

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**APLICAÇÃO DE FERRAMENTAS MOLECULARES E
CONVENCIONAIS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA
SOJA**

**Sybelli Magda Coelho Gonçalves Espindola
Bióloga**

2013

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**APLICAÇÃO DE FERRAMENTAS MOLECULARES E
CONVENCIONAIS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA
SOJA**

Sybelli Magda Coelho Gonçalves Espindola

**Orientador: Prof. Dr Antônio Orlando Di Mauro
Co-orientadora: Prof^a Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli**

Tese apresentada à
Faculdade de Ciências Agrárias e
Veterinárias –Unesp, Câmpus de
Jaboticabal, como parte das exigências para
obtenção do título de Doutora em
Agronomia(Genética e Melhoramento de Plantas).

Jaboticabal-SP
Janeiro/2013

E77a Espindola, Sybelli Magda Coelho Gonçalves
Aplicação de ferramentas moleculares e convencionais no
melhoramento genético da soja. / Sybelli Magda Coelho Gonçalves
Espindola. -- Jaboticabal, 2013
ix, 65 f. ; 29 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, 2013

Orientador: Antônio Orlando Di Mauro

Banca examinadora: Luís Fernando Alliprandini, Vanoli Fronza,
Gustavo Vitti Moro, João Carlos de Oliveira.

Bibliografia

1. Interação simples. 2. Maturidade. 3. Marcadores Moleculares.
4. *Glycine max*. 5. Microssatélites I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade
de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.34

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação –
Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

SYBELLI MAGDA COELHO GONÇALVES ESPINDOLA- nascida em 07 de janeiro de 1980, em Catalão-GO. Ingressou no curso de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Uberlândia-UFU em fevereiro de 1997. Em 1998 iniciou estágio no Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular finalizando o mesmo juntamente com a conclusão da monografia em dezembro de 2000 quando se formou. Iniciou o curso de Mestrado em Agronomia com ênfase em Fitotecnia (Melhoramento Genético da Soja) em março de 2002 na Universidade federal de Uberlândia-UFU, finalizando em fevereiro de 2004. Em janeiro de 2007 iniciou trabalho como professora no ensino superior nas áreas de Genética e Melhoramento Vegetal. No mesmo ano, em agosto, fundou o GEMEP-Grupo de Estudos em Melhoramento de Plantas o qual coordena até o momento orientando alunos do curso de Agronomia na execução de projetos de extensão e pesquisa com o melhoramento da cultura da soja. Iniciou o curso de Doutorado em Agronomia com ênfase em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Câmpus de Jaboticabal em março de 2009. Finalizou a tese pelo Laboratório de Biotecnologia Vegetal obtendo em janeiro de 2013 o título de Doutora em Agronomia com ênfase em Genética e Melhoramento de Plantas.

Para ser grande, sê inteiro: nada teu exagera ou exclui.
Sê todo em cada coisa. Põe quanto és no mínimo que fazes.

Assim em cada lago a lua toda brilha, porque alta vive.

(Fernando Pessoa).

Ao meu marido Luiz Harmed Salmen Espindola,
exemplo de luta, coragem, fé e determinação, dedico.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por colocar em minha vida os desafios necessários para meu crescimento e amadurecimento e ainda, por colocar as pessoas certas para me ajudar a trilhar esse caminho.

Meu especial agradecimento ao Pesquisador Dr Luís Fernando Alliprandini da Monsanto do Brasil, não só pela ajuda na execução de todas as etapas do doutorado, mas também pela amizade dedicada, conselhos, orientações e incentivo. O amor dedicado à profissão sempre me serviu de inspiração. Aprendi não só o que é o melhoramento, mas também a ser uma pessoa/profissional melhor.

Ao prof. Antônio Orlando Di Mauro pela orientação na execução dos projetos e pela confiança em mim depositada.

À professora Dra Sandra Helena Unêda-Trevisoli pela co-orientação no desenvolvimento das análises moleculares.

Ao pesquisador Dr Vanoli Fronza, da Embrapa Soja, pela colaboração nas análises dos dados de campo, pelo apoio e amizade.

Ao pesquisador Dr Heyder Diniz Silva, da Monsanto do Brasil, pela orientação nas análises moleculares pelo apoio e amizade.

Ao pesquisador Dr Cleiton Steckling, da Fundacep/CCGL TEC- Cooperativa Central Gaúcha LTDA, pela disponibilização das populações de soja utilizadas na avaliação da maturidade.

Ao meu marido Luiz Harmed Salmen Espindola pelo apoio incondicional em todos os momentos, por compreender, respeitar e aceitar as minhas ausências e por fazer das minhas lutas as nossas lutas. Obrigada por tornar tudo isso possível.

À minha mãe Julieta Gonçalves Rosa Coelho pelo imenso amor e apoio dedicado em todas as etapas de minha formação e vida profissional. O seu exemplo de luta, dedicação e amor ao próximo tem sido minha referência nas horas mais difíceis.

Aos meus irmãos Klébia Maria Coelho Gonçalves e Álvaro Alexandre Coelho Gonçalves, meus dois porto seguros. Obrigada pelo apoio e por também compreender e respeitar as minhas ausências.

À bióloga Meire Alves pela amizade, companheirismo dedicado durante todo o tempo de nossa convivência. Obrigada por tornar mais agradável e satisfatória a etapa mais tortuosa desse caminho.

Ao Engenheiro Agrônomo Rafael Santos Finholdt pela imensa e imprescindível ajuda na condução dos experimentos de campo, sobretudo pelo companheirismo e amizade estando sempre disponível em tudo e todos os momentos.

Ao Engenheiro Agrônomo José Arantes Ferreira Jr pela grande e importante ajuda na condução dos experimentos de campo, pela lealdade, companheirismo, amizade e respeito expressa em todos os momentos.

À Engenheira Agrônoma Otávia Vilela por ter assumido junto comigo o desafio de fazer as análises moleculares.

À bióloga Viviane Formice Viana por me reiniciar nas análises moleculares e aos demais colegas do Laboratório de Biotecnologia Vegetal Daniel Leite, Fabiana Mota, Mariana Rosa, Eduardo Busari, Anderson Dallastra e Aretha Arsênio.

Aos amigos Bruno Guilherme Vieira, Flávio Cese Arantes, Paolo Zancanaro pelo apoio pelas palavras de incentivo compartilhadas. Obrigada por tornar menos árdua a longa caminhada percorrida.

Às amigas e companheiras da República Gaiola da Loucas: Andressa Ribeiro, Carla Härter, Liliana (Anemia), Taís Lopes, Douglas Castagnino e Pablo Castagnino. Obrigada por me fazer sentir o conforto e aconchego de um lar mesmo muito distante do meu. Obrigada por me propiciar um recanto onde fui sempre acolhida mesmo sendo a “flutuante” da casa. Obrigada pelas palavras de incentivo e pelas risadas nas horas em que eram mais necessárias. Sentirei muita saudade.

À secretária do Departamento de Produção Vegetal Mônica pela dedicação e presteza na execução de sua profissão.

Ao técnico de campo Geraldo (Mineiro) pela ajuda com os experimentos de campo e pelo carinho e amizade demonstrada em suas ações do dia a dia.

Ao técnico Mauro Volpe pela dedicação, amizade e carinho demonstrados sempre trazendo algo de bom e alegre para as nossas longas tardes de trabalho. Obrigada por abrir as portas de sua casa e nos acolher com sua família.

Aos Professores que por seus ensinamentos ou com o próprio exemplo de vida contribuíram com a minha formação técnica e pessoal em especial José Roberto Moro, Danisio Prado Munari, Rinaldo César de Paula.

Ao Conselho Nacional de Pesquisa (CNPq) pela concessão da Bolsa.

A todos aqueles que de alguma forma contribuíram para a execução desse trabalho.

Sumário

Resumo.....	1
Abstract.....	2
CAPÍTULO 1 – Considerações gerais.....	3
1-Introdução.....	3
1.1 – Objetivos gerais.....	6
2-Revisão de Literatura.....	7
2.1 Expansão da cultura da soja no cerrado.....	7
2.2 Interação Genótipo x Ambiente.....	8
2.3 Período juvenil (PJ) e Fotoperiodismo.....	12
2.4- Grupos de Maturidade Relativa em soja.....	15
2.5- Herança da maturidade em soja.....	16
2.5 Referências.....	19
CAPÍTULO 2 - Estudo da natureza da interação genótipo x ambiente em linhagens de soja.....	27
Resumo.....	27
Introdução.....	27
Material e Métodos.....	30
Resultados e Discussão.....	32
Referências.....	36
CAPÍTULO 3- Validação de marcadores microssatélites associados à maturidade em soja.....	48
Resumo.....	48
Introdução.....	48
Material e Métodos.....	50
Genótipos e avaliação fenotípica.....	50
Análises de marcadores moleculares microssatélites.....	51
Extração de DNA genômico.....	51
Quantificação do DNA.....	52
Reação de amplificação por microssatélites.....	52
Análise da associação.....	53
Resultados e Discussão.....	53
Conclusões.....	55
Referências.....	56

APLICAÇÃO DE FERRAMENTAS MOLECULARES E CONVENCIONAIS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA

Resumo-Atualmente, a soja destaca-se como a mais importante oleaginosa cultivada no mundo. Os investimentos em pesquisa levaram à "tropicalização" da soja, permitindo, pela primeira vez na história, que o grão fosse plantado com sucesso, em regiões de baixas latitudes, entre o Trópico de Capricórnio e a linha do Equador. Em função disso tem-se buscado o desenvolvimento de genótipos com ampla adaptabilidade, o que implica em uma baixa interação genótipo x ambiente. O entendimento do tipo de interação permite um melhor posicionamento e indicação de regiões de plantio da cultivar em questão facilitando o trabalho do melhorista. A presença desse fenômeno pode acarretar uma redução da produtividade global de uma área para a qual se faça uma indicação geral de uma dada cultivar. Por outro lado, pode-se tirar proveito de sua existência usando-se procedimentos estatísticos que identifiquem o padrão dessa interação, e gerem informações que possibilitem o agrupamento de locais em zonas dentro das quais a magnitude da interação não seja significativa, permitindo indicações específicas de cultivares para tais zonas. O uso de ferramentas moleculares tem se apresentado como uma opção para seleção de características com base no genótipo e eliminando assim o efeito do ambiente na expressão da característica em questão. O melhoramento assistido por marcadores moleculares tem sido tema de inúmeros trabalhos de seleção assistida, cujos resultados variam de concretos e positivos a controversos e pouco significativos em termos de ganhos genéticos, econômicos e eficiência, quando comparados com a seleção fenotípica. Os capítulos seguintes permitem apresentar resultados de metodologias moleculares e convencionais aplicadas em um programa de melhoramento para seleção de genótipos superiores de soja.

Palavras-chave: linhagens, *Glycine max*, interação simples, maturidade, microssatélites.

APPLICATION OF TOOLS IN CONVENTIONAL AND MOLECULAR BREEDING OF SOYBEAN

Abstract – Nowadays, soybean highlights as the most important oilseed cultivated in the world. The investments in research led to soybean “tropicalization”, allowing, for the first time in history, that the grain was seeded with success, in low latitudes, between the tropic of Capricorn and the Equator. Due to this, researchers have tried to develop wide adaptability genotypes, which implies in a low genotype x environment interaction. The comprehension of the type of interaction allows a better placement and indications of cultivar planting regions, facilitating the breeder’s work. The presence of this phenomenon may result in a global productivity decrease of an area that make up an overall indication of a given cultivar. On the other hand, it is possible to take advantage of their existence using statistical procedures to identify the pattern of this interaction, and generate information that allow the grouping of local areas within which the magnitude of the interaction is not significant. Specific cultivar indication for these zones. The use o molecular tools have shown as an option for characteristics selection base on genotype and then eliminating the environment effect in the expression of the characteristic in question. The molecular marker-assisted breeding has been the subject of numerous works assisted selection, whose results varies from concrete and positive to controversial and little significant in terms of genetic gains, and economic efficiency compared to phenotypic selection. The following chapters present results provide molecular and conventional methodologies applied in a breeding program for superior genotypes selection.

Keywords - lines, *Glycine max*, simple interaction, maturity, microsatellites.

CAPÍTULO 1 – Considerações gerais

1-Introdução

A soja (*Glycine max* (L). Merrill), é considerada um dos produtos de maior importância econômica. É originada da China, onde é cultivada por milênios como alimento. No Ocidente, caracterizou-se, principalmente, como produto para alimentação humana e recentemente, têm sido feitas descobertas surpreendentes de seus benefícios à saúde humana (SEDIYAMA et al., 2002). No Brasil, chegou à Bahia e espalhou-se para São Paulo e Rio Grande do Sul, onde foi cultivada e tem grande importância até os dias de hoje. Atualmente, a soja tem maior desenvolvimento no Centro-Oeste brasileiro (PAIVA; ALVES; HELENO, 2006).

Atualmente, a soja destaca-se como a mais importante oleaginosa cultivada no mundo. A ampla adaptação aos climas tropicais e subtropicais e seu alto teor de proteína, possibilitam o desenvolvimento da cultura no mundo e a formação de um complexo industrial destinado ao seu processamento (ROESSING; GUEDES, 1993). A principal utilização da soja, em todo o mundo, é como matéria prima para a indústria de esmagamento, a qual produz óleo degomado e farelo que, por sua vez, é matéria prima para vários outros segmentos industriais. A maioria das cultivares de soja apresenta: 30 a 45% de proteínas, 15 a 25% de lipídeos, 20 a 35% de carboidratos e cerca de 5% de cinzas em suas sementes (MOREIRA, 1999).

A soja é considerada uma planta de dias curtos, e sua adaptação a determinadas regiões depende, além das exigências hídricas e térmicas, de sua exigência fotoperiódica. A sensibilidade ao fotoperíodo é característica variável entre cultivares, ou seja, cada cultivar possui seu fotoperíodo crítico, acima do qual o florescimento é atrasado. Em função dessa característica, a faixa de adaptabilidade de cada cultivar varia à medida que seu cultivo se desloca em direção ao norte ou ao sul. Entretanto, cultivares que apresentam a característica “período juvenil longo” possuem adaptação mais ampla, possibilitando sua utilização em faixas mais abrangentes de latitudes (locais) e de épocas de semeadura (EMBRAPA, 2008).

Os investimentos em pesquisa levaram à "tropicalização" da soja, permitindo, pela primeira vez na história, que o grão fosse plantado com sucesso, em regiões de baixas latitudes, entre o Trópico de Capricórnio e a linha do Equador. Essa conquista dos cientistas brasileiros revolucionou a história mundial da soja e seu impacto começou a ser notado pelo mercado a partir do final da década de 1980 e mais notoriamente na década de 1990, quando os preços do grão começaram a cair. Atualmente, os líderes mundiais na produção mundial de soja são os Estados Unidos, Brasil, Argentina, China, Índia e Paraguai (EMBRAPA, 2011).

Segundo Pacheco (2004) é amplo o conhecimento da equação $F = G + A$, em que F representa o fenótipo de uma planta ou animal, dependente de seu genótipo (G) e do ambiente (A) onde ele vive. Adicionalmente, verifica-se que dois ou mais genótipos geralmente apresentam respostas diferentes, para um mesmo caráter, quando submetidos a ambientes distintos, caracterizando a ocorrência de uma interação entre fatores. Isso pode ser devido ao efeito diferenciado que o ambiente exerce sobre os genótipos distintos. Sua estimação (isolamento), contudo, exige a repetição dos genótipos em mais de um ambiente, consoante com tais circunstâncias.

Brasil (1990) ressalta que o estudo das interações GxA possibilita duas abordagens principais no contexto de um programa de melhoramento genético. A primeira é a utilização de métodos de zoneamento agro-ecológico, por meio dos quais os locais de teste são agrupados com base no baixo grau de interação observado dos grupos formados. A segunda é a utilização de métodos de determinação da estabilidade fenotípica, que permitem identificar cultivares amplamente adaptados.

De modo geral, os materiais genéticos em processo de melhoramento são cultivados em uma ampla gama de condições ambientais. Quando os materiais são comparados em diferentes ambientes, seu desempenho relativo pode não manifestar consistência. Essa mudança no desempenho relativo dos genótipos em diferentes ambientes é denominada interação genótipo (G) x ambiente (A) (DESTRO et al., 2001).

A presença desse fenômeno pode levar a superestimativas do valor da herdabilidade, pelo fato da interação GxA inflacionar a estimativa da variância

genotípica com conseqüente superestimação dos ganhos previstos com a seleção. Pode também acarretar uma redução da produtividade global de uma área para a qual se faça uma indicação geral de uma dada cultivar. Por outro lado, pode-se tirar proveito de sua existência usando-se procedimentos estatísticos que identifiquem o padrão dessa interação, e gerem informações que possibilitem o agrupamento de locais em zonas dentro das quais a magnitude da interação não seja significativa. Indicações específicas de cultivares para tais zonas, ou mega-ambientes maximizariam a produção de toda a região considerada (PACHECO 2004). Da mesma forma, a condução dos programas de seleção considerando tal zoneamento propiciaria estimativas mais precisas dos ganhos por seleção.

Baker (1996), em revisão sobre interação GxA, chama atenção para a existência de pouca informação quanto à natureza biológica e às causas dessa interação. Esse autor observa que é crescente a percepção da necessidade de se distinguir entre o que se denomina interação quantitativa (alteração da variância genotípica nos diferentes ambientes) e interação qualitativa (alteração no posicionamento relativo dos genótipos em ambientes distintos).

Tem-se buscado o desenvolvimento de genótipos com ampla adaptabilidade que implica em uma baixa interação genótipo x ambiente. O entendimento do tipo de interação permite um melhor posicionamento e indicação de regiões de plantio da cultivar em questão facilitando o trabalho do melhorista.

Os programas de melhoramento entre as diversas empresas, sejam elas públicas ou privadas, são muito parecidos entre si. Todos iniciam com o desenvolvimento de populações por meio de cruzamentos. O processo de seleção inicial dos melhores indivíduos é caracterizado por um grande número de progênies testadas em reduzido número de ambientes (PRADO et al., 2008)

Os marcadores moleculares são ferramentas que permitem a seleção de indivíduos baseada em genótipo, ou seja elimina o efeito do ambiente na expressão da característica selecionada. O uso dessa ferramenta molecular tem permitido aos melhoristas selecionar cada vez mais cedo os genótipos com características de interesse.

O melhoramento assistido por marcadores moleculares tem sido tema de inúmeros trabalhos abordando a seleção de genitores, a predição de heterose em

cruzamentos, a alocação de genótipos em grupos heteróticos e a seleção assistida, cujos resultados variam de concretos e positivos a controversos e pouco significativos em termos de ganhos genéticos, econômicos e eficiência quando comparados com a seleção fenotípica. Mesmo assim, atualmente já estão disponíveis marcadores moleculares automatizados e com custos reduzidos para praticamente qualquer espécie cultivada (BORÉM; CAIXETA, 2009).

Estudos tem mostrado que os ganhos coma a seleção assistida, são em média, duas vezes maiores que os ganhos com a seleção fenotípica (YOUSEF; JUVIK, 2001). Tudo isso indica o uso de marcadores moleculares como uma boa estratégia para seleção de genótipos de forma eficiente sem o efeito do ambiente na expressão da característica em questão.

1.1 – Objetivos gerais

Promover o estudo de ferramentas convencionais e moleculares no melhorameno e seleção de linhagens de soja.

Validar marcadores moleculares microssatélites como ferramenta de seleção para a característica maturidade em genótipos de soja.

Estudar a natureza da interação genótipo x ambiente em linhagens avançadas de soja.

2-Revisão de Literatura

2.1 Expansão da cultura da soja no cerrado

A soja chegou ao Brasil via Estados Unidos, em 1882. Gustavo Dutra, então professor da Escola de Agronomia da Bahia, realizou os primeiros estudos de avaliação de cultivares introduzidas daquele país. Em 1891, testes de adaptação de cultivares semelhantes aos conduzidos por Dutra na Bahia foram realizados no Instituto Agrônômico de Campinas, no estado de São Paulo. Assim como nos EUA, nessa época, no Brasil a soja era estudada mais como cultura forrageira - eventualmente também produzindo grãos para consumo de animais da propriedade - do que como planta produtora de grãos para a indústria de farelos e óleos vegetais (EMBRAPA, 2011).

Atualmente, o Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja. Segundo a Conab (2013), com o encerramento da semeadura para essa safra a estimativa é de um aumento de 25,4 para 27,645 milhões de hectares plantados, o que equivale a um aumento de 11,4% na área plantada constituindo a maior área cultivada com essa oleaginosa. A produção da safra 2012/13, estimada em 83.424,4 milhões de toneladas, apresenta um novo recorde produtivo contra 66 milhões de tonelada da safra anterior.

Segundo Arantes et al. (2005) o melhoramento genético da soja foi o principal responsável pelo sucesso dessa oleaginosa no Brasil, mais especificamente na região dos cerrados, onde as lavouras vêm apresentando rendimentos crescentes desde os anos 1960, quando foram feitos os primeiros plantios. Os programas de melhoramento propiciaram a adaptação desta espécie às baixas latitudes e às condições edafoclimáticas dessa região.

No final dos anos 1970, mais de 80% da produção brasileira de soja ainda se concentrava nos três estados da região sul, embora o Cerrado, na região central do país, sinalizasse que participaria como importante ator no processo produtivo da oleaginosa, o que efetivamente ocorreu a partir da década de 1980. Em 1970, menos de 2% da produção nacional foi colhida nessa região e estava concentrada

no Estado de Mato Grosso do Sul. Em 1980, essa porcentagem passou para 20%, em 1990 já era superior a 40% e, em 2007, superou os 60%, com tendências a ocupar maior espaço a cada nova safra (DALL'AGNOL et al., 2008).

Almeida et al. (1999) relatam que é reconhecido que a expansão da soja nas baixas latitudes foi alavancada com o lançamento de cultivares com características agronômicas de melhor adaptação às condições edafoclimáticas dos trópicos. Essa tecnologia, genuinamente brasileira, representada pelas sementes de 'cultivares tropicais', tem permitido a exploração da soja em regiões antes consideradas inaptas para o seu cultivo econômico. O processo contínuo de desenvolvimento de cultivares para as regiões de médias e baixas latitudes permitiu que extensas áreas da região tropical dos Cerrados fossem incorporadas ao processo produtivo agrícola, inclusive viabilizando a exploração econômica de outras espécies de culturas.

2.2 Interação Genótipo x Ambiente

O valor fenotípico de um indivíduo, quando avaliado em um ambiente, é o resultado da ação do efeito genotípico sob a influência do meio ao qual é submetido. No entanto, ao avaliar o mesmo indivíduo em vários ambientes, surge, frequentemente, um componente adicional que influencia o seu valor fenotípico, que é denominado interação entre os efeitos genotípicos e os ambientais. Essa interação quantifica o comportamento diferenciado dos genótipos diante das variações ambientais (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Shelbourne (1972) define a interação genótipo x ambiente como a variação entre genótipos em sua resposta a diferentes condições ambientais. Por sua vez, Matherson (1978) ressalta a atuação conjunta de ambientes e genótipos na geração da interação entre ambos. Quanto aos tipos dessa interação, Allard e Bradshaw (1964) ressaltam ser complexo o problema relacionado a uma classificação, embora alguns fatos a respeito do assunto sejam bastante simples. Exemplificam com uma situação em que existem duas populações geneticamente diferentes (A e B) e dois ambientes (X e Y). Assumindo a ocorrência de diferenças significativas na produtividade, de forma que as quatro combinações de genótipo com ambiente possam ser classificadas de 1 a 4. Em tal circunstância, um total de 24 tipos de

interações são possíveis. Esses autores demonstraram que para M genótipos em N ambientes, existem $(MN)!/N!M!$ possíveis tipos de interação. Disso, pode-se facilmente depreender o enorme grau de complexidade para o estabelecimento de uma classificação considerando uma situação real, na qual existem vários genótipos e ambientes, resultando em um número de interações extremamente grande.

Pacheco (2004) relata que, embora seja possível quantificar um grande número de possibilidades de interações, é oportuno observar que esse universo gira em torno de dois tipos principais, o complexo, que implica em alteração na posição relativa dos genótipos, e o simples, resultante de mudança na variância genotípica ao se alterar o ambiente. Adicionalmente, é importante observar que a interação do tipo complexa é a que tem maior impacto em um programa de melhoramento genético.

Baker (1996) define a interação de genótipo x ambiente sob os pontos de vista biológico e estatístico. Para esse autor, a situação normalmente referida como ausência de interação, na qual ocorre mudança na expressão do caráter observado ao se alterar o ambiente sem, contudo, ocorrer mudança na posição relativa dos genótipos, e mesmo sem alteração da variância observada em cada local, é denominada de interação genótipo x ambiente sob o ponto de vista biológico. Assim, e considerando o ponto de vista biológico, “o fenótipo de uma planta ou animal é consequência da interação entre seu genótipo e o ambiente onde vive”. Ainda de acordo com esse autor, do ponto de vista estatístico, “uma interação ocorre quando dois genótipos diferem em sua resposta a uma mudança no ambiente”, resultando em alteração da posição relativa dos genótipos ou da variância observada em cada local.

Para efeitos de classificação dos tipos de interação, vários autores, como Allard; Bradshaw (1964) e Fonseca (1979), utilizam uma situação em que a produção de dois genótipos é avaliada em dois ambientes. Isso gera vinte e quatro tipos de interação possíveis, dos quais, três são representações didáticas do que ocorre de uma forma geral. Tipo 1: um dos genótipos é superior ao outro em ambos os ambientes, entretanto, a variância genotípica é diferente em cada ambiente (FIG.1). Tipo 2: um dos genótipos é superior ao outro em ambos os ambiente, mas a magnitude da resposta com a melhoria do ambiente é diferente entre os genótipos,

denominada interação do tipo simples (FIG. 1). Tipo 3: a mudança de ambiente melhora a performance de um dos genótipos e piora a do outro, pode-se destacar a troca de posição relativa entre eles, denominada complexa, é dada pela falta de correlação entre os genótipos. Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2004) apenas quando atribuída a esta ultima causa é que a interação proporcionará dificuldades ao melhorista.

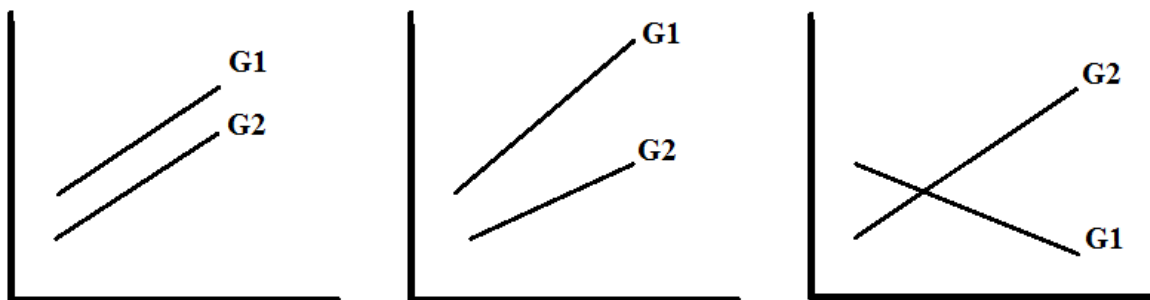


Figura 1- Sem interação

Interação Simples

Interação Complexa

Adaptado de Borém; Miranda, 2009.

Nas etapas finais dos programas de melhoramento, geralmente os testes são realizados em vários locais e anos. Nestas avaliações, a maioria dos genótipos normalmente não se comporta de forma semelhante nos diversos ambientes avaliados. No entanto, essa magnitude de variação pode diferenciar de um genótipo para outro, indicando existir genótipos a serem recomendados para ambientes particulares e genótipos com ampla adaptabilidade (EBERHART; RUSSEL, 1966).

Quando cultivares são submetidas a vários ambientes e anos, existe uma inconstância de comportamento nos diferentes ambientes, o que é proporcionado pela interação genótipo x ambiente (EBERHART; RUSSELL, 1966). A interação genótipo x ambiente determina a redução na correlação entre o genótipo e o fenótipo, comprometendo assim as inferências a serem realizadas a respeito dos mesmos (COMSTOCK; MOLL, 1963). Considerando as inúmeras variações ambientais em que a soja é comumente submetida no Brasil, é esperado que a interação genótipo x ambiente assuma papel fundamental na manifestação fenotípica, devendo, portanto, ser estimada e considerada no programa de melhoramento genético e na indicação de cultivares (PRADO et al., 2001).

A expressão da produtividade é função dos componentes genético e ambiental e da interação entre ambos. Por causa da variação ambiental e da interação que os cultivares apresentam nos vários ambientes, torna-se difícil a seleção e a avaliação do potencial produtivo dos genótipos. Como consequência, e necessário realizar extensiva avaliação (ensaios conduzidos em vários locais e anos) para identificação de genótipos superiores em produtividade e estabilidade de produção, em certa amplitude de ambientes (ALMEIDA et al., 1999).

Os fatores da interação podem ser identificados conforme o ponto de vista apresentado por Pacheco (2004), citado por Patiño-Valera (1986), e relacionados a seguir:

a) diferenças climáticas, que consistem em mudanças de fotoperíodo e termoperíodo, expressas pela variação na sobrevivência, no ritmo de crescimento e na suscetibilidade diferencial dos genótipos a pragas e doenças, dentro do conjunto de ambientes inclusos na série de experimentos;

b) especificidades adaptativas dos genótipos a diferenças de solo entre ambientes, de maneira que os genótipos não toleram de forma semelhante às diferenças nas deficiências nutricionais entre locais;

c) diferenças genéticas das populações testadas, fazendo com que alguns genótipos apresentem maior adaptação a condições ambientais variadas (genótipos estáveis), embora outros sejam menos adaptados;

Segundo Chaves (2001) é importante reconhecer a interação GxA como um fenômeno biológico natural e, conhecê-la bem, a fim de aproveitá-la apropriadamente no processo de seleção. Do ponto de vista do melhoramento de plantas, a existência de interação genótipo x ambiente tem uma implicação prática que é o fato de a melhor população ou cultivar numa determinada região não ser, necessariamente, a melhor em outra região. Deste fato, depreende-se a importância prática de se conhecer a abrangência do fenômeno, pois, conforme Eldridge et al. (1994), a partir do conhecimento das interações genótipo x ambiente é possível estimar os custos e benefícios de se dividir as atividades de melhoramento em regiões dentro das quais estas interações sejam mínimas.

Para diminuir o efeito da interação GxA, a condução dos experimentos no maior número possível de locais e anos é necessária, para se avaliar a magnitude

da interação e seu possível impacto sobre a seleção e a recomendação de cultivares. A fim de tornar essa recomendação a mais segura possível, é necessário um estudo detalhado acerca da adaptabilidade e da estabilidade das cultivares, assim como de seus caracteres importantes economicamente. Vários métodos estatísticos têm sido propostos e utilizados em aplicações e, a cada dia, novos procedimentos vêm sendo apresentados com o objetivo de se interpretar melhor a interação GxA. Estudos dessa natureza são importantes para o melhoramento de plantas, uma vez que fornecem informações sobre o comportamento de cada genótipo ante as variações do ambiente (SILVA; DUARTE, 2006).

2.3 Período juvenil (PJ) e Fotoperiodismo

Muitas espécies, tanto vegetais como animais, têm o seu ciclo vital (ou pelo menos parte dele) regulado pelo fotoperíodo. Numa mesma época do ano, o fotoperíodo varia com a latitude, e numa mesma latitude, assume diferentes valores de acordo com a época do ano. E esta variação se acentua à medida que nos distanciamos do equador (URBEN FILHO, SOUZA, 1993).

Para Bergamaschi (2009) a soja é considerada uma espécie altamente sensível ao fotoperíodo, ou seja, sensível à duração do período de escuro (nictoperíodo) para a indução da formação de botões florais. É classificada como planta de dias curtos, florescendo quando o comprimento dos dias é inferior a determinado valor, denominado fotoperíodo crítico (FC). Cada variedade de soja possui seu fotoperíodo crítico, ou seja, passa do período vegetativo para o reprodutivo em resposta à alternância de um determinado número de horas de luz e de escuro durante 24 horas. Assim, uma determinada variedade é induzida ao florescimento quando o fotoperíodo ao decrescer, atinge valores iguais ou inferiores ao mínimo crítico exigido pela variedade.

Garner e Allard (1920) foram os primeiros a verificar a importância do comprimento do dia como um dos fatores de ambientes a atuar no processo de indução floral da soja. Chamaram esse fenômeno de fotoperiodismo e classificaram a soja como espécie de dias curtos, isto é, induzida a florescer quando o

comprimento do dia é menor que determinado nível crítico, específico de cada genótipo.

A soja floresce somente quando períodos mais curtos de luz estão associados a períodos mais longos de escuro. Porém, se o período de escuro for interrompido por breves intervalos de luz, a planta comporta-se como se estivesse submetida a fotoperíodos longos, tendo sido demonstrado por Hamner e Bonner (1938) que o período de ausência de luz (escuro) é o fator indutor do florescimento.

As variedades convencionais, na grande maioria, são altamente sensíveis a mudanças de latitudes ou datas de semeadura, devido as respostas às variações no fotoperíodo (HARTWIG, 1973). Nas regiões tropicais ou nas semeaduras fora de época, fotoperíodos mais curtos durante a estação de crescimento da soja reduzem o período vegetativo (florescimento precoce) e causam reduções na produtividade e no porte das plantas. Variedades insensíveis ao fotoperíodo têm sido identificadas (CRISWELL; HUME, 1972; SHANMUGASUNDARAM, 1981), porém esses genótipos são muito precoces para serem usados no desenvolvimento de cultivares para as condições brasileiras.

No território nacional a soja é cultivada desde as altas latitudes gaúchas (32°S) até as latitudes adjacentes ao equador da terra (0°), e tomando-se como referência os maiores valores de fotoperíodo para cada latitude, infere-se que as cultivares brasileiras apresentam fotoperíodo crítico dentro da faixa de 14,0 horas (32°) a 12,0 horas (0°). A sensibilidade da soja ao fotoperíodo ainda é uma importante restrição para uma adaptação mais ampla da desta espécie (CÂMARA; HEIFFIG, 2000).

O uso de período juvenil longo foi a solução encontrada por alguns melhoristas de soja para retardar o florescimento em condições de dias curtos (HARTWIG; KIIHL, 1979; KIIHL; ALMEIDA; DAL´AGNOL, 1985; HINSON, 1989) . Durante a fase juvenil a soja não floresce, mesmo quando submetida a fotoperíodo indutivo, permitindo maior crescimento vegetativo. Vários genótipos com essa característica (inicialmente foram utilizados os genótipos Santa Maria, PI 159925 e PI 240664) foram identificados e usados no desenvolvimento de variedades. Posteriormente, foram identificadas e selecionadas mutações naturais com período juvenil longo (SS-1, Parana-goiana, Doko-18, Savanão etc.), que ocorreram em

várias variedades e estão sendo bem utilizadas como genitores nos cruzamentos realizados na Embrapa Soja (BORÉM; ALMEIDA; KIIHLL, 1999). Essas variedades só tornam-se aptas a responder ao estímulo fotoperiódico depois de um maior número de dias após a emergência do que as variedades de período juvenil curto.

O período juvenil entre as cultivares é bastante distinto. Na cultivar de período juvenil curto, o estímulo para indução floral pode ser percebido logo nas primeiras folhas, e, conseqüentemente, se for cultivado em fotoperíodos menores ou iguais ao seu fotoperíodo crítico, não pode ser induzido ao florescimento com a planta ainda bastante jovem, o que fará com que estes materiais apresentem, baixa altura de planta e pouca produtividade. O termo período juvenil longo refere-se ao fato de que, mesmo cultivada sob dias curtos, abaixo do mínimo crítico, até que se complete o seu período juvenil, a planta não sofre indução ao florescimento e continua vegetando. Dessa forma, ela pode produzir mais peso de matéria seca e atingir maior altura e melhor produção de grãos (SEDIYAMA et al., 2005).

De acordo com Almeida e Kiihl (1998) o controle do florescimento conseqüentemente do porte da planta, representa um fator básico a ser considerado no melhoramento para o desenvolvimento de variedades menos sensíveis às variações de data de semeadura e adaptação em amplas faixas de latitudes. Vários genótipos que possuem esta característica foram identificados e usados no desenvolvimento de variedades.

O controle genético do florescimento em condições de dias curtos é diferente do praticado em condições de dias longos. Portanto, o florescimento em condições de dias longos tem pouco valor na previsão do florescimento em condições de dias curtos. O período juvenil longo é condicionado por genes recessivos que podem ser influenciados por outros eventos genéticos na planta (KIIHL; HARTWIG, 1979; HINSON, 1989; KIIHL; GARCIA, 1989).

Sob condições de dias curtos, o controle genético do florescimento e maturidade é diferente do que atua sob dias longos (HARTWING; KIIHL, 1979). Os autores escreveram a respeito de “florescimento retardado sob condições de dia curto” em PI159925. Depois o fato foi descrito como “período juvenil longo” (SINCLAIR; HINSON, 1992). De acordo com Ray et al, 1995 o caráter é controlado

por um gene recessivo *j*. Sendo que *JJ* condiciona período juvenil normal e *jj* período juvenil longo.

Outro gene causador de período juvenil longo foi identificado por Bonato e Vello (1999) nas cultivares parangoiana e SS-1 ao qual foi atribuído o símbolo *e6*. Relatam que o homocigoto dominante *E6E6* expressa período juvenil curto responsável pela precocidade da cultivar Paraná. Já o homocigoto recessivo *e6e6* expressa período juvenil longo em SS-1 e Paranagoiana.

Toledo et al (1995) estudando o tempo de florescimento de linhagens derivadas de cruzamentos entre genótipos com período juvenil normal: Br-13, Ft-2 e Br85-29009, com período juvenil longo: OCEPAR-8, em diferentes épocas de semeadura concluíram que a sensibilidade fotoperiódica desses dois tipos de genótipos é controlada por um único sistema genético.

2.4- Grupos de Maturidade Relativa em soja

Devido à sensibilidade da soja ao fotoperíodo, a adaptabilidade de cada cultivar varia à medida que é deslocada em direção ao sul ou ao norte, em função da latitude. O número de dias para maturidade de uma cultura pode diferir entre uma safra e outra para a mesma cultivar e por ser influenciada por condições ambientais, especialmente temperatura, umidade relativa do ar e nebulosidade excessiva depois do estágio de maturidade fisiológica (BRUNS, 2009). Segundo Hatfield e Egli (1974), a emergência da cultura é mais rápida com temperatura entre 25 e 35°C, sendo que a alongação do hipocótilo é extremamente lenta a 10°C e a semente não germina a 40°C.

A classificação de um ciclo de uma cultivar antes do final da década de 90, no Brasil, era dada como cultivares de ciclo superprecoce, precoce, semiprecoce e médio sendo isso válido dentro de cada faixa de adaptação. Fora dessa faixa pode ocorrer que uma cultivar tardia no sul torna-se precoce no Brasil-Central. Procurando uma resolução a essa questão, foi sendo proposto pelos EUA a divisão do país em faixa de latitude correspondendo aos grupos de maturidade. Empresas privadas e públicas procuraram adaptar, para as condições brasileiras, essa classificação em grupos de maturidade, sendo conduzidos experimentos em diversas regiões do Brasil (ALLIPRANDINI et al., 2009)

O sistema de classificação de soja por grupos de maturação varia de zero a 10, ou seja, quanto maior é o seu número, mais próximo ao Equador será sua região de adaptação. No Brasil os grupos indicados variam de 4.5 a 10. Para exemplificar, uma variedade 8.9 tem um ciclo mais longo que uma 8.7, e assim sucessivamente. Podemos dizer que, de forma geral, para cada aumento de número depois do ponto teremos de 1,5 a 2 dias a mais de ciclo. Cada grupo de maturação se ajusta melhor em determinada faixa de latitude, em função de sua resposta ao fotoperíodo, variando de acordo com a quantidade de horas/luz a que é exposta. Quanto mais perto do Equador, na primavera e verão, a quantidade de horas/luz é menor em relação às regiões mais ao sul. Para a planta de soja, quanto menor a quantidade de luminosidade que ela recebe, mais rapidamente entrará na fase reprodutiva (florescimento), encurtando assim seu ciclo e reduzindo a altura das plantas (PENARIOL, 2011).

2.5- Herança da maturidade em soja

A época do florescimento da soja é determinada pela reação fotoperiódica (BORTHWICK; PARKER, 1938a, 1938b, 1940; GARNER; ALLARD, 1920; PARKER; BORTHWICK, 1951) e pela reação de cada genótipo à temperatura ambiente (BROWN; CHAPMAN, 1960; BORTHWICK et al., 1941; BORTHWICK; PARKER, 1939; MAJOR et al., 1975; PASCALE et al., 1963).

A duração da fase reprodutiva da soja é controlada pelos genes da série E (KUMUDINI et al., 2007), sendo que a presença de um maior número de alelos dominantes deste gene provocaram aumento do período entre o florescimento e a maturidade. Os autores também concluem que a presença desta série de genes atua de maneira associada ao fotoperíodo, diferindo assim no comprimento das fases de desenvolvimento vegetativo e reprodutivo da soja.

Foram identificados 7 loci que condicionam o tempo para florescimento e maturidade e a sensibilidade fotoperiódica (STEWART, 2003). Ainda segundo Cober et al. (2001), com exceção do alelo E₆ encontrado no germoplasma tropical (BONATO; VELO, 1999), os demais 6 loci que contém os alelos dominantes

resultaram em sensibilidade maior ao fotoperíodo e florescimento mais tardio que os alelos recessivos.

Bernard (1971) identificou os genes E_1/e_1 E_2/e_2 em linhagens isogênicas da cultivar Clark. Os alelos E_1E_1 retarda o florescimento e a maturidade, E_1e_1 retarda menos o florescimento e a maturidade e e_1e_1 promove o florescimento da cultivar Clark. O alelo E_1 tem efeito pleiotrópico sobre a forma dos ramos, o que determina a ocorrência de ramos longos.

Bernard et al (1971) identificou um par de alelos sem dominância, que também afeta a época de florescimento e de maturidade da cultivar Clark e concluiu que a presença de E_1 e e_2 no mesmo genótipo provoca efeito aproximadamente aditivo dos dois genes sobre as épocas de florescimento e de maturidade.

Buzzell (1971) e Kilen e Hartwing (1971) identificaram um terceiro par de alelos, que interfere nas épocas de florescimento e de maturação de algumas cultivares, em campo, ao mesmo tempo em que determina sensibilidade ou insensibilidade à luz fluorescente. O alelo E_3 relacionado ao florescimento tardio, diferentemente do que é determinado por E_2 , e sensibilidade à luz fluorescente (Harasoy 63, Lee, Hill, PI 297550). Já e_3e_3 antecipa as épocas de florescimento e de maturação no campo e provoca insensibilidade à luz fluorescente em Dorman, Arksoy e Blackhawk.

Quando E_2 e E_3 estão reunidos no mesmo genótipo, seus efeitos são pouco menos aditivos sobre a maturidade (BERNARD; WEISS, 1973). Por sua vez Buzzell e Voldeng (1980) descobriram o par de alelos E_4 e e_4 , cujos efeitos são respectivamente: $E_4 E_4$ determinar ciclo longo e sensibilidade ao dia longo e e_4e_4 determina ciclo curto e insensibilidade a dia longo.

Posteriormente, mais três loci, com influência sobre florescimento e maturidade foram identificados. Mac Blain e Bernard (1987) encontraram um gene que causava floração e maturação tardias na linhagem L64-4830. Os autores denominaram de E_5 o gene que determina ciclo tardio, e de e_5 o que condiciona ciclo precoce na cultivar Harosoy.

Sob condições de dias curtos o controle genético desses dois caracteres é diferente do que atua sobre dias longos (HARTWING; KIHLL, 1979). Os autores escreveram a respeito de “florescimento retardado sob condições de dia curto” em

PI 159925. Depois o fato foi descrito como “período juvenil longo” (SINCLAIR; HINSON, 1992). O caráter é controlado por um gene recessivo j sendo JJ período juvenil norma e jj período juvenil longo (RAY et al., 1995).

Bonato e Vello (1999) identificaram outro gene causador de período juvenil longo nas cultivares Paranagoiana e SS-1 ao qual foi atribuído o símbolo de e_6 sendo que E_6E_6 determina período juvenil curto: precocidade de Paranagoiana e e_6e_6 período juvenil longo, florescimento e maturação tardios em SS-1 e Paranagoiana.

Cober e Voldeng (2001) e Cober et al (1996a) relataram que E_7E_7 retarda florescimento e maturidade em Harosoy e provoca sensibilidade à luz incandescente e o gene e_7e_7 causa ciclo (precocidade) em PI 196529.

Mc Blain et al (1987) verificaram, a campo, que E_1 , E_2 ou E_3 atrasam o florescimento e a maturidade. Para Saindon et al (1989), o par E_3 e e_3 é o principal causador da insensibilidade de dias longos, mas E_3 e E_4 devem ser considerados quando do melhoramento para esse caráter. Outros resultados ressaltaram o valor de e_3 e e_4 na obtenção da precocidade (COBER et al., 1996a; VOLDENG; SAINDON, 1991).

No passado, chegou-se a pensar que o tamanho do genoma da soja pudesse ser correlacionado com o grupo de maturidade da soja (GRAHAM et al., 1994). Porém, Greilhuber e Obermayer (1997) não obtiveram correlação significativa entre o tamanho do genoma com o grupo de maturidade da soja utilizando DAPI, citometria de fluxo de brometo de etídeo e do método de densitometria de Feulgen, indicando que existiam processos mais complexos envolvidos do que simples tamanho dos mesmos.

2.5 Referências

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, n. 4, p. 503-508, 1964.

ALLIPANDRINI, L. F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P. R. et al. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop Science**, v.49, may-jun, p.801-808, 2009.

ALMEIDA, L. A de; KIIHL, R. A. S.. Melhoramento da soja no Brasil-Desafios e Perspectiva. In: CAMARA, Gil Miguel de Sousa (Org.). Soja Tecnologia da produção. Piracicaba: Publique, 1998. p. 40-54.

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; MIRANDA, M. A. C.; CAMPELO, G. J. A. **Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes**. Londrina: Embrapa Soja: 1999.

ARANTES, N. E.; KIIHL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A.; ZITO, R.K.; YORINORI, J. T.; DIAS, W. P.; SOUZA, P. I. M.; NUNES JÚNIOR, J. **Cultivar de soja BRS Valiosa RR**. Londrina: Embrapa Soja: 2005. p.394-395. (Reunião de Pesquisa de Soja da Região Central do Brasil. Resumos, Documentos, 257)

BAKER, R.J. **Recent research on genotype-environmental interaction**. In: Proceedings of the 5th international Oat conference and 7th International Barley Genetics Symposium, Saskatoon. p. 245-246, 1996. Disponível em: <<http://duke.usask.ca/~rbaker/gxe1.html>>. Acesso em: 26 mar. 2011.

BERGAMASCHI, Homero. **Fotoperiodismo**. Disponível em: <<http://www.ufrgs.br/agropfagrom/disciplinas/502/fotoper.doc>>. Acesso em: 25 out. 2012.

BERNARD, R. L. Two genes for time of flowering in soybeans. **Crop Sci**.11:242–244, 1971.

BERNARD, R. L.; WEISS, M.G. Qualitative genetics in: CALDWELL, B.E. (Ed) **Soybeans: improvement, production and uses**. Madison: American Society of Agronomy. p.117-154, 1973.

BONATO, E. R.; VELLO, N. A. E6, a dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybeans. **Genetics and Molecular Biology**, v.22: 229-232. 1999.

BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores Moleculares**. Editora Universidade Federal de Viçosa, 2009. 532 p.

BORÉM, A., ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R.A.S. Hibridação em soja. In: BORÉM, A. (ed.) **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 1999. 540p.

BORTHWICK, H. A.; PARKER, M. W. Effectiveness of photoperiodic treatments on plants of different age. **Botanical Gazette**, Chicago, v. 100,p. 245-249, 1938a.

BORTHWICK, H. A.; PARKER, M. W. Photoperiodic perception in Biloxi soybeans. **Botanical Gazette**, v. 100, p. 374-387, 1938b.

BORTHWICK, H. A.; PARKER, M. W. Photoperiodic response of several varieties of soybeans. **Botanical Gazette**, v. 101, p. 341-365,1939.

BORTHWICK, H. A.; PARKER, M. W. Floral initiation in Biloxi soybeans as influenced by age and position of leaf receiving photoperiodic treatment. **Botanical Gazette**, v. 101, p. 806-817, 1940.

BORTHWICK, H. A.; PARKER, M. W.; HEING, P. H. Influence of localized low-temperature on Biloxi soybean during photoperiod induction. **Botanical Gazette**, Chicago, v. 102, p. 792-800, 1941.

BROWN, P.M.; CHAPMAN, L.J. Soybean ecology III: soybean development units for genes and varieties in the Great Lakes Region. **Agronomy Journal**, Madison, v. 52, p. 496-499, 1960.

BRUNS, H. A. A survey of factors involved in crop maturity. **Agronomy Journal**, Madison, v. 1, n. 101, p. 60-66, 2009.

BUZZELL, R. I. Inheritance of a soybean flowering response to fluorescent-daylength conditions. **Can J Genet Cytol.**, v. 13, p. 703-707, 1971.

BUZZELL, R. I., VOLDENG, H. D. Inheritance of insensitivity to long daylength. **Soyb Genet Newsl.**, v. 7, p. 26-29, 1980.

CAMARA, G. M. de S.; HEIFFIG, L. S. Fisiologia, ambiente e rendimento da cultura da soja. In: CAMARA, G. M. S. (Comp.). **Soja : Tecnologia da produção II**. Piracicaba: Esalq, 2000. p. 81-119.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (ed.) **Recursos genéticos & melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183p.

COBER, E. R.; TANNER J. W.; VOLDENG, H. D. Genetic control photoperiod response early maturing, near isogenic soybean lines. **Crop Science**, Madson, v. 36, p. 601-605, 1996a.

COBER E. R.; VOLDENG HD. A new soybean maturity and photoperiodsensitivity locus linked to E1 and T. **Crop Science**, Madson, v. 41, p.698-701, 2001.

COBER, E. R.; STEWART, D. W.; VOLDENG, H. D. Photoperiod and temperature responses in early-maturing near-isogenic soybean lines. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 721-728, 2001.

COMSTOCK, R. E.; MOLL, R. H. Genotype x environment interactions. Statistical and plant breeding. **National Academy of Sciences**, v. 82, n. 2, p. 164-96, 1963.

CONAB. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, quinto levantamento, fevereiro 2013/ Companhia Nacional de Abastecimento**. Brasília: Conab, 2013. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_02_07_09_00_33_boletim_fevereiro-2013.pdf. Acesso em: 07 de fevereiro de 2013.

CRISWELL, J. C.; HUME, D. J. Variation in sensitivity to photoperiod among early maturing soybean strains. **Crop Science**, Madson, v. 12, p. 657-660, 1972.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária. v. 2, 2003, 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v. 1. 2004,480 p.

DALL'AGNOL, A. et al. O agronegócio da soja no Brasil e no Mundo. In: BRASIL. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Tecnologias de produção de soja - na região central do Brasil**. Londrina, PR, EMBRAPA, 2008. p. 11-30. 2008.

DESTRO, D.; PIPOLO, V. C.; KIIHL, R. A. S. Photoperiodic and genetic control of the long juvenile period in soybean: a review. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.1, n. 1, p. 72-92, 2001.

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, p. 36-40, 1966.

ELDRIDGE, K; DAVIDSON, J.; HARWOOD, C.; vanWYK, G., **Eucalypt domestication and breeding**. Oxford University Press. New York. 1994,288 p.

EMBRAPA. Disponível em: http://www.cnpso.embrapa.br/index.php?op_page=113&cod_pai=35 Acesso em: 25 de abril de 2011.

EMBRAPA. **Cultivares**. Grupo de Maturidade. Disponível em: <http://www.cnpso.embrapa.br/download/cultivares2010/LIVRETO1.pdf>. Acesso em: 08 set. /2012.

EMBRAPA. **Tecnologias de produção de soja na região central do Brasil na safra 2010/2011**. Londrina: Embrapa, p. 12-13. 2008.

FONSECA, S. M. da. Estimação e interpretação dos componentes da variação total em experimentos de melhoramento florestal. In: **Curso Práticas experimentais em Silvicultura**. Piracicaba, IPEF. p. 1-20. 1979.

GARNER, W. W.; ALLARD, H. A. Effect of relative length of day and night other factors of the environment on growth and reproduction in plants. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v. 18, p. 553-606, 1920.

GAUCH, Jr., H. G. **Statistical analysis of regional yield trials**: AMMI analysis of factorial designs. New York: Elsevier Science Publishers, 1992, 278 p.

GRAHAM, M. J.; NICKELL, C. D.; RAYBURN, A. L. Relationship between genome size and maturity group in soybean. **Theoretical and Applied Genetics**. v. 88, p. 429-432, 1994.

GREILHUBER, J.; OBERMAYER, R. Genome size and maturity group in *Glycine max* (soybean). **Heredity**. v. 78, p. 547-551, 1997.

HAMNER, K. C.; BONNER, J. Photoperiodism in relation to hormones as factors floral initiation and development. **Botanical Gazette**, Chicago, v. 100, p. 388-431, 1938.

HARTWING, E. E. Varietal development. In: CALDWELL, B.E. (ed.) **Soybeans: improvement, production and uses**. Madison: WI, ASA Press, 1973. p. 187-210.

HARTWING, E. E.; KIIHL, R. A. S. Identification and utilization of a delayed flowering character in soybean for short day conditions. **Field Crops Research**, v.2, p. 145-151, 1979.

HATFIELD, J. L.; EGLI, D. B. Effect of temperature on the rate of soybean hypocotyl elongation and field emergence. **Crop Science**, Madison, v. 14, p. 423-426, May-June 1974

HINSON, K. The use of long juvenile trait in cultivar development . In: A.J. PASCALE (ed.) **Actas**. Conferência Mundial de Investigacion en Soja, Buenos Aires. Argentina. p. 983-987, 1989.

KIIHL, R.A.S.; GARCIA, A. The use of the long-juvenile trait in breeding soybean cultivars. In: PASCALE, A.J. (ed.) **Proceedings, World Soybean Research Conference IV**. Buenos Aires, Asociacion Argentina de La Soja. Argentina, p.994-1000. 1989.

KIIHL, R. A. S.; HARTWIG, E. E. Inheritance of reaction to soybean mosaic virus in soybean cultivars. **Crop Science**. 19:372-375, 1979.

KIIHL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A.; DALL'AGNOL, A. Strategies for cultivar development in the tropics. In: **World Soybean Research Conference III, Proceedings**. Westview Press, London. p. 301-304, 1985.

KILEN, T. C.; HARTWING, E. E. Inheritance of a light quality sensitive character in soybeans. **Crop Science**, Madson, v.11, p. 559-561, 1971.

KUMUDINI, S. V.; PALLIKONDA, P. K.; STEELE, C. Photoperiod and E-genes influence the duration of the reproductive phase in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 1510-1517, 2007

MCBLAIN BA, BERNARD RL. A new gene affecting the time of flowering and maturity in soybean. **Journal of Heredity**, v. 78, p. 160-162, 1987.

MAJOR, D. J.; JOHNSON, D. R.; TANNER, J. W.; ANDERSON, I. C. Effects of day-length and temperature on soybean development. **Crop Science**, Madson, v. 15, p. 175-179, 1975.

MATHERSON, A. C. Genotype x environment interaction. In: **Progress and problems of genetic improvement of tropical forest trees**. Oxford, Commonwealth Forestry Institute, 1978. p. 227-36.

MOREIRA, M. A. Programa de Melhoramento genético da qualidade de óleo e proteína da soja desenvolvido na UFV. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 1., 1999, Londrina. **Anais...** Londrina: Embrapa Soja, p. 99-104. 1999.

PACHECO, R. M. **Estratificação de ambientes em cerrados do Brasil Central para fins de seleção e recomendação de cultivares de soja**. 2004. 170f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas). Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2004.

PAIVA, B. M De; ALVES, R. M.; HELENO, N. M. Aspectos socioeconômicos da soja. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.27, n.230, p.7-14, 2006.

PARKER, M. W.; BORTHWICK, H. A. A photoperiodic response of soybean varieties. **Soybean Digest**, Hudson, v.11, p. 26-30, 1951.

PASCALE, A. J.; REMUSSI, C.; MARZO, L. Reacción de distintas variedades de soja a los factores bioclimáticos de Buenos Aires. **Revista de la Facultad Agronomía Veterinaria**, Buenos Aires, AR, v.15, p. 29-54, 1963.

PATINHO-VALERA. **Variação genética em progênes de *Eucalyptus saligna* Smith e sua interação com o espaçamento**. Dissertação de mestrado – ESALQ–USP, Piracicaba, 192 p. 1986.

PENARIOL, Adilson. **Soja: Cultivares no Lugar Certo**. Disponível em: <[http://www.google.com.br/url?sa=t&source=web&cd=1&ved=0CBkQFjAA&url=http://www.potafos.org/ppiweb/brazil.nsf/87cb8a98bf72572b8525693e0053ea70/d5fbc829a2f54298832569f8004695c5/\\$FILE/pages13pdf&ei=K5ZSTdzeN8L98AbThr3WCQ&usg=AFQjCNGQmIFnZk42F86SVVBj0SMkwBw3aw](http://www.google.com.br/url?sa=t&source=web&cd=1&ved=0CBkQFjAA&url=http://www.potafos.org/ppiweb/brazil.nsf/87cb8a98bf72572b8525693e0053ea70/d5fbc829a2f54298832569f8004695c5/$FILE/pages13pdf&ei=K5ZSTdzeN8L98AbThr3WCQ&usg=AFQjCNGQmIFnZk42F86SVVBj0SMkwBw3aw)>. Acesso em: 20 jan. 2011.

PRADO, E. E. P.; HIROMOTO, D. M.; GODINHO, V. P. C.; UTUMI, M. M. RAMALHO, A. R. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 36, 625-635, 2001.

PRADO, L. C.; BRUZI, A. T.; MIRANDA, F. T. S.; TERRA, B. R. M. Estratégias e Ações da Iniciativa Privada no Pós-melhoramento: experiência da Pioneer Sementes in: **Pré-melhoramento, melhoramento e pós-melhoramento: estratégias e desafios**. FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L.; RIBEIRO JUNIOR, W. Q. Planaltina DF: Embrapa Cerrados, 2008. 156p.

ROESSING, A. C., GUEDES, L. C. A. Aspectos econômicos do complexo de soja: sua participação na economia brasileira e evolução na região do Brasil Central. In: ARANTES N. E.; SOUZA, P. I.M. **Cultura da soja nos cerrados**. Piracicaba-SP, 1993. p.1-170.

SAINDON, G.; VOLDENG, H. D.; BEVERSDORF W.D., BUZZELL R.I. Genetic control of long daylength response in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 29, p. 1436-1439, 1989.

SEDIYAMA, T., TEIXEIRA, R. DE. C., ZAMBONI, L., SULBACH, L. J., DUTRA, J. H., ARAÚJO, A. F. V. DE. A soja UFV-16 (Capinópolis) em Mato Grosso. IN: SEDIYAMA, T e TEIXEIRA, R. DE. C. **Cultivares de Soja UFV em Mato Grosso**. Viçosa: UFV/DFT, Rondonópolis: Biogen Sementes. Boletim Técnico 11. p. 15-17, 2002.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**, Editora UFV, Viçosa, 2005. p. 553-603.

SHANMUGASUNDARAM, S. Varietal differences and genetic behavior for the photoperiodic responses in soybeans. **Bull. Inst. Trop. Agr., Kyusho Univ. (Japan)**, v. 4, p. 1-61, 1981.

SHELBOURNE, C. **Genotype environment interaction**: its study and its implications in Forest tree improvement. In: IUFRO GENETIC SABRAO JOINT SYMPOSIA, Tokio. 28 p. 1972.

SILVA, W. C. J. AND DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, p. 23-30, 2006.

SINCLAIR, T. R., HINSON, K. Soybean flowering in response to the long-juvenile trait. **Crop Sci.** Madison, v. 32, p. 1242-1248, 1992.

STEWART, D. W.; COBER, E. R.; BERNARD, R. L. Modeling Genetic Effects on the Photothermal response of soybean phenological development. **Agronomy Journal**, Madison, v. 95, p.65-70, 2003.

TOLEDO, J. F. F.; OLIVEIRA, M. F. DE; ARIAS, C. A. A.; TRILLER, C.; MIRANDA, Z. F. S.; SOUZA, R. F. DE. Variabilidade no florescimento em linhas avançadas de soja sob diversos fotoperíodos. **Rev. Bras. Genet.** 18(Suppl. 100): Resumo A.31. 1995.

URBEN FILHO, G.; SOUZA, P. I. de M. Manejo da Cultura da soja sob cerrado: época, densidade e profundidade de semeadura. In: ARANTES, N. E.; SOUZA, P. I. de M. **Cultura da soja nos cerrados**. Piracicaba: Associação Brasileira Para Pesquisa da Potassa e Fosfato, 1993. p. 267-298.

VOLDENG, H. D.; SAINDON, G. Registration of four pairs of "Mapel Presto" derived soybean genetics stocks. **Crop Science**, Madison, v.31, p. 1398-1399, 1991.

YOUSEF, G. G.; JUVIK, J. A. Comparison of phenotypic and marker-assisted selection for quantitative traits in sweet corn. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 645-655, 2001.

CAPÍTULO 2 - Estudo da natureza da interação genótipo x ambiente em linhagens de soja

Resumo

Neste trabalho objetivou-se o estudo da natureza da interação genótipo x ambiente (GxA) para três caracteres agrônômicos de genótipos de soja avaliados em quatro ambientes (Uberaba 2010/11, Jaboticabal 2010/11, Uberaba 2011/12 e Jaboticabal 2011/12). Para isso, foram avaliados 21 genótipos de soja, incluindo duas testemunhas (CD 219 e Conquista), nos quatro ambientes. Os ensaios foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso com três repetições. As médias de produtividade, altura de planta na maturação e número de dias para maturação foram submetidas à análise de variância conjunta/local e conjunta geral. Observada a interação genótipo x ambiente significativa a decomposição da interação da parte simples e complexa foi feita utilizando o método proposto por Cruz e Castoldi (1991). Foi observada a predominância da interação GxA de natureza complexa para todas as características indicando um efeito ambiental efetivo na expressão das características, principalmente, quando se comparou duas safras distintas.

Termos para indexação: *Glycine max*, genótipos, interação complexa, GxA.

Introdução

O Brasil tem figurado como o segundo maior produtor mundial de soja. Com previsão de alcançar o primeiro lugar no ranking mundial nos próximos dez anos (Embrapa 2010). Esse título somente foi possível devido ao desenvolvimento de cultivares com características agrônômicas de melhor adaptação às condições edafoclimáticas dos trópicos possibilitando a expansão da cultura para a região central do país. Essa tecnologia genuinamente brasileira, representada pelas sementes de ‘cultivares tropicais’, tem permitido a exploração da soja em regiões antes

consideradas inaptas para o seu cultivo econômico. O processo contínuo de recomendação de cultivares para as regiões de médias e baixas latitudes permitiu que extensas áreas da região tropical dos Cerrados fossem incorporadas ao processo produtivo agrícola, inclusive, viabilizando a exploração econômica de outras espécies de culturas (Almeida et al. 1999).

De modo geral, os materiais genéticos em processo de melhoramento são cultivados em uma ampla gama de condições ambientais. Quando os materiais são comparados em diferentes ambientes, seu desempenho relativo pode não manifestar consistência. Essa mudança no desempenho relativo dos genótipos em diferentes ambientes é denominada interação genótipo (G) x ambiente (A) (Silveira Neto et al. 2005).

Chaves (2001) define a interação de genótipos com ambientes (GxA) como o efeito diferencial dos ambientes sobre os genótipos ou, alternativamente, como o resultado da resposta diferencial dos genótipos à variação ambiental. A presença de interação faz com que ocorra alteração na variância de um conjunto de genótipos quando submetidos a distintas condições ambientais, e /ou que não se observe correlação entre as respostas de dois ou mais genótipos, quando submetidos a dois ou mais ambientes. Tal situação gera a necessidade de se acrescentar à equação $F = G + A$ (F= fenótipo) um fator relativo às interações GxA. Esse fator é definido por Gauch Jr. (1992) como sendo o resíduo não aditivo da parte aditiva da análise de variância sobre os dois fatores G e A.

Brasil (1990) ressalta que o estudo das interações GxA possibilita duas abordagens principais no contexto de um programa de melhoramento genético. A primeira é a utilização de métodos de zoneamento agroecológico, por meio dos quais os locais de teste são agrupados com base no baixo grau de interação observado dos grupos formados. A segunda é a utilização de métodos de determinação da estabilidade fenotípica, que permitem identificar cultivares amplamente adaptados.

A presença desse fenômeno pode levar a superestimativas do valor da herdabilidade, pelo fato da interação GxA inflacionar a estimativa da variância genotípica, com consequente superestimação dos ganhos previstos com a seleção. Pode também acarretar uma redução da produtividade global de uma área para a qual se faça uma indicação geral de uma dada cultivar. Por outro lado, pode-se tirar proveito de sua existência usando-se procedimentos estatísticos que identifiquem o padrão dessa interação e gerem informações que possibilitem o agrupamento de locais em zonas dentro das quais a magnitude da interação não seja significativa. Indicações específicas de cultivares para tais zonas, ou mega-ambientes (Cimmyt 1989), maximizariam a produção de toda a região considerada. Da mesma forma, a condução dos programas de seleção considerando tal zoneamento propiciaria estimativas mais precisas dos ganhos por seleção.

Baker (1996), em revisão sobre interação GxA, chama atenção para a existência de pouca informação quanto à natureza biológica e às causas dessa interação. Esse autor observa que é crescente a percepção da necessidade de se distinguir entre o que se denomina interação quantitativa (alteração da variância genotípica nos diferentes ambientes) e interação qualitativa (alteração no posicionamento relativo dos genótipos em ambientes distintos).

A interação genótipo x ambiente afeta o esquema de seleção. Se não existe interação genótipo x ambiente ou a interação é do tipo simples, os mesmos genótipos podem ser selecionados para os diferentes ambientes. Contudo, se a interação for do tipo complexa, a seleção deverá envolver diferentes genótipos para os diferentes ambientes. Neste caso, é necessário estabelecer diferentes zonas de melhoramento, com diferentes genótipos (Morais et al 2010). Portanto, uma vez identificada a interação genótipo x ambiente, o estudo de sua natureza como simples ou complexa permite aos melhoristas melhores condições de avaliação para seleção e indicação dos genótipos.

O presente trabalho teve como objetivo o estudo da natureza da interação genótipo x ambiente em linhagens avançadas de soja avaliadas em Uberaba, MG e Jaboticabal, SP nas safras 2010/11 e 2011/12.

Material e Métodos

Para a realização das avaliações de desempenho e interação genótipo x ambiente (G x A) foram utilizadas linhagens avançadas de soja oriundas do programa de Melhoramento de soja da Unesp –FCAV Câmpus de Jaboticabal. Os dados foram obtidos a partir dos ensaios de competição de linhagens conduzidos em Jaboticabal-SP e Uberaba-MG durante as safras de 2010/2011 e 2011/2012.

O ensaio conduzido no município de Jaboticabal, SP foi instalado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPP) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, câmpus de Jaboticabal nas datas 19/11/2010 e 15/11/2011. Localizado na região Nordeste do estado de São Paulo com latitude de 21°15'17" e altitude de 605m. O município de Jaboticabal, de acordo com a classificação de Köppen (2001), é de clima subtropical mesotérmico, de verão úmido e inverso seco, com temperatura média anual de 22°C e solo predominantemente do tipo Latossolo Vermelho Distroférico, com precipitação anual em torno de 1405,2mm (Embrapa, 1999). Em Uberaba os ensaios foram instalados na área experimental das Faculdades Associadas de Uberaba (FAZU-FUNDAGRI) em altitude de 780m, coordenadas 19°44' de latitude Sul e 47°57' de longitude Oeste de Greenwich com precipitação anual em torno de 1474mm ao ano nas datas 19/11/2010 e 08/11/2011. O solo utilizado é classificado como Latossolo Vermelho Distrófico, textura franco-arenosa, relevo suavemente ondulado e fase Cerrado Subcaducifólio.

Foram avaliados 21 genótipos de soja, dos quais duas cultivares testemunhas [CD 219 e MG/BR 46 (Conquista)] conduzidos no delineamento em blocos ao acaso com 21

tratamentos (genótipos) e três repetições. As parcelas experimentais foram formadas por quatro fileiras de plantas (5m), espaçadas em 0,5m entre as fileiras. A área útil da parcela foi de 4m², tendo sido colhidas as duas fileiras centrais, desprezando-se 0,5 m de bordadura nas extremidades. Os dados de produtividade em Kg.ha⁻¹ foram calculados a partir do material colhido e trilhado em cada parcela útil e corrigidos a 13% de umidade, e o valor obtido foi convertido para Kg.ha⁻¹. A altura das plantas na maturidade foi obtida pela medida do nível do solo até a última inserção de vagem na haste principal, por meio da média de cinco plantas tomadas ao acaso dentro de cada parcela. O número de dias para a maturidade foi definido como o período entre a data de semeadura até a data em que aproximadamente 95 % das vagens apresentaram-se maduras (estádio R8).

Inicialmente, foram realizadas análises individuais de variância pelo método dos quadrados mínimos, seguindo-se de uma análise conjunta de variância por local e uma análise conjunta geral. Com os dados da análise de variância/local aplicou-se o teste de Skott Knott para comparação das médias e, avaliou-se, a homogeneidade das variâncias residuais dos experimentos (QMR) que, a princípio, foi verificada por meio do teste da razão entre o maior e o menor quadrado médio residual dos ensaios e, em seguida, foram feitas as interpretações relativas às significâncias do teste F (Snedecor) na análise da variância (ANOVA). Após a verificação da significância do teste de F na análise conjunta para a GxA foi realizada a decomposição da interação de genótipos x pares de ambientes em partes simples e complexa segundo a metodologia proposta por Cruz e Castoldi (1991), conforme a expressão abaixo:

$$QMGxA = \text{simples (S)} + \text{complexa (C)}$$

$$S = \frac{1}{2} (\sqrt{QM1} - \sqrt{QM2})^2$$

$$C = \sqrt{(1-r)^3} \sqrt{QM1 \times QM2}$$

em que:

QM1 e QM2 são os quadrados médios de genótipos, nos ambientes 1 e 2, respectivamente, divididos pelo número de repetições, e “r” é a correlação entre as médias dos genótipos nos dois ambientes. Tais análises foram realizadas com o uso do programa computacional Genes (Cruz 1997).

Resultados e Discussão

A partir da análise de variância conjunta/local para Uberaba (safras 2010/11 e 2011/12) foram verificadas diferenças significativas ($P < 0,01$) tanto para a interação G x A quanto entre os genótipos avaliados para as características altura de planta na maturação e produtividade (Tabela 1). Já na análise conjunta/local para Jaboticabal (safra 2010/11 e 2011/12) o teste de F apresentou diferença significativa ($P < 0,01$) entre os genótipos e para a interação G x A para as três características avaliadas (Tabela 2). Os coeficientes de variação experimental (CV) de todas as características apresentaram valores menores ou iguais a 20% e, conforme Pimentel-Gomes (2000) sugere uma boa precisão experimental (Tabela 1 e 2).

Considerando os valores médios nas duas safras em Uberaba (Tabela 3) a característica número de dias para maturação não apresentou diferença significativa ($P < 0,05$) entre genótipos nas duas safras avaliadas e também entre os ambientes (safra 2010/11 e 2011/12) pelo teste de Skott Knott. As médias de altura de planta na maturação apresentaram valores significativamente diferentes entre os genótipos e entre as safras. Os valores variaram de 32 a 102cm na primeira safra permitindo a formação de quatro grupos pelo teste de médias, sendo que os genótipos 2, 6 e 17 apresentaram valores significativamente iguais ($P < 0,05$) a CD219 e Conquista com 102 e 95cm, respectivamente sendo classificados no mesmo grupo. Já na safra 2011/12 as médias variaram de 56 a 92cm e foram constituídos dois grupos. As maiores médias de altura foram observadas nos genótipos 1, 4, 5, 6,11, 16, 19 e 20 que formaram um grupo significativamente mais alto que o grupo onde foram incluídas as duas testemunhas. A

altura de planta é característica fundamental na determinação da cultivar a ser introduzida em uma região, podendo variar consideravelmente de acordo com a época de semeadura, espaçamento de plantas entre e dentro das fileiras, suprimento de umidade, temperatura, fertilidade do solo e outras condições gerais do meio ambiente. Consideram-se alturas de planta compreendidas entre 60 e 120 cm como adequadas à mecanização da colheita (Campos et al. 2010), portanto, todos os genótipos apresentaram médias aceitáveis tanto na primeira quanto na segunda safra.

Da mesma forma, a característica produtividade apresentou diferença significativa ($P < 0,05$) entre as médias quando comparadas entre os genótipos dentro de cada safra e entre as safras dentro de cada genótipo (Tabela 3). O teste de médias permitiu a formação de três grupos na primeira safra sendo que os genótipos mais produtivos foram o 16 e 17 com 3451 e 2959 Kg.ha^{-1} que formaram o grupo mais produtivo e na segunda safra os genótipos mais produtivos foram agrupados no mesmo grupo das testemunhas. A maioria dos genótipos apresentou produtividade média significativamente superior na segunda safra quando comparada com a primeira.

Os genótipos cultivados em Jaboticabal na safra 2010/11 e 2011/12 apresentaram diferença significativa entre as médias para ao número de dias para maturidade observadas na mesma safra e quando comparadas as duas safras, (Tabela 4) com valores que variaram de 115 a 145 dias na primeira e 109 a 141 dias na segunda safra. Os menores valores foram apresentados pelos genótipos 18 e 19, com 115 dias, os quais, juntamente com os genótipos 20 e 21 formaram o grupo mais precoce. Na segunda safra todos os genótipos apresentaram aumento médio de altura quando comparados com a primeira, sendo que apenas para os genótipos 16 e 19 esse incremento não foi significativo ($P < 0,05$).

Quanto à característica altura de plantas o teste de médias apresentou diferença significativa ($P < 0,05$) entre as médias quando comparadas entre os genótipos dentro de cada safra e entre as safras dentro de cada genótipo com a formação de quatro grupos tanto na primeira quanto na segunda safra. Na primeira safra o grupo de maior altura foi classificado somente o genótipo 16 com 100 cm e o de menor altura os genótipos 5, 8, 10 e 11 com médias de 46, 48, 45 e 42 cm. Já na segunda safra pôde-se observar um aumento das médias de altura em relação à primeira com valores que variaram de 62 a 111 cm.

Para a característica produtividade o teste de médias apontou diferença significativa para os genótipos entre as safras e entre os genótipos apenas na segunda safra, tendo esta apresentado médias significativamente maiores ($P < 0,05$) quando comparadas com a primeira. Na primeira safra as médias variaram entre 675 e 1739 Kg.ha^{-1} , já na segunda o genótipo mais produtivo foi o genótipo 21 e 16 com 4333 e 4297 Kg.ha^{-1} , respectivamente e, significativamente diferentes de todos os outros genótipos avaliados. No segundo grupo foram incluídos os genótipos 3, 6, 7, 8, 12, 17, 18 e 20 juntamente com a testemunha CD219.

Por meio da análise conjunta geral (Tabela 5), observou-se que somente a característica número de dias para a maturação não apresentou efeito altamente significativo para genótipos. Os efeitos de ambientes e a interação genótipo x ambientes se apresentaram altamente significativo para todas as características, permitindo a utilização de metodologias para o estudo mais detalhado dos efeitos da interação genótipos com os ambientes. O coeficiente de variação experimental com o valores de 11 e 18% de acordo com Pimentel-Gomes (2000), se encontram abaixo do máximo recomendado para culturas anuais, indicando boa precisão experimental.

O efeito significativo para o fator genótipo na presença de interação $G \times A$, com efeito também significativo, evidencia elevada variabilidade entre os genótipos, uma vez que o

componente de variância da interação tende a reduzir ou consumir a variabilidade estimada entre as linhagens. Já o efeito significativo de ambientes possibilita concluir que os experimentos foram conduzidos em ambientes (locais) que apresentaram variação suficiente para discriminar os genótipos estudados (Oliveira et al. 2004).

A interação GxA significativa indica que os genótipos apresentaram comportamento diferencial ao longo dos ambientes, ou seja, ocorreram trocas de posição relativa dos genótipos ou diferença na magnitude de resposta da produtividade de grãos devido à variação dos ambientes.

O desdobramento da interação para estudo da natureza da interação GxA para a característica número de dias para a maturação (Tabela 6) apresentou maior fração de interação GxA de natureza complexa par a par, ou seja, valores percentuais da interação acima de 50%. Os baixos valores dos coeficientes de correlação ($r < 0,5$) confirmam a fraca correlação das médias do número de dias para maturação entre os pares de ambiente.

Para a característica altura de planta na maturação o único par de ambientes que apresentou interação GxA de natureza simples foi 2 e 4 (Jaboticabal 2010/11 e Jaboticabal 2011/12) (Tabela 7). De acordo com Cruz e Regazzi (1994) a existência da interação simples indica a diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes. O coeficiente de correlação para esse par de ambientes apresentou valor altamente significativo e uma boa correlação ($r = 0,72$) confirmando a classificação da interação como simples, embora a porcentagem da parte complexa da interação GxA tenha sido muito próxima de 50%. De acordo com Cruz e Regazzi (1994) A predominância da interação simples implica no fato de que não há inconvenientes no trabalho de identificação de genótipos superiores nos ambiente superiores, ou seja, os ambientes 2 e 4 são considerados como similares para avaliação e recomendação de linhagens.

Considerando a característica produtividade (Tabela 8) apenas o par de ambientes 1 e 2 (Uberaba 2010/11 e Jaboticabal 2010/11 apresentaram maior fração de interação G x A de natureza simples, o que também foi confirmado pelo coeficiente de correlação para esse par de ambientes. A interação do tipo complexa é dada pela falta de correlação entre genótipos indicando a inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental, ou seja, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente mas não em outro, tornando mais difícil a seleção e, ou, a recomendação dos mesmos (Cruz and Regazzi 1994).

A predominância da interação GxA de natureza complexa para todas as características indica um efeito ambiental efetivo na expressão das características, principalmente quando se compara duas safras distintas. Para uma seleção eficiente e segura é sugerido a ampliação do número de locais de ensaios tanto em Minas Gerais como em São Paulo visando o estudo da Adaptabilidade e Estabilidade de comportamento dos genótipos como forma de compreender melhor a magnitude da interação GxA.

Referências

Almeida LA, Khiil RAS, Miranda MAC and Campelo G J A (1999) Melhoramento de soja para as regiões de baixa latitude. In: Queiroz MA, Goedert CO; Ramos SRR (eds). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro** (on line). Versão 1.0. Petrolina-PE: Embrapa Semi-Árido/Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Disponível em <http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livrorg/abobora.pdf>. Acessado em 05 de novembro de 2012.

Baker RJ (1996) Recent research on genotype-environmental interaction. In: **Proceedings of the 5th international Oat conference and 7th International Barley Genetics Symposium**, Saskatoon, p. 245-246.

Brasil, EM Comparação de métodos no estudo da interação de genótipos com ambientes em milho (*Zea Mays L.*). 1990. 181 f. Dissertação de mestrado – Universidade Federal de Goiás, 1990.

Campos MF, ONOEO and Rodrigues JD (2010) **Arquitetura de plantas de soja e a aplicação de reguladores vegetais. Pesquisa Aplicada e Agrotecnologia 31:153-159.**

Chaves L J (2001) Interação de genótipos com ambientes. In: Nass LL, Valois ACC, Melo IS and Valadares-Inglis MC **Recursos genéticos & Melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 1183 p.

Cimmyt (1989) Toward the 21th century: CIMMYT's strategy. CIMMYT, El Batan, Mexico. 92p

Cruz C D and Castoldi F (1991) Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres 38:422-430.**

Cruz CD and Regazzi AJ (1994) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 390p.

Cruz, CD (1997) **Programa GENES**: aplicativo computacional em genética e estatística (software). Viçosa: Imprensa Universitária. 442p. +1cd.

Embrapa (1999) Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Centro Nacional de Pesquisa de Solos, Rio de Janeiro. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Brasília, Embrapa produção de Informação. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 412p.

Embrapa (2010) **Tecnologias de produção de soja- Região Central do Brasil 2011**. Sistemas de Produção 14. Embrapa Soja, Londrina, 255p.

Gauch Jr H G, Zobel R W (1997) Identifying Mega-Environments and Targeting Genotypes. **Crop Science 37**: 311-326.

Morais E, Zanatto ACS, Freitas MLM, Moraes MLT and Sebbenn AM (2010) Variação genética, interação genótipo solo e ganhos na seleção em teste de progênes de *Corymbia citriodora* Hook em Luiz Antônio, São Paulo. **Scientia Florestalis 38**: 11-18.

Oliveira MAS, Hamawaki OT, Oliveira Neto JO, Penna JCV, Juliatti F. C and Souza AS (2004). Estabilidade fenotípica de cultivares de soja no Brasil central. **Bioscience Journal 20**:9-19.

Pimentel-Gomes F (2000) **Curso de estatística experimental**. 14. ed. Piracicaba, 477p.

Silveira Neto A. N, Oliveira E, Oliveira AB, Godoi CRC, Prado CLO and Pinheiro JB (2005)
Desempenho de linhagens de soja em diferentes locais e épocas de semeadura em Goiás.
Pesquisa Agropecuária Tropical 35:103-108..

Tabela 1. Graus de liberdade e quadrados médios da análise de variância conjunta para as características agronômicas: número de dias para maturidade (NDM), altura de planta na maturidade (APM) e produtividade de grãos (PROD) avaliadas em genótipos de soja cultivados em Uberaba-MG na safra 2010/2011 e 2011/12.

Fonte de variação	NDM			APM (cm)			PROD (kg.ha ⁻¹)		
	G.L	Q.M	F	G.L	Q.M	F	G.L	Q.M	F
Genótipo	20	216.8	1.55 ^{NS}	20	500.5	5.5**	20	1411696.3	8.2**
Ambiente	1	169.2	1.18 ^{NS}	1	74.7	0.05 ^{NS}	1	12217965.8	62.8**
Interação G x A	20	225.6	1.61 ^{NS}	20	847.7	9.3**	20	1320636.7	7.7**
Resíduo	80			80			80		
CV(%)	10			13			20		

G.L: Graus de liberdade; Q.M: Quadrados médios; F: F calculado

Tabela 2. Graus de liberdade e quadrados médios da análise de variância conjunta para as características agronômicas: número de dias para maturidade (NDM), altura de planta na maturidade (APM) e produtividade de grãos (PROD) avaliadas em genótipos de soja cultivados em Jaboticabal-SP na safra 2010/2011 e 2011/12.

Fonte de variação	NDM			APM (cm)			PROD (kg.ha ⁻¹)		
	G.L	Q.M	F	G.L	Q.M	F	G.L	Q.M	F
Genótipo	20	206.4	44.3**	20	1071.7	26.0**	20	751571.5	6.2**
Ambiente	1	29.5	3.4 ^{NS}	1	19687.5	366.9**	1	128532600.0	427.9**
Interação G x A	20	312.5	67.1**	20	175.7	4.3**	20	335039.5	2.8**
Resíduo	80			80			80		
CV(%)	1.7				8.7		15.7		

G.L: Graus de liberdade; Q.M: Quadrados médios; F: F calculado

Tabela 3. Médias do número de dias para maturidade, altura de planta na maturidade e produtividade de grãos de genótipos de soja cultivados em Uberaba, MG na safra 2010/2011.

Genótipos	Dias para maturidade				Altura de planta (cm)				Produtividade (Kg.ha ⁻¹)			
	2010/11		2011/12		2010/11		2011/12		2010/11		2011/12	
1	117	A a	120	Aa	60	c B	80	aA	1188	Ac	1586	Ac
2	120	A a	118	Aa	93	a A	72	bB	1090	Bc	1865	Ac
3	119	A a	121	Aa	82	b A	61	bB	1464	Ac	1215	Ac
4	118	A a	123	Aa	75	b A	83	aA	1347	Bc	3537	Aa
5	113	A a	122	Aa	64	c A	74	aA	1228	Bc	2905	Aa
6	120	A a	125	Aa	86	a A	83	aA	1506	Bc	3431	Aa
7	122	A a	113	Aa	77	b A	70	bA	1488	Bc	3468	Aa
8	120	A a	115	Aa	73	b A	56	bB	1526	Ac	1675	Ac
9	115	A a	126	Aa	75	b A	66	bA	1470	Ac	2103	Ab
10	115	A a	127	Aa	68	b A	69	bA	1377	Bc	2117	Ab
11	116	A a	129	Aa	63	c A	77	aA	1167	Ac	1825	Ac
12	130	A a	116	Aa	80	b A	66	bA	1532	Bc	2517	Ab
CD 219	127	A a	116	Aa	102	a A	66	bB	1804	Bc	2866	Aa
Conquista	124	A a	119	Aa	95	a A	60	bB	1068	Bc	2948	Aa
15	120	A a	121	Aa	54	c A	63	bA	2170	Ab	1263	Bc
16	126	A a	127	Aa	66	c A	75	aA	3451	Aa	2190	Bb
17	133	A a	122	Aa	87	a A	66	bB	2959	Aa	3290	Aa
18	119	Aa	120	Aa	32	d B	60	bA	2114	Ab	2398	Ab
19	127	A a	132	Aa	39	d B	92	aA	2075	Ab	1867	Ac
20	120	A a	127	Aa	42	d B	87	aA	2465	Ab	2392	Ab
21	131	A a	122	Aa	50	d B	68	bA	2343	Ab	2452	Ab
CV(%)	12		6		14		13		26		14	

¹ Médias seguidas pela mesma letra minúscula nas colunas ou pela mesma letra maiúscula nas linhas não diferem estatisticamente entre si pelo Teste Skott Knott a 5% de Probabilidade.

Tabela 4. Médias do número de dias para maturidade, altura de planta na maturidade e produtividade de grãos de genótipos de soja cultivados em Jaboticabal, SP na safra 2010/2011 e 2011/2012.

Genótipos	Dias para maturidade				Altura de planta (cm)				Produtividade (Kg.ha ⁻¹)			
	2010/11		2011/12		2010/11		2011/12		2010/11		2011/12	
1	126	Ae	115	Bf	54	Bc	81	Ac	1198	Ba	3183	Ac
2	129	Ad	123	Bd	68	Bb	107	Aa	1409	Ba	2776	Ac
3	135	Ab	129	Bc	60	Bc	82	Ac	1209	Ba	3706	Ab
4	129	Ad	124	Bd	57	Bc	75	Ac	1044	Ba	2803	Ac
5	120	Ag	109	Bg	46	Bd	70	Ad	675	Ba	2310	Ac
6	135	Ab	125	Bd	54	Bc	94	Ab	802	Ba	3491	Ab
7	133	Ac	126	Bd	52	Bc	82	Ac	1246	Ba	3362	Ab
8	129	Ad	126	Ad	48	Bd	73	Ad	1084	Ba	3327	Ab
9	120	Ag	112	Bg	62	Ac	62	Ad	1242	Ba	2888	Ac
10	128	Ad	112	Bg	45	Bd	62	Ad	878	Ba	2888	Ac
11	126	Ae	119	Be	42	Bd	79	Ac	991	Ba	3003	Ac
12	138	Ab	128	Bc	66	Bb	97	Ab	1277	Ba	3674	Ab
CD 219	136	Ab	126	Bd	60	Bc	85	Ac	1191	Ba	3241	Ab
Conquista	145	Aa	134	Bb	61	Bc	100	Ab	1103	Ba	2966	Ac
15	123	Bf	138	Aa	73	Bb	106	Aa	986	Ba	2693	Ac
16	122	Bf	139	Aa	100	Aa	110	Aa	1739	Ba	4333	Aa
17	120	Bg	139	Aa	76	Bb	111	Aa	1199	Ba	3662	Ab
18	115	Bh	141	Aa	70	Bb	96	Ab	1275	Ba	3395	Ab
19	115	Bh	139	Aa	58	Ac	66	Ad	1733	Ba	2407	Ac
20	116	Bh	140	Aa	66	Bb	84	Ac	1364	Ba	3359	Ab
21	117	Bh	133	Ab	74	Bb	96	Ab	1699	Ba	4297	Aa
CV(%)	1.6		1.7		8		8.1		17		13	

¹ Médias seguidas pela mesma letra minúscula nas colunas ou pela mesma letra maiúscula nas linhas não diferem estatisticamente entre si pelo TesteSkott Knott a 5% de Probabilidade.

Tabela 5. Graus de liberdade e quadrados médios da análise de variância conjunta para as características agronômicas: número de dias para maturidade (NDM), altura de planta na maturidade (APM) e produtividade de grãos (PROD) avaliadas em genótipos de soja cultivados em Uberaba-MG e Jaboticabal-SP durante a safra 2010/2011 e 2011/2012

Fonte de variação	NDM			APM (cm)			PROD (kg.ha ⁻¹)		
	G.L	Q.M	F	G.L	Q.M	F	G.L	Q.M	F
Genótipo	20	239.6	1.3 ^{NS}	20	760.2	11.5**	20	1506244.6	10.2**
Ambiente	3	881.3	11.6**	3	6872.2	10.6**	3	47399307.1	191.5**
Interação G x A	60	481.2	2.7**	60	611.8	9.2**	60	770899.8	5.2**
Resíduo	64			160			160		
CV(%)	11			11			18		

** - significativo a nível de 1% de probabilidade (p < 0.01)
 ns não significativo (p >= 0.05)

Tabela 6- Porcentagem da parte complexa da interação entre genótipo x pares de ambientes para a característica número de dias para maturação, segundo a metodologia de CRUZ e CASTOLDI (1991) (acima da diagonal), e correlação de Pearson entre pares de ambientes, em porcentagem (abaixo da diagonal), nos ensaios de soja conduzidos em Uberaba, MG e Jaboticabal, SP nas safras 2010/11 e 2011/12.

AMBIENTES		Uberaba 2010/11	Jaboticabal 2010/11	Uberaba 2011/12	Jaboticabal 2011/12
AMBIENTES	Código	1	2	3	4
Uberaba 2010/11	1		79,8	75,5	95,3
Jaboticabal 2010/11	2	0,29		111,4	108,3
Uberaba 2011/12	3	-0,03	-0,5*		75,6
Jaboticabal 2011/12	4	0,08	-0,21	0,05	

*, **: significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente

Tabela 7- Porcentagem da parte complexa da interação entre genótipo x pares de ambientes para a característica altura de planta na maturação, segundo a metodologia de CRUZ e CASTOLDI (1991) (acima da diagonal), e correlação de Pearson entre pares de ambientes, em porcentagem (abaixo da diagonal), nos ensaios de soja conduzidos em Uberaba, MG e Jaboticabal, SP nas safras 2010/11 e 2011/12.

AMBIENTES		Uberaba 2010/11	Jaboticabal 2010/11	Uberaba 2011/12	Jaboticabal 2011/12
AMBIENTES	Código	1	2	3	4
Uberaba 2010/11	1		98,9	97,8	88,3
Jaboticabal 2010/11	2	-0,1		100	49,4
Uberaba 2011/12	3	-0,32	-0,09		101,7
Jaboticabal 2011/12	4	0,19	0,72**	-0,23	

*, **: significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente

Tabela 8- Porcentagem da parte complexa da interação entre genótipo x pares de ambientes para a característica produtividade, segundo a metodologia de CRUZ e CASTOLDI (1991) (acima da diagonal), e correlação de Pearson entre pares de ambientes, em porcentagem (abaixo da diagonal), nos ensaios de soja conduzidos em Uberaba, MG e Jaboticabal, SP nas safras 2010/11 e 2011/12.

AMBIENTES		Uberaba 2010/11	Jaboticabal 2010/11	Uberaba 2011/12	Jaboticabal 2011/12
AMBIENTES	Código	1	2	3	4
Uberaba 2010/11	1		36,4	97,7	63,3
Jaboticabal 2010/11	2	0,56**		79,5	52,6
Uberaba 2011/12	3	0,03	-0,2		91,8
Jaboticabal 2011/12	4	0,57**	0,46*	0,07	

*, **: significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente

CAPÍTULO 3- Validação de marcadores microssatélites associados à maturidade em soja

Resumo

O objetivo desse trabalho foi identificar marcadores microssatélites associados ao QTL (locus de característica quantitativa) responsável pela maturidade em soja. Para isso foi utilizada uma população F2 resultante do cruzamento entre BRS Sambaíba e Fundacep 39 de grupo de maturidade relativa 9.3 e 7.5 respectivamente, semeada na safra de 2010/11 em Jaboticabal-SP. Com os dados da avaliação fenotípica do número de dias para maturação foi feito estudo de associação de marcas simples por análise de regressão utilizando 34 marcadores microssatélites já relacionados ao florescimento, maturação e fotoperiodismo em soja. A população apresenta os alelos E_3/e_3 associados à insensibilidade ao fotoperiodismo. A análise de variância por marcas simples indicou uma associação presente entre os marcadores avaliados e a característica número de dias para maturação para a população utilizada. Um maior número de marcadores precisa ser avaliado para a identificação de QTL's mais efetivos para o caráter número de dias para maturação.

Termos para indexação: grupo de maturidade relativa, QTL, marcadores moleculares.

Introdução

A soja (*Glycine max* (L). Merrill) é uma planta de dia curto e requer a ocorrência de dias curtos para a indução floral, sendo o florescimento normalmente retardado sob condições de dias longos. Assim, o desenvolvimento de cultivares com período juvenil longo e menos sensíveis ao fotoperíodo permitiu a expansão da cultura na região central do Brasil.

Devido à sensibilidade da soja ao fotoperíodo, a adaptabilidade de cada cultivar varia à medida que é deslocada em direção ao sul ou ao norte, em função da latitude. Portanto as cultivares tem uma faixa limitada de adaptação. A classificação do ciclo total das cultivares em superprecoce, precoce, semiprecoce e médio é válida somente dentro de cada faixa de adaptação. Fora dessa faixa uma cultivar tardia no sul do Brasil, por exemplo, torna-se precoce no Brasil Central. Para solução do problema de classificação do ciclo das cultivares as empresas privadas e públicas tem procurado adaptar para as condições brasileiras a

classificação das cultivares em grupo de maturidade, conforme originalmente proposto e utilizado nos Estados Unidos.

Os sojicultores tem buscado, no mercado de sementes, cultivares cada vez mais precoces, com a maturação em torno de 100 dias a fim de ter melhor aproveitamento do uso do solo e do período chuvoso para início do cultivo na entressafra (CONAB, 2010). Selecionar progênes superiores não é tarefa fácil uma vez que os caracteres de importância, em sua maioria quantitativos, apresentam comportamento complexo por serem influenciados pelo ambiente e estarem interrelacionados de tal forma que a seleção de um provoca uma série de mudanças em outros (Cruz; Regazzi, 1997).

Os testes de progênes têm sido tratados como uma das etapas de maior custo em um programa de melhoramento, por isso os programas tem buscado formas de identificar genótipos precoces cada vez mais cedo dentro dos programas de melhoramento. Estudos que buscam o entendimento do controle genético da maturidade e florescimento na soja tem ganhado maior interesse nos últimos anos.

Vários trabalhos têm apontado oito locus que controlam o florescimento e a maturidade na soja: E_1 e E_2 (Bernard, 1971), E_3 (Buzzell 1971), E_4 (Buzzell and Voldeng 1980), E_5 (McBlain; Bernard 1987), E_6 (Bonato; Vello 1999), E_7 (Cober; Voldeng 2001), e J (Ray et al. 1995). Destes E_1 , E_3 , E_4 e E_7 controlam a resposta ao florescimento sob condições artificiais de dias longos (Buzzell, 1971; Buzzell; Voldeng, 1980; Saindon et al., 1989; Cober et al., 1996a; Cober; Voldeng, 2001). Estudos moleculares recentes revelaram que E_3 e E_4 codificam duas proteínas do fitocromo a (phy A), GmPHYA3 e GmPHYA2, respectivamente, e a via metabólica regulada pelo phyA está envolvida na insensibilidade ao fotoperíodo na soja (Liu et al., 2008; Watanabe et al., 2009).

O mapeamento de locos envolvidos no controle gênico de caracteres quantitativos, QTL, difere dos demais tipos de experimentos conduzidos em genética, por tratar-se, basicamente, de um procedimento de testes múltiplos, uma vez que consiste em distribuir marcadores moleculares por todo o genoma e, em seguida, realizar uma varredura ou “screening” dessas marcas, no intuito de verificar qual(is) está(ão) ligada(s) a QTL, no caso de estar-se utilizando a análise de marcas simples, ou de posições relativas no intervalo entre duas marcas ao utilizar-se o mapeamento por intervalo (Lander & Botstein, 1989). Silva e Vencovsky (2002) afirmam que o método biométrico a ser utilizado na análise de QTL's é um aspecto importante que deve ser considerado. A associação marcador-QTL pode ser testada

via análise de marcas simples, por meio de um teste t ou análise de variância para cada marca, individualmente.

Watanabe et al (2009) desenvolveram marcadores específicos que em trabalho desenvolvido por Liu e Abe (2010) se apresentaram associados à maturidade e à insensibilidade ao fotoperiodismo em genótipos de soja japoneses. Tais marcas estão distribuídas entre os seis Grupos de ligação em que ocorrem os genes da série alélica *E*, os quais estão relacionados com a maturidade e florescimento da soja.

Considerando que a maioria dos genótipos brasileiros cultivados em condições de dia curto são originários de fontes de germoplasma com menor sensibilidade ao fotoperiodismo o objetivo deste trabalho foi verificar a associação de marcadores microssatélites, relacionados a insensibilidade ao fotoperiodismo e maturidade descritos por Liu e Abe (2010), à maturidade em uma população F_2 de soja derivadas de genótipos brasileiros.

Material e Métodos

Genótipos e avaliação fenotípica

Para o estudo de associação foi utilizada uma população F_2 de soja derivada do cruzamento entre as cultivares Fundacep 39 e BRS Sambaíba formada por 282 plantas. A cultivar Fundacep 39 é classificada no grupo de maturidade relativa 7.5 e a BRS Sambaíba no grupo 9.3.

O ensaio foi conduzido na área experimental do Departamento de Produção Vegetal das Faculdades de Ciências Agrárias e Veterinárias –FCAV/Unesp, Câmpus de Jaboticabal, durante a safra 2010/2011. Cada semente F_2 foi semeada em copos plásticos, preenchidos com substrato e mantidos sob irrigação, em casa de vegetação, no dia 16 de dezembro de 2010. Vinte dias após as plântulas foram transplantadas para o campo em covas individuais, com espaçamento de 60cm entre linhas e 20cm ente plantas. Cada indivíduo foi avaliado individualmente quanto ao número de dias para maturação. A avaliação para essa característica foi realizada considerando o número de dias desde a semeadura até o dia em que a planta apresentava 95% das vagens maduras (R8).

Os folíolos para extração do DNA foram coletados individualmente de cada planta e armazenado em freezer a -80°C .

Análises de marcadores moleculares microssatélites

Extração de DNA genômico

O protocolo de extração utilizado encontra-se descrito em Ferreira e Grattapaglia (1995), sendo conhecido como método CTAB (Brometo de Cetiltrimetilamônio) com modificações.

Para o tampão de extração, que foi preparado antes de iniciar a maceração, pesou-se 2,0 g de CTAB (2%) e 8,12 g de NaCl. A estes adicionou-se 4 mL de uma solução 0,5 M EDTA e 10 mL de uma solução Tris-HCl pH=8,0. Completou-se o volume para 100 mL com água ultra pura. Colocou-se a solução em agitador, para completa dissolução dos componentes, aquecendo a mesma a cerca de 45°C. Na hora do uso, em capela de exaustão, acrescentaram-se 4 µL de β-Mercapto-etanol para cada mililitro de tampão de extração que foi mantido aquecido até a sua utilização junto ao tecido macerado.

As extrações de DNA foram feitas diretamente em microtubos de 1,5 ml, no qual foi colocado uma folha do trifólio com aproximadamente 2 cm. Adicionou-se nitrogênio líquido em quantidade suficiente para encher o tubo. O tecido foi totalmente congelado até adquirir textura “crocante”, sendo então iniciada a maceração com bastão de vidro de ponta lapidada, até que o tecido apresentasse em condição de pó fino.

A seguir foram acrescentados 700 µL de tampão de extração CTAB e as amostras homogeneizadas em agitador. Os microtubos foram incubados em banho-maria a 65°C, por 30 minutos, sendo agitados em intervalos de 10 minutos. Após essa etapa, os tubos foram então retirados do banho-maria e resfriados em capela de exaustão. As fases foram separadas por centrifugação em microcentrífuga (13700 xg) durante 5 minutos e o sobrenadante foi colocado em um novo microtubo. Posteriormente foi realizada a primeira extração com solvente orgânico, pela adição de 600 µL de clorofórmio-álcool isoamílico 24:1. Os tubos foram agitados, invertendo-se no mínimo 20 vezes, ou até se formar uma emulsão homogênea.

As fases foram separadas por centrifugação em microcentrífuga (13700 xg) durante 5 minutos. Logo após, os tubos foram retirados cuidadosamente da microcentrífuga, evitando perturbar a interface entre as duas fases formadas. A seguir, a fase aquosa (superior) foi pipetada em cerca de três alíquotas de 150µL ecolocadas em um novo tubo. Este procedimento ajudou a evitar possíveis contaminações com a fase orgânica inferior. Ao novo tubo, foi adicionado isopropanol gelado (-20°C) na proporção de 2/3 do volume da solução

aquosa, perfazendo um volume de cerca de 300 μL . A mistura foi delicadamente agitada para precipitação dos ácidos nucléicos. Foi então formado um sedimentado (pélete) de DNA e os tubos foram colocados a -20°C por 30 minutos. A seguir, os tubos foram novamente centrifugados em microcentrífuga (13700 $\times g$) durante 5 minutos.

Neste momento, com os sedimentados já formados, descartou-se o sobrenadante e o pélete foi lavado por duas vezes, com 1 mL de etanol 70%, deixando-o imerso por 5 minutos em cada lavagem. Nova lavagem foi realizada com 1 mL de etanol absoluto por 5 minutos, sendo o sobrenadante descartado. Após a secagem, o sedimento foi então ressuscitado em 100 μL de tampão TE (10mM Tris pH 8,0 + 1mM EDTA), contendo 10 $\mu\text{L}/\text{mL}^{-1}$ de RNase. Incubou-se a 37°C , em banho-maria, por 30 min, para a digestão do RN, e purificação do DNA.

Quantificação do DNA

A quantificação do DNA foi realizada em aparelho Nanodrop 1000 (Spectrophotometer Thermo Scientific), verificando-se a quantidade de DNA presente na amostra, assim como a sua qualidade, obtida pela relação entre as leituras a 260/280 Nm. Após a quantificação, alíquotas das amostras foram diluídas em água ultrapura na concentração de 100 $\text{ng}\mu\text{L}^{-1}$ e estocadas a -20°C para uso posterior nas análises dos marcadores moleculares microssatélites.

Reação de amplificação por microssatélites

As reações de amplificação foram realizadas com o volume total de 25 μL , sendo utilizados, 12 $\text{ng}\mu\text{L}^{-1}$ de DNA genômico de soja, 4,0 mM de MgCl_2 , 1 X tampão PCR (10 mM Tris-HCl, pH 8 e 50 mM KCl), 0,2 mM de dNTP, 1 U de Taq DNA polimerase e 10 μM de cada iniciador Forward e Reverse. O programa utilizado para a amplificação do DNA consistiu de 7 min a 94°C , 32 ciclos de 1 min a 94°C , 1 min para o anelamento do iniciador cuja temperatura variou de acordo com a sequência (Tabela 1), 2 min a 72°C , seguidos por 10 min a 72°C .

Os produtos amplificados foram separados por eletroforese, em gel de agarose de alta resolução (Agarose 1000), à concentração de 3% para melhor padrão de diferenciação de bandas, em tampão TBE (89 mM Tris base, 2mM EDTA, 89 mM ácido bórico), e corado com brometo de etídeo. Foram aplicados 5 μL de DNA de cada amostra e 5 μL de azul de bromofenol em cada poço do gel. O gel foi visualizado pela incidência de luz ultravioleta, sendo a imagem capturada em um fotodocumentador modelo Gel Doc 2000 (Bio Rad).

Análise da associação

A análise de marcas simples baseia-se na comparação entre as médias dos genótipos marcadores e é feita separadamente para cada loco. Se as médias são diferentes pode-se inferir que pelo menos um QTL encontra-se próximo a este marcador. O modelo utilizado foi o de regressão linear conforme a equação:

$$Y = b_0 + b_1x + e$$

Sendo “ b_0 ” a média do caráter, “ b_1 ” o quanto o valor de um caráter aumenta ou diminui pela presença da banda e “ e ” o erro aleatório. A presença do QTL é testada determinando-se se b_1 é significativamente diferente de zero. A estatística F compara a hipótese H_0 ($b_1 = 0$) e H_1 ($b_1 \neq 0$). O p-valor de F é uma medida do quão válido é H_0 . Dessa forma, quanto menor o p-valor menor a evidência de que H_0 é verdadeiro, portanto rejeita-se H_0 e aceita-se H_1 .

Resultados e Discussão

A distribuição de frequência da característica número de dias para maturação (NDM) para as 282 plantas avaliadas não apresentou desvios significativamente diferentes da normalidade, confirmando que essa característica fenotípica apresenta comportamento quantitativo (Figura 1).

Dentre os 34 marcadores microsstélites testados apenas dez apresentaram polimorfismo (Tabela 1). Dentre os marcadores polimórficos foi feito o estudo para oito marcadores (Satt197, Satt313, Satt460, Satt038, Satt163, Satt686, Satt529 e Satt156) por causa da qualidade das marcas expressas. Tais marcas estão localizadas nos grupos de ligação B_1 , L, C_2 , G e J_2 e , de acordo com Liu e Abe (2010) estão associados com o Gene E_3 , com exceção para o Satt 460 que se mostrou associado ao gene E_7 (Molnar et al., 2003).

A literatura apresenta relatos de que o gene E_3/e_3 interfere nas épocas de florescimento e de maturação (Buzzell, 1971) ao mesmo tempo que determina insensibilidade ao fotoperíodo (Liu; Abe, 2010). A observação dessas marcas na população derivada de BRS Sambaíba e Fundacep 39 indica a presença desses alelos na população. Considerando que a Sambaíba é uma cultivar indicada para a região centro-norte do país, aliado às marcas dos microsatélites que determinam a insensibilidade ao fotoperiodismo, pode-se inferir que a população F2 avaliada possui os alelo E_3/e_3 .

O baixo polimorfismo encontrado entre os locos avaliados pode estar relacionado à estreita base genética (Priolli, 2002). De acordo com Hiromoto e Vello (1986) tem-se 11 ancestrais que representam 89% do pool genético formador dos genótipos de soja brasileiros.

O baixo número de marcadores polimórficos tem sido um problema para a construção de mapas em várias espécies com base genética estreita, mesmo quando se usa genitores contrastantes. Outros trabalhos realizados com populações obtidas a partir de linhagens derivadas de programas de melhoramento, têm observado polimorfismo igual ou ainda menor (Priolli et al. 2002, Akkaya 1992, Morgante and Olivieri 1994, Maughan et al. 1995, Doldi et al. 1997, Narvel et al. 2000, Rongwen, 1995 e Diwan and Cregan, 1997).

Os testes de χ^2 para os oito marcadores polimórficos não apresentaram significância (Tabela 2) o que indica que, para essa população, apresentam a segregação esperada (1:2:1).

As análises de variância por marcas simples apresentaram significância ($P < 0,05$) para todos os oito marcadores polimórficos (Tabela 3) indicando associação dos marcadores com a característica número de dias para maturação. Apesar disso, os valores baixos dos coeficientes de determinação (R^2) do modelo de regressão não permitem explicar a variância do caráter. Aliado a esse fato observa-se que as diferenças entre as médias dos três genótipos foram muito próximas. Couto et al. (2010) não recomendam o uso de marcadores com esse comportamento para uso na seleção assistida.

Embora o marcador Satt460 tenha explicado uma proporção muito baixa da variação, foi o maior valor apresentado dentre os marcadores polimórficos. Essas variações de acordo com Pereira et al (2008) podem indicar uma interação do QTL x população ou QTL x ambiente. Esse tipo de interação é frequentemente relatada na literatura (Bernardo, 2002; Melo et al. 2004; Rumín 2005; Bento, 2006).

O fato da característica número de dias para a maturidade ser muito influenciada pelo meio e, ainda, a pequena variação explicada pelos marcadores evidencia que esses QTL possuem pequenos efeitos ou não estão estreitamente ligados aos marcadores.

Os baixos valores de R^2 indicam a baixa eficiência da seleção assistida por marcadores no presente trabalho que pode ser explicada pelo baixo número de marcadores ligados a QTL, em razão do pequeno número de marcadores polimórficos obtidos mesmo sendo utilizados marcadores com elevado grau de polimorfismo em várias espécies.

Conclusões

A população apresenta os alelos E_3/e_3 associados à insensibilidade ao fotoperiodismo.

A análise de variância por marcas simples indicou uma fraca associação presente entre os marcadores avaliados e a característica número de dias para maturação para a população utilizada.

Um maior número de marcadores precisa ser avaliado para a identificação de QTL mais efetivos para o caráter número de dias para maturação.

Referências

- Akkaya MG, Bhawat A, Cregan PB (1992) Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in soybean. *Genetics* 132:1131-1139.
- Bento D.A.V. 2006. Mapeamento de QTL para produção de grãos e seus componentes em uma população de milho tropical. 133p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- Bernard RL. 1971. Two genes for time of flowering in soybeans. *Crop Sci.*11:242–244.
- Bernardo, R. Breeding for quantitative traits in plants. Minesota: Stema Press, 2002. 369p.
- Bonato ER, Vello NA. 1999. E6, a dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybeans. *Genet Mol Biol.* 22:229–232
- Buzzell RI. 1971. Inheritance of a soybean flowering response to fluorescent-daylength conditions. *Can J Genet Cytol.* 13:703–707.
- Buzzell RI, Voldeng HD. 1980. Inheritance of insensitivity to long daylength. *Soyb Genet Newsl.* 7:26–29.
- Cober ER, Tanner JW, Voldeng, HD. 1996a. Genetic control photoperiod response early maturing, near isogenic soybean lines. *Crop Science, Madson*, 36: 601-605.
- Cober ER, Voldeng HD. 2001. A new soybean maturity and photoperiodsensitivity locus linked to E1 and T. *Crop Sci.* 41:698–701.
- Conab. 2010. Companhia Nacional de Abastecimento- Séries históricas de produtividade de grãos, 2010. Disponível em : <http://www.conab.gov.br>. Acesso em 07 nov 2011.

Couto KR, Santos JB, Ramalho MAP, Silva GS 2010. Identificação de marcadores microssatélites relacionados ao escurecimento de grãos em feijão. PAB, n°45 11:1261-1274.

Cruz CD, Regazzi AJ. 1997 Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária. 390 p.

Diwan N, Cregan PB. 1997. Automated sizing of fluorescent-labeled simple sequence repeat (SSR) markers to assay genetic variation in soybean. Theor Appl Genet 95:723-733.

Doldi ML, Vollmann J, Lelley T. 1997. Genetic diversity in soybean as determined by RAPD and microsatellite analysis. Plant Breeding 116:331-335.

Ferreira ME, Grattapaglia D. 1995. Introdução ao uso de Marcadores em Análise Genética. 2º. Ed. EMBRAPA, Brasília, 220p.

Hiramoto DM, Vello NA. 1986. The genetic base of Brazilian soybean cultivars. Braz J Genet 9:295-306.

Lander ES, Botstein D. 1989. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. Genetics. 121:185-199.

Liu B, Kanazawa A, Matsumura H, Takahashi R, Harada K, Abe J. 2008. Genetic redundancy in soybean photoresponses associated with duplication of phytochrome A gene. Genetics. 180:996-1007.

Liu B, Abe J. 2010. QTL Mapping for Photoperiod Insensitivity of a Japanese Soybean Landrace Sakamotowase. Journal of Heredity. 101 issue 2. 251-256.

Maughan PJ, Saghai-Maroo MA, Buss GR. 1995. Microsatellite and amplified sequence length polymorphisms in cultivated and wild soybean. Genome 38:715-723.

- McBlain BA, Bernard RL. 1987. A new gene affecting the time of flowering and maturity in soybean. *Journal of Heredity*. 78:160–162.
- Melo LC, Santos JB dos, Ferreira DF. 2004. QTL mapping for common bean yield in different environments. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4:135-144.
- Molnar SJ, Rai S, Charette M, Cober ER. 2003. Simple sequence repeat (SSR) markers linked to E1, E3, E4, and E7 maturity genes in soybean. *Genome*. 46:1024–1036.
- Morgante M, Olivieri AM. 1994. Genetic mapping and variability of seven soybean simple sequence repeat loci. *Genome* 37:763-769.
- Narvel JM, Fehr WR, Chu WS, Grant D, Shoemaker RC. 2000. Simple sequence repeat diversity among soybean plant introductions and elite genotypes. *Crop Sci* 40:1452-1458.
- Priolli RHG, Mendes-Junior CT, Arantes NE, Contel EPB. 2002. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. *Genet. Mol. Biol. São Paulo*, 25:185-193.
- Pereira HS, Santos JB, Souza TP, Lima IA. 2008. Seleção fenotípica e assistida por marcadores moleculares de famílias de feijoeiro-comum com alta produtividade. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. Brasília, 43: 1551:1558.
- Ray JD, Hinson K, Manjono JEB, Malo MF. 1995. Genetic control of longjuvenile trait in soybean. *Crop Sci*. 35:1001–1006.
- Rongwen J, Akkaya MS, Lavi U and Cregan PB. 1995. The use of microsatellite DNA markers for soybean genotype identification. *Theor Appl Genet* 19:43-48.
- Rumín, G.C.R. 2005. Análise da interação genótipo x ambientes assistida por marcadores moleculares em milho (*Zea mays* L.). 212p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

Saindon G, Voldeng HD, Beversdorf WD, Buzzell RI. 1989. Genetic control of long daylength response in soybean. *Crop Science*, Madison, 29: 1436-1439.

Silva HD; Vencovsky R. 2002. Poder de detecção de "Quantitative Trait Loci", da análise de marcas simples e da regressão linear múltipla. *Sci. agric. Piracicaba*. 59: 755-762.

Watanabe S, Hideshima R, Xia Z, Tsubokura Y, Sato S, Nakamoto Y, Takahashi R, Ishimoto M, Anai T, Tabata S, et al. 2009. Map-based cloning of the gene associated with soybean maturity locus E3. *Genet*. 182:1251–1262.

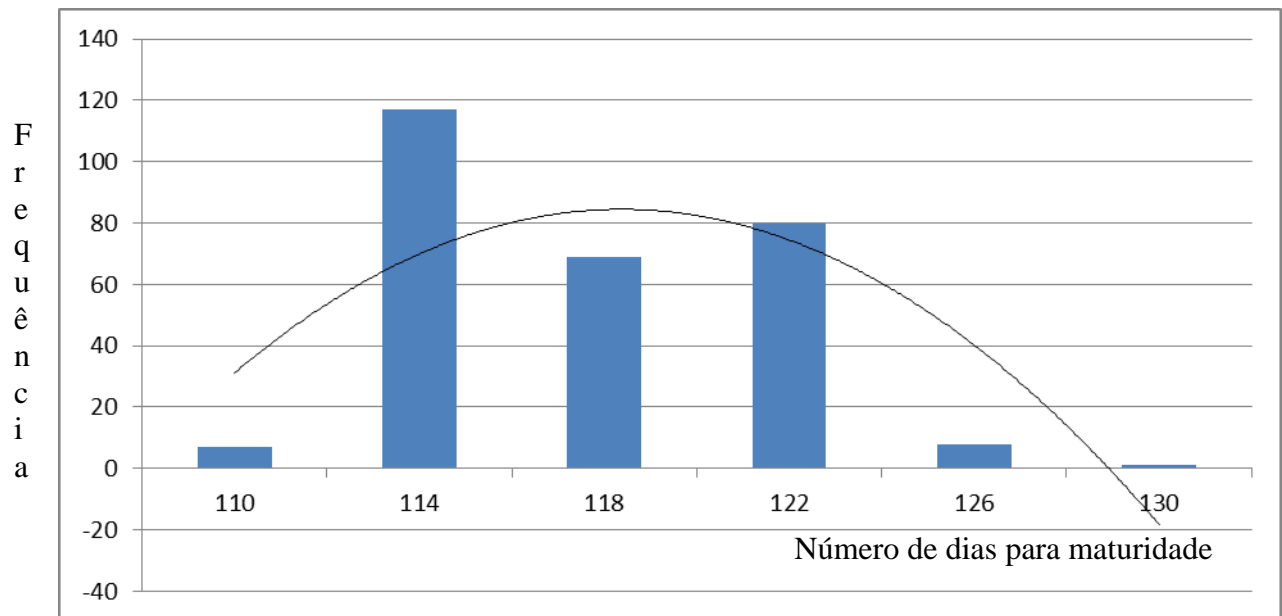


Figura 1: Frequência de distribuição da característica número de dias para maturidade de 282 genótipos de soja na geração F2 oriundas do cruzamento de Fundacep 39 x BRS Sambaíba.

Tabela1-Seqüências de nucleotídeos dos 34 marcadores polimórficos e monomórficos.

Marcadores	GL ¹	Sequencia 5' -3'	Anelamento (°C)	Polimorfismo
1 Satt277F Satt277R	C2	GGT GGT GGC GGG TTA CTA TTA CT CCA CGC TTC AGT TGA TTC TTA CA	58	Mono
2 Satt 239F Satt239R	I	GCG CCA AAA AAT GAA TCA CAA T GCG AAC ACA ATC AAC ATC CTT GAA C	61	Mono
3 Satt197F Satt197R	B1	CACTGCTTTTTCCCCTCTCT AAGATACCCCAACATTATTTGTAA	56,6	Poli
4 Satt 519F Satt 519R	B1	GGATTTCAAAGAATGAACACAGA CCGCAAGGTTACGAACTGCTCGAA	56,4	mono
5 Sat_064F Sat_064R		TAG CTT TAT AAT GAG TGT GAT AGA T GTA TGC AAG GGA TTA ATT AAG	47,1	Mono
6 Satt363F Satt363R	C2	TAGAGGGATCCAATTAGAATCCAAGAAA TCTTCGATCTTCATATTCATTTTTGTAA	58,2	Mono
7 Satt286F Satt286R	C2	GCGGCGTTAATTTATGCCGAAA GCGTTTGGTCTAGAATAGTTCTCA	56,8	Mono
8 Satt557F Satt557R	C2	GCGGGATCCACCATGTAATATGTG GCGCACTAACCTTTATTGAA	62	Mono
9 Satt307F Satt307R	C2	GCGCTGCGCTTTAGAAC GCGTTGTAGGAAATTTGAGTAGTAAG	53,9	Mono
10 Satt134F Satt134R	C2	TTTCTTGTGATTAAATTTATATGAAATATC TGC AGA TCT AAA AAT AAA AGT ATG	50,5	Mono
11 Satt100F Satt100R	C2	ACCTCATTTTGGCATAAA TTGGAAAACAAGTAATAATAACA	47,3	Poli
12 Satt319F Satt319R	C2	CAACTCAGTAGGGTCAATAACAA TGAAATAGGAAAATAAGGGAACA	55,8	Mono
13 Satt460F Satt460R	C2	GCGCGATGGGCTGTTGGTTTTTAT GCGCATACGATTTGGCATTTTTCTATTG	66,3	poli
14 Satt 038F Satt 038R	G	GGAATCTTTTTTCTTTCTATTAAGTT GGCATTGAAATGGTTTTAGTCA	56,1	poli
15 Satt163F Satt163R	G	AATAGCAGGAGAAAAGGAGAGA GTGTATGTGAAGGGGAAAAACTA	53,4	poli
16 Satt235F Satt235R	G	GCGGGCTTTGCCAAGAAGTTT GCGGTGAGGCTGGCTATAAG	60,2	Mono
17 Sat_315F Sat_315R	G	GCGTCATGGCTTCCCTAAAACAAAAATGTC GCGTGATGGATACTTCATCCACAGAATTATA	62,9	Mono
18 Satt324F Satt324R	G	GTCCCAGGTCACCATCTATG GCGTTTCTTTTATACCTTCAAG	54,3	Mono
19 Satt367F Satt367R	I	GCGGATATGCCACTTCTCTCGTGAC GCGGAATAGTTGCCAAACAATAATC	61,9	Mono
20 Satt587F Satt587R	I	GCGAATGGTTGCTCAAATAATC GCGCAAACCGCACAAGTTTATGT	58,8	Mono

Continua ...

Continuação Tabela 1

	Marcadores	GL ¹	Sequencia 5' -3'	Anelamento °C	Polimorfismo
21	Satt496F Satt496R	I	GCGATCCCTTTATGTTGGTATTACATT GCGGCACACAAGTAGTTGTGAACTAA	62	Mono
22	Satt354F Satt354R	I	GCGAAAATGGACACCAAAGTAGTTA GCGATGCACATCAATTAGAATATACAA	59,2	Mono
23	Satt249F Satt249R	J1	GCGGCAAATTGTTATTGTGAGAC GGCCAGTGGTGGAGGGATTTAGA	59	Mono
24	Satt285F Satt285R	J1	GCGACATATTGCATTA AAAACATACTT GCGGACTAATTCTATTTTACACCAACAAC	58,9	Mono
25	Sct_046F Sct_046R	J1	AAAAAGGAACTTCGTCA AAACTAAACAGTGTCCATAAGA	46,5	Mono
26	Satt686F Satt686R	J2	ACGAAAATAAATGAACTAAGA GCGCTATCAGATAGAGAAGCAGAAGAAT	52,3	poli
27	Satt529F Satt529R	J2	GCGCATTAAAGCATAAAAAAGGATA GCACAATGACAATCACATACA	54	poli
28	Satt215F Satt215R	J2	GCGCCTTCTTCTGCTAAATCA CCCATTCAATTGAGATCCAAAATTAC	58,3	Mono
29	Satt156F Satt156R	L	CGCACCCCTCATCCTATGTA CCA ACTAATCCCAGGGACTTACTT	55,3	poli
30	Satt166F Satt166R	L	TTGCACAGTTGATTTTGT GCATCGAATTTCTGGATTAC	52	Mono
31	Sat_099F Sat_099R	L	GCGAAAATGGCAGAGATAA AATGCTAAAAGAGGAATGAAATAA	51,9	31
32	Satt313F Satt313R	L	GCG GTA AGT CAT GGC TTT TTA ATC TT GCG CGA GGT ATG GAA CCT AAC TCA CA	62	32
33	Satt006F Satt006R	L	CAATGTGATTAGTTTTGGAAA GGGTTAATGTTGTTTTTATA	47	33
34	Sat_395 Sat_395	J	CGC GCT AGT TGA ATG AAT GT GCG CAT TGA GGA ATT TTT TAT	63,0	34

¹GL- Grupo de Ligação

Mono- comportamento monomórfico

Poli- comportamento polimórfico

Tabela 2- Teste χ^2 da segregação fenotípica da geração F_2 para os oito marcadores microssatélites polimórficos.

Marcador	Proporções ⁽¹⁾			Segregação	χ^2
	$A_i^1 A_i^1$	$A_i^1 A_i^2$	$A_i^2 A_i^2$		
Satt 197	58	132	66	1:2:1	0.0000 ^{ns}
Satt 313	65	133	70	1:2:1	0.9042 ^{ns}
Satt 460	47	88	56	1:2:1	0.3631 ^{ns}
Satt 038	47	79	52	1:2:1	0.2825 ^{ns}
Satt 163	59	91	79	1:2:1	0.0014 ^{ns}
Satt 686	63	126	64	1:2:1	0.9941 ^{ns}
Satt 529	65	135	74	1:2:1	0.7227 ^{ns}
Satt 156	73	234	61	1:2:1	0.0000 ^{ns}

⁽¹⁾ $A_i^1 A_i^1$ proporção observada do homocigoto para o alelo A^1 para o i ésimo marcador; $A_i^1 A_i^2$ proporção observada de heterocigotos para o i ésimo marcador; $A_i^2 A_i^2$ proporção observada do homocigoto para o alelo A^2 para o i ésimo marcador. ^{ns} não significativo a 5% de probabilidade.

Tabela 3 – Resumo das análises de marcas simples para número de dias para maturação, para cada um dos marcadores.

Marcador	GL	QM	F	R ²	Médias ⁽¹⁾		
					A ¹ _i A ¹ _i	A ¹ _i A ² _i	A ² _i A ² _i
Satt 197	1	22.6188	1.3612*	0.0053	118	119	119
Satt 313	1	7.5657	0.4634*	0.0017	119	119	118
Satt 460	1	42.8442	2.5553*	0.0133	118	119	120
Satt 038	1	3.4830	0.2055*	0.0012	118	119	118
Satt 163	1	4.9564	0.3142*	0.0014	119	118	118
Satt 686	1	15.5086	0.9683*	0.0038	119	118	119
Satt 529	1	23.1726	1.4403*	0.0053	118	119	119
Satt 156	1	5.6387	0.3449*	-306.8	119	118	119

⁽¹⁾A¹_iA¹_i médias de número de dias para maturação do homocigoto para o alelo A¹ para o iésimo marcador; A¹_iA²_i médias de número de dias para maturação dos heterocigotos para o iésimo marcador; A²_iA²_i médias de número de dias para maturação do homocigoto para o alelo A² para o iésimo marcador.