



UFG

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA
CONTEÚDO DE PROTEÍNA, ÓLEO E ÁCIDOS
GRAXOS EM SOJA**

BIANCA MURIEL GONÇALVES

Orientadora:
Prof.^a Leila Garcês Araújo

**TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR
VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES E DISSERTAÇÕES
NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG**

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a Lei nº 9610/98, o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou *download*, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

1. Identificação do material bibliográfico: ☒ Dissertação ☐ Tese

2. Identificação da Tese ou Dissertação:

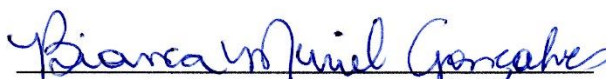
Nome completo do autor: *Bianca Muriel Gonçalves*

Título do trabalho: *Associação Genômica Ampla para Conteúdo de proteína, óleo e ácidos graxos em Soja*

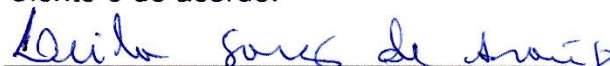
3. Informações de acesso ao documento:

Concorda com a liberação total do documento ☒ SIM ☐ NÃO

Havendo concordância com a disponibilização eletrônica, torna-se imprescindível o envio do(s) arquivo(s) em formato digital PDF da tese ou dissertação.


Assinatura do(a) autor(a)²

Ciente e de acordo:


Assinatura do(a) orientador(a)²

Data: 05/12/19

1 Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. A extensão deste prazo suscita justificativa junto à coordenação do curso. Os dados do documento não serão disponibilizados durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

2 A assinatura deve ser escaneada.

BIANCA MURIEL GONÇALVES

**ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA CONTEÚDO DE PROTEÍNA, ÓLEO
E ÁCIDOS GRAXOS EM SOJA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientadora:

Prof.^a Dr.^a Leila Garcês Araújo

Coorientadora:

Prof.^a Dr.^a Miriam Suzane Vidotti

Goiânia, GO – Brasil

2019

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do
Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Gonçalves, Bianca Muriel

Associação genômica ampla para conteúdo de proteína, óleo e
ácidos graxos em soja [manuscrito] / Bianca Muriel Gonçalves. - 2019.
63 f.

Orientador: Profa. Dra. Leila Garcês Araújo; co-orientadora Dra.
Miriam Suzane Vidotti; co-orientador Lorenná Lopes Sousa.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Escola
de Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e
Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2019.

Bibliografia. Anexos.

Inclui siglas, abreviaturas, gráfico, tabelas.

1. melhoramento de soja. 2. gwas. 3. óleo e proteína. 4. ácidos
graxos. I. Araújo, Leila Garcês, orient. II. Título.

CDU 633



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Ata nº 0073/2019 da sessão de Defesa de Dissertação de **Bianca Muriel Gonçalves**, que confere o título de **Mestre(a) em Genética e Melhoramento de Plantas**, na área de concentração em **Genética e Melhoramento de Plantas**.

Ao/s dezoito dias do mês de dezembro do ano de dois mil e dezenove, a partir da(s) 14:00horas, no **Auditório Roland Vencovsky do Prédio de Melhoramentos da EA/UFG**, realizou-se a sessão pública de Defesa de Dissertação intitulada “**Associação genômica ampla para conteúdo de proteína, óleo e ácidos graxos em soja**”. Os trabalhos foram instalados pelo(a) Orientador(a), **Prof. Dra. Leila Garcês de Araújo Orientadora (ICB-UFG)** com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: **Prof. Dr. Alexandre Siqueira Guedes Coelho (UFG/EA)**, membro titular externo; **Dr. Saulo Muniz Martins (Embrapa Arroz e Feijão)** e **Prof. Dra. Miriam Suzane Vidotti (UFG/EA)**, membro titular interno. Durante a arguição os membros da banca não / fizeram sugestão de alteração do título do trabalho [se for o caso inserir: conforme explicitado abaixo]. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Dissertação, tendo sido(a) o(a) candidato(a) **aprovado(a)** pelos seus membros. Proclamados os resultados pelo(a) **Prof. Dra. Leila Garcês de Araújo Orientadora (ICB-UFG)**, Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora, ao(s) **dezoito dias do mês de dezembro do ano de dois mil e dezenove**.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA



Documento assinado eletronicamente por **Alexandre Siqueira Guedes Coelho, Professor do Magistério Superior**, em 20/01/2020, às 15:05, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **BIANCA MURIEL GONÇALVES, Usuário Externo**, em 21/01/2020, às 10:11, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Leila Garcês De Araujo, Professora do Magistério Superior**, em 21/01/2020, às 10:30, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Miriam Suzane Vidotti, Professora do Magistério Superior-Substituta**, em 21/01/2020, às 14:05, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).

Documento assinado eletronicamente por **SAULO MUNIZ MARTINS, Usuário Externo**, em

24/01/2020

SEI/UFG - 1104184 - Ata de Defesa de Dissertação



22/01/2020, às 09:33, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site

[https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?](https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0)

[acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0](https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **1104184** e o código CRC **E28CA3C4**.

Referência: Processo nº 23070.046302/2019-14

SEI nº 1104184

Àqueles que têm respeito e empatia por alunos que sofrem de ansiedade e depressão.

Aos professores em sua busca incansável por conhecimento e dedicação à profissão.

À minha família que me apoiou todos os dias de minha jornada.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Goiás (UFG), pela oportunidade que me foi concedida mais uma vez, de estudar nessa instituição. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudo. À Agência Goiana de Assistência Técnica, Extensão Rural e Pesquisa Agropecuária (Emater-GO), pela parceria e apoio desta pesquisa.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PPGGMP-UFG) pela oportunidade de cursar meu tão sonhado mestrado; e aos professores, pelos conhecimentos compartilhados dentro e fora das salas de aula. Em especial, ao professor Dr. Alexandre Guedes Coelho, por toda a paciência, disponibilidade, sabedoria, ensinamentos e todas as dezenas de vezes que pausou suas atividades para me aconselhar nas minhas. E também ao professor Dr. Sérgio Tadeu Sibov, por todos os conselhos relacionados à pós-graduação nos tempos em que parecia não haver um caminho, e pelo humor diferenciado que faz rir a todos que passam pelo corredor do melhoramento. Meu respeito e admiração pelos senhores é inestimável.

À minha orientadora Dr.^a Leila Garcês Araújo, por ter aceitado o desafio de me orientar em condições tão complicadas, por todas as vezes que me lembrou e cobrou prazos, por todas as correções e orientações, e pela imensa paciência que teve comigo. À minha coorientadora Dr.^a Miriam Suzane Vidotti, pela disponibilidade de me ajudar, mesmo quando me coorientar ainda não era cogitado, por todos os conselhos e correções. Por toda orientação, cobrança, ensinamentos: sem vocês, eu não teria terminado o mestrado. Vou leva-las como exemplo de professoras e de mulheres. Não há palavras suficientes para lhes agradecer.

À professora Dr.^a Silvana Petrofeza da Silva (*in memorian*), pela importante lição que me deu e que só aprendi quando já não estava mais conosco. Se eu soubesse antes, o que sei hoje não teria lhe deixado ir sem dizer que te admiro. Não teria criado uma barreira entre nós, e teria tentado quebrar as suas. Você não será esquecida.

Aos meus colegas da pós-graduação, por todo apoio, carinho e lanches. Em especial ao Pedro Henrique, pelas inúmeras vezes que me ajudou com os benditos vasos e outros trabalhos pesados, como os scripts do R que insistiam em não rodar. À Ikio Aline,

Samella, Rodrigo Carlos, Kellen, Kleibe, Dhiovanna, Angelina e Ailton, por todo apoio, seja intelectual, emocional ou prático. Às colegas de laboratório, Aline e Lídia, por fazerem o tempo passar mais rápido nas intermináveis extrações de DNA.

Ao professor Dr. João Batista Duarte e à Dr.^a Keyla de Oliveira Ribeiro, por disponibilizar os dados fenotípicos que tornaram possível essa pesquisa. Ao professor Dr. Marcos Gomes da Cunha, por todo o apoio no projeto inicial. À professora Dr.^a Rosália Santos Amorim Jesuíno do Instituto de Ciências Biológicas - UFG, pela ajuda na escolha de genes candidatos, mas principalmente, pela conversa libertadora e as palavras de incentivo.

Aos secretários do PPGGMP-UFG, Jéssica e Weberth pela dedicação com o programa e com os alunos. À Elizane, profissional da limpeza, essa mulher incrível e guerreira que mantém o funcionamento do prédio de melhoramento. E à banca examinadora, da defesa e qualificação, pela disponibilidade e contribuições.

À minha mãe e avó, pelo incentivo a lutar pelos meus sonhos e pelo que acredito. Ao tio Lillo, pelo estímulo à leitura e a todos os livros que me presenteou. Ao meu pai, que esteve comigo até mesmo nos dias em que discordávamos de tudo. Sem vocês, eu não teria chegado até aqui.

À Grazielle, que me ensinou a respirar novamente.

Não sei como expressar o quanto sou grata a vocês, e a todos aqueles que me incentivaram e apoiaram ao longo desses dois anos de mestrado, de forma direta ou indireta.

Muito obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO	8
ABSTRACT	9
1 INTRODUÇÃO	10
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	13
2.1 IMPORTÂNCIA DA CULTURA DE SOJA	13
2.2 COMPOSIÇÃO DE PROTEÍNA, ÓLEO E ÁCIDOS GRAXOS EM SOJA	14
2.3 MAPEAMENTO ASSOCIATIVO	16
2.4 ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA EM SOJA	19
3 MATERIAL E MÉTODOS	25
3.1 MATERIAL VEGETAL.....	25
3.2 FENOTIPAGEM.....	25
3.3 DADOS GENÔMICOS	26
3.4 ESTRUTURA POPULACIONAL E DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO	26
3.5 ANÁLISE DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA	27
3.6 GENES CANDIDATOS	28
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
4.1 ESTRUTURA DE POPULAÇÃO	29
4.2 DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO	31
4.3 ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA.....	32
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	40
6 REFERÊNCIAS	41
ANEXO	48

RESUMO

GONÇALVES, B. M. **ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA CONTEÚDO DE PROTEÍNA, ÓLEO E ÁCIDOS GRAXOS EM SOJA**. 2019. 64 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, 2019.¹

Nos últimos anos tem crescido o interesse de programas de melhoramento visando o desenvolvimento de genótipos superiores de soja para fins específicos, como por exemplo a alimentação humana, sendo os caracteres teor de proteína, óleo e ácidos graxos importantes para esses propósitos. O objetivo desse estudo foi identificar regiões genômicas relacionadas ao conteúdo de proteína, óleo e ácidos graxos (ácidos palmítico, esteárico, oleico, linoleico e linolênico) em 416 acessos de soja por meio de análises de associação genômica ampla. Os dados fenotípicos foram obtidos em ensaio de campo conduzido sob o delineamento de blocos aumentados de Federer na Unidade Experimental da Seagro-GO, em Senador Canedo-GO, na safra 2007/2008. Os teores de cada componente foram quantificados por métodos específicos para cada um a partir das sementes. Os acessos foram genotipados com o chip Illumina Infinium SoySNP50K Bead Chip com 52.041 marcadores *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs). Verificou-se que não há padrões de estrutura genética ou parentesco no painel, condição ideal para a análise. Após a análise de associação genômica ampla foram identificados 12 SNPs significativos localizados em sete cromossomos: três SNPs significativos para teores de óleo e proteína em semente, dois SNPs para teor de ácido esteárico em semente e um SNP para cada um dos caracteres restantes. Os genes candidatos, dentre eles fatores de transcrição e enzimas, encontram-se relacionados direta ou indiretamente com os caracteres analisados. Esses resultados podem auxiliar tanto na compreensão da arquitetura genética dos caracteres em questão, quanto servir como ferramenta para o melhoramento da soja visando o desenvolvimento de genótipos com composições específicas.

Palavras-chave: *Glycine max*, GWAS, melhoramento de soja, genes candidatos, composição química.

¹Orientadora: Prof.^a Dr.^a Leila Garcês Araújo. EA – UFG
Coorientadora: Prof.^a Dr.^a Miriam Suzane Vidotti. EA – UFG

ABSTRACT

GONÇALVES, B. M. **GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDIES FOR PROTEIN, OIL, AND FATTY ACIDS CONTENTS IN SOYBEAN.** 2019. 64 f. Dissertation (Master's Degree in Genetics and Plant Breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, 2019.¹

There has been growing interest in breeding programs with the aim of the development of superior soybean genotypes for specific purposes, such as human feed. Therefore, traits such as protein, oil, and fatty acids content are important to achieve these purposes. The aim of this research was to identify genomic regions associated with the protein, oil, and fatty acids contents (palmitic, stearic, oleic, linoleic, and linolenic acids) in seed, in 416 soybean accessions through genome-wide association studies. The phenotypic data were obtained through a field trial carried out in augmented blocks of Federer at the experimental unit of Seagro-GO, in Senador Canedo-GO, in 2007/2008 growing season. The contents of protein, oil, and fatty acids was quantified by specific methods from the seeds. The accessions were genotyped with the Illumina Infinium SoySNP50K Bead Chip with 52.041 single nucleotide polymorphisms (SNPs) markers. It was found that there are no genetic structure patterns or kinship in the panel, an ideal condition for the analysis. Following broad genomic association analysis, twelve significant SNPs located on seven chromosomes were identified: three significant SNPs for oil and protein content in seed, two SNPs for stearic acid content in seed and one SNP for each of the remaining traits. Candidate genes included transcription factors and enzymes related directly or indirectly to the characters analyzed. Detected markers can support identify genotypes with traits of interest.

Keywords: *Glycine max*, GWAS, soybean breeding, candidate gene, seed compound.

¹Advisor: Prof.^a Dr.^a Leila Garcês Araújo. EA – UFG

Co-Advisor: Prof.^a Dr.^a Miriam Suzane Vidotti. EA – UFG

1 INTRODUÇÃO

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma cultura de importância econômica mundial. Os Estados Unidos, Brasil e Argentina destacam-se como produtores e exportadores da oleaginosa. A produção mundial de soja na safra 2019/20 está estimada para aproximadamente 338 milhões de toneladas (USDA, 2019).

A soja é o principal produto agropecuário do Brasil, correspondendo a 21% do Valor Bruto da Produção (VBP) total do país em 2019 (MAPA, 2019). A estimativa de produção de soja no país é de 123 milhões de toneladas na safra 2019/20, e de exportação é de 76,5 milhões de toneladas de soja em grão, 15,2 milhões de toneladas em farelo e 1,1 milhões de toneladas em óleo (USDA, 2019).

No Brasil, o farelo e o óleo têm mais mercado direto que o grão. O processamento da soja resulta em 80% de farelo e 20% de óleo (Souza et al., 2010). O farelo de soja destaca-se pelo teor de proteína (40%) em comparação a outras fontes de proteína vegetal e contém quase todos os aminoácidos essenciais na nutrição de humanos, aves e suínos (Liu, 1997; Enders, 2001; Wilson, 2004; Souza et al., 2010; Phansak et al., 2016; Rodrigues et al., 2010). Essa oleaginosa também é usada na alimentação de vegetarianos e em programas mundiais de nutrição (Singh et al., 2008; Kumar et al., 2017).

Além disso, o óleo de soja representa aproximadamente 70% da matéria prima utilizada na produção de biodiesel (ANP, 2019), componente obrigatório na mistura ao óleo diesel desde 2008, no Brasil. Esta mistura é necessária, pois, a emissão de hidrocarbonetos na queima de biodiesel derivado de soja é inferior em comparação ao óleo diesel comum, derivado de petróleo (Costa Neto et al., 2000).

O óleo de soja é uma mistura complexa de cinco ácidos graxos com diferentes pontos de fusão, estabilidades oxidativas e funcionalidades químicas (Cahoon, 2015), com destaque para estabilidade oxidativa. Para propriedades industriais prioriza-se a estabilidade oxidativa. Além disso, dietas ricas em ácidos graxos saturados são associadas com colesterol alto e o aumento de doenças (Lee et al., 2004), por isso, o melhoramento busca genótipos com maior conteúdo de ácidos graxos insaturados.

O principal objetivo dos programas de melhoramento de soja é a obtenção de genótipos superiores quanto a produtividade de grãos, precocidade, resistência a estresses

bióticos e abióticos, e qualidade da semente para fins industriais. A obtenção de cultivares para consumo na alimentação humana baseia-se na seleção para composição do grão como conteúdo de óleo, de proteínas e de carboidratos (Bezerra et al., 2017). Estes caracteres em soja são quantitativos, ou seja, apresentam grande efeito ambiental e baixa herdabilidade (Silva et al., 2017). O teor de proteína e óleo são caracteres de herança quantitativa determinados pela interação de vários genes sujeitos a interações entre genótipo e ambiente (Hwang et al., 2014).

As regiões genômicas associadas a caracteres quantitativos são denominadas QTLs (*Quantitative Trait Loci*) e são identificadas com o auxílio de marcadores moleculares (Mackay, 2001; Collard et al., 2005). Dentre esses, os marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*), que correspondem a polimorfismos de base única, ganharam destaque em análises genômicas devido à distribuição aleatória e abundante no genoma, além da economia de tempo e custo para identificação e genotipagem desses marcadores (Grover et al., 2016; Garrido-Cardenas et al., 2018).

Uma das ferramentas disponíveis para a identificação de regiões genômicas associadas a caracteres de interesse são os estudos de associação genômica ampla ou GWAS, (do inglês *Genome-Wide Association Studies*) ou associação genômica ampla. Esta análise em soja foi relatada para diversos caracteres, por exemplo: conteúdo de óleo e proteína (Hwang et al., 2014); peso de grãos (Zhang et al., 2016); altura de planta, florescimento e maturação (Zhang et al., 2015); tolerância à salinidade (Patil et al., 2016); e resistência ao nematoide de cisto (Vuong et al., 2015). A análise de associação genômica ampla apresenta várias vantagens em comparação com outros métodos, entre eles, a possibilidade de estudar populações naturais, de melhoramento ou de germoplasma, sem a necessidade de obtenção de populações resultantes de cruzamento (Hwang et al., 2014).

Um os trabalhos mais extensos de caracterização fenotípica para conteúdo de óleo, proteína e ácidos graxos de acessos de soja no Brasil é de Ribeiro (2011). Neste foram avaliados mais de 500 acessos de soja pertencentes a uma subcoleção de soja do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) mantidos pela Agência Goiana de Assistência Técnica, Extensão Rural e Pesquisa Agropecuária (Seagro-GO), atual Emater (Agência Goiana de Assistência Técnica, Extensão Rural e Pesquisa Agropecuária). Esses dados poderiam ser utilizados como um painel para identificação de regiões genômicas associadas aos caracteres anteriormente mencionados, tendo em vista que esse tipo de informação é incipiente a partir do *background* genético brasileiro. Por sua vez, informações dessa natureza poderiam ser

úteis para os programas de melhoramento de soja no Brasil que visam o desenvolvimento de genótipos superiores para fins específicos, como por exemplo, para a alimentação humana. Dessa forma, o objetivo desse estudo foi detectar regiões genômicas associadas ao controle do conteúdo de proteína, óleo e ácidos graxos (palmítico, esteárico, oleico, linoleico e linolênico) em semente, em acessos de soja por meio de análises de associação genômica ampla.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 IMPORTÂNCIA DA CULTURA DE SOJA

Os primeiros relatos do uso de soja são da China há mais de 4.000 anos (Bonato & Bonato, 1987). Não há consenso sobre o centro de domesticação, pois plantas selvagens da espécie ocorrem na China, Japão, Coreia e no leste extremo da Rússia (Carter et al., 2004). A distribuição da espécie no mundo é ampla, sendo cultivada em vários países da Ásia como Japão, Coreia do Sul, Coreia do Norte, Indonésia, Tailândia e Vietnã, em países europeus como Ucrânia, Rússia, Itália, Romênia, Sérvia e França, em poucas áreas da África, e nas américas (Qiu & Chang, 2006), em que estão os maiores produtores mundiais de soja: Estados Unidos, Brasil e Argentina.

A introdução de soja nas américas começou em 1765 nos Estados Unidos e em 1882 no Brasil. Acessos da China, Coreia do Sul, Coreia do Norte e Japão foram coletados (a partir de 1927) para compor o germoplasma dos Estados Unidos e utilizados como genitores primários do melhoramento de soja no país (Qiu & Chang, 2006). No Brasil, as primeiras introduções da espécie não apresentaram bom desempenho, e os estudos para “tropicalização” iniciaram em 1892 (Bonato & Bonato, 1987; Qiu & Chang, 2006; Silva et al., 2017).

A produção de soja cresceu expressivamente a partir de 1949, devido ao crescimento da área de cultivo, ano em que o país entrou para as estatísticas internacionais como produtor de sementes oleaginosas. A pesquisa com soja foi intensificada após o acordo entre Brasil e Estados Unidos, em 1965, quando cultivares norte americanas foram introduzidas, avaliadas e recomendadas para o Brasil (Dall’Agnol, 2016). Com o aumento significativo da área plantada de soja no Brasil o setor do agronegócio apresentou alterações. Dessa forma, o transporte e infraestrutura de armazenamento de grãos, assim como a profissionalização e urbanização, foram expandidos (Cattelan & Dall’agnol, 2018).

O Brasil produz aproximadamente 33% da soja cultivada no mundo (USDA, 2019). A produtividade foi reduzida nas décadas de 50 e 60, devido à expansão da cultura para ambientes não favoráveis, entretanto, a produção apresentou crescimento contínuo a

partir da década de 70 (Dall'Agnol, 2016). A produtividade da soja no país aumentou 20% em 10 anos, de 2.823 kg/ha (2006/07) para 3.394 kg/ha (2017/18). Apesar do crescimento de 1,9% na área de plantio (2018/19), totalizando quase 35,9 milhões de hectares plantados, estima-se redução de 4,9% na produção quando comparado com a safra 2017/18. As regiões Centro-Oeste e Sul são responsáveis por mais de 78% dessa produção (CONAB, 2019).

As estimativas de exportações brasileiras do complexo soja são de 70 milhões de toneladas de grãos, 14,4 milhões de toneladas de farelo e 1,1 milhões de toneladas de óleo para a safra 2018/19. A China importou aproximadamente 80% do grão nacional na safra 2017/18, entretanto, esses valores possivelmente reduzirão devido ao término da guerra comercial entre Estados Unidos e China. O principal destino dos outros derivados de soja produzidos no Brasil na safra 2017/18 foram a Índia, que importou 54% do óleo, e a Tailândia, França e Alemanha que importaram 24% do farelo (CONAB, 2019).

A soja é definida como um alimento funcional em razão dos diversos benefícios para a saúde, reduzindo o risco de doenças crônicas não transmissíveis e alguns tumores, além de prevenir sintomas da menopausa (Miranda & Rodrigues, 2015). A China é o país que mais consome essa leguminosa na alimentação humana, o grão fermentado dá origem a comidas típicas como natto, misô e shoyo. Além disso, iogurte e tofu são feitos baseados no extrato de soja, e a soja hortalíça é preparada em saladas e aperitivos (Juhász et al., 2017).

No Brasil, o grão é empregado, principalmente, no processamento de produtos industriais como embutidos, massas prontas e chocolates. O óleo e farelo são as formas mais utilizadas para consumo humano e animal, respectivamente (Juhász et al., 2017). O consumo do grão de soja pela população brasileira é pequeno, e os motivos para isso são a ausência do hábito de consumo do grão, assim como de informação sobre seus benefícios (Miranda & Rodrigues, 2015; Juhász et al., 2017).

2.2 COMPOSIÇÃO DE PROTEÍNA, ÓLEO E ÁCIDOS GRAXOS EM SOJA

Os teores dos componentes químicos dos grãos maduros de soja geralmente são apresentados em porcentagem, que em média têm: 40% de proteínas, 30% de carboidratos, 23% de lipídios, 6% de fibras, 5% de cinzas, e contem ainda minerais e vitaminas, com base na matéria seca (Juhász et al., 2017). Embora a soja tenha baixo conteúdo de aminoácidos sulfurados, os grãos de soja apresentam o maior teor de proteína bruta entre vegetais,

aproximadamente de 35 a 50%, e contem componentes nutricionais indispensáveis para dieta humana e animal. Essas proteínas são encontradas principalmente em corpúsculos proteicos especiais nas células cotiledonares.

Um estudo de caracterização demonstrou que o teor de proteína em soja no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Seagro varia de 35,7 a 44%, com média de 39%, mas apresenta baixa variabilidade quando comparado à coleção do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (Ribeiro, 2011). O desenvolvimento de cultivares de soja com maiores concentrações de proteína total pode ser realizado via melhoramento clássico, mas abordagens como mutagênese ou engenharia genética são necessárias para aumentar os teores de aminoácidos sulfurados. Porém, a correlação negativa entre proteína e produção tem dificultado o desenvolvimento de novas cultivares com níveis mais altos de aminoácidos essenciais (Wilson, 2004; Warrington et al., 2015; Juhász et al., 2017).

O óleo constitui 20% do produto de soja e suas propriedades industriais ou potenciais são determinadas conforme a quantidade e relação de ácidos graxos saturados e insaturados. Os lipídios têm ampla função fisiológica em soja, atuam como componentes de membrana, reserva de energia e meio solvente para substâncias solúveis em lipídios (Gerde & White, 2008). O teor de óleo avaliado por Ribeiro (2011) variou de 14,8 a 18,5%, com média de 16,7%.

O óleo de soja tem uma composição média de ácidos graxos saturados: de 10 a 11% de ácido palmítico (16:0) e 4% de ácido esteárico (18:0); monoinsaturados: de 22 a 35% do ácido oleico (18:1); e poli-insaturados: 53% de ácido linoleico (18:2), e 9% de ácido linolênico (18:3) (Wilson, 2004; Juhász et al., 2017). O primeiro número da abreviação desses ácidos graxos indica a quantidade de átomos de carbono, e o segundo representa o número de ligações insaturadas de carbono-carbono na molécula (Wilson, 2004).

Os ácidos linoleico e linolênico são essenciais à alimentação humana e podem diminuir o colesterol prejudicial no sangue e o risco de doenças cardiovasculares. No entanto, estes ácidos são instáveis e propensos à oxidação por lipoxigenases e afetam negativamente o sabor e tempo de prateleira de produtos de soja (Kumar et al., 2006; Fan et al., 2015). Ribeiro (2011) também quantificou os teores de ácidos graxos em soja e encontrou valores médios de 52,6 e 6,5% para os ácidos linoleico e linolênico, respectivamente.

Por outro lado, ácidos graxos monoinsaturados, como o ácido oleico, apresentam estabilidade de oxidação e, devido a isso, são mais adequados para aplicações industriais. Portanto, genótipos de soja com baixos teores de ácido linolênico e ácido

linoleico e altos teores de ácido oleico são priorizados para produção de alimentos a fim de obter óleo de soja com grande estabilidade oxidativa natural (Kumar et al., 2006; Galão et al., 2014; Fan et al., 2015). Para ácido oleico, Ribeiro (2011) encontrou a média de 25,3%. Esse valor é baixo em relação aos transgênicos que passaram pelo evento de supressão gênica e apresentam conteúdos acima de 85% do total de óleo (Cahoon, 2015).

Os ácidos saturados apresentam propriedades funcionais para aplicação em determinados insumos como margarina e itens de confeitaria. O ácido palmítico é o ácido graxo saturado predominante em óleo de soja, e reduzi-lo é um objetivo do melhoramento, pois está associado a propriedades de colesterogenese. Por outro lado, o ácido esteárico, apesar de saturado, não apresenta risco de aumento de colesterol, e por isso é preferido em relação ao ácido palmítico (Lee et al., 2004). A caracterização de ácidos graxos no BAG de soja da Emater feita por Ribeiro (2011) apresentou médias de 11,9 e 2,1% para os teores de ácido palmítico e esteárico, respectivamente. Em geral, para objetivos industriais, o alto teor de ácidos saturados é almejado. Mas para consumo humano, prefere-se altos teores de ácidos insaturados e baixos teores de ácidos saturados.

2.3 MAPEAMENTO ASSOCIATIVO

As regiões cromossômicas responsáveis pela expressão fenotípica de caracteres quantitativos são denominadas QTLs (*Quantitative Trait Loci*) e são mapeadas com o auxílio de marcadores genético moleculares (Unêda-Trevisoli et al., 2017). Marcadores moleculares são amplamente aplicados no melhoramento e seleção genômica e seu uso tem como princípio a ligação gênica dos marcadores com os QTLs de interesse (Resende et al., 2013). Vários marcadores foram desenvolvidos ao longo dos anos e usados para construção de mapas genéticos em soja: marcadores RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphisms*), marcadores baseados em PCR (*Polymerase Chain Reaction*) como RAPD (*Random-Amplified Polymorphic DNA*) e microssatélites (ou SSR – *Simple Sequence Repeat*), marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) e DArTs (*Diversity Array Technology*), entre outros (Schuster, 2017).

Os marcadores SNPs destacam-se devido à sua distribuição aleatória e abundante no genoma, além do desenvolvimento de sistemas de detecção de SNPs de alta densidade, que possibilitam estudos de mapeamento e seleção assistida por marcadores em diversas espécies (Collard et al., 2005). SNPs são alterações de um único par de bases

identificadas na comparação de sequências de DNA genômico de indivíduos da mesma espécie (Brookes, 1999; Unêda-Trevisoli et al., 2017). Além disso, na procura por SNPs ao longo do genoma, inserções e deleções (indels) de uma única base são encontradas e podem ser adicionadas a listas e bancos de dados de SNPs (Brookes, 1999). A frequência de SNPs no genoma de plantas pode variar de um a cada 100 até 300 pb, dependendo da espécie (Unêda-Trevisoli et al., 2017).

Fatores genéticos ou locos posicionados muito próximos no mesmo cromossomo estão fisicamente ligados e por isso são herdados em conjunto, desviando dos padrões da Lei da Segregação Independente. A ligação entre dois locos é denominada completa quando a distância entre ambos é muito curta, e parcial quando, apesar de pertencerem ao mesmo grupo de ligação, a distância entre ambos é grande (Resende et al., 2013).

A associação não aleatória de diferentes locos é conhecida como desequilíbrio de ligação (LD) ou desequilíbrio da fase gamética, e é fundamental para o mapeamento de QTLs e outras abordagens como seleção genômica e seleção auxiliada por marcadores (Schuster, 2017; Resende et al., 2013). Quando o marcador e o QTL de interesse estão em equilíbrio, a segregação entre eles ocorre independentemente e não tem utilidade para o mapeamento e seleção. Mas quando um marcador está ligado a um QTL, os alelos do marcador são informativos a respeito dos efeitos do loco que controla o caráter (Resende et al., 2013). O desequilíbrio de ligação para locos muito próximos persiste por várias gerações, mas a tendência é de que o LD decresça ao longo das gerações quando locos têm ligação fraca (Resende et al., 2013).

O desequilíbrio de ligação pode ser calculado a partir da frequência ou probabilidade de haplótipo de dois ou mais genes (ex.: $D = \text{prob}(AB) - \text{prob}(A)b - \text{prob}(a)B$), para os locos bi-alélicos A e B. Porém, essa estatística não é apropriada para a comparação de LD de muitos pares de locos, pois depende da frequência de alelos individuais. O LD também pode ser calculado com o estimador D' , que é a estatística D padronizada pelo D máximo. No entanto, quando as frequências alélicas são baixas ou o tamanho amostral é pequeno essa medida pode ser inflacionada (Resende et al., 2013).

A estatística mais apropriada para análise LD multilocos é a de r^2 ($r^2 = D^2 / [\text{prob}(A)\text{prob}(a)\text{prob}(B)\text{prob}(b)]$), pois a dependência de frequências alélicas é menor. O valor de r^2 aumenta com o desequilíbrio entre locos: quando os pares de locos não estão em LD, r^2 tem valor igual a zero e quando estão em completo LD, r^2 tem valor igual a um (Resende et al., 2013).

Ambas estatísticas, r^2 e D' , são influenciadas por tamanho amostral pequeno e frequências alélicas baixas. No entanto, esses fatores afetam em maior grau a estatística D' , devido à menor probabilidade de observação das quatro combinações alélicas. Além disso, a estatística r^2 é mais utilizada em análises de resolução de estudos de associação, pois indica a correlação entre marcadores e QTL de interesse (Flint-Garcia et al., 2003).

A escolha do método de mapeamento, assim como o mínimo de marcadores necessários para a análise dependem da extensão e distribuição do desequilíbrio de ligação (Rafalski, 2002). As abordagens mais utilizadas para identificação de QTLs são o mapeamento via análise de ligação e o mapeamento associativo, ou mapeamento via análise de desequilíbrio de ligação (Zhu et al., 2008). No mapeamento via análise de ligação geralmente são utilizadas populações como F_2 e RILs (linhagens endogâmicas recombinantes). Devido aos poucos eventos de recombinação ocorridos nessas populações a resolução do mapa é relativamente baixa, com QTLs localizados em intervalos de 10 a 20 cM (Korte & Farlow, 2013). O desequilíbrio de ligação em populações F_2 é máximo, porém decai após o avanço de gerações por recombinações em consequência da distância entre marcadores e QTLs (Resende et al., 2013; Schuster, 2017).

O mapeamento via análise de desequilíbrio de ligação (LDA), ou mapeamento associativo apresenta algumas vantagens em comparação ao método por análise de ligação. A população sob estudo nessa abordagem é baseada em coleções de germoplasmas, cultivares ou linhagens de melhoramento, em que eventos de recombinação antigos e recentes são analisados. Em consequência, a análise é baseada em nível populacional e não apenas de famílias e mais eventos de recombinação são captados. Dessa forma, a resolução é ampliada e o desequilíbrio perdura por várias gerações (Flint-Garcia et al., 2003; Zhu et al., 2008; Resende et al., 2013; Schuster, 2017).

A associação pode ser identificada quando o marcador tem efeito direto no caráter, isso significa que a mutação é funcional e passa a ser denominada QTN (nucleotídeo de característica quantitativa). Ou, quando o marcador está em desequilíbrio de ligação com o fator genético que controla o caráter (Resende, 2013).

O mapeamento associativo pode ser dividido em duas categorias de acordo com o foco e escala da pesquisa, o mapeamento associativo de genes candidatos e os estudos de associação genômica ampla (GWAS, do inglês *Genome-Wide Association Studies*). A primeira abordagem procura associações apenas dentro de genes pré-selecionados para uma variação fenotípica específica. Os genes pré-selecionados de diferentes indivíduos são

sequenciados e as mutações encontradas passam por análise de associação aos fenótipos. Essa abordagem é problemática quando a mutação responsável pela variação fenotípica está em genes que não foram pré-selecionados para a análise (Zhu et al., 2008).

Nas análises de GWAS, os marcadores estão localizados aleatoriamente em todo o genoma e podem ser associadas diferentes variações fenotípicas a diferentes marcadores (Zhu et al., 2008; Resende et al., 2013). Um aspecto importante para a análise de GWAS é verificar se existe estruturação na população, uma vez que essa pode provocar associações espúrias entre marcadores e fenótipos (Schuster, 2017).

A probabilidade de detecção de um QTL na população quando ele realmente existe, também denominado poder do teste, depende de diferentes fatores, dentre eles: r^2 entre marcador e QTL, dimensão do efeito do QTL na variação fenotípica, tamanho amostral e nível de significância priorizado. A significância do teste é a probabilidade máxima de risco de rejeição da hipótese H_0 quando é verdadeira (erro tipo I) que o pesquisador admite. O nível de significância empregado em GWAS deve levar em consideração que o nível nominal não corresponde ao realizado no experimento, devido aos milhares de marcadores em teste. Adotar o nível de significância de 5% significa aceitar 5% dos resultados como falsos positivos, esse valor se torna muito grande quando testando um conjunto de milhares de marcadores (Resende et al., 2013).

Técnicas de correção podem amenizar a taxa de falsos positivos do teste, como Bonferroni, de permutação e FDR. O teste de permutação é adequado para definir níveis de significância associados a uma proporção aceitável de falsos positivos. A taxa de descobertas falsas (FDR) é a proporção esperada de QTLs detectados pela análise que são falsos positivos (Resende et al., 2013).

2.4 ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA EM SOJA

O sequenciamento do genoma da soja apresentou 950 megabases (Mb) de sequências montadas e ancoradas. Isso representa 85% da sequência predita para essa espécie que contém $n = 20$ cromossomos (Schmutz et al., 2010). Além disso, esses autores relatam que 17,7 Mb de sequências que não foram ancoradas (scaffolds), constituídas de principalmente de sequências repetitivas.

Análises genéticas que envolvem todo o genoma demandam grande volume de marcadores moleculares, mesmo em espécies com LD extenso como a soja (Song et al.,

2013). Marcadores SNPs têm abundância considerável em plantas (um a cada 100-300pb), baixa taxa de mutação e, devido às tecnologias de sequenciamento de nova geração, esses marcadores são identificados com alto rendimento e baixo custo (Singh & Singh, 2015). Esses fatores contribuíram para a popularidade dos SNPs em pesquisas envolvendo análises genômicas e a construção de plataformas de genotipagem SNP para diferentes espécies.

Plataformas de genotipagem de alto rendimento já foram desenvolvidas para diferentes espécies. A genotipagem de alto rendimento refere-se à análise simultânea de centenas ou milhares de marcadores em centenas ou milhares de indivíduos (Singh & Singh, 2015). Em soja, Song et al. (2013) desenvolveram o chip de alto rendimento SoySNP50K iSelect BeadChip, que tem capacidade para genotipar 52.041 SNPs por meio da tecnologia Illumina Infinium II[®]. Os sistemas Illumina Infinium são plataformas que envolvem a genotipagem de SNPs em todo o genoma. Esses sistemas usam microesferas com sondas Infinium II acopladas, em que a terminação 3' é posicionada no último nucleotídeo ao lado da posição do SNP alvo e um sinal é gerado quando o nucleotídeo é adicionado ao loco alvo (Singh & Singh, 2015).

O SoySNP50K iSelect BeadChip já foi utilizado em estudos de diversidade genética (Bandillo et al., 2015; Song et al., 2015) e em análises de GWAS de diferentes características, como: florescimento, maturação, altura e peso de planta (Zhang et al., 2015); peso de grão (Zhang et al., 2016); tolerância à salinidade (Patil et al., 2016); resistência a nematoide de cisto (Vuong et al., 2015; Zhang et al., 2016); e conteúdo de proteína, óleo e ácidos graxos (Lee et al., 2019). Outras abordagens também foram utilizadas para identificação e uso de SNPs em GWAS para caracteres agronômicos em soja (Fang et al., 2017; Hwang et al., 2014; Li et al., 2019; Sonah et al., 2015).

Análises GWAS para conteúdo de proteína e óleo apresentaram associações em diversas regiões de diferentes cromossomos de soja (Tabela 1). Bandillo et al. (2015) encontraram associações significativas para óleo nos cromossomos 5, 15 e 20 e para proteína nos cromossomos 6, 13, 15 e 20. Leamy et al. (2017) analisaram o conteúdo de proteína, óleo e ácidos graxos na espécie selvagem de soja (*Glycine soja*) e encontraram regiões com associações significativas para óleo nos cromossomos 3 e 20 e para proteína nos cromossomos 4, 12, 13 e 20.

Li et al. (2019) apresentaram 13 regiões em 6 cromossomos, em ensaios de diferentes anos, com 3 SNPs associados ao teor de proteína em ambos anos, nos cromossomos 1, 3 e 20. Esses autores relataram também 12 regiões genômicas em 8

cromossomos associadas ao conteúdo de óleo, com dois SNPs no cromossomo 7 identificado em ambos anos. Prioli et al. (2015) realizou mapeamento associativo apenas para conteúdo de óleo e ácidos graxos em semente de soja e encontrou regiões associadas ao teor de óleo em sementes nos cromossomos 1, 4, 6, 16, 17, 18, 19 e 20 em soja.

Sonah et al. (2015) identificaram 8 regiões em 7 cromossomos associados ao conteúdo de proteína, o cromossomo 8 destaca-se com 21 SNPs com associações significativas ao caráter. Observaram também que as regiões associadas ao conteúdo de óleo são quase idênticas às associadas aos teores de proteína, com intervalos idênticos em seis locos e sobreposições de duas regiões dos cromossomos 5 e 19. As regiões com mais associações significativas para conteúdo de óleo foram os cromossomos 5 e 8, com 23 e 22 SNPs, respectivamente.

Hwang et al. (2014) encontraram 13 regiões genômicas em 12 cromossomos associados ao teor de proteína ($-\log$ de $P > 3$), com a associação mais alta no cromossomo 20 e 5 SNPs significativos. Esses autores também identificaram 13 regiões em 12 cromossomos associadas ao teor de óleo em sementes de soja, com o SNP de maior associação ao caráter localizado no cromossomo 9. Além disso, encontraram regiões associadas a ambos teores de proteína e óleo nos cromossomos 8, 9 e 20. Zhang et al. (2017) estudaram o conteúdo de proteínas solúveis em água e sua relação com o conteúdo total de proteínas, e a partir da análise GWAS encontraram regiões associadas ao teor de proteínas totais em 15 dos 20 cromossomos de soja. Zhang et al. (2018) relataram associações significativas para conteúdo de óleo nos cromossomos 5, 8 e 15 e para o conteúdo de proteína no cromossomo 15.

Ambos autores constataram SNPs associados aos teores de proteína e óleo. Hwang et al. (2014) identificaram 7 marcadores nos cromossomos 8, 9, e 20, dos quais, seis apresentaram relação negativa entre efeito do teor de proteína e de óleo. O sétimo SNP apresentou um alelo com associação do aumento de teor de proteína e óleo e o alelo alternativo apresentou decréscimo de teor dessas variáveis. Li et al. (2019) também relataram 31 SNPs associados com ambas variáveis, posicionados em 12 cromossomos. A correlação negativa entre conteúdo de óleo e proteína é mais discutida por Lee et al. (2019), que observaram 23 SNPs com pleiotropia negativa. Ou seja, um alelo com efeito positivo em um caráter tem efeito negativo no outro.

Li et al. (2017) detectaram 26 QTLs para o conteúdo de cinco ácidos graxos em semente de soja. Dos quais: quatro QTLs explicaram 37% da variância fenotípica de ácido

palmítico; quatro QTLs explicaram 28,7% da variância fenotípica de ácido esteárico; oito QTLs explicaram 33,6% da variância fenotípica de ácido oleico; seis QTLs explicaram 19,3% da variância fenotípica de ácido linoleico; e seis QTLs explicaram 32,3% a variância fenotípica de ácido linolênico. Além disso, dois destes QTLs contribuíram para a variância de dois ácidos graxos (oleico e linoleico) indicando pleiotropia para esses ácidos.

Tabela 1. Cromossomos em que foram detectadas regiões associadas aos teores de óleo, proteína, ácidos palmítico (PAL), oleico (OLC), linoleico (LIN), linolênico (LIL) e esteárico (EST) em soja por GWAS.

Caráter	Referência	Cromossomo																			
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
Proteína	Bandillo et al., 2015					x								x		x					x
	Hwang et al., 2014			x	x	x															
	Leamy et al., 2017														x				x		
	Li et al., 2019				x								x	x							
	Zhang et al., 2017					x		x	x	x	x	x	x	x	x	x				x	x
	Zhang et al., 2018															x					
	Sonah et al., 2015					x		x			x				x		x			x	x
Óleo	Sonah et al., 2015					x		x			x				x		x			x	x
	Bandillo et al., 2015					x										x					x
	Hwang et al., 2014								x	x											x
	Leamy et al., 2017			x																	x
	Li et al., 2019					x	x			x											
	Priolli et al., 2015	x			x		x										x	x	x	x	x
	Zhang et al., 2018					x			x							x					
Palmítico	Leamy et al., 2017						x	x							x						
	Li et al., 2015						x	x		x			x			x					
	Priolli et al., 2015	x	x						x	x				x	x	x	x	x	x	x	x
	Zhang et al., 2018					x										x					
Oleico	Leamy et al., 2017							x							x		x			x	
	Li et al., 2015			x	x		x		x										x		
	Priolli et al., 2015	x							x		x			x	x	x	x	x	x	x	x
	Zhang et al., 2018								x												
Esteárico	Leamy et al., 2017														x		x				
	Li et al., 2015														x	x			x		
	Zhang et al., 2018					x										x					
Linoleico	Leamy et al., 2017	x						x		x											
	Li et al., 2015			x			x		x		x					x					
	Priolli et al., 2015	x	x							x		x		x	x	x	x	x	x	X	x
Linolênico	Leamy et al., 2017		x													x					

Análises GWAS para conteúdo de ácidos graxos em sementes de soja também apresentaram associações em diversas regiões de diferentes cromossomos (Tabela 1). Leamy et al. (2017) realizaram GWAS para o conteúdo de ácidos graxos em semente de *G. soja* e relataram regiões associadas ao teor de ácido palmítico em sementes nos cromossomos 6, 7 e 14, ao teor de ácido oleico em sementes nos cromossomos 7, 14, 16 e 19, ao teor de ácido linoleico em sementes nos cromossomos 2, 7 e 9, ao teor de ácido linolênico em sementes nos cromossomos 2 e 14, e ao teor de ácido esteárico em sementes nos cromossomos 14 e 16. Li et al. (2015) detectaram associações significativas para teor de ácido palmítico em sementes nos cromossomos 5, 7, 9, 12 e 15, para ácido oleico em sementes nos cromossomos 3, 4, 6, 8, e 18, para o teor de ácido linoleico em sementes nos cromossomos 3, 6, 8, 10 e 15, para ácido linolênico 1, 2, 5, 8, 15 e 18, e para ácido esteárico nos cromossomos 14, 15 e 18. Priolli et al (2015) observaram associações significativas em 12 dos 20 cromossomos para teor de ácido palmítico e linoleico em sementes, em 11 cromossomos para teor de ácido oleico em sementes, e não observaram associações para teor de ácido esteárico em sementes. Zhang et al. (2018) detectaram associações significativas nos cromossomos 5 e 14 para teor de ácido palmítico em sementes, no cromossomo 8 para teor de ácido oleico em sementes, 14 e 15 para teor de ácido linolênico em sementes e 5 e 14 para teor de ácido esteárico em sementes.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL VEGETAL

O painel foi composto por acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de soja mantidos pela Secretaria de Agricultura, Pecuária e Abastecimento do Estado de Goiás (Seagro-GO), o qual contém aproximadamente 2.800 acessos, dentre eles introduções, cultivares comerciais atuais e antigas, bem como linhagens. Inicialmente, uma subcoleção representada por 20% dos acessos (527 indivíduos) foi selecionada com base em amostragem estratificada por julgamento (Gressler, 2004; Malhotra, 2004) para incluir igualmente acessos dos ciclos de maturação tardio, médio e precoce. Além disso, a genealogia disponível dos acessos foi utilizada como referência para evitar acessos com mesmos genitores ou derivados de um mesmo cruzamento (Ribeiro, 2011). Dessa subcoleção, 416 acessos (Anexo A) foram utilizados para as análises de associação genômica ampla.

3.2 FENOTIPAGEM

Os dados fenotípicos foram obtidos por Ribeiro (2011) e consistem em teores de óleo, proteína e ácidos graxos (palmítico, esteárico, oleico, linoleico e linolênico) em sementes de soja. O ensaio foi conduzido na área experimental da Seagro-GO, localizada em Senador Canedo-GO (16°43'10'' de latitude sul, 49°07'05'' de longitude oeste e 765m de altitude) em novembro de 2007. As parcelas experimentais consistiram em uma fileira de plantas de 5 m de comprimento espaçada por 0,5 m. Foi utilizado o delineamento de blocos aumentados, com 30 blocos e duas testemunhas em comum.

As sementes íntegras coletadas de cada um dos genótipos foram moídas para utilização do pó nas análises posteriores. Para determinação do teor de proteína total foi realizado o método Kjeldahl com digestão em ácido sulfúrico. O óleo foi extraído por meio da técnica Soxhlet, e quantificado em g/100g. Os teores de ácidos graxos foram determinados a partir da transformação do óleo em ésteres metílicos para cromatografia gasosa (Ribeiro, 2011).

3.3 DADOS GENÔMICOS

O DNA genômico foi extraído do embrião de seis a oito sementes de cada um dos genótipos usando o método CTAB (Doyle & Doyle, 1990) modificado. Desta forma, após 2 horas mergulhadas em água destilada, o embrião das sementes foi retirado com auxílio de pinças e transferido para microtubos de 1,5mL. Os embriões foram macerados com 350 µL de tampão CTAB + β-mercaptoetanol com o auxílio de macerador mecânico. Após adicionar mais 350 µL de CTAB + β-mercaptoetanol, os tubos foram homogeneizados por inversão e incubados a 65 °C por 20 minutos, sendo homogeneizados a cada 7 minutos. Em seguida, adicionou-se 500µL de clorofórmio-álcool isoamílico (24:1) em temperatura ambiente às amostras, as quais foram homogeneizadas por 5 minutos e centrifugadas a 11.000 rpm por mais 5 minutos. O sobrenadante foi transferido para novo microtubo contendo 500 µL de isopropanol gelado e armazenado em -20 °C por 12 horas. As amostras foram centrifugadas a 7.000 rpm por 5 minutos e o sobrenadante foi descartado. Posteriormente, foram realizadas duas lavagens sucessivas com 1 mL de etanol 70 e 90% por 1 minuto. Os tubos foram incubados à temperatura ambiente por 10 minutos para secagem da amostra. A amostra foi ressuspensionada com 60 µL de tampão TE (Tris+EDTA) + RNase.

A concentração e qualidade do DNA foram verificadas com o espectrofotômetro NanoDrop Lite da Thermo Scientific™ e, posteriormente, a concentração final foi ajustada para 100ng/µL. Por fim, também foi realizada eletroforese em gel de agarose a 1,5% em TAE para verificar a integridade do DNA das amostras.

Os 416 acessos foram genotipados com o chip Illumina Infinium SoySNP50K BeadChip que contém 52.041 *Single Nucleotides Polymorphisms* (Song et al., 2013). Os dados faltantes foram imputados pelo método “Beagle” do pacote Synbreed-R (Wimmer et al., 2012). Além disso, foram excluídos os marcadores SNPs com Call Rate <90% e MAF (*Minor Allele Frequency*) <5%. Um total de 29.729 SNPs foram utilizados para as análises subsequentes.

3.4 ESTRUTURA POPULACIONAL E DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

A estrutura populacional foi verificada por meio da análise de ancestralidade usando a função *snmf* (algoritmo Non-Negative Matrix Factorization) do pacote LEA-R (Frichot & François, 2015), o qual é baseado no método de mínimos quadrados, assumindo

K populações ancestrais. Foram realizadas 20 simulações independentes, com K variando entre 1 a 10, e 1.000.000 de passos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), sendo o critério de entropia cruzada para avaliar o erro da estimativa de ancestralidade. Como ferramenta auxiliar para a verificação da estrutura genética da população, também foi realizada a Análise de Componentes Principais (ACP) da matriz de marcadores moleculares, conforme implementado no pacote GAPIT-R (Lipka et al., 2012). A partir desse mesmo pacote, também foi obtida a matriz de parentesco *kinship* calculada com base nos marcadores moleculares segundo o método de VanRaden (2008), ao qual foi disposta em um gráfico *Heatmap* (Lipka et al., 2012).

O desequilíbrio de ligação (LD) do painel foi estimado usando o coeficiente de correlação ao quadrado (r^2) dos marcadores SNPs (filtrados com o controle de qualidade), por meio do pacote GAPIT-R (Lipka et al., 2012). Posteriormente, para analisar o decaimento do LD, foram plotados os valores r^2 versus as distâncias físicas entre os pares de marcadores (Kb).

3.5 ANÁLISE DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA

A média ajustada dos acessos, para cada um dos caracteres, foi obtida via abordagem de modelos mistos, conforme descrito por Ribeiro (2011). Os valores identificados como extremos (*outliers*) foram eliminados das análises subsequentes, o que correspondeu em cerca de 1 a 10 genótipos por caractere. Posteriormente, as análises de associação genômica ampla foram realizadas utilizando o pacote GAPIT-R (Lipka et al., 2012), considerando a abordagem FarmCPU (*Fixed and Random Model Circulating Probability Unification*). Apenas a informação da matriz de parentesco (**K**), segundo o método de VanRaden (2008), foi incluída nas análises.

A proposta dessa abordagem é dividir o modelo misto para múltiplos locos (MLMM) (Segura et al., 2012) em dois modelos: um modelo de efeito fixo (FEM do inglês *Fixed Effect Model*) e um modelo de efeito aleatório (REM do inglês *Random Effect Model*) e usá-los repetidamente. O modelo FEM testa marcadores, um de cada vez, utilizando marcadores associados como covariáveis para o controle de falso positivos. Esses marcadores associados são denominados pseudo QTNs (do inglês *Quantitative Trait Nucleotides*) e conforme são averiguados para cada marcador de teste, seu p-valor é substituído pelo mais significativo, que se torna o p-valor de seu marcador correspondente.

O p-valor de cada marcador em conjunto com sua posição são usados para atualizar a seleção do pseudo QTN em um modelo REM com auxílio do algoritmo SUPER (Wang et al., 2014). Esses modelos são usados iterativamente até que os pseudo QTNs se mantenham os mesmos. Essa substituição do p-valor mais significativo de cada pseudo QTN do teste de todos os marcadores aumenta drasticamente o poder estatístico da análise (Liu et al., 2016).

Os resultados de análises de associação genômica ampla foram apresentados em gráficos Quantil-Quantil (Q-Q plots) e Manhattan Plots. O Q-Q plot foi utilizado para visualizar o desvio dos logaritmos negativos dos p-valores obtidos na análise versus os valores esperados sob a hipótese de nulidade (não associação com o caráter). O gráfico de Manhattan consiste em um gráfico de dispersão em que o eixo X representa a posição genômica de cada SNP (por cromossomo) e o eixo Y apresenta os logaritmos negativos dos p-valores obtidos pela associação genômica ampla (Lipka et al., 2012).

3.6 GENES CANDIDATOS

Foi realizada uma busca por genes candidatos em torno dos SNPs significativos a partir de sequências disponibilizadas no banco de dados Phytozome (<http://phytozome.jgi.doe.gov>) e SoyBase (<http://www.soybase.org>). A janela de busca por genes candidatos foi selecionada de acordo com a extensão de LD quando r^2 atingiu 0,2, o que correspondeu a 250 mil pares de bases. Assim, os genes candidatos foram buscados em um intervalo de 125 mil pares de bases antes e depois da posição de cada SNP significativo. Além disso, foi dada prioridade para os 10 genes candidatos mais próximos ao loco do SNP significativo.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ESTRUTURA DE POPULAÇÃO

Por meio da análise de ancestralidade, verificou-se que não houve formação de subpopulações ($K=1$) entre os 416 genótipos (Figura 1.a-c), o que também foi confirmado por meio da ACP (Figura 1.d). O *heatmap* e dendrograma da matriz de parentesco *Kinship* (Figura 2) demonstraram que os valores de similaridade foram semelhantes entre os 416 genótipos do painel. Os resultados de ambas abordagens sugerem que não há padrões de estruturação genética no painel.

O BAG de soja mantido pela Emater está em desenvolvimento desde a década de 70 simultaneamente ao melhoramento da leguminosa para a região central do Brasil, é composto por entre outras, linhagens do próprio programa de melhoramento e cultivares de empresas públicas (Ribeiro, 2011). Estudos de diversidade genética em cultivares brasileiros de soja, incluindo de empresas públicas e privadas, demonstram que parentais semelhantes vem sendo utilizados no processo de melhoramento genético, de tal modo que o *background* genético do germoplasma é estreitamente relacionado (Gwinner et al., 2017; Miranda et al., 2001; Wysmierski & Vello, 2013). Em geral, tem-se verificado que o estoque fundador para o desenvolvimento de cultivares de soja no Brasil é predominantemente composto por cultivares dos Estados Unidos e Canadá, que compreendem somente aproximadamente 11% do total de 170 mil acessos de soja do mundo (Carter et al., 2004). Esse painel não apresenta estruturação genética forte, uma característica vantajosa para análises de associação genômica ampla. Isso porque a presença de estrutura genética forte provoca associações espúrias entre SNP e fenótipo, o que aumenta a taxa de falsos positivos (Alexander et al., 2009; Kang et al., 2008; Vilhjálmsson & Nordborg, 2012; Priolli et al., 2015).

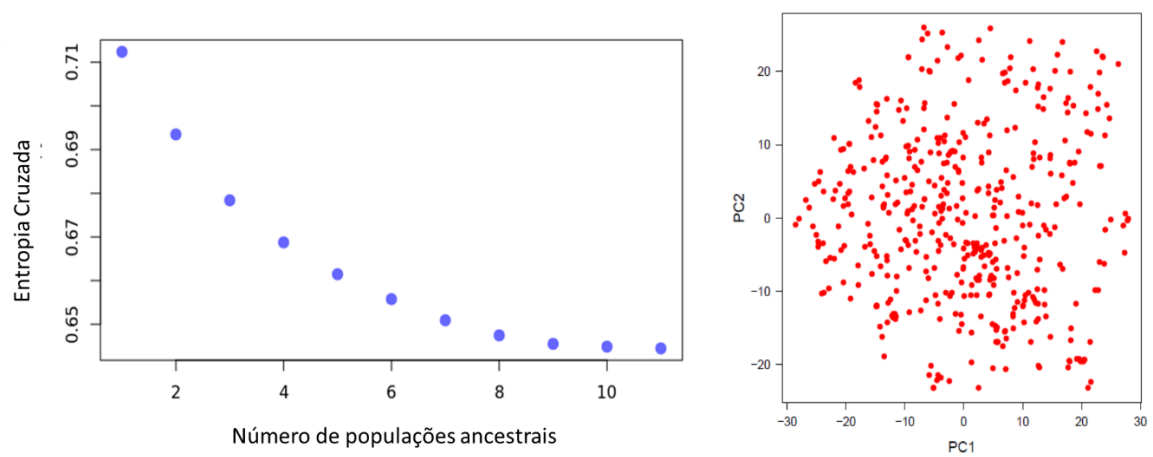


Figura 1. Gráficos de (a) estrutura genética de populações e (b) componentes principais (PC1 e PC2) da matriz genômica dos 416 indivíduos.

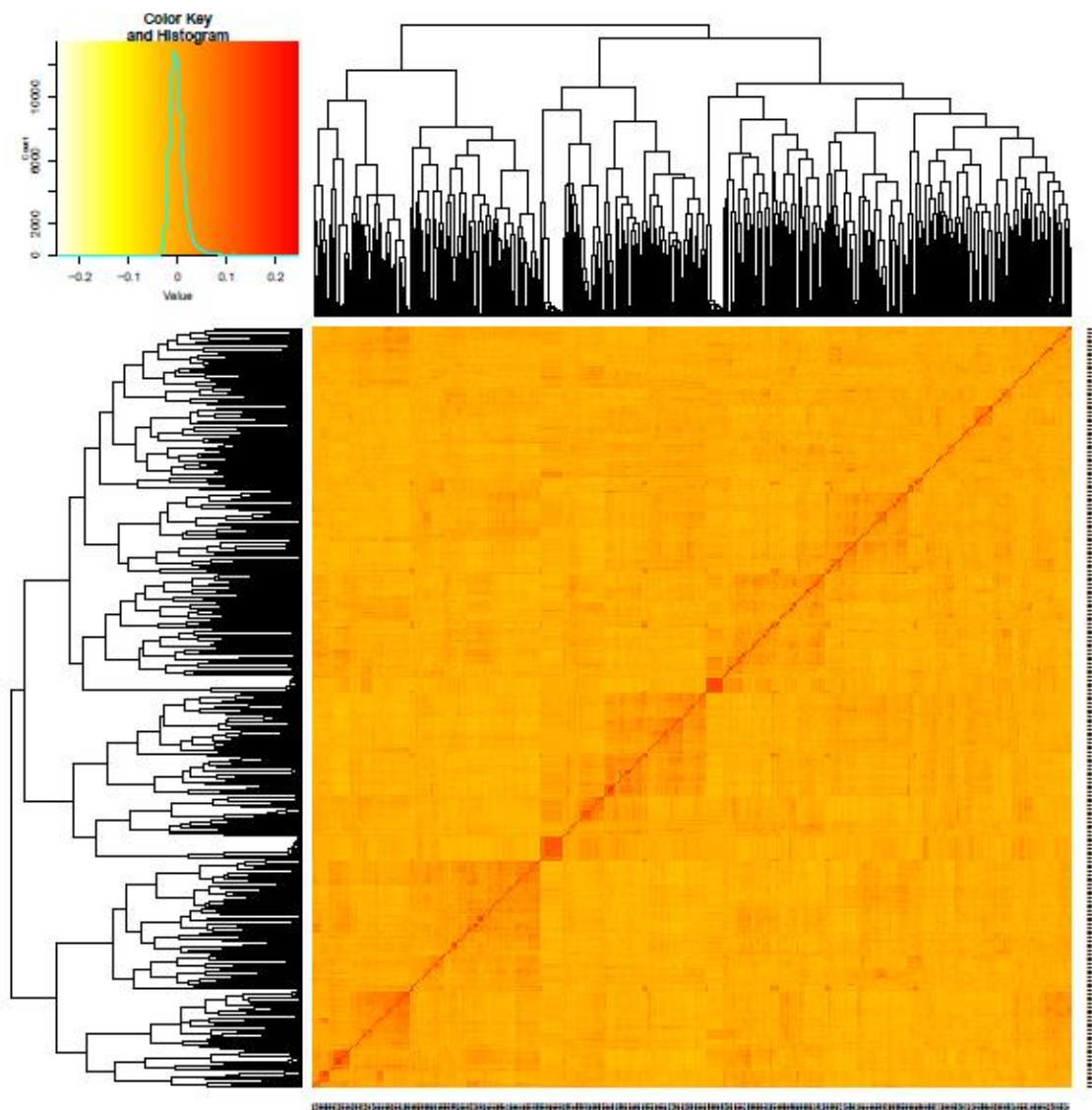


Figura 2. Heatmap e dendrograma da matriz de parentesco dos 416 indivíduos com 29.729 marcadores.

4.2 DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

O desequilíbrio de ligação foi mensurado a partir do coeficiente de correlação ao quadrado (r^2) entre pares de locos marcadores (Figura 3), a qual consiste em um gráfico com os valores r^2 e a distância física entre locos. A extensão do LD considerando os 29.729 marcadores SNPs foi de aproximadamente 250kb quando r^2 atingiu 0,2. Esse valor está dentro do esperado para a cultura da soja, tendo em vista que é uma planta autógama, com taxa de decaimento do LD relativamente lento (Zhang et al., 2015).

Em geral, fatores históricos ou evolutivos que afetam o tamanho efetivo da população, como subdivisão populacional ou mistura gênica, gargalos e seleção direcionada, aumentam o LD. Além disso, o sistema de reprodução também possui influência no LD. Espécies autógamas, geralmente, apresentam taxa efetiva de recombinação baixa, e tendência a ter polimorfismos genéticos correlacionados e LD extensos (Gaut & Long, 2003). Um estudo com populações de soja selvagens, landraces e cultivares americanas demonstra que populações que passaram por seleção natural e artificial, gargalos populacionais e efeitos fundadores apresentam LD mais extenso, concluindo que regiões extensas de LD são indicadores de redução da diversidade genômica devido à domesticação e seleção (Song et al., 2015).

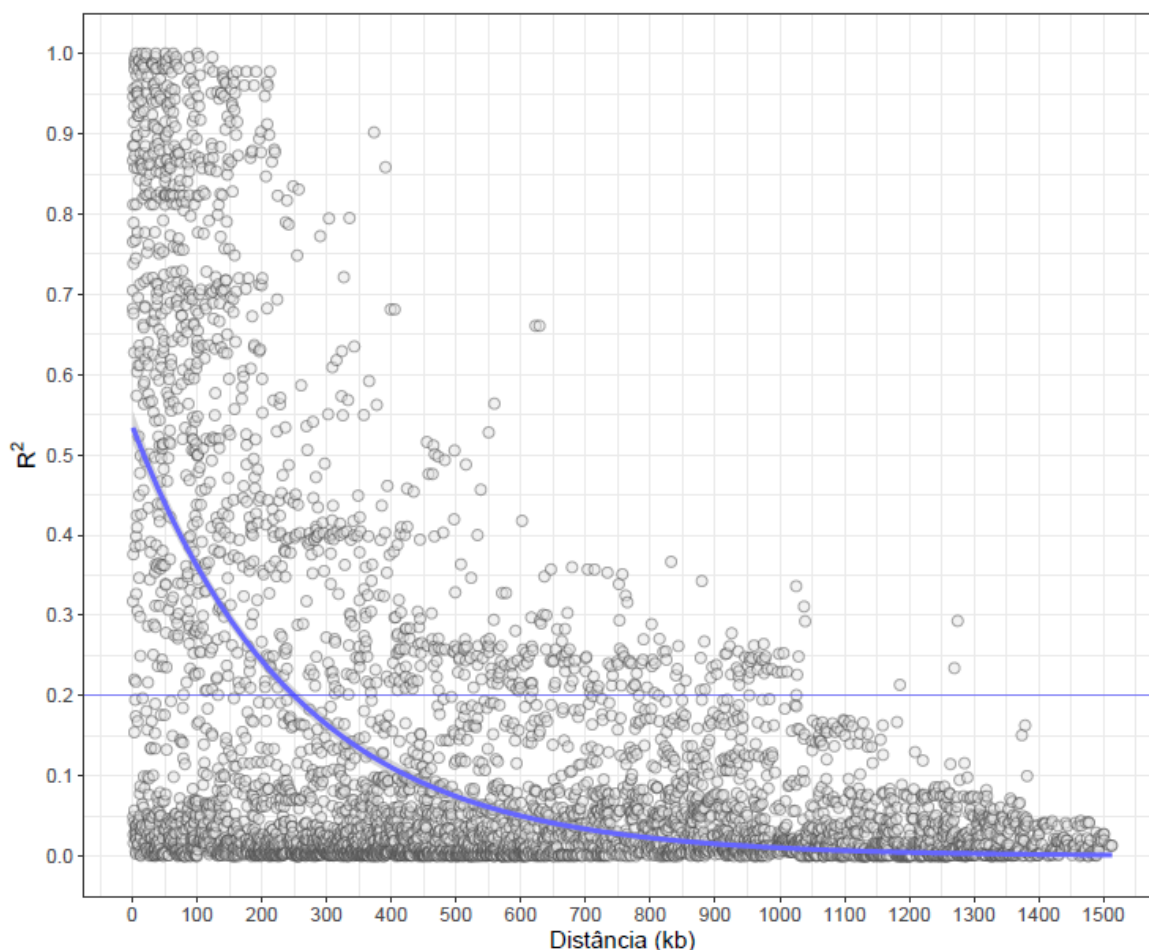


Figura 3. Gráfico do decaimento do desequilíbrio de ligação em todo o genoma.

4.3 ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA

Os caracteres avaliados por Ribeiro (2011) apresentaram variabilidade fenotípica entre os acessos (Figura 4). Os teores médios (g/100g) de proteína e óleo foram de 39 e 16,7%, respectivamente. Os teores médios de ácidos graxos saturados ácido palmítico, esteárico e oleico foram de 11,9; 2,1 e 25,3%, respectivamente, enquanto para os insaturados linoleico e linolênico foram de 52,6 e 6,5%, respectivamente. Ribeiro (2011) encontrou estimativas de herdabilidade relativamente altas, exceto para o teor de óleo (0,26). A herdabilidade encontrada para proteína foi de 0,59, enquanto para os ácidos palmítico, esteárico, oleico, linoleico e linolênico foram de 0,82, 0,61, 0,86, 0,92 e 0,67, respectivamente (Ribeiro, 2011).

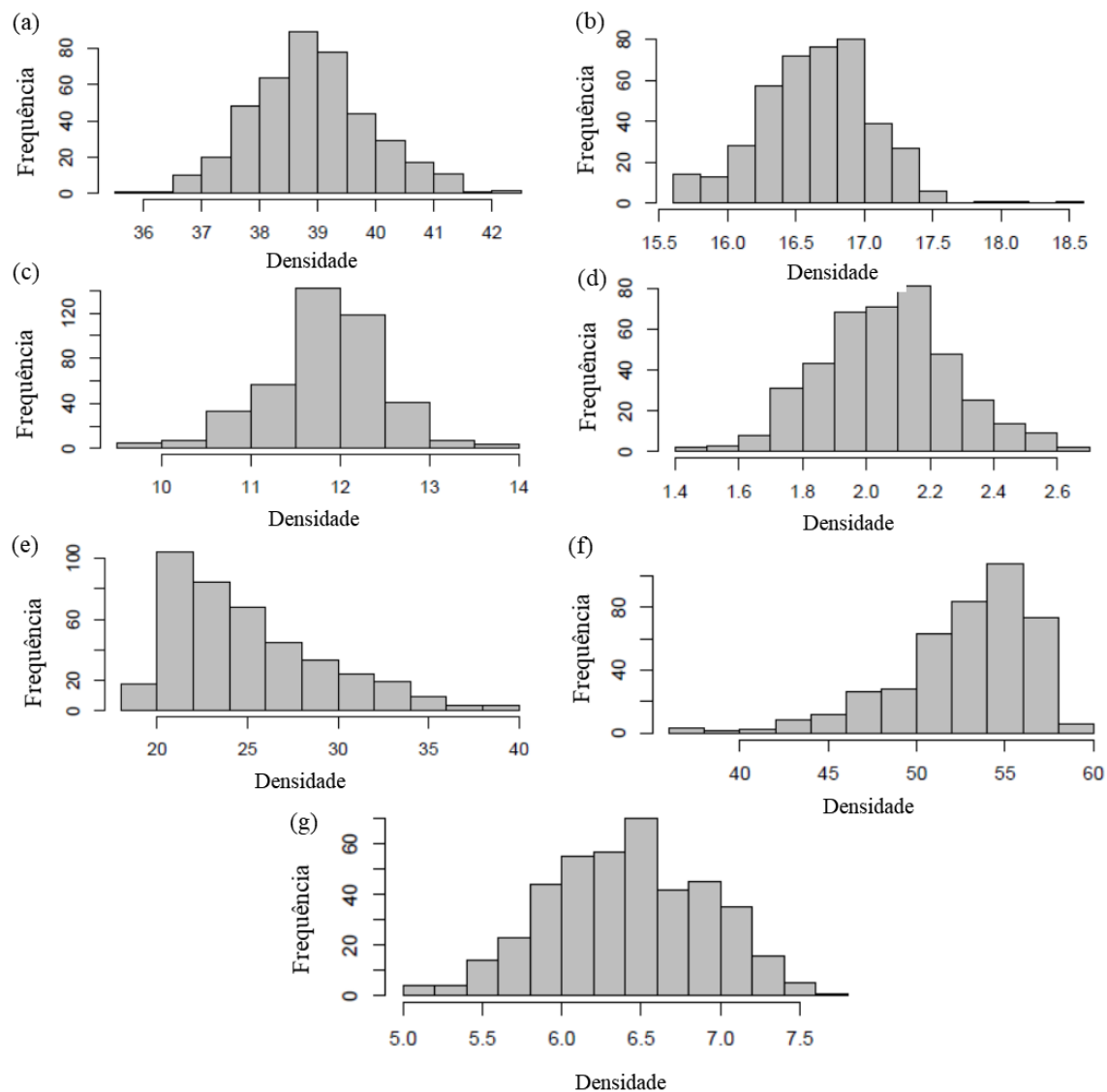


Figura 4. Gráficos box-plot dos caracteres avaliados por Ribeiro (2011) após retiradas de fenótipos *outliers*: **(a)** proteína; **(b)** óleo; **(c)** ácido palmítico, **(d)** ácido esteárico, **(e)** ácido oleico, **(f)** ácido linoleico e **(g)** ácido linolênico.

Com o objetivo de detectar regiões genômicas associadas aos controles dos conteúdos de proteína, óleo, ácido palmítico, ácido esteárico, ácido oleico, ácido linoleico e ácido linolênico em soja, análises de associação genômica ampla foram realizadas para esses sete caracteres avaliados por Ribeiro (2011). Nas análises de associação genômica ampla, apenas a informação da matriz de parentesco (**K**) foi incluída nas análises. Os resultados estão apresentados nos gráficos Manhattan e QQ-plot (Figuras 5 e 6) e as informações sobre os SNPs significativos estão dispostas na Tabela 2.

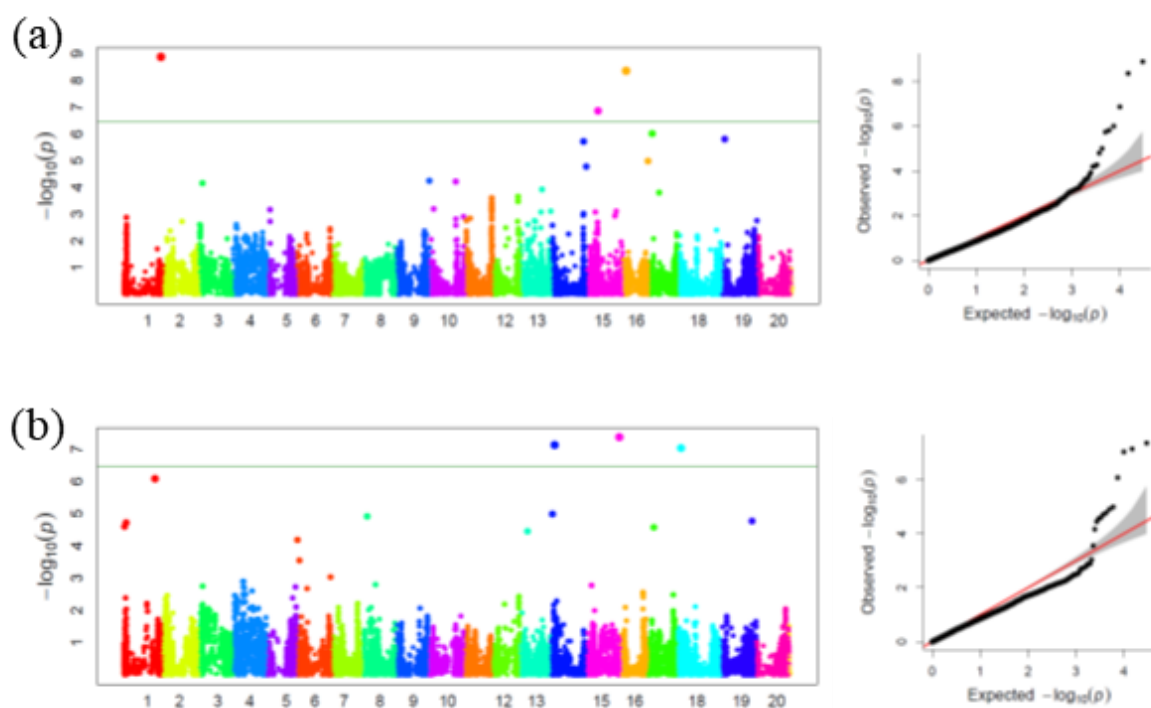


Figura 5. Gráficos Manhattan e Q-Q plot com marcadores SNP significativos identificados pela análise de associação genômica ampla para teores de **(a)** proteína e **(b)** óleo em sementes.

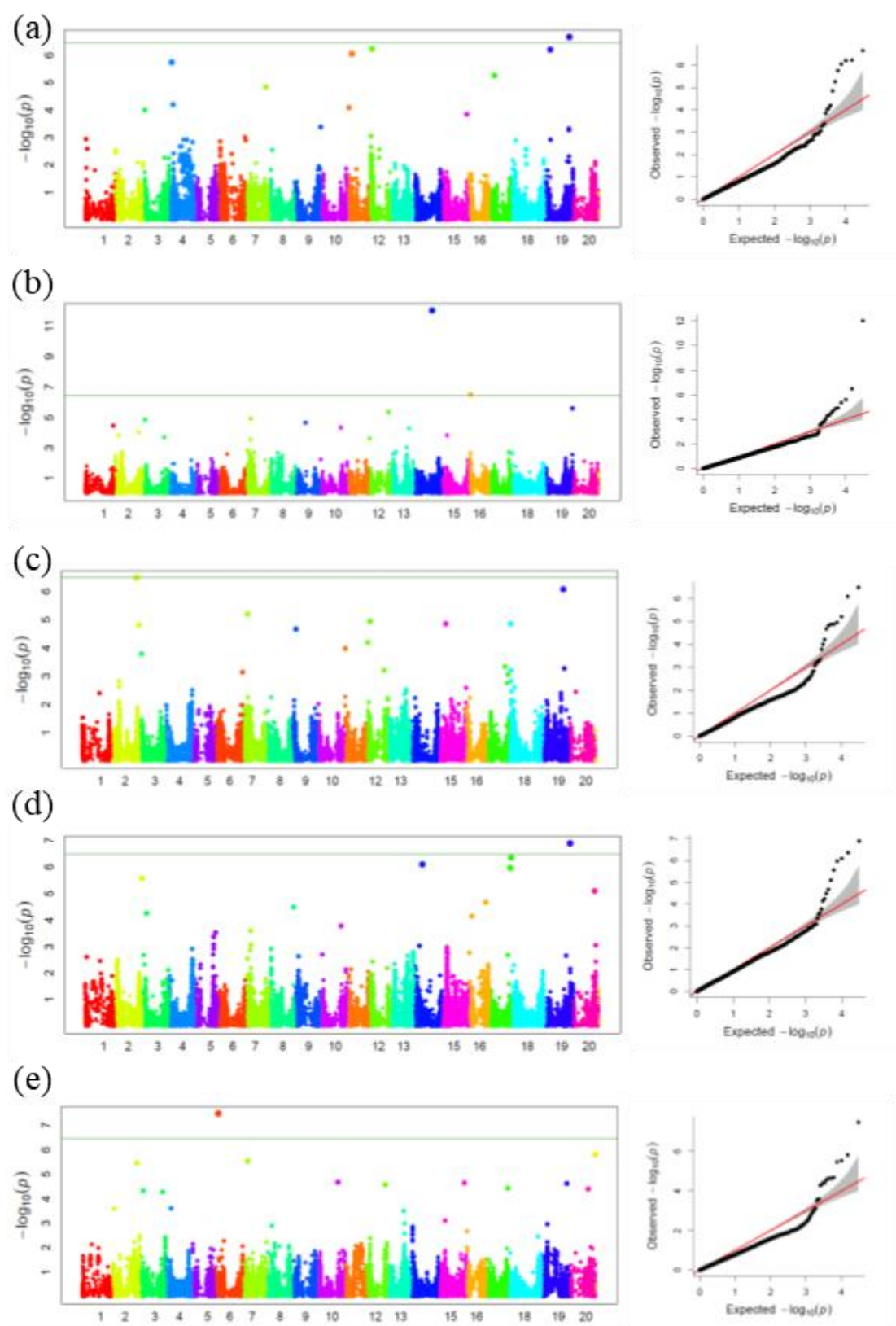


Figura 6. Manhattan e Q-Q plots com marcadores SNP significativos identificados pela análise de associação genômica ampla para conteúdo de **(a)** ácido palmítico, **(b)** ácido esteárico, **(c)** ácido oleico, **(d)** ácido linoleico e **(e)** ácido linolênico em semente.

Tabela 2. SNPs significativos para conteúdo de proteína, óleo e ácidos graxos (palmítico, esteárico, oleico, linoleico e linolênico).

Caráter	SNP	Alelos	Cr ¹ .	Posição	P-valor	Efeito	G. candidato ²	Anotação
Proteína	SNP1718	C/A	1	52666974	1,29E-09	0,54	Glyma.01g191900	peptidase inhibitor activity
Proteína	SNP40203	T/C	16	4317048	4,40E-09	-0,37	Glyma.16g044700	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein
Proteína	SNP36533	C/A	15	15408371	1,39E-07	-0,21	Glyma.15g170200	Translation initiation factor SUI1 family protein
Óleo	SNP37702	G/T	15	47684491	4,38E-08	-0,11	Glyma.15g250100	oxidation-reduction process
Óleo	SNP35312	G/A	14	5074499	7,40E-08	-0,13	Glyma.14g062400	lipid transport superfamily protein
Óleo	SNP45924	A/G	18	5487039	9,28E-08	0,17	Glyma.18g061200	O-acetyltransferase activity
Ácido Palmítico	SNP48974	T/C	19	43530928	2,20E-07	-0,28	Glyma.19g174800	Phosphatidylinositol N-acetylglucosaminyltransferase subunit P
Ácido Esteárico	SNP34166	A/G	14	31620649	9,41E-13	0,07	Glyma.14g147800	GOLD family protein
Ácido Esteárico	SNP38941	A/G	16	2227631	3,12E-07	0,05	Glyma.16g022800	zinc ion binding;nucleic acid binding
Ácido Oleico	SNP3765	T/C	2	44428681	3,34E-07	1,04	Glyma.02g257200	lipid metabolic process
Ácido Linoleico	SNP49076	A/C	19	45000827	1,31E-07	-0,98	Glyma.19g192300	Transcriptional activator GT-2
Ácido Linolênico	SNP14571	T/C	6	5196308	3,36E-08	0,16	Glyma.06g068100	transferase activity

¹Cr: cromossomo; ²G. candidato: gene candidato.

As análises de associação genômica ampla resultaram em três SNPs significativos para o conteúdo de proteína (Figura 5.a): SNP1718 no cromossomo 1, SNP40203 no cromossomo 16 e SNP36533 no cromossomo 15, em ordem decrescente de significância. Um estudo com 185 acessos de regiões da China, América, Canadá e Europa apresentou três SNPs significativos associados ao conteúdo de proteína a menos de 500Kb de distância do SNP1718 no cromossomo 1, sendo um desses relatado como essencial ao conteúdo de proteína em soja (Li et al., 2019). Sonah et al. (2015) relataram um SNP significativo associado ao conteúdo de proteína em soja no cromossomo 16 a 133Kb de distância do SNP40203. Diferentes estudos em soja apresentaram regiões com associação significativa ao conteúdo de proteína no cromossomo 15, porém, todas regiões estão a mais de 1Mb de distância do SNP36533 significativo nesse estudo (Bandillo et al., 2015; Zhang et al., 2017, Zhang et al., 2018).

A pesquisa por genes candidatos resultou em 29 genes na janela de 250Kb referente ao SNP1718. O gene Glyma.01g192100 foi identificado como candidato pois codifica enzimas com função inibidora de peptidase. Peptidases são enzimas que hidrolisam proteínas irreversivelmente e devem ser bem controladas pois tem potencial nocivo para o ambiente proteico de células e organismos (Silva-Lopez, 2009). Foram encontrados 26 genes na região em que está posicionado o loco SNP40203, dentre eles o gene Glyma.16g044700 que codifica um motivo da superfamília TPR (do inglês *Tetratricopeptide repeat*). Essa superfamília de motivo medeia uma variedade de interações entre proteínas que estão envolvidas em diversas funções celulares, dentre elas o transporte de proteínas, principalmente o processo de importação (Blatch & Lässle, 1999). Foram observados 8 genes na região do loco SNP36533, destes, destaca-se o Glyma.15g170200 por codificar proteínas da família SUI1, que são fatores de iniciação da tradução de mRNA em polipeptídio.

A análise associação genômica ampla para conteúdo de óleo revelou três SNPs significativos (Figura 5.b): SNP37702 no cromossomo 15, SNP35312 no cromossomo 14, e SNP45924 no cromossomo 18. Foram observados 9 genes na janela referente ao loco SNP37702, desses, o gene Glyma.15g250100 apresenta função de oxirredução. O processo de oxirredução é caracterizado pela remoção ou adição de um ou mais elétrons a uma substância, tais como lipídios. A região de 250Kb em que está localizado o SNP35312 apresentou 31 genes, destaca-se o gene Glyma.14g062400 que codifica uma proteína pertencente a superfamília transportadora de lipídeos. A região em que está localizado o

SNP45924 identificado com associação significativa para óleo apresentou 18 genes. Desses, o produto proteico do gene Glyma.18g061200 apresenta atividade enzimática de transferência de um grupo acetil para um átomo de oxigênio da molécula aceptora. Essa enzima, a acetil-transferase, desempenha função importante na via-metabólica de lipídios.

Foi identificada associação significativa entre o conteúdo de ácido palmítico e o SNP48974, no cromossomo 19 (Figura 6.a). Foram detectados dois marcadores associados ao ácido esteárico: o SNP34166 no cromossomo 14 e o SNP38941 no cromossomo 16 (Figura 6.b).

A busca por genes candidatos na região do SNP48974 com associação significativa para ácido palmítico apresentou 35 genes. Foi encontrada nessa região o gene Glyma.19g174800 que codifica a subunidade P da enzima fosfatidilinositol acetil-glicosaminiltransferase, pertencente à família das enzimas glicosiltransferases, a qual apresenta relação direta à biossíntese de glicolipídios. Dos 4 genes observados na região em que está localizado o loco SNP34166 com associação significativa para ácido esteárico, destaca-se o Glyma.14g147800 que codifica uma proteína da família GOLD (do inglês *Golgi domain*). Os domínios dessa família estão envolvidos na mediação de interações entre proteínas e são sempre encontrados em associação lipídica ou de membrana (Anantharaman & Aravind, 2002). Foram observados ainda 20 genes na região referente ao segundo SNP associado ao conteúdo de ácido esteárico, entre eles o gene Glyma.16g022900. Esse gene codifica uma proteína de domínio dedo de zinco do tipo DOF que são fatores de transcrição com domínio de ligação ao DNA altamente conservados.

A análise apresentou o SNP3567 significativo para o conteúdo de ácido oleico no cromossomo 2 (Figura 6.c), e não encontramos na literatura até o momento, pesquisas que detectaram associação entre alguma região desse cromossomo e esse caráter. O mesmo acontece para o SNP14571, identificado como significativo para a associação ao ácido linolênico e localizado no cromossomo 6 (Figura 6.e). Foi detectada associação significativa entre o conteúdo de ácido linoleico e o SNP49076, posicionado no cromossomo 19 (Figura 6.d). Priolli et al. (2015) também encontraram associação significativa entre o marcador Satt448 e o conteúdo de ácido linoleico em soja no cromossomo 19, no entanto esses dois marcadores estão a 42Mb de distância.

A janela em que está localizado o SNP associado ao conteúdo de ácido oleico apresentou 22 genes, incluindo o gene Glyma.02g257200. Esse gene codifica uma proteína da família fosfolipase C que tem relação direta ao processo metabólico de lipídios. Foram

observados 25 genes na região em que está localizado o SNP49076 que apresenta associação significativa para o conteúdo de ácido linoleico, dentre eles, o fator de transcrição GT, que está relacionado ao desenvolvimento de sementes (Smalle et al. 1998). Além disso, outros 32 genes estavam contidos na janela em que está localizado o SNP associado ao conteúdo de ácido linolênico, inclusive o gene Glyma.06g068100 que codifica uma proteína com atividade enzimática de transferase, que pode estar envolvida em diferentes vias metabólicas, inclusive na via lipídica.

Vale ressaltar que os dados fenotípicos utilizados nesse estudo foram obtidos em apenas um local de cultivo e safra. No entanto, sabe-se que caracteres como conteúdo de proteína, óleo e ácidos graxos podem ser afetados por diferentes fatores ambientais e condições de cultivo, tais como temperatura e adubação nitrogenada (Embrapa, 2015). Por isso, estudos que abranjam outros ambientes, capturando a variação ambiental de outras áreas de produção da cultura da soja, podem ser necessários. Dessa forma, seria possível identificar SNPs com efeitos genéticos comuns ou com efeitos diferenciais (exclusivos) nos diferentes ambientes.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise de associação genômica ampla revelou doze SNPs significativos localizados em sete cromossomos para os caracteres conteúdos de óleo, proteína e ácidos graxos. Grande parte dos genes candidatos encontrados, como enzimas e fatores de transcrição, por exemplo, estão envolvidos em funções que possuem relação direta ou indireta com os caracteres analisados, e podem auxiliar numa melhor compreensão de suas respectivas arquiteturas genéticas. Por fim, esses SNPs podem ser utilizados como um guia de alelos potenciais para o melhoramento de soja podendo contribuir para o desenvolvimento de genótipos superiores com composições específicas para diferentes fins.

6 REFERÊNCIAS

- ANP, AGÊNCIA NACIONAL DE PETRÓLEO, GÁS NATURAL E BIOCOMBUSTÍVEIS. **Processamento de matérias-primas 2019**, Brasília: Agência Nacional De Petróleo, Gás Natural E Biocombustíveis, 2019. Disponível em: <<http://www.anp.gov.br>>. Acesso em: 14 abr. 2019.
- BANDILLO, N.; JARQUIN, D.; SONG, Q.; NELSON, R.; CREGAN, P.; SPECHT, J.; LORENZ, A. A Population Structure and Genome-Wide Association Analysis on the USDA Soybean Germplasm Collection. **The Plant Genome**, v. 8, n. 3, p. 0, 2015.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDYIAMA, T.; SILVA, F. L. da; BORÉM, A.; SILVA, A. F. da S.; SILVA, F. C. dos S. Atributos agronômicos no desenvolvimento de cultivares. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. **Melhoramento da soja**. Viçosa: UFV. 2017, p. 506-528.
- BLATCH, G. L.; LÄSSLE, M. The tetratricopeptide repeat: A structural motif mediating protein-protein interactions. **BioEssays**, v. 21, n. 11, p. 932–939, 1999.
- BONATO, E. R.; BONATO, A. L. V. A soja no Brasil: história e estatística. **EMBRAPA-CNPSO. Documentos**, v. 21, p. 61, 1987. Disponível em: <<http://agris.fao.org/agris-search/search/display.do?f=2012/BR/BR2012103900039.xml;BR19871446431>> Acesso em: 18 mar. 2019.
- BROOKES, A. J. The essence of SNPs. **Gene**, v. 234, p. 177–186, 1999.
- CARTER, T. E.; NELSON, R. L.; SNELLER, C. H.; CUI, Z. Genetic diversity in soybean. In: **Soybeans: Improvement, Production, and Uses**. Legume Research. 2004 3rd, p. 303–416.
- CATTELAN, A. J.; DALL’AGNOL, A. The rapid soybean growth in Brazil. **Oilseeds & fats Crops and Lipids**, v. 25, p. 1-12, 2018.
- COLLARD, B. C. Y.; JAHUFER, M. Z. Z.; BROUWER, J. B.; PANG, E. C. K. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted

selection for crop improvement : The basic concepts. **Euphytica**, v. 142, p. 169–196, 2005.

CONAB; - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Indicadores da Agropecuária**. Brasília: Companhia Nacional De Abastecimento, 2018. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 30 mai. 2019.

COSTA NETO, P. R.; ROSSI, L. F. S.; ZAGONEL, G. F.; RAMOS, L. P. Produção de biocombustível alternativo ao óleo diesel através da transesterificação. **Química Nova na Escola**, v. 23, n. 4, p. 531–537, 2000.

DALL'AGNOL, A. **A Embrapa Soja no contexto do desenvolvimento da soja no Brasil**. 1 ed. Brasília: Embrapa Soja, 2016, 73 p.

DOYLE, J.; DOYLE, J. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13-15, 1990.

ENDERS, J. G. Soy protein products: characteristics, nutritional aspects, and utilization. **The American Oil Chemists Society**, 1 ed. 53 p. 53, 2001.

FAN, S.; LI, B.; YU, F.; HAN, F.; YAN, S.; WANG, L. Analysis of additive and epistatic quantitative trait loci underlying fatty acid concentrations in soybean seeds across multiple environments. **Euphytica**, v. 206, n. 3, p. 689–700, 2015.

FANG, C.; MA, Y.; WU, S.; LIU, Z.; WANG, Z.; YANG, R.; HU, G.; ZHOU, Z.; YU, H.; ZHANG, M.; PAN, Y.; ZHOU, G.; REN, H.; DU, W.; YAN, H.; WANG, Y.; HAN, D.; SHEN, Y.; LIU, S.; LIU, T.; ZHANG, J.; QIN, H.; YUAN, J.; YUAN, X.; KONG, F.; LIU, B.; LI, J.; ZHANG, Z.; WANG, G.; ZHU, B.; TIAN, Z. Genome-wide association studies dissect the genetic networks underlying agronomical traits in soybean. **Genome Biology**, v. 18, n. 1, 2017.

FLINT-GARCIA, S. A.; THORNSBERRY, J. M.; BUCKLER IV, E. S. Structure of Linkage Disequilibrium in Plants. **Annu. Rev. Plant Biol.**, v. 54, p. 357–374, 2003.

GALÃO, O. F.; CARRÃO-PANIZZI, M. C.; MANDARINO, J. M. G.; SANTOS JR, O. O.; MARUYAMA, S. A.; FIGUEIREDO, L. C.; BONAFE, E. G.; VISENTAINER, J. V. Differences of fatty acid composition in Brazilian genetic and conventional soybeans (*Glycine max* (L.) Merrill) grown in different regions. **Food Research International**, v. 62, p. 589–594, 2014.

GARRIDO-CARDENAS, J. A.; MESA-VALLE, C.; MANZANO-AGUGLIARO, F. Trends in plant research using molecular markers. **Planta**, v. 247, n. 3, p. 543–557, 2018.

GROVER, A.; SHARMA, P. C.; GROVER, A.; SHARMA, P. C. Development and use of molecular markers : past and present. **Critical Reviews in Biotechnology**, [s. l.], v. 8551, 2016.

GWINNER, R.; ALEMU SETOTAW, T.; PASQUAL, M.; DOS SANTOS, J. B.; ZUFFO, A. M.; ZAMBIAZZI, E. V.; BRUZI, A. T. Genetic diversity in Brazilian soybean germplasm. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 4, p. 373–381, 2017. .

HWANG, E. Y.; SONG, Q.; JIA, G.; SPECHT, J. E.; HYTEN, D. L.; COSTA, J.; CREGAN, P. B. A genome-wide association study of seed protein and oil content in soybean. **BMC Genomics**, v. 15, n. 1, 2014.

JUHÁSZ, A. C. P.; CIABOTTI, S.; TEIXEIRA, L. C. A. de A. Melhoramento para obtenção da qualidade nutricional. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. **Melhoramento da soja**. Viçosa: UFV. 2017, p. 479-505.

KORTE, A.; FARLOW, A. The advantages and limitations of trait analysis with GWAS: A review. **Plant Methods**, v. 9, n. 1, p. 1, 2013.

KUMAR, P.; CHATLI, M. K.; MEHTA, N.; SINGH, P.; MALAV, O. P.; VERMA, A. K. Meat analogues: Health promising sustainable meat substitutes. **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, v. 57, n. 5, p. 923–932, 2017.

KUMAR, V.; RANI, A.; SOLANKI, S.; HUSSAIN, S. M. Influence of growing environment on the biochemical composition and physical characteristics of soybean seed. **Journal of Food Composition and Analysis**, v. 19, p. 188–195, 2006.

LEAMY, L. J.; ZHANG, H.; LI, C.; CHEN, C. Y.; SONG, B. A genome-wide association study of seed composition traits in wild soybean (*Glycine soja*). **BMC Genomics**, p. 1–15, 2017.

LEE, J.; BILYEY, K. D.; SHANNON, J. G. Genetics and Breeding for Modified Fatty Acid Profile in Soybean Seed Oil. [s. l.], v. 10, n. 4, p. 201–210, 2004.

LEE, S.; VAN, K.; NELSON, R.; LAMANTIA, J.; MCHALE, L. K.; ROUF MIAN, M. A. Genome - wide association study of seed protein, oil and amino acid contents in soybean from maturity groups I to IV. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 19, 21 p., 2019.

LI, B.; FAN, S.; YU, F.; CHEN, Y.; ZHANG, S.; HAN, F.; YAN, S.; WANG, L.; SUN, J. High - resolution mapping of QTL for fatty acid composition in soybean using specific - locus amplified fragment sequencing. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, n. 7, p. 1467–1479, 2017.

LI, D.; ZHAO, X.; HAN, Y.; LI, W.; XIE, F. Genome-wide association mapping for seed protein and oil contents using a large panel of soybean accessions. **Genomics**, v. 111, n. 1, p. 90–95, 2019.

LI, Y.; REIF, J. C.; MA, Y.; HONG, H.; LIU, Z.; CHANG, R.; QIU, L. Targeted association mapping demonstrating the complex molecular genetics of fatty acid formation in soybean. **BMC Genomics**, 2015. PRIOLLI, R. H. G.; CAMPOS, J. B.; STABELLINI, N. S.; PINHEIRO, J. B.; VELLO, N. A. Association mapping of oil content and fatty acid components in soybean. P. 83–96, 2015.

LIPKA, A. E.; TIAN, F.; WANG, Q.; PEIFFER, J.; LI, M.; BRADBURY, P. J.; GORE, M. A.; BUCKLER, E. S.; ZHANG, Z. GAPIT : genome association and prediction integrated tool. **Bioinformatics**, v. 28, n. 18, p. 2397–2399, 2012.

LIU, K. **Soybeans: chemistry, technology, and utilization**. Springer Science+Business Media Dordrecht, 1997.

MACKAY, T. F. C. The Genetic Architecture of Quantitative Traits. [s. l.], 2001.

MAPA - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Valor bruto da produção dos principais produtos agropecuários**, Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2019. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/>> Acesso: 21 jul. 2019.

MIRANDA, M.; RODRIGUES, I. Benefícios à saúde humana do consumo de isoflavonas presentes em produtos derivados da soja. **Journal of Bioenergy and Food Science**, v. 02, n. 3, p. 107–116, 2015.

NEWMAN, D. L.; ABNEY, M.; MCPEEK, M. S.; OBER, C.; COX, N. J. The importance of genealogy in determining genetic associations with complex traits. **The American Society of Human Genetics**, v. 69, p. 1146–1148, 2001.

PATIL, G.; DO, T.; VUONG, T. D.; VALLIYODAN, B.; LEE, J. D.; CHAUDHARY, J.; SHANNON, J. G.; NGUYEN, H. T. Genomic-assisted haplotype analysis and the development of high-throughput SNP markers for salinity tolerance in soybean. **Scientific**

Reports, v. 6, n. January, p. 1–13, 2016.

PHANSAK, P.; SOONSUWON, W.; HYTEN, D. L.; SONG, Q.; CREGAN, P. B.; GRAEF, G. L.; SPECHT, J. E. Multi-Population Selective Genotyping to Identify Soybean [*Glycine max* (L .) Merr .] Seed Protein and Oil QTLs. **G3: Genes, Genomics, Genetics**, v. 6, p. 1635–1648, 2016.

QIU, L.-J.; CHANG, R.-Z. **The Soybean: Botany, Production and Uses**. CABI. 1 ed. 506 p., 2006.

RAFALSKI, A. Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics.

Current Opinion in Plant Biology, v. 5, n. 2, p. 94–100, 2002.

RESENDE, M. D. V. de; SILVA, F. F. RESENDE JR., M. F. R. Genética de associação (GWAS). In: BORÉM, A.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Biotechnologia aplicada ao melhoramento de plantas**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2013, p. 119-150.

RIBEIRO, K. O. **Caracterização de germoplasma de soja quanto aos teores de proteína, óleo e ácidos graxos**. 2011. 151 p. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2011.

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

SCHUSTER, I. Mapeamento genético. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.

Melhoramento da soja. Viçosa: UFV. 2017, p. 321-347.

SEGURA, V.; VILHJÁLMSSON, B. J.; PLATT, A.; KORTE, A.; SEREN, Ü.; LONG, Q.; NORDBORG, M. An efficient multi-locus mixed-model approach for genome-wide association studies in structured populations. **Nature Genetics**, v. 44, n. 7, 2012.

SILVA, F. L. da; LUDKE, W. H.; DEL CONTE, M. V.; BUENO, T. V. SILVA, A. S. L. da. Métodos para condução de populações segregantes. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. **Melhoramento da soja**. Viçosa: UFV. 2017, p. 196-221.

SILVA, F. L. da; RESENDE, M. D. V. de; LUDKE, W. H.; BUENO, T. V. Características quantitativas no melhoramento. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.

Melhoramento da soja. Viçosa: UFV. 2017, p. 114-146.

SILVA-LOPEZ, R. E. Inibidores de Proteases Oriundas de Plantas : Uma Abordagem Útil para o Desenvolvimento de Novos Fármacos. **Revista Fitos**, p. 108–119, 2009.

SINGH, B. D.; SINGH, A. K. **Marker Assisted Plant Breeding: Principles and Practices.** Springer, 447 p., 2015.

SINGH, P.; KUMAR, R.; SABAPATHY, S. N.; BAWA, A. S. Functional and edible uses of soy protein products. **Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety**, v. 7, n. 1, p. 14–28, 2008.

SONAH, H.; O'DONOUGHUE, L.; COBER, E.; RAJCAN, I.; BELZILE, F. Identification of loci governing eight agronomic traits using a GBS-GWAS approach and validation by QTL mapping in soya bean. **Plant Biotechnology Journal**, v. 13, n. 2, p. 211–221, 2015.

SONG, Q.; HYTEN, D. L.; JIA, G.; QUIGLEY, C. V.; FICKUS, E. W.; NELSON, R. L.; CREGAN, P. B. Development and Evaluation of SoySNP50K, a High-Density Genotyping Array for Soybean. **PLoS ONE**, v. 8, n. 1, p. 1–12, 2013.

SONG, Q.; HYTEN, D. L.; JIA, G.; QUIGLEY, C. V.; FICKUS, E. W.; NELSON, R. L.; CREGAN, P. B. Fingerprinting Soybean Germplasm and Its Utility in Genomic Research. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 5, n. 10, p. 1999–2006, 2015.

SOUZA, M. O. De; MARQUES, D. V.; SOUZA, G. d. S.; MARRA, R. O Complexo De Soja : Aspectos Descritivos E Previsões. **Pesquisa Operacional para o Desenvolvimento**, v. 2, n. 1, p. 1–86, 2010.

UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M. da; DI MAURO, A. O. Seleção assistida por marcadores moleculares e seleção genômica. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. **Melhoramento da soja.** Viçosa: UFV. 2017, p. 348-371.

USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE.; FOREIGN AGRICULTURAL SERVICE. **Oil seeds:** World Markert and Trade. United States Department of Agriculture Foreign Agricultural Service, 2018. Disponível em: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/oilseeds.pdf>>. Acesso em: 10 jul 2019.

VANRADEN, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 11, p. 4414–4423, 2008.

- VUONG, T. D.; SONAH, H.; MEINHARDT, C. G.; DESHMUKH, R.; KADAM, S.; NELSON, R. L.; SHANNON, J. G.; NGUYEN, H. T. Genetic architecture of cyst nematode resistance revealed by genome-wide association study in soybean. **BMC Genomics**, v. 16, n. 1, p. 1–13, 2015
- WANG, Q.; TIAN, F.; PAN, Y.; BUCKLER, E. S.; ZHANG, Z. A SUPER Powerful Method for Genome Wide Association Study. **Plos One**, v. 9, n. 9, 2014.
- WARRINGTON, C. V.; ABDEL-HALEEM, H.; HYTEN, D. L.; CREGAN, P. B.; ORF, J. H.; KILLAM, A. S.; BAJJALIEH, N.; LI, Z.; BOERMA, H. R. QTL for seed protein and amino acids in the Benning × Danbaekkong soybean population. **Theoretical and Applied Genetics**, p. 839–850, 2015.
- WILSON, R. F. Seed Composition. **Encyclopedia of Geomagnetism and Paleomagnetism**, n. 16, p. 149–151, 2004.
- WIMMER, V.; ALBRECHT, T.; AUINGER, H. J.; SCHÖN, C. C. Synbreed: A framework for the analysis of genomic prediction data using R. **Bioinformatics**, v. 28, n. 15, p. 2086–2087, 2012.
- WYSMIERSKI, P. T.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: Evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, v. 36, n. 4, p. 547–555, 2013.
- ZHANG, D.; LÜ, H.; CHU, S.; ZHANG, H.; ZHANG, H.; YANG, Y. The genetic architecture of water- soluble protein content and its genetic relationship to total protein content in soybean. 2017, n. February, p. 1–13, 2017.
- ZHANG, H.; LI, C.; DAVIS, E. L.; WANG, J.; GRIFFIN, J. D.; KOFSKY, J.; SONG, B. Genome-Wide Association Study of Resistance to Soybean Cyst Nematode (Heterodera glycines) HG Type 2.5.7 in Wild Soybean (Glycine soja). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 7, n. 8, p. 1–11, 2016. a.
- ZHANG, J.; SONG, Q.; CREGAN, P. B.; JIANG, G. L. Genome-wide association study, genomic prediction and marker-assisted selection for seed weight in soybean (Glycine max). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 129, n. 1, p. 117–130, 2016. b.
- ZHANG, J.; SONG, Q.; CREGAN, P. B.; NELSON, R. L.; WANG, X.; WU, J.; JIANG, G. L. Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in

early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm. **BMC Genomics**, v. 16, n. 1, p. 1–11, 2015.

ZHANG, J.; WANG, X.; LU, Y.; BHUSAL, S. J.; SONG, Q.; CREGAN, P. B.; YEN, Y.; BROWN, M.; JIANG, G. Genome-wide Scan for Seed Composition Provides Insights into Soybean Quality Improvement and the Impacts of Domestication and Breeding. **Molecular Plant**, 2018, v. 11, n. 3, p. 460–472.

ZHU, C.; GORE, M.; BUCKLER, E. S.; YU, J. Status and Prospects of Association Mapping in Plants. **The Plant Genome**, v. 1, n. 1, p. 5–20, 2008.

ANEXO

Anexo A. Relação de 416 acessos de soja pertencentes à coleção mantida pela Secretaria da Agricultura, Pecuária e Abastecimento do Estado de Goiás (Seagro-GO), atual Emater, com informações¹ de genealogia, ciclo de maturação (CM) teores médios (g/100g) de óleo (OL), proteína (PROT), e dos ácidos graxos palmítico (PAL), esteárico (EST), oleico (OLC), linoleico (LIN) e linolênico (LIL) (Ribeiro, 2011).

Bag	Acesso	Genealogia	CM	OL	PROT	PAL	EST	OLC	LIN	LIL
2	EMGOPA-302	Parana x Mandarin	P	16,7	38,6	11,7	1,9	24,1	53,9	7,0
3	BRSGO-204 (GOIÂNIA)	[BR-13 (3) x (BR-16 x Ss-1)] x Braxton	M	16,3	39,0	11,9	2,5	22,2	54,6	7,1
4	EMGOPA-315	Dourados (2) x (Amambai (2) x Ss-1)	M	16,3	38,7	12,5	1,9	26,0	52,4	6,0
5	MGBR-46 CONQUISTA	LO 76-4484 x Numbaira	M	17,0	40,0	12,1	2,1	25,3	52,4	6,5
6	EMGOPA-314 (GARÇA BRANCA)	EMGOPA-301 (6) x EMBRAPA-20 (Doko RC)	T	16,6	39,0	12,1	1,9	22,5	55,3	6,9
8	ST93-2051	-	M	18,2	37,5	10,9	2,0	26,3	54,3	5,9
10	EMGOPA-308 BELA VISTA	EMGOPA-308 (6) x BR92-31914	T	16,5	40,0	12,2	2,0	26,0	52,1	6,2
11	EMGOPA-313 JATAÍ	[IAC-7 x (Santa Rosa x GO79-3068)] x BR92-31910	T	16,4	37,8	12,2	2,2	20,4	57,7	6,7
12	NOVA IAC-7	Selecao na IAC-7 (GO83-2031)	T	17,3	36,9	11,2	2,2	27,9	52,2	5,7
13	EMGOPA-306 (CATALÃO)	(EMGOPA-308 (6) x BR92-31914) x (E-306(6) x BR92-31910)	T	16,1	38,4	12,5	2,0	19,9	56,8	7,1
14	FT-2000	-	M	17,2	39,5	12,2	2,4	24,1	53,4	6,4
19	CRISTALINA	(FT-Cristalina (5) x Doko RCH)	T	16,5	38,4	11,5	1,9	23,1	55,3	6,8
20	BRS-CARLA	BR-16 x BR83-147	M	16,6	39,3	12,4	2,2	26,9	50,0	6,3

21	BRS-MILENA	FT-Ayara x BR83-147	M	17,6	38,6	11,7	2,1	26,1	53,1	5,8
22	PINTADO	Sharkey x {Hartwig x [BR87-567 (3) x FT-Estrela]}	T	17,1	39,4	11,6	1,7	31,6	47,8	6,3
23	BRS-CELESTE	Bossier x BR-1 T	T	16,7	39,2	12,3	3,2	20,5	57,2	6,3
25	GOBR95-121119	(BR-16 (5) x SS-1) x BR-37-55	M	17,0	38,3	12,6	2,2	20,7	56,3	6,8
26	GOBR94-122243	LEFLORE x {Hartwig x [BR87-567 (3) x FT-Estrela]}	M	16,7	39,6	12,1	2,2	24,7	52,7	6,6
27	GOBR97-055009	Stone Wall x BR93-32041	M	16,0	37,5	11,3	2,2	23,6	55,3	6,4
29	GOBR95-17538	FT-2 x (BR80-6989 x IAC-12) x Ayara	T	16,6	38,7	12,3	2,0	21,9	54,7	7,1
30	GOBR95-12218	OCEPAR-8 x FT-Estrela	T	16,9	40,0	13,2	2,3	23,1	53,5	7,2
31	GOBR97-058163	Sharkey *2 x BR93-32043	T	16,8	39,7	11,7	1,8	31,1	48,2	6,1
32	GOBR97-64258	MTBR94-20117 x Sharkey	T	16,1	39,1	12,0	1,9	28,8	50,9	5,8
33	GOBR97-065029	Hartwig x MTBR94-18190	M	16,9	38,0	12,2	2,2	24,1	53,7	6,8
34	GOBR97-067033	MTBR94-20514 x Sharkey	M	16,7	39,4	11,5	1,9	20,7	51,1	6,3
43	BR95-15305	FT-Guaira x FT-Estrela	T	16,9	39,3	11,9	2,0	35,1	42,4	6,8
44	BR92-249	CPAC	T	16,9	38,5	11,2	2,1	30,7	49,1	6,1
47	GOBR95-2852	CPAC	T	16,7	37,6	12,0	2,4	21,3	55,7	7,0
48	GOBR95-69943	(OC-8 x BR-13) x (Doko x PI-229358)	T	16,5	38,9	11,9	2,2	22,8	55,1	6,6
50	GOBR95-3734	Cristalina x FT-Estrela	T	17,3	39,3	12,9	3,6	22,7	52,7	6,1
53	GOBR95-13848	BR83-9547 x (BR87-567 (3) x BR-9 x Bossier)	T	16,9	38,9	12,0	2,2	23,5	54,7	6,6
54	GOBR93-1483 (LUZIÂNIA)	Braxton x (FT-5 x Dourados-1 (5) x Ss-1)	M	16,8	39,7	11,0	2,0	33,1	47,2	5,9
56	GOBR95-57007	T89-46 R (Bulk Percevejo)	T	16,7	37,1	11,9	2,0	25,1	53,5	6,6
59	GOBR95-3622	OCEPAR-3 x Doko RC	M	17,3	37,8	12,2	2,6	27,6	50,4	6,1
61	GOBR95-54105	Doko x IAC74-2832	M	16,5	39,4	12,2	2,0	20,4	57,3	7,3
62	SANTA CRUZ	FT-14 x [Deus-2 (2) x Ss-1]	M	16,8	38,4	11,8	2,0	26,6	52,5	6,2
63	MGBR95-19125	-	T	16,9	38,6	11,7	2,0	24,5	55,2	6,0
65	CSST-1	-	M	16,3	39,1	12,0	2,4	21,2	56,2	6,7
66	GOBR93-8220	IAC-13 x BR-16	M	15,9	39,3	12,8	2,1	21,2	56,2	6,8
67	GOBR95-15956	BR-37 x 555 x BR90-7013	P	17,1	38,1	11,4	2,2	28,2	50,5	6,2
68	GOBR95-12250	OCEPAR-8 x FT-Estrela	T	16,9	38,4	12,2	3,3	20,4	54,7	5,9
69	GOBR97-056184	LEFLORE *4 x BR90-7057	T	16,9	38,0	11,5	1,8	28,8	50,9	6,0
70	GOBR97-057130	Sharkey* (3) x BR92-31861	M	17,0	39,8	11,3	1,8	30,3	49,7	6,2
71	MGBR95-964	Braxton x [BR13*3 x (BR16 x SS-1)]	M	16,9	38,4	11,8	2,2	25,5	52,3	7,2
75	EMGOPA-306	Cruzamento com EMGOPA-301	T	16,4	38,9	12,4	2,2	19,1	57,7	7,6

76	GOBR95-12895	FT-2 x (BR80-6989 x Tracy-M)	M	15,8	38,3	12,1	3,1	23,9	51,1	6,2
77	GOBR00-622015	Hartwig x MTBR95-121319	M	16,3	39,8	12,6	2,1	23,0	54,4	6,5
78	EMGOPA-311	Parana Goiana x Cristalina	T	16,6	38,5	12,2	1,9	23,7	55,4	6,4
79	SAMBAIBA	FT-5 x [Dourados (4) x Ocepar-9 SS-1]	T	17,0	38,2	12,1	2,0	24,0	54,5	6,4
80	MONSOY-6101	-	P	17,9	37,4	11,1	2,6	22,2	55,5	7,2
84	GOBR93-1283	FT-Ayara B x {(Lancer (4) x BR80-698)}	T	16,7	38,8	11,8	2,1	24,4	54,2	6,5
86	GOBR94-1704	Cristalina x FT-Estrela	M	16,6	41,1	12,4	2,0	25,3	52,1	6,8
88	EMGOPA-309	Bulk Londrina retrocruzamento 4 vezes	P	16,4	37,0	12,3	2,3	28,7	47,8	6,6
92	GOBR99-772034	-	T	16,4	36,8	12,4	2,4	19,3	57,4	7,2
96	OCEPAR-10	-	P	17,4	36,7	12,0	1,9	21,6	55,4	7,2
97	OCEPAR-17	-	P	17,0	38,1	11,2	2,2	29,0	49,9	5,6
99	MATRINCHA	-	M	17,1	40,3	12,2	2,2	26,5	50,8	6,7
100	BRGO99-2850	FT-18 x Dourados-B	T	16,8	38,6	11,8	1,9	29,0	49,3	6,3
102	OCEPAR-8	-	P	15,8	39,1	12,2	2,4	20,5	55,4	7,0
107	EMGOPA-307	GO79-3090 x Parana Goiana	M	16,5	39,5	12,8	2,4	21,9	54,6	6,6
108	EMGOPA-303	IAC-73-2736 x IAC-6	T	16,0	39,5	12,1	2,2	20,4	57,4	6,7
109	EMGOPA-304	Parana x Mandarin	P	15,9	39,1	13,6	2,3	21,9	53,5	6,6
112	EMGOPA-312	Paraná Goiana x Cristalina	T	16,4	39,4	12,0	3,2	20,1	55,1	6,4
116	MONSOY-8800		T	15,6	38,7	12,4	2,4	19,6	57,4	7,0
117	IAC-14		T	16,1	38,8	12,6	2,1	23,3	54,7	6,2
118	DM-NOBRE	Doko x BR-15 (Mato Grosso)	T	17,0	39,5	11,1	2,2	23,5	55,4	6,3
119	DM-VITORIA	IAC-8 x MFV-9 (Sucupira)	T	16,5	37,1	10,6	1,8	29,7	51,4	5,8
123	DM-339	Doko x BR83-6288 (Kge)	T	16,3	39,5	12,0	2,2	20,9	56,6	7,1
124	EMGOPA-305 GOIATUBA	-	T	16,8	38,5	12,5	2,4	20,8	56,0	6,9
129	TRACAJAS	-	T	16,9	38,6	11,6	2,3	27,5	52,1	5,7
130	BRS JUSSARA	-	T	16,5	39,2	11,8	2,1	21,5	56,3	6,7
137	GOBR96-04303	E-313 (3) x BR90-6979	T	16,7	36,8	12,0	2,2	20,5	58,0	6,6
138	GOBR96-005547	BR-9 *2 x BR97-555	T	16,9	38,7	11,6	2,1	26,6	53,4	6,0
139	GOBR97-056191 (IPAMERI)	LEFLORE *4 x BR90-7057	T	16,3	40,1	11,6	1,9	30,8	48,5	6,0
140	GOBR95-9108	BR 27 RC x (BR 27 RC x BR90-30604)	T	16,5	39,0	11,7	2,1	25,1	53,7	6,5
141	GOBR96-005122	(EMGOPA-308 *2 x BR90-1983) x EMGOPA-313	T	16,7	38,6	12,3	2,3	23,8	53,0	6,6
142	GOBR96-057216	Sharkey x BR92-31861	T	16,8	39,4	11,8	1,9	22,9	55,7	6,4
143	GOBR96-000913	BR 97 RC x (IAC-12 x FT-Cristalina)	T	16,7	40,4	11,5	2,3	21,7	56,9	6,6
146	PI-88788	-	P	15,8	42,6	12,1	1,8	26,6	50,3	7,4
151	MT/BR-53 TUCANO	-	T	16,8	37,9	12,4	2,2	21,3	56,6	6,8

152	ARARA AZUL	-	T	17,0	37,8	11,9	2,0	25,7	53,8	5,9
153	FMT-TUCUNARE	-	M	17,0	38,7	12,1	2,2	23,4	53,2	6,8
154	MONSOY-5942	-	P	16,8	38,4	12,2	2,2	24,6	51,7	6,7
156	BRGO00-14467-01-01	IAC-100 x (FT-5 x OC-9)	T	15,6	40,7	13,0	2,3	19,4	56,6	7,2
157	DWIGHT	-	P	16,9	37,9	13,5	3,0	24,1	50,8	6,5
158	INA	-	P	16,5	38,5	10,8	1,8	34,0	44,6	6,2
159	CACHARA	-	M	16,4	40,5	11,9	2,0	29,6	49,2	6,0
160	BRSMG-RENASCENÇA	-	P	16,3	39,4	12,2	2,3	28,1	49,5	6,0
161	JACK	-	T	16,7	39,3	11,6	3,3	28,5	48,2	5,2
169	BR-36	-	P	17,0	38,9	12,1	2,1	23,0	55,1	6,0
171	EMBRAPA-48	(Davis x Parana) x IAS-4 x BR-5	P	16,8	37,1	12,0	2,3	23,3	53,9	6,5
173	EMBRAPA-59	-	P	16,7	37,7	12,8	2,5	23,5	52,2	6,2
174	EMBRAPA-60	FT-Ayara x BR83-147	M	16,1	39,0	12,5	2,3	23,7	52,8	6,7
187	EMGOPA-308.00.07	EMGOPA-308 (6) x BR92-31914	T	17,2	38,4	11,7	2,2	22,6	56,8	6,3
189	GOBR99-103043	CRIXAS x (EMGOPA-308(5) x BR92-31917)	T	16,3	38,4	11,6	2,2	23,4	55,3	6,5
190	GOBR99-72070	FT-SERIEMA(2) x FT-ESTRELA	T	16,0	39,4	12,4	2,6	21,3	56,4	6,6
191	GOBR99-419016	FT-45263 x (EMGOPA-306(5) x BR92-31910)	T	16,1	38,0	11,5	2,4	20,4	58,2	6,5
193	GOBR99-366033	BR88-4903 x BR83-8072	T	16,6	38,9	12,2	2,1	21,6	55,9	6,8
194	GOBR99-772025	BR82-1166 x E95-243	T	16,6	37,9	12,9	1,9	20,6	56,5	7,3
195	GOBR99-884070	FT-106 x MTBR92-5291	T	16,8	38,9	12,1	2,1	23,2	55,8	6,1
196	GO 00-366-01-01	GOBR95-69443 x EMGOPA-302	M	17,1	40,0	10,7	2,2	32,6	47,4	5,5
204	GOBR97-061004 (CHAPADÕES)	Hartwig x (BR90-7063 x BR90-7213)	T	16,3	38,5	11,9	2,1	21,9	55,8	7,1
207	GOBR98-008062	BR90-4784M x BR92-15266	M	17,2	39,6	11,6	2,0	24,7	54,0	7,0
215	GOBR98-078009	CENTENNIAL x BR94-23373	M	16,6	40,1	11,1	2,1	24,7	53,9	6,7
217	GOBR98-10489	BRAGG x BR93-32021	M	17,2	38,6	11,9	2,1	25,7	52,8	6,1
221	GOBR98-057078 (EDEIA)	THOMAS x BR95-22829	T	17,0	39,2	11,9	2,2	23,4	54,6	6,4
222	GOBR98-015075	FORREST x BR95-22829	M	16,6	38,5	11,6	2,3	28,1	51,2	6,0
223	GOBR98-127058	CENTENNIAL x BR94-23386	T	16,8	39,8	10,4	1,6	31,8	48,8	6,1
225	GOBR98-034035	MTBR92-25542 x E95-445	T	16,8	40,4	11,0	2,0	26,0	53,4	6,2
226	GOBR98-053084	EMGOPA-308 x BR96-40916	T	16,4	39,1	12,0	2,4	21,5	56,2	6,5
227	GOBR98-070075	CENTENNIAL x BR95-22780	T	16,3	39,6	12,0	2,2	20,4	57,4	6,7
231	GOBR98-084078	CENTENNIAL*5 x BR94-23386	T	16,9	38,8	11,1	2,0	24,2	54,8	6,4
239	GOBR98-072041	HARTWIG x BR90-7063	T	16,4	39,4	11,9	2,2	22,6	55,0	7,0

240	GOBR98-010092	MS/BR-39 x BR94-23360	T	17,1	39,2	11,4	1,9	29,2	50,3	6,1
245	Caiapônia	-	P	16,1	37,6	12,6	2,0	23,1	53,6	7,2
257	GO 99-01.023	EMGOPA-302 x CRIXAS	P	16,5	38,6	12,2	2,6	22,5	53,6	6,9
265	GO 99-05.029	CRIXAS x GOBR95-6224	P	16,2	37,8	12,1	2,4	23,8	52,7	6,7
268	GO 99-06.013	GOBR95-1337 x EMGOPA-302	P	16,7	36,1	10,8	2,2	23,7	55,0	6,8
293	BRGO99-4186-23	MTBR95-123246 x MTBR95-123650	M	16,7	38,4	12,6	2,2	21,1	55,6	7,1
298	BR00-9163	MG/BR-42(8) x BR86-4009	P	17,4	38,3	10,7	2,1	25,7	53,8	5,7
306	GOBR99-4102.30	Don Mario 48 x Suprema	M	17,0	37,4	11,0	2,3	26,7	52,8	6,2
312	PI-200490	-	P	16,9	40,1	9,6	1,8	39,6	40,4	6,2
313	PI-240667	-	T	16,0	42,5	11,7	1,9	31,4	47,8	6,2
322	IAC-8	-	M	17,1	39,9	11,7	2,2	26,6	51,1	6,8
324	IAC-9	-	T	16,1	37,7	12,4	2,1	20,9	56,7	6,5
330	IAC-15-2	-	M	16,5	39,4	11,5	2,1	29,2	50,3	5,8
332	IAC-17	-	P	16,7	41,0	13,1	2,4	23,7	51,6	6,7
336	IAC-2	-	M	16,4	39,6	11,2	2,0	24,2	55,7	6,0
337	IAC-4	-	M	16,5	40,4	11,6	2,0	21,6	57,4	6,3
339	IAC-22	-	P	16,2	39,4	13,2	2,2	18,5	56,4	7,4
340	IAC-23	-	M	16,5	40,0	11,7	2,2	25,5	52,7	6,6
345	FT-2	-	M	16,8	39,4	11,7	1,9	26,7	51,2	6,6
348	PARANAGOIANIA	-	T	16,4	39,2	11,9	2,2	21,1	57,2	7,1
349	MONSOY 9350	-	T	16,9	38,1	12,3	2,3	20,8	57,5	6,5
350	MONSOY 8211	-	M	16,8	40,3	11,9	2,1	27,1	51,6	6,3
351	MONSOY 9010	-	T	16,1	38,9	12,4	2,3	18,5	57,5	7,6
352	MONSOY 8914	-	T	17,1	37,8	12,0	2,3	23,4	55,0	6,5
353	MONSOY 8866	-	T	16,9	38,4	10,8	2,1	27,4	53,0	6,0
355	MONSOY 8998	-	T	16,5	39,2	11,8	2,2	21,7	57,3	6,6
356	MONSOY 8222	-	M	16,5	39,5	11,9	2,2	23,8	53,5	7,0
358	MONSOY 7900	-	M	17,3	37,6	11,2	2,5	22,7	54,8	7,2
359	TAINUNG 4 (PI 368039)	-	P	16,6	41,2	11,3	1,8	36,4	42,4	6,1
360	ANDREWS	-	M	16,3	40,0	12,1	2,1	21,9	56,5	6,4
361	BOSSIER	-	P	16,4	38,9	11,8	2,2	28,4	49,0	6,3
362	IAS 3 (DELTA)	-	P	15,8	40,7	11,9	2,5	24,2	53,3	6,0
367	CEP 12 (CAMBARÁ)	-	P	17,0	37,6	11,5	2,2	22,4	56,3	6,0
398	GOBR98-063077	THOMAS x BR95-22767	M	16,2	38,8	12,1	2,4	24,6	52,5	6,4
400	GOBR98-008097	BR90-4784M x BR92-15266	M	16,3	38,6	12,0	1,8	22,0	55,5	7,4
403	GOBR98-065071	HARTWIG x MTBR94-18190	T	16,5	39,9	11,9	2,1	21,6	56,0	7,1
404	GOBR97-08728	BR93-32121 x LAMAR	T	16,8	40,3	10,6	1,9	30,9	49,0	5,8
405	GOBR98-085064	E93-402*3 x E94-64	T	16,7	40,0	10,9	1,8	36,5	43,9	5,5

409	GOBR99-523040	FT-2000 x (IAC-31 x FOSCARIU)	M	17,3	38,7	13,1	2,5	23,1	54,1	6,3
410	GOBR99-143010	SHARKEY x MTBR95-12243	M	16,7	42,1	11,7	2,1	31,5	46,5	6,3
413	GOBR99-971004	BR94-23373 x FORREST	M	16,7	40,2	10,5	1,9	39,8	40,7	5,7
415	GOBR99-12548	IAC-8(8) x CRISTALINA	M	16,9	40,7	11,8	1,9	27,3	50,7	6,6
416	GOBR95-1337-00-08	FT-COMETA x FT-5 RNCS	M	17,0	37,5	11,4	2,2	27,3	51,7	5,9
422	GOBR95-322-00-01	BR85-6356 x OCEPAR-3	M	16,5	38,1	12,5	2,3	24,8	52,0	6,6
423	GOBR99-961001	FORREST x BR95-22882	M	16,2	39,0	11,8	2,0	32,9	45,5	6,0
426	GOBR99-945001	SHARKEY(4) x PADRE	T	17,2	39,5	10,8	1,8	32,3	47,6	6,2
427	GOBR99-671019	FT-5 SDSR x (FT-JATOBÁ x E 94-189c)	T	17,0	39,6	11,4	1,8	30,5	49,8	5,5
429	GOBR99-316019	(EMGOPA-306(5) x BR92-31910) x FT-JATOBÁ SDSR	T	16,9	38,8	12,2	2,0	25,0	53,8	6,3
430	GOBR99-148011	LEFLORE x MT95-121461	M	16,6	38,3	12,1	2,1	24,2	53,9	6,4
433	GOBR99-627004	CARVER x MTBR95-121430	T	16,4	40,7	11,7	2,0	21,9	55,8	7,0
439	GOBR99-671061	FT-5 SDSR x (FT-JATOBÁ x E 94-189c)	T	17,0	40,1	11,2	1,8	33,9	47,0	5,4
442	GOBR99-577035	FT-109 x CONQUISTA	T	16,4	39,7	11,9	1,7	25,3	53,4	6,5
449	GOBR99-610052	HARTWIG x MT95-122360	T	17,3	39,2	13,9	3,5	28,6	45,3	5,2
450	GOBR99-123039	(CURIÓ x EMGOPA-313 (4) x BR92-31910	T	16,3	38,4	12,1	2,2	20,9	57,3	6,8
464	GOBR99-888020	FT-108 x MTBR91-50789	M	15,6	38,5	12,0	2,3	22,1	55,7	6,7
470	GOBR99-773014-03-01	BR82-1166 x E 95-466	M	16,5	37,9	12,6	2,3	20,8	56,9	6,5
494	PI-200455	ASO Nº 1	P	16,9	41,2	11,5	2,1	25,9	52,6	6,1
495	PI-200492	KOMATA Rpp 1	P	16,6	39,8	11,5	2,0	31,4	47,2	5,9
497	PI-200466	GARA BUN	P	16,8	40,3	12,3	1,8	28,2	50,6	5,7
500	BRS APIAKÁS	-	M	16,0	38,7	11,9	2,1	23,8	55,1	6,6
501	IAC 23	-	P	16,5	41,5	12,1	2,5	22,4	54,0	6,8
507	BRS BARREIRAS	-	T	16,1	38,5	11,6	2,1	21,0	56,6	7,2
511	UFV 18 (PATOS DE MINAS)	-	T	16,8	37,7	11,3	2,0	20,6	57,9	7,3
512	BRS 206	-	P	16,4	38,0	12,6	1,9	23,6	53,6	6,6
513	FT-LIDER	-	P	17,1	38,8	11,7	2,1	30,5	47,5	6,1
515	BRS ANHUMAS	-	T	17,1	38,8	11,9	2,0	33,3	45,5	5,5
517	PI-90406	-	P	17,0	39,0	9,6	1,6	45,4	36,0	5,3
519	BRSMS TAQUARI	-	T	17,3	38,9	11,3	1,8	30,8	49,2	5,9
520	HOOD 75	-	P	16,5	39,4	12,8	2,5	19,5	55,7	7,0
522	RB 501	-	P	16,5	39,0	12,4	2,2	25,2	51,2	6,6
523	FT-107	-	P	16,4	37,2	14,0	2,3	23,5	52,1	6,0
524	RB 604	-	P	18,5	37,9	11,9	1,6	27,9	51,0	5,8
525	CD 207	-	M	17,5	39,3	10,7	2,0	35,5	44,9	6,0

527	BRS 217 (FLORA)	-	M	17,3	40,7	11,6	2,1	25,3	53,2	6,3
528	CD 205	-	T	16,7	39,4	11,7	1,9	24,0	55,0	6,7
529	CD 206	-	P	16,8	38,6	10,3	2,0	32,1	48,0	5,5
531	UFVS 2002	-	T	16,2	38,0	12,6	2,1	18,8	58,4	7,5
534	BRQ 94-7277	-	P	16,2	41,1	12,6	2,5	30,5	46,5	6,1
535	BRQ 95-1873	-	T	16,2	39,0	12,4	1,9	34,1	44,1	6,4
536	BRQ 96-1257	-	T	16,5	39,4	12,1	1,9	23,1	54,2	7,1
537	BRQ 96-3065	-	T	15,7	41,0	12,9	2,3	22,2	53,8	7,3
538	PI-595099	-	P	16,3	39,8	12,4	2,1	23,4	51,8	7,8
539	PI-230977	-	P	17,3	38,3	11,8	1,5	27,2	50,9	6,3
545	BRQ 94-7898	-	P	17,0	39,0	12,3	1,7	29,0	48,5	6,3
546	S 0205	-	M	17,4	38,9	12,1	1,8	25,2	53,6	6,2
547	BED FORD	-	P	16,6	38,0	10,6	2,1	30,8	48,6	5,8
552	MONSOY 9001	-	T	17,1	37,7	13,0	2,4	22,1	54,9	6,6
553	SHARKEY	-	P	16,6	41,1	10,3	1,4	48,9	31,3	5,2
554	RB 605	-	P	16,3	38,9	12,4	1,8	21,9	55,3	7,4
561	MONSOY 7501	-	M	16,4	38,2	12,5	2,1	21,8	55,1	7,2
562	BRQ 95-2313	-	M	17,0	37,3	11,6	2,1	22,2	55,9	7,0
568	BRS PÉTALA	-	T	17,0	38,9	10,9	2,1	23,9	55,0	6,9
569	MONSOY 8550	-	M	15,9	38,4	12,1	2,2	20,5	57,1	7,0
570	FT 100	-	M	16,6	39,3	11,0	2,0	32,0	48,3	6,2
576	BRS 214	-	M	16,9	39,4	12,5	1,9	25,2	52,7	6,3
577	DM RAINHA	-	M	15,9	39,1	11,3	1,8	33,3	47,2	5,8
582	FT 104	-	M	16,0	38,0	12,6	2,2	21,7	52,6	7,0
583	FT MARACAJÚ	-	M	16,8	38,9	12,5	2,2	22,0	54,8	6,9
585	SANT' ANA	-	M	16,5	38,5	12,1	2,2	23,7	54,1	7,0
586	UFV 3	-	M	17,0	40,4	10,0	2,1	19,2	62,1	6,2
587	FT EUREKA	-	P	16,6	38,9	12,2	2,2	31,8	45,9	5,7
588	FT MANACÁ	-	P	16,3	38,2	16,6	2,3	19,2	52,1	7,0
589	MT/BR 50 (PARECIS)	-	M	16,6	40,3	11,6	2,0	21,8	55,8	7,3
592	BRS 212	-	P	16,5	40,5	14,0	2,2	24,7	50,5	6,9
593	CD 202	-	P	16,9	37,0	11,4	2,0	34,0	44,5	5,7
594	FEPAGRO-RS 10	-	P	15,7	41,3	12,6	2,3	19,0	56,1	7,2
595	BRSMG GARANTIA	-	T	17,3	39,7	11,6	2,0	24,9	53,9	6,5
600	FT 102	-	T	17,2	38,0	12,5	2,3	25,4	51,7	6,3
605	PLANALTO	-	P	17,2	39,1	12,9	2,5	26,4	50,1	6,0
610	FT 20 (JAÚ)	-	P	16,8	40,5	12,4	2,1	27,6	50,7	5,9
612	INVICTA	-	P	17,2	38,8	12,9	2,3	23,8	52,7	6,2
614	IPAGRO 20	-	M	16,2	39,5	12,4	2,5	19,5	57,7	7,2
615	CAC 1	-	M	16,4	40,0	11,7	2,4	21,4	55,6	7,1
616	MISSÕES	-	M	17,0	39,4	11,6	2,1	24,3	55,0	6,2
617	UFV 4	-	M	17,2	39,2	11,9	2,1	23,5	54,9	6,4
623	COKER 136	-	P	16,4	38,9	12,6	2,6	22,6	53,1	6,6
624	DÉCADA	-	P	16,9	38,6	11,1	2,0	25,8	51,8	7,2

625	BR 4 RC	-	M	16,7	39,2	11,7	1,8	30,2	48,9	6,1
627	UNIÃO	-	P	16,3	39,5	12,6	2,1	25,3	50,7	6,9
628	UFV ARAGUAIA	-	T	16,8	39,8	11,7	2,3	20,6	57,3	6,8
630	FT 14 (IRACEMA)	-	T	16,9	37,1	12,1	2,2	20,5	57,6	6,7
632	SP/BR 41	-	P	16,9	38,7	11,6	2,1	28,5	49,7	6,2
636	EMBRAPA 64 (PONTA PORÃ)	-	P	16,8	38,2	12,6	2,2	21,6	53,9	7,0
637	CAJEME	-	P	16,8	39,5	11,6	1,8	31,5	47,4	5,9
639	HARDEE	-	M	16,6	38,7	12,0	1,9	21,6	56,6	6,7
645	MS/BR 17 (SÃO GABRIEL)	-	M	17,0	35,7	10,8	2,0	24,5	55,7	6,0
647	BR 24	-	P	17,2	37,5	11,8	2,0	24,1	53,1	6,3
648	MS/BR 20 (IPE)	-	P	17,1	39,7	11,4	2,0	22,8	55,9	6,5
650	UFV 14	-	T	16,9	39,7	10,7	1,9	32,6	48,1	5,9
651	UFV 2	-	M	17,1	39,3	12,2	2,0	20,2	58,6	6,9
652	HILL	-	P	16,6	39,4	11,9	1,7	29,7	47,2	6,2
663	FT 11 (ALVORADA)	-	T	16,6	39,0	11,9	2,2	22,4	55,6	6,6
664	FT 8	-	M	16,3	37,9	11,7	2,1	24,1	54,6	6,3
672	CORDELL	-	P	16,5	39,4	11,1	2,0	35,0	44,4	5,4
677	BRQ 95-1136	-	M	16,2	38,7	12,3	2,1	34,4	42,5	6,1
679	BRQ 94-1311	-	M	16,8	39,4	12,4	2,0	28,3	49,2	6,8
685	MONSOY 7603	-	M	16,4	38,9	11,7	1,9	30,4	49,2	5,8
691	BRS BABAÇU	-	T	16,5	38,5	11,8	2,5	20,5	56,6	7,2
709	IVORÁ	-	P	16,9	37,7	11,7	2,0	20,8	57,0	6,6
715	UFV 15 (UBERLANDIA)	-	M	16,6	40,0	12,7	2,3	24,2	53,0	6,3
716	J 200	-	M	16,8	39,9	11,6	1,9	33,2	46,3	5,8
719	SERTANEJA	-	P	16,5	38,6	12,6	2,2	22,4	53,9	6,7
720	FT 101	-	T	16,9	40,0	11,6	1,9	27,6	51,7	6,1
722	PIRAPO 78	-	P	17,4	38,1	11,9	2,4	20,6	55,5	7,0
726	IPAGRO 21	-	P	16,3	39,2	11,8	2,5	29,5	47,0	6,0
735	UFV 8 (MONTE RICO)	-	T	16,6	40,3	12,0	2,3	20,1	57,6	6,8
753	INDUSTRIAL	-	M	17,0	40,0	12,0	2,4	18,1	59,3	6,1
754	BRS 138	-	M	16,9	39,0	11,8	2,4	26,0	52,8	6,2
760	MSBR 34 (EMPAER 10)	-	M	16,6	38,4	11,9	2,2	23,5	54,5	6,9
762	EMGOPA 313	-	T	17,1	37,0	12,6	2,3	21,4	56,5	6,1
763	BRQ 95-2412	-	M	17,0	40,2	12,2	2,3	20,5	56,6	7,2
764	BRS 211	-	M	17,0	38,9	12,4	2,2	23,8	54,0	6,5
769	CD 209	-	M	15,8	39,5	12,9	2,3	21,5	54,8	6,9
772	PRATA	-	M	16,5	40,5	11,4	2,0	32,5	46,7	5,8
773	EMBRAPA 34 (TEREZINA)	-	M	16,8	40,5	11,5	2,0	33,4	45,9	5,5
775	DM SOBERANA	-	M	16,1	40,6	11,4	2,0	27,8	51,6	6,2
776	FT MORENA	-	M	16,1	36,6	12,9	1,9	21,0	55,6	7,3
790	MONSOY 7202	-	M	16,2	39,3	12,3	1,9	29,0	50,1	6,4

815	BRMS MANDI	-	M	16,9	37,3	12,2	2,0	24,7	54,2	6,4
827	BRS 154	-	T	16,1	38,6	12,1	2,0	26,4	51,3	6,9
832	GOBR00-0466-013	GOBR97-055009 NC x GOBR95-1337	M	16,9	39,1	10,3	1,9	36,4	45,1	5,5
834	GOBR00-09-072	MGBR95-19125 x EMGOPA-316	M	17,3	38,5	11,3	2,2	25,3	53,9	6,3
835	TAGHV-STWART- 1-03-01	-	M	17,5	38,5	11,3	2,2	27,0	51,8	5,8
837	GOBR00-028-057	EMGOPA-316 x MGBR9-964	T	17,1	39,7	10,9	2,5	25,5	53,4	6,4
843	GOBR00-288-041	BR95-1709 x CSM-1	T	17,2	37,7	12,1	2,1	26,9	51,6	6,4
852	GOBR00-181-015	EMGOPA-306 RCH x GOBR98-1483	M	15,7	39,2	12,6	1,9	22,7	54,9	6,6
855	BRGO02-12206	PINTADO x MONSOY 8400	T	16,7	39,0	11,8	2,0	24,0	55,0	6,6
857	BRGO02-11627	PARANÁ SDSR x PINTADO	M	17,3	39,0	11,7	2,1	23,9	54,5	6,7
869	BRB01-207	BRMS SAUÁ x BRMS CANADÁ x EMBRAPA-62	P	16,0	38,4	12,0	2,4	25,2	51,1	6,3
886	GOBR99-773014- 03-02	BR82-1166 x E95-466	T	16,1	38,4	11,7	2,2	20,8	57,4	6,6
887	BRGO99-4313-03	BR82-1166*2 x E96- 1274	T	16,5	38,3	11,0	1,8	32,0	48,1	6,2
888	BRGO99-4366-16	E96-78417 x BR92- 1166	T	16,7	37,5	12,8	2,2	21,1	56,8	6,6
890	GOBR00-345-028	EMGOPA-315 x LUZIANIA	T	16,4	39,8	11,7	1,8	30,9	48,9	5,4
893	GOBR00-0545-03- 01	SANTA CRUZ x EMGOPA-313 RCH	T	17,1	37,6	12,3	2,0	23,5	54,9	6,3
894	GOBR00-0544-03- 01	LUZIANIA x JATAÍ	T	17,0	39,2	11,8	1,9	29,6	49,2	6,2
895	BRGO01-02373-03- 01	BRQ-95-2193 x VENCEDORA	M	16,3	40,1	12,9	2,6	21,3	54,6	7,0
900	BRGO01-00017-03- 01	BR83-9396 RCH x E96- 782	M	17,3	38,5	12,1	2,1	23,4	55,2	6,5
907	BRGO01-00848-03- 01	UFV-5*3 x E96-1274	M	16,5	38,6	11,6	2,0	26,9	52,0	6,5
908	BRGO01-03182-03- 01	BR82-1166*3 x (BR83- 954 x EMGOPA-308 RCH)	M	16,8	37,9	12,0	2,4	19,6	58,0	6,8
909	BRGO01-01081-03- 01	EMGOPA-308 RCH x E96-781	T	17,0	37,8	13,0	3,8	20,3	53,6	5,9
910	BRGO01-00460-03- 01	E96-778*3 x EMBRAPA-20	T	16,7	38,3	11,9	2,3	20,7	57,1	7,1
915	BRGO01-01381-03- 01	EMGOPA-308 RCH*2 x E96-527/34	T	16,6	38,2	11,8	2,0	22,8	55,3	6,6
916	BRGO01-00777-03- 01	UIRAPURU x E96-781	T	16,8	38,4	11,6	2,0	23,4	55,9	6,5
917	BRGO01-004542- 03-01	E96-778*3 x BR28*3 x EMBRAPA-20	T	16,9	39,2	10,9	2,1	28,5	52,0	5,7
921	BRGO99-43-1425- 03-01	BR82-1162 x (EMGOPA-313 RCH, EMGOPA-308 RCH, EMGOPA-308 RCH)	T	16,7	37,6	12,3	2,3	21,6	55,8	6,8
922	BR00-2334-03-01	BR27 x BR93-32061	T	16,9	40,0	12,2	2,3	21,5	56,4	6,4
923	BR00-14381-03-01	DOURADOS x OCEPAR-9 x FT-5	M	16,8	39,7	11,8	2,1	22,6	56,3	6,3

924	BRGO99-431328-03-01	BR82-1166*2 x E96-1274	T	17,1	37,1	10,3	1,9	20,9	59,5	6,9
925	BR00-8-03-01	EMGOPA-306*6 x BR92-31910	T	16,2	39,0	11,4	2,5	22,4	55,9	6,5
927	BRGO99-409659-03-01	A-4004 x SUPREMA e A-4656 x SUPREMA e A-4702 x SUPREMA	T	16,6	37,7	10,7	2,3	32,5	47,9	5,6
928	BR00-8113-03-01	FT-JATOBÁ x BR89-11899-1 D	T	17,3	37,8	11,6	2,0	27,5	52,1	5,5
929	BRGO99-4101-51-03-01	DON MARIO 43 x SUPREMA	T	17,5	39,4	9,9	1,8	35,1	47,3	5,6
931	BRGO99-4175-13-03-01	CARVER x [LETORE*5 x (BR83-9396 x BR86-4009)]	M	16,4	38,3	11,9	2,4	24,8	53,8	6,0
932	BR00-12-482-03-01	SHARK*3 x [WARTW x [BR16 (FOREST*3 x PRGO)]	M	16,9	39,7	11,9	1,9	28,1	50,8	6,0
936	GO 02-2118	((EMGOPA-316 x GOBR95-40469) x (GOBR95-2019 x EMGOPA-302))	M	16,6	40,8	11,5	2,0	33,2	46,1	5,9
946	BRB02-789-03-01	EMBRAPA-48*7 x EMBRAPA-62	P	17,2	38,4	12,1	2,1	22,9	54,4	6,5
950	BRB02-788-03-01	(G 93-9223 x BR93-11995) x (CARVER x BR93-11995)	P	16,5	38,8	11,6	2,2	27,7	50,9	6,4
954	BRB02-742-03-01	Bedford x BR98-16128	P	16,5	38,9	11,6	1,9	24,7	54,1	6,5
1076	GOBR02-2215-18	EMGOPA-315 x MT/BR-53 TUCANO	M	17,0	38,0	12,2	1,9	23,7	54,5	6,5
1077	GOBR02-2255-25	BRGO99-4186-23 x GOBR93-9960	M	17,1	38,5	12,6	2,2	22,1	54,7	6,9
1079	GOBR02-2200-10	ST93-2051 x GOBR98-002055	M	17,4	38,4	10,6	2,0	28,4	51,8	6,0
1080	GOBR03-2578-10	BRS-134 x MONSOY-8914	M	15,6	39,2	12,4	2,2	18,6	57,8	7,6
1081	GOBR03-2550-11	FT-COMETA x EMGOPA-308.00.07	M	16,9	39,3	11,7	2,2	20,7	57,4	6,9
1151	GOBR03-2893-3	RCH								
1151	GOBR03-2893-3	BRS-133 x BRS-APIAKAS	P	17,3	39,2	11,4	2,0	28,6	50,6	5,9
1152	GOBR03-2866-30	BRS-133 x BRGO99-4102-08	P	17,6	38,3	10,8	2,1	31,9	46,5	6,0
1187	BRGO02-1798-03-01	GOBR99-35610 x GOBR99-4102	M	16,5	38,5	12,2	2,2	21,2	56,1	6,8
1189	BRGO01-00453-03-01	E96-778*3 x (BR-28*3 x EMBRAPA-20)	T	16,7	37,6	12,2	2,3	20,6	57,3	6,3
1190	BRGO01-01020-03-02	EMGOPA-308 RCH x E96-781	T	16,8	37,7	12,4	2,1	23,3	54,8	6,4
1234	BRB02-816-03-01	BR98-25488 (46,3% Prot) x BR-36	M	16,6	41,3	12,3	2,2	21,7	52,6	7,0
1288	BRB02-895-03-01	BR95-29133-1 x G 93-9223	M	16,8	39,3	10,6	2,0	27,9	51,8	6,4
1313	BRB02-854-03-01	BR96-25619 x BR97-11260 (Res NCS)	M	16,2	40,3	10,1	1,7	33,2	47,0	6,5
1316	GOBR00-118-093	antiga 584 do bag	M	16,9	38,6	12,0	2,6	26,7	50,5	6,2
1344	BRB02-974-03-01	BR96-25917 (Res NCS, MI e MJ) x BR93-11995	M	17,3	38,8	11,4	2,1	24,7	54,8	6,0
1349	BRB02-986-03-01	BR98-25978 (45,7% Prot) x BR93-11995	M	15,9	41,0	11,8	2,2	24,6	53,8	6,5

1351	BRB02-989-03-01	BR97-11984 x BEDFORD	M	16,6	40,6	11,3	2,0	28,4	50,6	6,2
1362	BRB02-977-03-01	BR98-25710 (43,8% Prot) x BR-36	M	16,6	41,1	11,5	2,2	34,5	43,8	6,2
1363	BRB02-1377-03-01	PROG.99-1265 x MONSOY-8757	M	16,9	38,1	12,3	2,2	20,8	56,2	7,0
1451	BRB02-1030-03-01	BR96-25917 x GORDON	M	16,9	39,7	11,4	2,3	23,1	55,4	6,4
1452	BRB02-1054-03-01	SÃO GABRIEL*7 x EMBRAPA-64	M	17,2	39,0	12,0	1,8	28,2	50,7	6,2
1462	BRB02-1003-03-01	BR96-25619 x BR96- 25917 (Res NCS, MI e MJ)	M	16,8	39,8	11,4	2,1	24,1	54,6	6,5
1472	BRB02-1000-03-01	CD 205 x BR96-9990 (Res NCS)	M	16,2	38,2	12,1	2,3	24,3	53,3	6,4
1475	BRB02-1108-03-01	MTBR99-39982 (Res M. A) x PINTADO	M	14,9	40,5	13,2	2,7	20,2	54,7	7,1
1476	BRB02-120/121-03-01	BRSMG- LIDERANÇA*2 x EMBRAPA-62/ (EMBRAPA-20 x BRS89-87)	M	16,9	38,7	12,4	2,6	20,3	55,5	7,6
1493	BRB02-1064-03-01	BR98-25854 (42,4% Prot) x E00- 2781/84/87/90/93/96 (11,12,13)	T	16,7	39,4	11,1	2,1	20,2	57,5	7,4
1495	BRB02-1061-03-01	CONQUISTA x MTBR99-39982 (Res M. A) obs:.	T	17,0	39,6	12,3	2,3	26,2	50,9	6,6
1496	BRB02-1051-03-01	MTBR95-133800 obs:. CARVER*4 x	T	16,3	37,2	12,0	2,3	21,1	56,0	7,3
1497	BRB02-1083-03-01	[STONEWALL*2 x (HARTWIG*2 BR92- 31380)]	M	17,0	38,6	11,3	2,2	23,4	55,4	6,7
1498	BRB01-131-03-01	BRSMT PINTADO*2 x (EMBRAPA-20 x BRS89-81)	M	17,0	39,2	12,2	2,2	23,0	53,9	7,0
1507	BRB01-129-03-01	BR 9 (SAVANA)*2 x (EMBRAPA-20 x BRS89-117)	M	16,7	39,2	12,2	1,8	26,6	52,0	6,0
1509	BRB01-210-03-02	BRSGO SANTA CRUZ x (BRSMS CARANDÁ x (EMBRAPA-20 x BRS89-81))	M	16,9	37,5	11,8	2,4	22,8	55,6	6,4
1515	BRB01-124-03-01	BRSMT CRIXÁS*2 x EMBRAPA-62	M	16,8	38,2	11,7	2,1	22,9	54,7	7,1
1516	BRB01-132-03-01	BRSM PATI*2 x FT 106	M	16,3	37,6	12,4	2,1	21,6	55,5	6,9
1517	BRB01-124-03-02	BRSMT CRIXÁS*2 x EMBRAPA-62	M	16,5	40,4	12,6	2,1	22,0	54,5	7,4
1518	BRB01-122/123-03-01	BRSMG LIDERANÇA*2 x EMBRAPA-62/ (EMBRAPA-20 x BRS89-87)	M	16,8	39,6	10,9	1,7	34,1	46,3	5,6
1805	BRGO01-04629	PROG.MBR-30 x {PROG.MG-315 x [CONQUISTA*4 x (PROG.96-246 x VIR)]}	M	16,6	37,6	12,2	2,1	22,8	55,0	7,0

1806	BRGO01-03110	BR96-9508 x {BR94-493*2 x [PROG.MBR-61*3 x (PROG.96-246 x BRS-133)]}	M	16,3	38,7	11,6	2,4	20,1	57,5	6,9
1807	BRGO99-48-19-16-03-01	{[(BR-16 RCH*6 x OC-9) x PROG.96-246] x PROG.MG-315} x BR95-1709	T	16,8	38,9	11,9	2,1	21,9	56,0	6,6
1812	BRGO02-14409	HTBR91-55292 x MONSOY-8411	M	16,8	39,8	12,3	2,0	27,3	51,6	6,1
1813	BRGO02-14876	CRIXÁS x E99-189	M	16,9	38,9	12,5	2,1	25,0	52,4	6,5
1814	BRGO02-1403	UIRAPURU x MONSOY-8411	M	16,6	38,3	12,4	2,3	20,7	56,3	6,9
1841	GOBR99-05-189	CRIXÁS x GOBR95-6224	M	15,8	38,6	11,8	2,0	22,0	56,0	7,0
1850	BRGO01-00281	DKCX-458 x SUPREMA e DEKALB-480 x SUPREMA e	M	17,1	39,0	10,7	2,2	26,4	52,7	6,4
1851	BRGO01-01876	BRQ94-1311 x CONQUISTA	M	16,3	39,2	11,8	2,3	26,8	51,5	6,4
1852	BRGO01-00231	D. EDUARDO-411 x SUPREMA e DELIA x SUPREMA	M	17,4	39,5	12,2	2,2	25,1	53,0	6,6
1853	BRGO01-02931	MTBR91-52292 x LA SUPREMA	M	17,0	36,8	11,8	2,1	28,3	50,1	6,1
1855	BRGO01-01833	BRQ94-7951 x CONQUISTA	T	16,8	38,7	11,5	2,1	32,8	46,0	5,9
1869	BRGO01-03094	BR82-1166*3 x (BR83-9547 x BR92-31969)	T	16,3	38,6	12,2	2,3	20,4	57,1	6,9
1880	BRGO01-04949	BR-16*4 x OCEPAR-9	T	16,5	37,8	11,9	2,1	23,7	54,9	6,4
1884	BRGO01-01020	EMGOPA-308 RCH x E96-781	T	16,3	38,0	12,3	2,0	21,9	56,4	6,7
1885	BRGO01-01270	EMGOPA-313 RCH*2 x E96-527134	T	16,8	37,3	12,5	2,6	21,6	55,9	6,2
1887	BRGO01-00100	(FT BAHIA x TRACY M) x E96-781	T	16,3	39,3	12,3	2,3	20,2	57,2	6,9
1888	BRGO01-00782	UIRAPURU x E96-781	T	16,4	38,0	12,5	2,4	19,8	56,8	7,1
1895	BRGO215-2	BRQ94-1311 x VENCEDORA	T	16,1	38,8	11,3	1,9	24,2	54,1	7,2
1899	GO 02-2052-03-33	(TRACAJAS x SAMBAIBA) x GOBR99-356010	T	17,1	40,7	11,0	2,0	32,2	48,0	5,6
1970	BR00-12141	-	T	16,5	39,3	11,6	2,0	27,9	51,2	6,1
1971	MGBR00-54417	-	T	16,7	40,2	11,8	2,2	21,9	56,6	6,6
1972	MGBR00-5068	-	T	16,8	40,4	12,4	2,1	21,4	56,3	6,8
2013	GOBR00-B2995.18.04.01	PINTADO NC x CONQUISTA	M	16,6	41,3	12,3	2,0	22,2	55,2	6,7
2015	GOBR00-0712.133.04.01	LA SUPREMA x IAC-15	M	16,8	38,8	11,7	2,3	25,1	53,7	6,2
2018	GOBR00-665.14.04.01	FT-109 x EMGOPA-313 RCH	M	17,1	39,9	10,7	2,2	37,4	42,7	5,6
2019	GOBR01-889.73.04.01	GOBR94-122243 NC x EMGOPA-311	M	17,0	40,2	11,8	2,1	27,1	51,4	6,4
2020	GOBR01-1026.38.04.01	(EMGOPA-311 x SANTA CRUZ) x OCEPAR-17	M	16,8	41,0	11,6	2,3	24,9	53,5	6,2

2025	GOBR01-1033.24.04.01	GOBR95-3622 x MONSOY-2002	M	17,2	37,7	12,1	2,2	26,0	52,3	6,1
2026	GOBR00-640.42.04.01	SAMBAIBA x EMGOPA-302 (MS/BR-39*7 x EMBR-20)*6 x (E96-246 x UIR)]	M	16,7	38,6	11,4	2,2	21,9	56,3	6,9
2114	BRGO02-2166-13	BRQ94-1311 x VENCEDORA EMGOPA-315 x BRSMG-68 (VENCEDORA) E93-402*3 x E94-64 x (FORREST*4 x PRGO) x {SHARKEY x [BR-16 x FORREST x PRGO]} (HARTWIG*4 x BR92-31820) x MTBR95-122068	M	16,7	38,1	12,4	2,0	24,2	53,8	6,6
2122	GO 00-0682-56	BRS-MILENA x LA SUPREMA	T	17,4	36,8	12,8	2,2	20,8	57,1	6,5
2192	GOBR02-2234-9	TK-5 x CONQUISTA	M	17,1	40,6	12,0	2,1	28,9	49,1	6,3
2194	GOBR02-2203-1	PI-159322 x EMGOPA-315	M	16,7	42,0	10,7	1,7	38,3	42,2	6,1
2339	BRGO03-215.02.04.01	BRQ94-1311 x VENCEDORA EMGOPA-315 x	T	16,0	39,0	12,5	2,1	24,9	52,2	7,3
2340	GOBR00-0083-103	BRSMG-68 (VENCEDORA) E93-402*3 x E94-64 x (FORREST*4 x PRGO) x {SHARKEY x [BR-16 x FORREST x PRGO]} (HARTWIG*4 x BR92-31820) x MTBR95-122068	T	16,6	40,9	11,6	1,8	21,0	58,6	6,6
2372	GOBR97-085064	BRQ94-7951 x VENCEDORA (resistente a ferrugem) MTBR91-55292 x DM-VITÓRIA	T	16,7	40,9	11,8	2,3	22,6	55,8	6,5
2373	GOBR99-701006	FT-109 x PINTADO NC (peso 1240)	T	17,0	38,2	12,3	2,0	21,3	55,7	7,4
2375	BRGO01-02725	GOBR95-13843 x CRISTALINA RCH (peso 1430)	T	16,4	38,8	12,2	2,4	21,4	55,2	7,2
2376	BRGO01-02849	GOBR97-067033 NC x GOBR94-11191 x OCEPAR-207	T	16,9	38,5	12,4	2,1	20,7	56,9	7,0
2404	GOBR00-0197.74	EMGOPA-314 x GOBR94-122243	M	16,4	39,2	12,0	1,9	26,5	51,7	6,5
2410	GOBR00-0457.26	ST93-2051 x GOBR96-021931	M	17,4	38,5	12,2	2,2	23,4	54,1	6,5
2413	GOBR01-0983.27	GOBR97-065029 NC x LA SUPREMA	T	16,4	37,5	12,7	2,1	19,5	58,0	7,0
2414	GOBR01-0812.88	CONQUISTA x GOBR95-69943	T	17,1	37,6	12,8	3,3	20,4	52,7	6,0
2415	GOBR01-0940.20	EMGOPA-302 x GOBR95-2852	T	17,2	38,8	12,2	2,7	22,0	54,8	6,7
2416	GOBR01-0906.32	EMGOPA-313 RCH x BR92-249 {BR94-493*3 x [EMBR-61*3 x (E96-246 x BRS 133)]} x BR96-9627-2	T	16,6	38,7	11,3	2,0	27,1	52,9	6,0
2419	GOBR00-0100.59		T	16,8	39,0	12,0	1,8	26,9	52,6	5,8
2420	GOBR00-0479.120		T	15,8	38,4	10,9	2,2	20,5	57,9	7,1
2421	GOBR00-0325.24		T	17,0	37,8	12,4	2,2	22,3	54,4	7,1
2480	BRGO02-2172-3		M	16,4	40,6	11,2	1,8	42,7	37,3	5,8
2552	GRALHA	-	M	17,2	38,5	11,7	2,3	25,4	53,5	6,1
2553	GOBR00-464.007.01	-	T	16,8	39,0	12,4	2,0	21,2	56,3	6,8
2591	GOBR03-2397-13	[MONSOY-6101 x (UFV TRIANGULO x BRSGO-PARAISO)]	T	17,4	39,2	9,9	1,7	44,4	36,8	5,1

2592	GOBR04-3320-18	GOBR00-0410-053 x BR00-11971	T	16,3	40,2	11,4	1,9	27,9	51,7	6,2
2593	GOBR03-2886-2	IAC-16 x GOBR95- 1337.00.02	T	16,9	41,1	11,9	2,1	26,0	53,2	6,0
2594	GOBR03-3135-10	BR00-8118 x GOBR00- 123-079	T	16,9	39,9	11,7	2,2	27,4	51,8	5,8
2595	GOBR00-2727-14	SAMBAIBA x (TRACAJAS x PINTADO)	T	16,9	39,1	11,6	1,8	27,7	51,6	6,5
2596	GONBR03-2692-46	(PINTADO x TRACAJAS) x EMGOPA-302 BRSMG-68	M	16,6	39,2	11,7	2,2	28,4	49,8	6,3
2599	GOBR03-2682-1	(VENCEDORA) x (PI- 159322 x BRSGO-204 (GOIANIA))	T	16,1	38,3	11,5	1,9	39,5	39,4	6,0
2600	GOBR02-2672-35	BRSGO-MINEIROS x (BRS-134 x BRSGO- MINEIROS)	M	16,3	38,3	12,7	2,2	23,2	53,5	7,1
2601	GOBR03-2786-28	BRS-213 x GOBR97- 056184	T	16,3	39,0	12,5	2,0	26,1	50,8	6,9
2602	GOBR95-2802-21	GOBR95-13848 x OS 205	T	17,0	38,9	11,8	1,9	24,7	54,2	6,5
2603	GOBR03-3061-22	GOBR00-345-028 x GOBR00-280-023	T	17,4	39,1	11,3	3,2	34,4	43,9	4,8
2605	GONBR03-2772-5	BR86-1864 x BRSMS- BACURI	T	17,3	39,4	13,1	2,0	21,6	55,3	7,1
2608	GOBR03-2934-2	GO99-03.013 x (GOBR97-061004 NC x PI-230970)	T	16,5	39,7	10,9	1,8	28,6	51,4	6,3
2609	GOBR03-3108-21	MONSOY-8411 x EMBRAPA-63 (MIRADOR)	T	17,1	38,7	12,3	2,3	25,8	51,4	6,6
2613	GONBR03-3040-11	BRSGO-CHAPADOES x (SAMBAIBA x TRACAJAS) x (PINTADO x TRACAJAS)	T	16,7	37,8	11,9	2,2	22,5	55,4	6,6
2617	GOBR02-2247-14	SAMBAIBA x PI- 368038	M	16,3	37,5	12,8	1,9	20,6	56,3	7,3
2619	GOBR03-2668-55	BRSGO-MINEIROS x (BRS-134 X OCEPAR- 13)	M	17,5	37,9	11,5	1,8	31,2	47,7	5,9

¹- BAG: número usado como Código de cada acesso no banco de germoplasma; CM (ciclo de maturação) foi classificado em P, M e T, indicando, respectivamente, os ciclos precoce, médio e tardio.