	22.76	36.06	-0.61	-2.17	2.78	-1.93	2.58	-0.66
195	21.18	38.17	21.87	37.23	23.69	36.09	-0.69	-1.82	2.52	0.94	1.14	-2.08
196	21.87	36.70	20.74	39.48	21.10	36.04	1.13	-0.37	-0.77	-2.78	3.44	-0.66
197	20.91	36.69	21.50	38.74	21.76	38.12	-0.60	-0.25	0.85	-2.05	0.62	1.43
198	19.51	41.02	19.97	40.48	21.70	38.13	-0.46	-1.73	2.19	0.53	2.35	-2.89
199	18.29	42.25	20.01	40.51	21.89	40.02	-1.71	-1.88	3.60	1.75	0.49	-2.23
200	21.32	38.35	21.58	36.90	22.24	35.40	-0.26	-0.65	0.92	1.45	1.50	-2.95
201	19.00	41.26	18.72	43.69	20.28	41.04	0.28	-1.56	1.28	-2.43	2.65	0.22

Continua...

Continua...

202	23.78	34.22	22.68	37.04	24.47	34.71	1.10	-1.80	0.69	-2.82	2.33	0.49	
203	19.54	40.26	19.25	40.52	20.27	37.89	0.29	-1.02	0.73	-0.26	2.63	-2.37	
204	22.79	35.22	22.60	35.42	24.67	34.44	0.20	-2.07	1.88	-0.20	0.98	-0.79	
205	21.19	39.33	20.88	37.61	21.74	37.50	0.31	-0.86	0.55	1.72	0.12	-1.83	
206	21.59	38.73	21.66	40.27	23.05	35.53	-0.06	-1.40	1.46	-1.54	4.74	-3.20	
207	20.67	40.97	19.97	42.98	22.18	38.48	0.70	-2.21	1.50	-2.01	4.50	-2.49	
208	19.86	39.80	18.88	44.48	20.76	42.01	0.98	-1.88	0.90	-4.68	2.47	2.21	
-	-	-	-	-	-	-	Média	-0.08	-0.99	1.07	-0.12	1.60	-1.48

1 **LNG:** Linhagem. **C:**capinópolis. **F:** Florestal. **SG:** São Gotardo. **OIL:** Conteúdo de óleo da semente.

2 **PTN:** Conteúdo de proteína da semente.

3 Tabela A3. Valores de probabilidade da adaptabilidade e estabilidade para os
4 conteúdos de óleo (OIL) e proteína (PTN) das 208 linhagens (LNG) de soja do
5 PMGQS do BIOAGRO-UFV segundo metodologia de Eberhart e Russell (1966).

6

LNG	Óleo			Proteína			LNG	Óleo			Proteína						
	β_1	S ² d	R ² (%)	β_1	S ² d	R ² (%)		β_1	S ² d	R ² (%)	β_1	S ² d	R ² (%)				
1	D	4.70	**	29.23	F	1.21	*	0.83	105	D	4.70	**	0.54	F	0.29	NS	51.74
2	F	4.43	**	34.19	F	-0.13	NS	92.40	106	D	1.54	*	32.76	F	1.34	*	88.47
3	D	-0.18	NS	48.96	D	-0.20	NS	99.06	107	F	2.27	**	41.82	F	0.92	NS	72.50
4	D	0.02	NS	18.31	D	3.21	**	3.13	108	D	0.91	NS	43.27	D	-0.31	NS	99.75
5	D	0.58	NS	48.98	D	-0.31	NS	98.61	109	D	-0.30	NS	32.10	D	0.18	NS	4.68
6	F	-0.03	NS	92.00	D	-0.26	NS	96.78	110	D	2.74	**	9.39	F	1.92	**	23.98
7	D	0.62	NS	32.60	D	0.68	NS	25.32	111	F	2.86	**	33.83	F	-0.07	NS	81.91
8	D	-0.23	NS	9.78	D	1.16	*	82.11	112	D	0.03	NS	55.04	D	2.42	**	57.06
9	D	2.66	**	20.56	F	0.35	NS	89.85	113	D	4.10	**	0.55	F	3.17	**	71.03
10	D	3.45	**	1.48	F	-0.18	NS	90.47	114	F	5.32	**	55.35	F	5.17	**	51.91
11	F	2.49	**	38.32	F	-0.13	NS	48.23	115	D	3.54	**	5.67	F	-0.26	NS	98.58
12	D	0.88	NS	3.47	D	2.45	**	65.16	116	D	0.09	NS	47.09	D	0.44	NS	87.61
13	F	-0.01	NS	91.25	D	0.33	NS	79.41	117	D	1.53	*	57.41	F	-0.32	NS	99.09
14	D	0.14	NS	71.74	D	-0.33	NS	99.32	118	D	2.26	**	15.76	F	-0.32	NS	99.84
15	D	0.78	NS	14.51	D	-0.17	NS	88.72	119	D	-0.12	NS	25.59	D	4.32	**	51.88
16	D	3.92	**	28.76	F	-0.32	NS	99.06	120	D	0.22	NS	6.80	D	-0.20	NS	91.03
17	D	7.95	**	22.41	F	0.43	NS	85.61	121	D	0.32	NS	2.86	D	-0.03	NS	73.86
18	D	-0.17	NS	96.38	D	-0.19	NS	81.97	122	F	1.92	**	55.55	F	4.68	**	53.52
19	F	0.32	NS	94.48	D	0.25	NS	60.85	123	D	5.19	**	5.75	F	-0.33	NS	99.57
20	D	1.64	*	34.73	F	-0.33	NS	99.99	124	F	0.91	NS	69.53	D	-0.01	NS	90.16
21	D	3.80	**	2.85	F	0.06	NS	80.55	125	F	9.67	**	9.12	F	0.79	NS	13.25
22	F	0.16	NS	56.64	D	-0.32	NS	99.50	126	F	2.82	**	14.08	F	-0.23	NS	83.39
23	F	-0.19	NS	98.08	D	0.26	NS	77.96	127	D	1.97	**	28.46	F	0.50	NS	85.34
24	D	-0.24	NS	40.10	D	-0.17	NS	87.57	128	D	-0.31	NS	0.85	D	1.87	*	32.75
25	D	0.31	NS	20.24	D	0.15	NS	78.74	129	F	-0.13	NS	80.56	D	-0.33	NS	99.92

Continua...

Continua...

26	D	-0.11	NS	32.09	D	-0.30	NS	98.55	130	D	-0.19	NS	23.63	D	4.69	**	9.38
27	F	-0.33	NS	99.77	D	1.61	*	11.02	131	D	-0.08	NS	55.31	D	147.27	**	10.34
28	D	-0.30	NS	16.30	D	-0.10	NS	79.18	132	F	-0.30	NS	97.92	D	2.90	**	12.89
29	D	-0.20	NS	40.45	D	3.26	**	35.07	133	F	6.30	**	42.71	F	1.41	*	21.40
30	D	0.46	NS	87.88	D	0.92	NS	9.48	134	F	0.09	NS	59.58	D	0.03	NS	7.05
31	G	0.42	NS	39.68	D	0.42	NS	1.34	135	F	0.24	NS	77.63	D	-0.07	NS	80.68
32	F	0.33	NS	72.79	D	0.79	NS	47.33	136	F	0.43	NS	54.86	D	12.86	**	0.35
33	D	-0.32	NS	43.20	D	2.73	**	57.30	137	D	-0.21	NS	96.42	D	3.77	**	0.64
34	D	-0.18	NS	85.23	D	8.21	**	6.10	138	D	1.65	*	2.70	F	0.45	NS	46.89
35	D	0.62	NS	8.17	D	8.95	**	38.67	139	F	1.50	*	80.17	F	0.26	NS	0.24
36	D	-0.02	NS	4.55	D	2.89	**	57.94	140	D	-0.25	NS	60.18	D	1.03	*	3.45
37	F	2.22	**	65.02	F	0.64	NS	0.76	141	D	-0.04	NS	87.52	D	-0.22	NS	96.52
38	D	-0.20	NS	19.33	D	0.20	NS	56.70	142	F	1.35	*	67.69	F	0.36	NS	92.19
39	D	1.94	**	3.36	F	3.16	**	74.09	143	D	0.70	NS	0.07	D	3.55	**	43.88
40	D	0.19	NS	41.50	D	2.91	**	20.21	144	D	-0.32	NS	97.20	D	2.56	**	17.14
41	D	0.55	NS	32.11	D	0.82	NS	89.56	145	D	8.27	**	37.52	F	0.82	NS	77.81
42	D	1.60	*	1.94	F	-0.32	NS	99.77	146	D	1.47	*	0.66	F	9.53	**	0.77
43	D	-0.21	NS	0.88	D	6.05	**	31.47	147	D	-0.08	NS	83.47	D	4.69	**	41.01
44	F	4.10	**	84.66	F	0.26	NS	74.51	148	F	-0.19	NS	95.41	D	0.43	NS	23.88
45	D	2.85	**	28.56	F	8.39	**	32.80	149	F	5.15	**	23.09	F	6.03	**	28.17
46	D	1.53	*	28.65	F	0.27	NS	36.01	150	D	4.05	**	0.25	F	0.68	NS	78.64
47	F	0.25	NS	85.54	D	1.50	*	73.95	151	D	-0.25	NS	43.33	D	2.20	**	52.67
48	F	4.46	**	9.70	F	0.17	NS	42.27	152	D	-0.06	NS	95.69	D	1.66	*	12.73
49	D	1.94	**	74.99	F	-0.28	NS	98.07	153	F	-0.28	NS	98.56	D	8.09	**	7.70
50	D	6.01	**	3.49	F	0.92	NS	89.52	154	D	-0.33	NS	96.59	D	0.21	NS	50.60
51	D	0.48	NS	3.65	D	0.04	NS	42.91	155	F	1.45	*	90.29	F	-0.19	NS	81.82
52	F	1.24	*	41.98	F	-0.28	NS	94.42	156	F	1.93	**	49.84	F	0.04	NS	90.36
53	D	-0.17	NS	69.11	D	2.91	**	40.56	157	F	2.17	**	76.54	F	4.50	**	8.32
54	F	0.19	NS	78.24	D	-0.31	NS	94.21	158	D	1.50	*	45.54	F	-0.33	NS	98.57
55	D	0.66	NS	0.61	D	-0.31	NS	99.29	159	D	0.24	NS	21.00	D	-0.30	NS	76.27
56	D	-0.25	NS	84.72	D	0.47	NS	77.34	160	D	2.59	**	13.90	F	0.13	NS	13.26
57	D	1.69	*	9.35	F	3.19	**	0.04	161	D	1.83	*	19.64	F	-0.33	NS	89.78
58	F	-0.23	NS	98.22	D	-0.05	NS	86.58	162	D	0.35	NS	56.64	D	1.35	*	54.19
59	F	0.70	NS	51.57	D	2.09	**	48.99	163	D	1.82	*	1.83	F	0.82	NS	82.53
60	D	4.51	**	5.11	F	-0.18	NS	94.15	164	D	1.73	*	6.65	F	2.20	**	5.92
61	D	0.82	NS	84.75	D	14.09	**	31.38	165	D	3.48	**	23.65	F	0.83	NS	41.18
62	D	0.65	NS	2.49	D	1.26	*	90.89	166	D	0.84	NS	8.77	D	-0.14	NS	89.12
63	D	2.41	**	0.54	F	0.43	NS	84.08	167	F	0.29	NS	58.19	D	0.26	NS	0.78
64	D	1.54	*	32.28	F	4.18	**	19.41	168	D	-0.10	NS	36.01	D	3.37	**	16.34
65	D	0.75	NS	51.41	D	0.05	NS	82.44	169	F	3.59	**	69.60	F	-0.25	NS	25.30
66	D	1.98	**	17.93	F	-0.28	NS	98.17	170	D	2.40	**	1.95	F	-0.07	NS	94.06
67	D	1.07	*	72.15	F	-0.32	NS	99.74	171	D	1.82	*	6.30	F	0.41	NS	76.62
68	F	0.90	NS	78.51	D	2.11	**	24.85	172	D	-0.18	NS	92.82	D	1.30	*	17.33
69	D	-0.30	NS	92.95	D	6.17	**	2.07	173	D	2.75	**	55.50	F	-0.28	NS	99.23

Continua...

Continua...

70	D	0.65	NS	23.69	D	0.00	NS	27.52	174	D	-0.25	NS	81.01	D	0.25	NS	82.80
71	D	0.57	NS	76.94	D	-0.33	NS	99.83	175	D	-0.33	NS	95.52	D	1.64	*	83.75
72	D	-0.31	NS	21.15	D	4.23	**	0.90	176	D	-0.18	NS	68.60	D	0.23	NS	94.78
73	D	3.30	**	13.15	F	0.51	NS	77.43	177	D	-0.20	NS	14.87	D	0.77	NS	74.08
74	D	-0.29	NS	24.16	D	3.62	**	16.86	178	F	3.78	**	39.06	F	0.04	NS	84.05
75	D	-0.20	NS	70.42	D	1.77	*	57.55	179	D	4.77	**	29.40	F	0.04	NS	87.59
76	F	1.08	*	76.12	F	2.44	**	30.60	180	D	2.04	**	31.95	F	-0.14	NS	86.87
77	D	4.05	**	11.84	F	-0.11	NS	83.46	181	F	5.85	**	42.36	F	2.57	**	27.64
78	F	0.90	NS	71.96	D	2.11	**	71.47	182	D	1.39	*	43.04	F	-0.24	NS	94.86
79	G	-0.32	NS	97.72	D	1.54	*	77.55	183	D	-0.23	NS	79.12	D	4.37	**	65.61
80	D	-0.33	NS	99.57	D	5.14	**	69.74	184	D	0.70	NS	50.43	D	0.84	NS	68.45
81	D	0.45	NS	5.68	D	3.46	**	67.85	185	D	-0.22	NS	73.14	D	0.30	NS	87.27
82	D	-0.33	NS	99.65	D	-0.18	NS	85.66	186	D	0.21	NS	24.41	D	2.75	**	62.36
83	F	-0.15	NS	89.60	D	-0.25	NS	95.94	187	F	7.32	**	30.36	F	-0.16	NS	97.85
84	D	1.11	*	32.63	F	10.08	**	5.26	188	D	-0.33	NS	99.96	D	1.64	*	65.20
85	D	0.73	NS	4.30	D	3.20	**	38.36	189	D	-0.27	NS	86.73	D	8.53	**	9.67
86	D	4.68	**	50.77	F	0.92	NS	15.05	190	D	0.96	*	9.45	D	-0.30	NS	20.46
87	F	3.94	**	34.10	F	-0.13	NS	93.37	191	D	1.34	*	52.24	F	0.36	NS	92.51
88	D	-0.09	NS	91.70	D	0.47	NS	82.43	192	F	3.08	**	62.76	F	-0.25	NS	96.96
89	D	-0.32	NS	17.21	D	1.81	*	9.79	193	D	2.26	**	11.16	F	2.23	**	57.50
90	D	-0.03	NS	95.35	D	0.47	NS	47.99	194	D	0.68	NS	89.30	D	-0.18	NS	95.76
91	D	-0.25	NS	77.69	D	0.54	NS	84.77	195	D	0.22	NS	18.74	D	0.25	NS	73.37
92	D	1.55	*	1.98	F	-0.03	NS	9.69	196	D	1.24	*	48.37	F	0.41	NS	88.02
93	F	-0.31	NS	98.76	D	2.03	**	3.79	197	D	1.01	*	7.31	F	-0.19	NS	91.74
94	D	0.13	NS	44.55	D	1.38	*	36.84	198	F	0.82	NS	46.61	D	-0.05	NS	93.93
95	D	-0.21	NS	2.10	D	0.22	NS	34.62	199	D	0.30	NS	1.75	D	1.41	*	42.47
96	D	0.85	NS	0.03	D	0.28	NS	54.62	200	F	1.11	*	48.94	F	1.00	*	69.34
97	D	-0.15	NS	39.44	D	0.09	NS	92.86	201	D	1.38	*	44.73	F	0.04	NS	12.16
98	D	-0.33	NS	99.95	D	6.53	**	34.75	202	F	8.26	**	6.06	F	12.53	**	0.07
99	F	-0.13	NS	97.70	D	-0.06	NS	95.27	203	D	0.18	NS	31.80	D	-0.07	NS	95.57
100	F	3.57	**	12.07	F	-0.33	NS	99.97	204	D	-0.19	NS	93.51	D	-0.33	NS	99.89
101	D	3.45	**	32.00	F	0.41	NS	19.81	205	D	0.43	NS	0.17	D	-0.09	NS	30.79
102	F	2.50	**	35.22	F	4.33	**	45.40	206	F	0.18	NS	94.22	D	0.37	NS	94.02
103	D	-0.33	NS	8.67	D	0.35	NS	0.05	207	D	2.27	**	75.99	F	1.11	*	85.83
104	F	2.67	**	65.03	F	9.09	**	25.42	208	D	1.83	*	19.43	F	10.02	**	14.67

NS não significativo; ** significativo a 1 % probabilidade; * significativo a 5% probabilidade.

1
2
3
4
5

Tabela A4. Classificação em relação aos centróides e probabilidades associadas à classificação das 208 linhagens de soja cultivadas em diferentes condições experimentais pelo método dos Centróides (ROCHA et al., 2005).

Gen	Óleo			Proteína			Gen	Óleo			Proteína		
	Média	Classif.	Prob	Média	Classif.	Prob		Média	Classif.	Prob	Média	Classif.	Prob
1	20,16	V	0,23	36,58	V	0,29	105	21,50	V	0,38	38,94	V	0,64
2	21,51	V	0,38	39,18	V	0,72	106	20,90	V	0,33	39,50	V	0,35
3	20,63	V	0,41	39,20	V	0,38	107	19,88	V	0,36	39,29	V	0,54

Continua...

Continua...

4	21,28	V	0,46	39,30	V	0,42	108	19,83	V	0,38	40,22	V	0,35
5	18,29	V	0,22	40,89	V	0,29	109	21,61	V	0,29	38,48	V	0,48
6	20,04	V	0,42	40,38	V	0,37	110	19,96	V	0,36	40,56	V	0,32
7	19,40	V	0,31	40,19	V	0,38	111	20,69	V	0,49	40,05	V	0,44
8	19,48	V	0,33	39,37	V	0,45	112	21,03	V	0,61	38,04	V	0,42
9	18,97	V	0,27	41,10	V	0,25	113	22,73	I	0,25	35,75	V	0,26
10	21,20	V	0,34	38,54	V	0,65	114	22,54	VI	0,29	36,64	V	0,29
11	21,23	V	0,47	38,82	V	0,62	115	22,86	I	0,28	37,15	V	0,36
12	21,47	V	0,32	39,98	V	0,37	116	20,50	V	0,65	37,97	V	0,44
13	21,73	V	0,27	39,03	V	0,64	117	21,25	V	0,41	38,65	V	0,72
14	22,42	VII	0,22	37,93	V	0,48	118	22,79	I	0,26	36,44	V	0,29
15	22,01	V	0,26	37,95	V	0,48	119	23,32	I	0,34	37,59	V	0,35
16	22,45	I	0,21	37,94	V	0,48	120	23,23	I	0,38	35,97	V	0,28
17	21,46	VI	0,31	38,75	V	0,56	121	20,78	V	0,79	38,33	V	0,40
18	22,03	V	0,26	37,99	V	0,48	122	21,36	V	0,32	34,45	V	0,22
19	19,05	V	0,26	41,04	VII	0,14	123	20,83	V	0,35	39,70	V	0,55
20	21,26	V	0,47	39,39	V	0,67	124	18,87	V	0,26	42,70	VI	0,26
21	21,33	V	0,34	37,79	V	0,44	125	19,33	V	0,31	41,76	VII	0,24
22	19,71	V	0,37	41,26	V	0,25	126	20,16	V	0,42	40,40	V	0,30
23	18,56	V	0,24	41,67	VI	0,23	127	22,24	VI	0,27	36,74	V	0,32
24	19,39	V	0,31	40,73	V	0,31	128	21,43	V	0,41	37,14	V	0,35
25	19,00	V	0,27	41,61	VI	0,23	129	21,13	V	0,54	38,59	V	0,50
26	21,87	V	0,28	36,01	V	0,28	130	19,44	V	0,30	41,20	V	0,23
27	21,11	V	0,29	37,87	V	0,42	131	16,66	IV	0,33	37,69	III	0,19
28	22,08	V	0,24	36,77	V	0,33	132	18,93	V	0,27	41,42	VII	0,25
29	21,96	V	0,25	39,57	V	0,43	133	18,57	V	0,24	41,52	VII	0,25
30	19,41	V	0,31	41,62	V	0,22	134	22,58	VII	0,27	36,34	V	0,29
31	20,47	V	0,46	41,20	V	0,24	135	21,89	V	0,28	37,68	V	0,43
32	19,03	V	0,27	40,31	V	0,37	136	20,36	V	0,40	37,82	V	0,29
33	20,95	V	0,33	38,75	V	0,46	137	19,71	V	0,34	42,63	I	0,27
34	21,59	V	0,26	36,61	V	0,29	138	18,62	V	0,25	41,63	VII	0,26
35	22,25	VI	0,27	36,38	V	0,27	139	19,61	V	0,29	41,88	VII	0,22
36	22,24	VI	0,26	37,31	V	0,35	140	19,22	V	0,30	39,82	V	0,38
37	22,85	VII	0,26	34,56	V	0,21	141	20,05	V	0,38	38,05	V	0,49
38	20,99	V	0,41	39,12	V	0,65	142	20,40	V	0,42	38,14	V	0,42
39	22,61	I	0,24	37,21	V	0,31	143	16,87	IV	0,25	43,53	I	0,38
40	20,32	V	0,47	38,32	V	0,45	144	17,56	IV	0,21	42,22	I	0,22
41	22,22	V	0,22	39,07	V	0,43	145	19,32	V	0,30	39,42	V	0,51
42	20,46	V	0,54	40,27	V	0,34	146	20,13	V	0,27	40,36	V	0,26
43	22,58	I	0,23	36,80	V	0,30	147	19,07	V	0,29	43,06	I	0,27
44	22,00	V	0,25	36,86	V	0,34	148	18,71	V	0,25	42,77	I	0,26
45	21,99	VI	0,24	37,74	V	0,34	149	19,66	V	0,34	40,76	V	0,26
46	21,78	V	0,30	37,96	V	0,46	150	20,79	V	0,41	38,38	V	0,51
47	21,70	VI	0,34	37,78	V	0,40	151	19,40	V	0,33	40,49	V	0,31
48	18,18	V	0,22	40,61	V	0,32	152	19,30	V	0,28	42,17	I	0,22
49	23,09	I	0,34	36,48	V	0,31	153	19,72	V	0,33	41,15	V	0,22

Continua...

Continua...

50	20,80	V	0,51	36,95	V	0,31	154	19,90	V	0,32	39,31	V	0,60
51	18,22	V	0,22	40,48	V	0,30	155	18,14	V	0,22	42,64	I	0,26
52	19,78	V	0,34	39,68	V	0,37	156	20,15	V	0,48	39,84	V	0,47
53	22,77	I	0,27	38,87	V	0,47	157	18,17	V	0,22	42,01	I	0,21
54	19,55	V	0,32	40,83	V	0,30	158	18,42	V	0,23	43,08	I	0,31
55	22,06	V	0,25	37,89	V	0,47	159	17,26	IV	0,24	42,23	I	0,22
56	18,94	V	0,27	40,77	V	0,30	160	20,42	V	0,54	39,93	V	0,42
57	21,93	V	0,26	39,15	V	0,41	161	19,06	V	0,28	40,34	V	0,34
58	20,70	V	0,46	39,17	V	0,72	162	20,38	V	0,53	38,59	V	0,53
59	21,94	VII	0,25	38,74	V	0,50	163	20,63	V	0,56	38,71	V	0,51
60	21,81	V	0,30	37,29	V	0,38	164	21,74	V	0,27	37,55	V	0,37
61	21,95	V	0,22	38,09	V	0,31	165	22,26	V	0,22	36,96	V	0,34
62	21,93	VI	0,34	38,11	V	0,34	166	18,63	V	0,25	41,10	V	0,26
63	22,10	V	0,24	36,18	V	0,28	167	18,15	V	0,21	40,67	V	0,30
64	21,75	V	0,27	37,32	V	0,34	168	18,35	V	0,22	40,52	V	0,26
65	22,17	VI	0,26	37,31	V	0,38	169	19,16	V	0,26	40,54	V	0,31
66	21,94	V	0,27	36,61	V	0,32	170	21,02	V	0,52	37,87	V	0,45
67	20,20	V	0,48	40,09	V	0,40	171	22,80	I	0,28	36,22	V	0,29
68	18,35	V	0,22	41,69	VII	0,26	172	22,33	VII	0,26	37,99	V	0,43
69	20,22	V	0,37	40,93	V	0,23	173	21,16	VI	0,31	38,66	V	0,51
70	18,99	V	0,27	41,88	VII	0,20	174	23,63	I	0,54	35,49	V	0,25
71	19,85	V	0,39	39,22	V	0,61	175	23,18	I	0,31	36,10	V	0,27
72	18,73	V	0,25	43,14	I	0,34	176	22,23	VI	0,27	38,74	V	0,43
73	18,84	V	0,26	40,23	V	0,38	177	22,04	VI	0,38	38,45	V	0,53
74	18,68	V	0,25	41,21	V	0,25	178	21,07	V	0,44	37,62	V	0,42
75	19,34	V	0,31	41,83	VI	0,25	179	23,11	I	0,36	34,84	V	0,22
76	19,93	V	0,34	40,25	V	0,34	180	22,72	I	0,25	37,41	V	0,39
77	19,49	V	0,32	39,15	V	0,74	181	22,50	VII	0,22	36,34	V	0,29
78	22,07	V	0,23	38,43	V	0,44	182	22,95	VII	0,32	36,74	V	0,33
79	21,47	V	0,39	36,85	V	0,32	183	20,09	V	0,42	38,07	V	0,36
80	21,08	V	0,36	37,86	V	0,33	184	21,71	V	0,31	39,29	V	0,56
81	22,01	VI	0,39	39,17	V	0,38	185	21,54	V	0,33	38,65	V	0,56
82	22,38	VI	0,27	37,49	V	0,40	186	21,41	V	0,37	37,72	V	0,38
83	21,69	V	0,34	38,19	V	0,54	187	19,75	V	0,37	39,87	V	0,40
84	21,83	V	0,30	36,69	V	0,29	188	21,48	V	0,37	38,35	V	0,47
85	22,36	VI	0,24	37,08	V	0,34	189	19,10	V	0,24	42,02	VII	0,24
86	20,75	V	0,55	39,52	V	0,49	190	18,75	V	0,26	42,55	I	0,26
87	20,79	V	0,47	39,31	V	0,66	191	22,35	VI	0,23	37,18	V	0,34
88	20,23	V	0,36	38,23	V	0,49	192	21,27	V	0,46	38,42	V	0,60
89	22,64	I	0,23	37,44	V	0,37	193	21,50	V	0,28	39,66	V	0,42
90	18,25	V	0,22	42,62	I	0,27	194	21,11	V	0,38	37,54	V	0,41
91	20,92	V	0,41	36,96	V	0,33	195	22,25	VI	0,27	37,16	V	0,36
92	21,39	V	0,40	38,57	V	0,54	196	21,07	V	0,37	37,82	V	0,42
93	22,98	I	0,30	36,86	V	0,31	197	21,67	V	0,33	38,42	V	0,60
94	22,50	VI	0,23	35,31	V	0,24	198	20,39	V	0,49	39,88	V	0,45
95	19,83	V	0,39	40,39	V	0,35	199	19,90	V	0,34	40,88	V	0,29

Continua...

Continua...

96	21,04	V	0,38	38,61	V	0,60	200	21,71	V	0,33	36,88	V	0,33
97	21,21	V	0,43	38,14	V	0,47	201	19,94	V	0,38	40,89	V	0,27
98	22,29	VII	0,23	36,96	V	0,31	202	22,23	VI	0,37	34,57	IV	0,26
99	22,50	VI	0,35	40,06	V	0,40	203	19,68	V	0,37	39,79	V	0,45
100	21,42	V	0,36	39,73	V	0,55	204	23,35	I	0,45	35,95	V	0,27
101	20,98	V	0,48	39,26	V	0,45	205	21,08	V	0,48	37,79	V	0,43
102	19,87	V	0,40	43,02	I	0,26	206	21,82	V	0,28	38,17	V	0,39
103	18,74	V	0,24	42,75	I	0,29	207	20,94	V	0,50	40,81	VI	0,26
104	21,74	V	0,27	37,04	V	0,30	208	19,83	V	0,38	41,70	VI	0,22

- 1 Classe I : Adaptabilidade geral alta (Maxf, Maxd)
- 2 Classe II : Adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (Maxf, Mind)
- 3 Classe III : Adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (Minf, Maxd)
- 4 Classe IV : Pouco adaptado (Minf, Mind)
- 5 Classe V : Adaptabilidade geral alta (Medf, Medd)
- 6 Classe VI : Adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (Maxf, Medd)
- 7 Classe VII : Adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (Medf, Maxd)

1 Tabela A5. Microsatélites associado a conteúdos de óleo e proteína em sementes de soja, juntamente com sequência
 2 nucleotídica.
 3

<i>Primer</i>	<i>Sequência</i>	<i>Primer</i>	<i>Sequência</i>
Sat_001-F	GCGGATACGACCAAAAATTGTT	Satt291-F	GCGATCCTTGAGTTTCAATTACAG
Sat_001-R	GCGAACTGCGAAGATACTACCC	Satt291-R	GCGGAAAAGAAGGAGATATGGTTA
Sat_113-F	GGAGCATAACAGCCTTAAGAGAT	Satt308 - F	GCGTTAAGGTTGGCAGGGTGAAGTG
Sat_113-R	TGGGCATCAAACTAAGAAAA	Satt308 - R	GCGCAGCTTTATACAAAAATCAACAA
Sat_123 - F	GGGGCCTACTAAGGTGAAAAGAAATAAT	Satt310 - F	GCGAGTTTTTATCTCATGACTTTT
Sat_123 - R	GGGAAGCGATAAAAATTGTTTAATAAGA	Satt310 - R	GCGGGGGTATGGGACCTAAAGAAAC
Sat_198-F	GCGTGATGATTTGTTGATATGACATTTA	Satt313-F	GCGGTAAGTCATGGCTTTTTAATCTT
Sat_198-R	GCGCCATTGAAACATACAGAGACTACAG	Satt313-R	GCGCGAGGTATGGAACCTAACTCACA
Sat_336-F	GCGTTCCAAAGTCTTCTACATCATT	Satt327-F	GCGCACCCAAAAGATAACAAA
Sat_336-R	GCGGACCAGCTTCAAGTTACTGTTC	Satt327-R	GCGTCGTAGCAATGTCACCA
Satt 127-F	CGCTTGTGAACCCTGCTAAA	Satt336-F	GCGTTCCAAAGTCTTCTACATCATT
Satt 127-R	CCATCCTCTGAAACCGTTATCT	Satt336-R	GCGGACCAGCTTCAAGTTACTGTTC
Satt 142-F	GGACAACAACAGCGTTTTTAC	Satt335 - F	CAAGCTCAAGCCTCACACAT
Satt 142-R	TTTGCCACAAAGTTAATTAATGTC	Satt335 - R	TGACCAGAGTCCAAAGTTCATC
Satt 143-F	GTGCCACAAATTTAAAATTAATCA	Satt338-F	GCGCCCAAGTATTATGAGATATTTGAT
Satt 143-R	TCCCTCCCTTTTGATTTACAC	Satt338-R	GCGATAATTTTAAAAGTGGACCA
Satt 251-F	CCTCCACCCCCTTCCCACCCAAAA	Satt358-F	GCGGCGCTTTATGTAACAATACGATTT
Satt 251-R	GGTGATATCGCGCTAAAATTA	Satt358-R	GCGAGTAAAAGCAGAGTGCGGAGTA
Satt 292 -F	GCGGAATTAGAACTCCAGTAAAGA	Satt373 - F	TCCGCGAGATAAATTCGTAAAT
Satt 292 -R	GCGAGGCCAACATTGAAAAGT	Satt373 - R	GGCCAGATACCCAAGTTGTACTTGT
Satt 468-F	GCGTCTCTTATTTTGACCTTTTTAACTT	Satt389 - F	GCGGCTGGTGTATGGTGAATCA
Satt 468-R	GCGTTTTGTATTTGGTCTATCTGCTTAG	Satt389 - R	GCGCCAAAACCAAAGTTATATC
Satt 573-F	GCGGATTTGATTTGAATATACTTAC	Satt394-F	GCGTTTTTTCAATTTAAAGAGAATTGAC
Satt 573-R	CCTGTGGCTGTTATACTATGCATATA	Satt394-R	GCGTAACCTGCATGTGTATATCGAGATG
Satt022-F	GGGGGATCTGATTGATTTTACCT	Satt414-F	GCGTATTCCTAGTCACATGCTATTTCA
Satt022-R	CGGGTTTCAAAAACCATCCTTAC	Satt414-R	GCGTCATAATAATGCCTAGAACATAAA

Continua...

Continua...

Satt063 - F AAATGATTAACAATGTTTATGAT
Satt063 - R ACTTGCATCAGTTAATAACAA
Satt117 - F AAAAATTGTATTTGTAAGAGAGAG
Satt117 - R AATTGCATCTTGACTTAACTG
Satt166 - F TTGCACAGTTGATTTTTGTTT
Satt166 - R GCATCGAATTTCTGGATTTAC
Satt168 - F CGCTTGCCCAAAAATTAATAGTA
Satt168 - R CCATTCTCCAACCTCAATCTTATAT
Satt174-F TTTCAATTTCTTTGCCTTCT
Satt174-R TTCGTAGTCCGTCTTTCAT
Satt178 - F GGGAAAATTCTTTTCATATAGATG
Satt178 - R GGGGTTGAGATATTTTGTTTCATAC
Satt191-F CGCGATCATGTCTCTG
Satt191-R GGGAGTTGGTGTTCCTTGTG
Satt197-F CACTGCTTTTTCCCTCTCT
Satt197-R AAGATACCCCAACATTATTTGTAA
Satt236-F GCGTGCTTCAAACCAACAACTTA
Satt236-R GCGGTTTGCAGTACGTACCTAAAATAGA
Satt239-F GCGCCAAAAAATGAATCACAAT
Satt239-R GCGAACACAATCAACATCCTTGAAC
Satt263 - F CACCCAATCATGATAGCATTTTAT
Satt263 - R CTCATGGAATTGTCTTTCAGTTTC
Satt274-F GCGGGGTCAATTAGTTTTCGTCAGTT
Satt274-R GCGCACGGTATATAATCGAACCTAT
Satt277-F GGTGGTGGCGGGTACTATTACT
Satt277-R CCACGCTTCAGTTGATTCTTACA
Satt281-F AAGCTCCACATGCAGTTCAAAAC
Satt281-R TGCATGGCACGAGAAAGAAGTA
Satt285-F GCGACATATTGCATTA AAAACATACTT

Satt420-F GCGTATTCAGCAAAAAAATATCAA
Satt420-R TTATCGCACGTGTAAGGAGACAAAT
Satt432-F GCCAGGTTGTGTTCTTGAGATA
Satt432-R TTCACCGAATATTCTTTTAGGTC
Satt463 - F TTGGATCTCATATTCAAACCTTTCAAG
Satt463 - R CTGCAAATTTGATGCACATGTGTCTA
Satt497-F GCGGTTTTGGATTGACTTTGTTGA
Satt497-R GGCTCAATTAGAGCATGCAACATC
Satt510 - F GCGAGTTTTGCGCGTTACCACCTCAGCTT
Satt510 - R CCCTCTTATTTACCCTAAGACCTACAA
Satt521-F GCGCTTCACTCTGGTGTAGTGTAG
Satt521-R GCGTTAGATAACGACACATTATTA
Satt539 - F GCGGTTGTAATTTAATGAACACATT
Satt539 - R GCGGATTTTGGACTGGATTAATAA
Satt560 - F GCGATCGTGCAAGAAAATA
Satt560 - R GCGGTGGACTTCGCCTCAAATAAT
Satt567 - F GGCTAACCCGCTCTATGT
Satt567 - R GGGCCATGCACCTGCTACT
Satt570 - F CTCATGTGGTCCTACCCAGACTCA
Satt570 - R CGCTATCCCTTTGTATTTTCTTTTGC
Satt571-F GGGTAGGGGTGGAATATAAG
Satt571-R GCGGGATCCGCGGATGGTCAAAG
Satt578 - F CCCACGTCATATCCACTGCTCCTTA
Satt578 - R ACAGCATCGATACCATGATCTAT
Satt581 - F CCAAAGCTGAGCAGCTGATAACT
Satt581 - R CCCTCACTCCTAGATTATTTGTTGT
Satt632-F GGGCTATGAAGGGAATGGAAAGGA
Satt632-R CCCATATTGAAGATTTGAAGTAAT
SOYGPATR-F GGAAGAAAGTATTGGTCTGT

Continua...

Continua...

Satt285-R

GCGGACTAATTCTATTTTACACCAACAAC

SOYGPATR-R

AGGAGAGAGTGGAGAGATTA
