



KARINA BARROSO SILVA

**PLASTICIDADE FENOTÍPICA E ANÁLISE DE
QTL PARA QUALIDADE DE SEMENTES EM
SOJA**

LAVRAS – MG

2016

KARINA BARROSO SILVA

**PLASTICIDADE FENOTÍPICA E ANÁLISE DE QTL PARA
QUALIDADE DE SEMENTES EM SOJA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

Orientador

Dr. Adriano Teodoro Bruzi

LAVRAS - MG

2016

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Silva, Karina Barroso.

Plasticidade Fenotípica e Análise de QTL para Qualidade de Sementes em soja / Karina Barroso Silva. – Lavras : UFLA, 2016.

108 p. : il.

Tese(doutorado)–Universidade Federal de Lavras, 2016.

Orientador(a): Adriano Teodoro Bruzi.

Bibliografia.

1. Glycine max (L) Merrill. 2. Análise multivariada. 3. Biologia molecular. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

KARINA BARROSO SILVA

**PLASTICIDADE FENOTÍPICA E ANÁLISE DE QTL PARA
QUALIDADE DE SEMENTES EM SOJA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 09 de setembro de 2016.

Dr. João Bosco dos Santos	UFLA
Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho	UFLA
Dr. José Luiz de Andrade Rezende Pereira	IFSuldeMinas
Dra. Leah K. McHale	Ohio State University

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi
Orientador

LAVRAS - MG

2016

*Aos meus amados pais, **Aloísio Amauri da Silva e Maria de Fátima Pereira Silva** por todo o amor, dedicação, apoio, conselhos e ensinamentos. Muito obrigada por todo incentivo durante esses anos. Vocês são meus exemplos. Ao meu namorado **Thiago da Silva Rodrigues** por todo o apoio, incentivo, compreensão e imensa ajuda em todos os momentos desta jornada.*

OFEREÇO

A Deus,

Por estar presente em cada momento me dando força e coragem para enfrentar as dificuldades, guiando e iluminando sempre o meu caminho...

DEDICO

AGRADECIMENTOS

“ O Senhor é minha luz e salvação, o Senhor é o protetor de minha vida”

Obrigada Deus por mais esta oportunidade que guiaste em minha vida.

À Universidade Federal de Lavras, em especial ao programa de Pós-graduação em Fitotecnia, pela oportunidade de realizar o curso de Doutorado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão da bolsa de Doutorado sanduíche no período de um ano.

Ao Professor Adriano Teodoro Bruzi, por aceitar-me como orientada, por toda atenção dispensada, pelo conhecimento compartilhado durante todo período, pela amizade, compreensão, exemplo de profissionalismo e competência.

Agradeço, em especial, aos meus amigos e colegas do grupo Pesquisa Soja, pela dedicação, profissionalismo e carinho dedicados a mim e a este trabalho.

A todos os professores do Departamento de Fitotecnia, por seus ensinamentos, auxílios e pela disponibilidade para esclarecimentos.

Aos funcionários do setor de Grandes Culturas em especial ao Antônio (Toninho) e ao Laboratório de Sementes, pela contribuição na execução das atividades como também pela amizade construída durante este período de trabalho em equipe. A todos os funcionários do Departamento de Fitotecnia, pelo auxílio, apoio e ajuda prestados.

À Dra. Leah K. McHale pela orientação no doutorado sanduíche na Ohio State University – Ohio – USA e todos membros McHale Lab.

Ao meu pai, Aloísio Amauri da Silva, pelo amor, educação e conselhos. À minha mãe querida, Maria de Fátima Pereira Silva, pelo amor incondicional, educação e cumplicidade. Pais vocês são minha fortaleza e meu amparo.

Ao meu irmão, Kellson Aloysius Amauri da Silva, pelo apoio incondicional, por sempre acreditar em mim e pelo carinho e atenção sempre concedidos. A minha sobrinha Isis H. Barroso Silva pela torcida.

Ao meu namorado Thiago da Silva Rodrigues por todo amor, carinho, dedicação, ajuda e compreensão, eu te amo muito meu Amô.

Aos meus familiares, meu avô (in memória), tios (as), primos (as) e à família do meu namorado, que sempre me incentivaram a lutar pelos meus sonhos e objetivos expressando força e coragem em todos os momentos.

Aos meus amigos-irmãos, agradeço a Deus por ter colocado pessoas tão maravilhosas e especiais que fazem minha vida mais feliz. Amizades que ultrapassam a barreira da distância e do tempo.

A todos vocês, MUITO OBRIGADA!!!!

“Por vezes sentimos que aquilo que fazemos não é senão uma gota de água no mar. Mas o mar seria menor se lhe faltasse uma gota”.

...

“Dê ao mundo o melhor de você, mas isso pode nunca ser o bastante.

Dê o melhor de você assim mesmo.

Veja que no final das contas, é entre você e Deus.

Nunca foi entre você e as outras pessoas”.

(Madre Teresa de Calcutá)

Quando uma pessoa decide a melhorar suas condições de vida e sabe disciplinar sua mente, com vontade inabalável em direção ao seu objetivo, tudo de bom e oportuno virá ao seu encontro: bons livros, bons amigos, criaturas simpáticas e outros meios que lhe ajudarão a realizar seus justos desejos.

James Allen

RESUMO

Duas pesquisas foram realizadas neste trabalho com a intenção de ampliar o conhecimento da cultura da soja para produção e qualidade de sementes. No primeiro trabalho objetivou-se avaliar a adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja considerando os caracteres agronômicos, a produtividade dos grãos e qualidade fisiológica das sementes adotando abordagem uni e multivariada. Os experimentos foram realizados em delineamento de blocos casualizados em dois anos agrícolas e três ambientes. Foram avaliadas 17 cultivares comerciais de soja. Para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade foram empregados o Método Gráfico e do GGE biplot. Anteriormente foi realizado um índice de seleção baseado no somatório de Z_{ij} , obteve-se o índice de seleção para as quatro características avaliadas conjuntamente. Na avaliação do Método Gráfico, as cultivares NA 7200 RR e CD 2737 RR apresentaram os maiores valores do índice de seleção Z. Por meio do Método do GGE biplot observou-se que a cultivar NA 7200 RR apresentou maior estabilidade tanto na avaliação univariada, de produtividade bem como no índice de seleção Z. No segundo trabalho objetivou-se identificar QTL associados a características relacionadas à qualidade fisiológica de sementes de soja, tais como vigor e germinação. Os experimentos utilizados para determinar as características genéticas para vigor de sementes foram a porcentagem de plântulas emergidas e a germinação de sementes. O experimento avaliou linhagens recombinantes (RIL) do cruzamento dos parentais Conrad e Sloan, gerações $F_{9:10}$ e $F_{9:11}$, provenientes do ano de 2012 e 2014, respectivamente. Diferenças significativas para o vigor de sementes foram observadas entre os parentais e as populações RILs para as análises fenotípicas. Um total de nove QTL para vigor de sementes foram identificados por mapeamento de intervalo composto inclusivo (MICI) utilizando o software IciMapping. Muitos QTL governam outras importantes características agronômicas, o conhecimento destes contribui para o desenvolvimento de cultivares de alto rendimento associada a cultivares com elevada qualidade, resistência a patógenos e doenças.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill. Análise multivariada. Biologia molecular.

ABSTRACT

Two surveys were conducted in this work with the intention to expand the knowledge of the soybean crop to grain yield and seed quality. In the first study the objective was to evaluate the adaptability and stability of soybean cultivars, considering the agronomic traits, grain yield and seed quality, adopting a univariate and multivariate approach. The experiments were conducted in a randomized block design in two crop years and three crop seasons. 17 commercial soybean cultivars were evaluated. For the evaluation of adaptability and stability, the Graphic Method and GGE biplot Method were employed. Previously, a selection index was conducted based on the sum of the standardized variables (Z_{ij}) obtained the selection index for the four traits evaluated together. In the Graphic Method, cultivars NA 7200 RR and CD 2737 RR showed the highest values of Z index. By the GGE biplot Method, were observed that cultivar NA 7200 RR presented greater stability in the univariate evaluation for grain yield as well as the selection Z index. In the second study aimed to identify QTL associated with traits related to physiological soybean seeds quality, such as vigor and germination. The experiments used to determine the genetic characteristics of seed vigor, including the percentage of seedling and percentage of germination seeds. The experiments evaluated RILs derived from the cross between Conrad and Sloan, generation lines $F_{9:10}$ and $F_{9:11}$, from 2012 and 2014, respectively. Significant differences of seed vigor were observed among the parents and RIL population from phenotypic analysis. A total of nine additive quantitative trait loci (QTL) for seed vigor were identified by Inclusive Composite Interval Mapping (ICIM) using IciMapping V4 software. Many QTL govern other important agronomic traits, the knowledge of these contributes to the development of high-yielding cultivars associated with high quality, disease and pathogens resistance.

Keywords: *Glycine max* (L.) Merrill. Multivariate analysis. Molecular biology.

SUMÁRIO

	PRIMEIRA PARTE	10
1	INTRODUÇÃO GERAL	11
2	REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1	Cultura da Soja	13
2.2	Interação Genótipos X Ambientes na cultura da soja para características agrônômicas e produção de sementes	17
2.3	Produção e Qualidade Fisiológica de sementes de soja	27
2.4	Mapeamento e Identificação de QTL	30
	REFERÊNCIAS	40
	SEGUNDA PARTE – ARTIGOS*	54
	ARTIGO 1 – Adaptability and stability of soybean cultivars for grain yield and seed quality	54
1	INTRODUÇÃO	55
2	DESENVOLVIMENTO	56
3	CONCLUSÃO	80
	REFERÊNCIAS	81
	ARTIGO 2 - QTL mapping associated to soybean seed vigor	86
1	INTRODUÇÃO	87
2	DESENVOLVIMENTO	88
3	CONCLUSÃO	102
	REFERÊNCIAS	103

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO GERAL

Cultivo de soja nas diferentes condições do Brasil demanda que as cultivares sejam adaptáveis e estáveis para as regiões produtoras apresentando produtividades elevadas e qualidade das sementes.

Quando se avalia diferentes genótipos em distintos ambientes é possível estimar a interação genótipos x ambientes (G X A). Isto é o comportamento não consistente dos genótipos frente aos diferentes ambientes estudados. A interação é um dos grandes problemas nos programas de melhoramento de plantas de qualquer espécie, tanto na fase de seleção ou na recomendação de cultivares.

Neste contexto, isto é, a existência de interação, a identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica é uma estratégia utilizada para atenuar essa interação de G X A, sendo possível através do estudo de adaptabilidade e estabilidade. A adaptabilidade é a capacidade potencial do genótipo para assimilar vantajosamente o estímulo ambiental (RAMALHO et al., 2012), semelhante a teoria de Darwin, em que, o mais adaptado seria o indivíduo que deixasse um maior número de descendentes, no caso das espécies o que tem maior produtividade de grãos. Já a estabilidade se refere à maior ou menor habilidade do genótipo de se adaptar as flutuações climáticas no decorrer dos anos agrícolas, dentro de um dado local (RAMALHO et al., 2012).

A produção de sementes de espécies cultivadas é um importante setor do agronegócio que se baseia no desenvolvimento de cultivares que atendam características para os agricultores, para os produtores de sementes e para a indústria. Os programas de melhoramento são uma grande ferramenta na obtenção de cultivares de soja mais produtivas com sementes com potencial genético e qualidade fisiológica que irão garantir o vigor das sementes em diferentes condições edafoclimáticas.

A qualidade fisiológica de sementes é usualmente avaliada por meio de teste de vigor e germinação. Porém, novas tecnologias advindas da

biologia molecular vem permitindo estudos diferenciados como a identificação de marcadores moleculares bem como o mapeamento genético e de QTL que podem auxiliar na seleção para a qualidade fisiológica das sementes (MORENO, 2016).

Sendo assim, foram realizados dois estudos, o primeiro cujo objetivo é avaliar a plasticidade fenotípica de cultivares de soja considerando os caracteres agronômicos, a produtividade dos grãos e qualidade fisiológica das sementes adotando abordagem uni e multivariada. O segundo onde objetivou-se identificar QTL associados a características relacionadas à qualidade fisiológica de sementes de soja, tais como vigor e germinação.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Cultura da Soja

A soja *Glycine max* (L.) Merrill é nativa da China e originária de clima temperado, mas com ampla adaptação nos climas subtropicais e tropicais. É uma planta pertencente à família Leguminosae, subfamília Papilionoideae. É uma espécie autógama, ou seja, apresenta frequência de polinização cruzada inferior a 5%, sendo a cleistogamia a responsável pela baixa taxa de alopolinização nesta espécie (BORÉM, 1999).

É uma planta anual, geralmente de porte ereto, ramificada esparsamente, com um tipo de crescimento arbustivo e com as folhas trifoliadas alternas, diferindo em muito de seus ancestrais, que eram plantas rasteiras provenientes de cruzamentos naturais de soja selvagem (BORÉM, 1999). As flores são roxas ou brancas, apresentando diversas tonalidades. As vagens são retas ou ligeiramente curvadas, contendo, cada uma, de uma a quatro sementes. O tegumento da semente pode ser amarelo-claro, verde-oliva ou marrom a preto-avermelhado.

A mais antiga referência sobre a soja na literatura é a que consta no herbário de Pen T's ao Kang Mu, escrita pelo Imperador ShenNung (BORÉM, 1999). No entanto, esta planta poderia ter aparecido na literatura sem citações. O processo de domesticação desta cultura teve início no século IX a. C. Na China, com o crescimento do comércio, a soja foi levada para os países da Coréia, Japão e Sudeste da Ásia (BONETTI, 1981). Em seguida ela foi levada ao continente europeu pela primeira vez a partir do Japão, em 1712, sendo cultivada na Inglaterra em 1790.

Na América do Norte, a primeira menção desta leguminosa na literatura data de 1804, cultivada na Pensilvânia, EUA. No Brasil, as mais antigas citações encontradas na literatura sobre soja se referem a experiências feitas na Bahia por Gustavo Dutra em 1882 avaliando a adaptação de algumas cultivares. Em Campinas no IAC por Daffert em

1892, iniciaram-se outros estudos que resultaram para os produtores do estado de São Paulo e do Rio Grande do Sul a distribuição de sementes de soja para serem cultivadas, fato este inédito (LEAL, 1967). No Rio Grande do Sul a soja teria sido cultivada pela primeira vez em D. Pedrito em 1900. Em 1901 teria sido publicado o primeiro trabalho com soja no estado, pelo Professor do Liceu Rio-Grandense de Agronomia Guilherme Minssen (COSTA, 1996). Em 1914 F.C. Craig professor norte-americano lecionou e realizou atividades de pesquisa com a cultura na Escola Superior de Agronomia e Veterinária da então Universidade Técnica de Porto Alegre (CEPAN).

Embora a introdução da soja no Brasil date do século XIX, foi a partir de 1970 que ocorreu a expansão desta cultura devido à abertura de novas áreas para a agricultura nas Regiões Sul e Centro-Oeste (BORÉM, 1999). Em um período relativamente curto, cerca de 10 anos a produção de soja no Brasil passou de 1,5 milhões de toneladas para mais de 15 milhões de toneladas. Isto se deve ao aumento da área cultivada com a associação de tecnologias provenientes da pesquisa com a cultura no país. Por outro lado, as Regiões Norte e Nordeste, veem apresentando as maiores taxas em crescimento por área nas últimas décadas, este processo foi possível devido as cultivares selecionadas e adaptadas para estas regiões.

Entre 1970 a 2003, o crescimento da soja foi de 333%, superando todas as outras culturas produtoras de grãos do mundo. Atualmente, a soja é considerada uma das mais importantes oleaginosas, sendo o Brasil o segundo maior produtor mundial. No país a cultura da soja é responsável por mais de 56% da área cultivada (CONAB, 2016). É cultivada como monocultura em grandes áreas do agronegócio em Regiões do Centro-Oeste, Nordeste e Sul do país (BERGMANN et al., 2013).

A área plantada de soja atingiu na safra de 2014/2015 o recorde em área de 32.092,9 mil hectares, com produtividade média de 2,998 kg ha⁻¹. Segundo o oitavo levantamento da Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB houve um incremento em área cultivada com esta oleaginosa para a

safrade 2015/2016 de 3,2% em comparação a safra anterior (CONAB, 2016). Segundo o Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) a produção de soja brasileira para a safra de 2015/16 foi de 100 milhões de toneladas, incremento de 0,8% na produção em relação à safra 2014/15 (CONAB, 2016).

A Região Centro-Oeste, principal região produtora, cultivou 14.616,1 mil hectares em 2014/15 e para a safra 2015/16 a área de cultivo totalizou em 14.925,1 mil hectares, incremento de 2,1%, com produtividade de 2,998 kg ha⁻¹. Em Mato Grosso, os níveis de produtividade foram inferiores ao esperado, devido à escassez e a irregularidade das chuvas, que oscilaram durante todo o desenvolvimento da safra. O rendimento médio do estado foi de 2,956 kg ha⁻¹ este é o menor valor desde a safra de 2006/07. A produtividade média também apresentou redução em Mato Grosso do Sul de 4,2% em comparação a safra anterior, isto ocorreu também devido à instabilidade do clima e ao excesso de chuvas (CONAB, 2016).

Os maiores estados produtores deste grão no Brasil estão localizados nas Regiões Centro-Oeste e Sul, que respondem por cerca de 81,04% da área nacional de soja (EMBRAPA, 2014), sendo os cinco grandes produtores os estados de Mato Grosso, Paraná, Rio Grande do Sul, Goiás e Mato Grosso do Sul. Por outro lado, as Regiões Norte e Nordeste, apresentaram as maiores taxas anuais de crescimento em área nas últimas décadas, 16,4% ao ano (a.a.) e 6,9% a.a. respectivamente (EMBRAPA, 2014). Na safra de 2014/15 a área plantada para as regiões Norte e Nordeste foi 10,3%, superior ao período anterior (CONAB, 2015). Ademais, a safra para este ano 2015/16 apresentou aumento de 6,9% em área, porém houve redução de 20% da produção em relação à safra passada em decorrência do veranico prolongado (CONAB, 2016).

Este avanço relatado, sobretudo, na Região conhecida como Matopiba, esta região compreende os estados do Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia, a sigla Matopiba representa as iniciais dos estados pertencentes à região. Esta região apresenta boas condições para a expansão da fronteira

agrícola, em especial em áreas de pastagens degradadas. Além destes estados, a cultura da soja também tem sido cultivada na região Norte no estado de Rondônia e no Pará. (EMBRAPA, 2014).

Na região Sudeste do Brasil, o estado de Minas Gerais nas últimas safras vem apresentando crescimento em área plantada de soja. Para a safra 2015/16 o plantio está estimado em 1.469,3 mil hectares, 11,4% acima da safra anterior, que totalizou 1.319,4 mil hectares. Este resultado é em decorrência do avanço dessa leguminosa em área de milho (CONAB, 2016). Este crescimento da cultura no estado está associado ao incremento de tecnologia e seleção de cultivares adaptadas para o estado, sendo a perspectiva de produtividade para a safra 2015/16 é de 3.200 kg ha⁻¹ 20,4% acima da safra passada. Esta sofreu com perdas devido à estiagem, notadamente nas áreas de plantio de soja precoce (CONAB, 2016). Em razão do exposto, a safra brasileira, que apresenta um contínuo crescimento em produção, para o ano 2015/16 apresenta incremento de 2,9% em comparação a safra anterior com produtividade média de 2,988 quilos por hectare e produção de 98.981,6 mil toneladas (CONAB, 2016).

Os maiores produtores de soja no cenário internacional são os mesmos há alguns anos, Estados Unidos em primeiro, seguido pelo Brasil, Argentina e China. O Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) divulgou que a produção de soja em 2015/16 será 106,93 milhões de toneladas. A produção da Argentina em 58,5 milhões de toneladas e da China de 12 milhões. O USDA em seu relatório assegura que o Brasil é o maior exportador mundial, esta expectativa para as exportações da safra 2015/16, elevando, inclusive, as exportações brasileiras de 57 milhões de toneladas para 58 milhões de toneladas (CONAB, 2016).

O aumento na produção de soja no Brasil está diretamente relacionado com o aumento do número de animais, pois a soja, farelo, é o principal ingrediente na alimentação do gado no Brasil. Na agroindústria os grãos também são utilizados na produção de óleos destinados a alimentação humana. Esta cultura não é importante apenas como fonte de alimento, mas

também como fonte de energia renovável através da produção de biodiesel (GAVIOLI, 2013).

A razão do desenvolvimento e o crescimento da soja no Brasil se deve aos investimentos em tecnologia no setor de produção associada aos avanços da pesquisa científica. O progresso e o aprimoramentos em estudos relacionados ao manejo de solo, adubação e calagem, as exigências nutricionais da planta, o manejo de pragas e doenças, bem como no processo de plantio e colheita, são fatores promotores deste grande avanço. Ademais, o melhoramento genético é outro componente de grande importância no progresso com a criação de cultivares altamente produtivas e adaptadas aos mais diversos ambientes, minimizando assim a interação genótipos por ambientes.

Para a obtenção de elevada produção associada à altas produtividades um dos aspectos importantes é a utilização de sementes com elevada qualidade, que proporcionam uma emergência homogênea ao nível de campo (SILVA; LAZARINI; SÁ, 2010). O desenvolvimento da cultura na lavoura é reflexo da qualidade das sementes, sementes de elevada qualidade originaram plantas de alto vigor, uniformidade da população, ausência de doenças que possam ser transmitidas por sementes e com maior capacidade competitiva. Por outro lado, sementes com baixa qualidade apresentam baixa germinação e emergência e podem apresentar doenças que resultam em reduzida taxa de crescimento de plântulas (GOMES et al., 2012).

2.2 Interação Genótipos X Ambientes na cultura da soja para características agronômicas e produção de sementes

Segundo Ramalho et al. (2012) o conjunto de informações biológicas que identifica um indivíduo é denominado de caráter e as diferentes manifestações de um dado caráter definem o fenótipo. Este é influenciado pelo genótipo, que é a constituição genética de um indivíduo.

Além disso, o fenótipo também é influenciado pelo ambiente que pode ser definido como o conjunto das condições que afetam o crescimento e desenvolvimento do organismo (RAMALHO et al., 2012). Assim, se avaliarmos em um determinado ambiente um caráter, por exemplo, produtividade de grãos ou teor de óleo, o fenótipo (F) a ser obtido será o resultado da ação do genótipo (G) e do ambiente (A) em questão, ou seja, $F = G + A$.

No entanto, ao se fazer uma análise do genótipo em mais de um ambiente, a manifestação fenotípica será influenciada por outro componente resultante da interação dos genótipos por ambientes (G x A). Esta interação de G x A é resultado da variação de desempenho particular de cada genótipo nos diferentes ambientes, tendo assim: $F = G + A + (G \times A)$ (RAMALHO et al., 2012).

Neste contexto, existem meios de atenuar o efeito da interação genótipo por ambiente. O zoneamento ecológico ou estratificação de ambientes é uma estratégia em que grupos são formados em ambientes ecologicamente semelhantes, dentro dos quais a interação passa a não ser significativa. Porém, esse agrupamento só é possível com base em diferenças macro ambientais, tornando esta estratégia vulnerável às variações imprevisíveis que possam ocorrer no ambiente (RAMALHO et al., 2012). Outra questão, no zoneamento ecológico é que a interação por anos não pode ser controlada. Battisti et al. (2012) revelam que dentre os fatores que contribuíram para o aumento da eficiência agrícola (EA) na cultura da soja no Estado do Rio Grande do Sul (1980 – 2008) está o zoneamento agrícola de risco climático e o melhoramento genético.

Para formar uma estratificação ambiental consistente com a finalidade de recomendar e avaliar linhagens experimentais e cultivares de soja para a região do Cerrado brasileiro foram implantados 559 ensaios de competição em 57 localidades, durante sete safras agrícolas (2002/2003 a 2008/2009). Avaliou-se a interação entre genótipos e ambientes (G x A) quanto à produtividade de grãos, como também a atual rede de ensaios de

valor de cultivo e uso (VCU) para sua otimização. Como resultado os autores observaram que a interação G x A foi sempre significativa, como resultado da resposta diferencial dos genótipos à variação ambiental. Os locais de teste se agruparam de modo diferente de acordo com os grupos de maturação. A região avaliada deve receber estratificações distintas, segundo cada grupo de maturação, e pode ser dividida em 22 (ciclo precoce), 23 (ciclo médio) e 21 (ciclo tardio) estratos ambientais (BRANQUINHO et al., 2014).

Segundo Evangelista et al. (2013), o zoneamento agrícola tem sido utilizado como um instrumento de política agrícola e gestão de riscos na agricultura e veem contribuindo de forma significativa no aumento da produção agrícola nacional e ainda reduzindo as perdas de rendimento devido à variabilidade do clima. O sucesso atingido em cada safra com a cultura da soja no Brasil sem dúvida, é resultado da tecnologia aplicada à esta cultura em diversas áreas do processo de produção e uma ou a mais importante delas é o uso de sementes de alta qualidade, produzindo, plantas vigorosas, com desempenho superior em campo (FRANÇA-NETO et al., 2014). Assim, o uso de sementes de elevada qualidade possibilita acesso aos avanços genéticos, com garantia de qualidade e tecnologias de localização em diferentes regiões, garantindo maior produtividade (PÁDUA et al., 2014).

O Estado de Minas Gerais é atualmente o maior produtor de soja na região Sudeste do Brasil, este crescente avanço principalmente nas últimas décadas é resultando de investimentos e pesquisas direcionadas ao estado. Os primeiros levantamentos para identificar as áreas mais favoráveis para a produção de sementes de soja no Estado foram realizados por Paolinelli et al. (1984) com a avaliação da qualidade fisiológica. Tanaka et al. (1984) realizaram avaliação da qualidade sanitária em cinco diferentes regiões e micro-regiões do estado: Pontal e Vale do Rio Grande (Triângulo Mineiro); Alto Paranaíba; Região Metalúrgica (Central) e na região de Paracatu (Noroeste). Posteriormente, Costa et al. (2003) realizaram um estudo para

avaliar a qualidade fisiológica de 16 genótipos em três regiões: Triângulo Mineiro, Paracatu e Alto Paranaíba. Em 2000, Santos et al. (2000) avaliaram a qualidade fisiológica e sanitária de cultivares e linhagens de soja em três regiões: Capinópolis (Triângulo Mineiro), Rio Paranaíba (Alto Paranaíba) e Florestal (Central).

A estratégia do zoneamento agrícola foi empregada em um trabalho onde se objetivou realizar um levantamento no estado de Minas Gerais com coleta de informações com a finalidade de estabelecer um zoneamento agroclimático para a produção de sementes de soja de elevada qualidade física e fisiológica (PÁDUA et al., 2014). Os autores fizeram um mapa no qual estão representadas as melhores regiões para semeadura da cultura no Estado, estes seguiram critérios nos quais as regiões de maior ou menor risco climático foi relacionada à ocorrência de temperaturas médias na fase de maturação da soja, fase de máximo potencial fisiológico da semente, e da altitude dos municípios, estes associada à época normal de semeadura da cultura. Pádua et al. (2014) estabeleceram três classes de regiões: Favorável – temperatura média menor ou igual 23,5 °C; Medianamente Favorável - temperatura média entre 23,6 °C a 24,9 °C e Pouco Favorável - temperatura média maior que 25,0 °C.

Uma outra estratégia é a de identificação de cultivares específicas para cada ambiente. Nesta à aplicação só é possível em certas circunstâncias. Por exemplo, uma empresa de reflorestamento pode selecionar famílias específicas para as suas propriedades, porém esta estratégia dificilmente pode ser empregada em espécies anuais, pois o controle do que deve ser semeado em cada região é muito difícil (RAMALHO et al., 2012).

A alternativa mais utilizada para atenuar o efeito da interação genótipo por ambientes é a de identificação de cultivares com maior adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Para tal, inicialmente é necessário à conceituação e diferenciação entre estabilidade e adaptabilidade. Segundo Mariotti et al. (1976) o termo adaptabilidade é utilizado para designar a capacidade potencial de genótipos para assimilarem vantajosamente o

estímulo ambiental. Por outro lado, estabilidade é considerada como a capacidade dos genótipos exibirem um desempenho mais constante possível, em função das variações da qualidade ambiental (RAMALHO et al., 2012).

Para se fazer a investigação da interação G x A, muitas alternativas foram e estão sendo propostas, por exemplo, a análise de estabilidade e adaptabilidade fenotípica linear usando modelos de regressão (EBERHART e RUSSELL, 1966; SILVA e BARRETO, 1986; CRUZ et al., 1989). Estas análises foram utilizadas para avaliar o rendimento, adaptabilidade e estabilidade de culturas diferentes em vários ambientes (SILVA e DUARTE, 2006; MAIA et al., 2006, BARROS et al., 2008). Vários métodos de análise da interação G x A e de adaptabilidade e estabilidade, não fazem uso de regressão linear, como o método de Lin e Binns (1988), Annicchiarico (1992) e o método para a análise de adaptabilidade Centróide (ROCHA et al., 2005), entre outros. Estes métodos são também utilizados para análise de interação G x A em diferentes culturas (CARVALHO et al., 2002b.; VICENTE et al., 2004).

Métodos para a análise de estabilidade com a utilização de análise multivariada estão sendo propostas, e a AMMI tem se destacado. AMMI é a abreviatura em inglês para *Additive Main Effects and Multiplicative Interactions*, ou AMMI (KANG e GAUCH JR., 1996). Que associa um modelo interativo e multiplicativo para explicar a interação G x A (RAMALHO et al., 2012). Mesmo sendo considerado um caráter na análise, em grande parte dos casos a produtividade de grãos é vista com abordagem de multivariada, pois estão envolvidas duas variáveis de interesse: genótipos e ambientes.

O método AMMI integra ANAVA e a técnica estatística multivariada denominada de análise de componentes principais (ACP) (RAMALHO et al., 2012). Na aplicação deste método, primeiro é realizada a análise de variância de modo convencional. Posteriormente, é estimado o efeito da interação para cada genótipo em cada ambiente. Pela técnica dos componentes principais será feito o desdobramento da interação G x A. O

objetivo com essa decomposição é captar por meio de alguns poucos componentes (até três) grande parte do padrão de variação, causada pela interação G x A facilitando a visualização e interpretação dos resultados (RAMALHO et al., 2012).

Nesta análise o modelo a ser utilizado são os efeitos aditivos dos genótipos e ambientes (efeitos principais) e multiplicativo da interação genótipos x ambientes, seguindo o modelo: $\bar{y}_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{c=1}^q \sqrt{\lambda_c} \alpha_{ic} \gamma_{jc} + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$ em que: \bar{y}_{ij} : média observada do genótipo i no ambiente j ; μ : média geral; g_i : efeito do genótipo i , $i = 1, 2, \dots, t$; a_j : efeito do ambiente j , $j = 1, 2, \dots, k$; λ_c : autovalor do c -ésimo componente principal relacionado à interação G x A; α_{ic} : autovetor do c -ésimo componente principal relacionado ao genótipo i ; γ_{jc} : autovetor do c -ésimo componente principal relacionado ao ambiente j . O índice c varia de 1 a q , sendo $q = \text{mínimo}(t - 1; k - 1)$. O valor de q corresponde ao posto da matriz de interação G x A, δ_{ij} : resíduo ou ruído não explicado pelos componentes principais; $\bar{\epsilon}_{ij}$: erro experimental médio (RAMALHO et al., 2012).

Estudo que utilizou o modelo AMMI concluiu que o rendimento de grão de soja foi de 150% em comparação com os menores rendimentos obtidos por muitos agricultores de pequena escala nos trópicos (FAO, 2004; TUKAMUHABWA, et al., 2012). Em outro trabalho também utilizando o AMMI, observou-se variação total da produtividade de grãos de soja pelo desdobramento dos efeitos principais de genótipo, ambiente e da interação entre ambos (MEOTTI et al., 2012).

No estado de Tocantins avaliou-se 11 genótipos de soja em oito ensaios de competição em dois municípios aplicando as metodologias de análise de estabilidade de Eberhart e Russell (1966), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998), e Annicchiarico (1992) e também, as de Lin (1988) e Cruz e Castoldi (1991) nas análises de estratificação e dissimilaridade ambiental com o objetivo de estudar a estabilidade fenotípica. Os autores concluíram que a utilização destas metodologias em

conjunto pode aumentar a confiança quanto à classificação e indicação de cultivares de soja para determinados ambientes e que o genótipo TMG 131 RR apresentou melhor comportamento tanto nos ambientes favoráveis quanto nos desfavoráveis (DE CARVALHO et al., 2013).

A “estabilidade no sentido agrônômico” segundo Becker (1981) ocorre em situações em que a cultivar mostra interações mínimas com o ambiente, ou seja, ela acompanha o desempenho médio obtido nos ambientes. No entanto, autores contradizem que este tipo de estabilidade é uma medida restrita e relativa às cultivares que foram avaliadas, não podendo generalizar (LIN et al., 1986). Uma metodologia para este último caso é a de Wricke (WRICKE e WEBER, 1986) na qual se estima uma medida denominada de “ecovalência” (W_i^2).

A Ecovalência (W_i^2) estima a contribuição de cada linhagem para a interação G x A. (WRICKE, 1965), esta é determinada pela seguinte expressão $W_i^2 = \sum (Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..})^2$ em que: W_i^2 :Ecovalência, Y_{ij} : observação referente à linhagem i no ambiente j , \bar{Y}_i : média da linhagem i , $\bar{Y}_{.j}$: média do ambiente j e $\bar{Y}_{..}$: média geral. Este método de análise vem sendo empregado na cultura da soja em estudos para identificação de genótipos mais tolerantes a patógenos e na estabilidade de cultivares (PRADO et al., 2001).

Segundo Jarvie e Shanahan (2009) esta metodologia contribuiu para a identificação com êxito de genótipos mais produtivos, mais consistentemente estáveis, na presença de moderados níveis de ferrugem na soja. Trabalho realizado por Gonçalves et al. (2007) avaliando a estabilidade e adaptabilidade de genótipos de soja utilizando a metodologia de Wricke (1965) e a de Eberhart e Russell (1966) concluíram que as metodologias testadas apresentaram resultados concordantes quanto a estabilidade. A metodologia de ecovalência (Wricke, 1965) é uma das ferramentas para a avaliação e seu emprego tem gerado resultados muito satisfatórios.

Segundo os autores Miranda (1999), Unêda-Trevisoli (1999), Yokomizo (1999) o método da ecovalência se mostrou bastante prático na avaliação da estabilidade fenotípica para a cultura da soja, por outro lado estes mesmos autores ressaltam que esse método se mostrou mais eficiente quando combinado com o desempenho médio dos genótipos (PRADO et al., 2001; VICENTE et al., 2004; SILVA& DUARTE, 2006). Trabalho conduzido em 12 ambientes com o objetivo de avaliar a estabilidade e adaptabilidade da produtividade de grãos de 38 linhagens de soja de ciclo médio concluiu que houve linhagens que apresentaram melhor adaptabilidade para a produtividade de grãos as quais foram USP 93-2316 e USP 93-1106. A linhagem USP 93-2680 é altamente instável, porém aproveita vantajosamente os efeitos do ambiente e que as linhagens USP 93-1119 e USP 93-2306 reúnem alelos para adaptabilidade e estabilidade, sendo a última altamente previsível (ROCHA et al., 2009).

As diversas metodologias para a análise da adaptabilidade e estabilidade são procedimentos estatísticos os quais tem como objetivo identificar genótipos que apresentem comportamento mais estável e que respondem previsivelmente às variações ambientais (SILVA; DUARTE, 2006). Sendo assim a aplicabilidade desta metodologia em diversas regiões e municípios contribui de forma significativa para os programas de melhoramento de plantas.

Estudo conduzido no estado do Mato Grosso, objetivou avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica em genótipos de soja de ciclo semiprecoce/médio, empregando diferentes metodologias, os autores observaram que as metodologias de Plaisted e Peterson, Annicchiarico e Lin e Binns são concordantes para o estudo de adaptabilidade e estabilidade e que estas são complementadas pelos métodos de Wricke, Eberhart e Russel, Cruz, Torres e Vencovsky e AMMI, fazendo-se assim recomendável a escolha do método que apresente facilidade de execução e interpretação dos resultados. Nos ambientes avaliados a linhagem UFU 23 apresentou alta adaptabilidade e estabilidade fenotípica em todas as metodologias estudadas

empregadas no estudo (POLIZEL et al., 2013).

Utilizando os métodos de Annicchiarico e Centróide para análise da adaptabilidade e estabilidade fenotípica Vasconcelos et al. (2015) conduziram ensaios em Viçosa, Florestal, São Gotardo e Rio Paranaíba, no Estado de Minas Gerais, em dois anos agrícolas utilizando cultivares e linhagens de soja de ciclos precoce e médio foram utilizadas. Esses autores verificaram que a interação genótipos x locais x anos (G x L x A) para produtividade de grãos foi significativa, e, utilizando como base o R^2 , detectou-se que o comportamento entre genótipos em relação aos locais ($R^2 = 50,17\%$) foi mais pronunciado do que em relação aos anos agrícolas ($R^2 = 13,81\%$) e que a linhagem CS 801 apresentou adaptabilidade à ambientes de alta tecnologia, superando inclusive a produtividade dos cultivares padrões utilizados.

Yan et al. (2000) propuseram uma modificação da análise AMMI padronizada denominada de GGE biplot (Genotype and Genotypes by Environments Interaction) com a finalidade do estudo da interação G x A. Nesta análise o GGE incorpora o efeito de genótipos, que na análise AMMI tem efeito de aditivo, com a interação G x A efeito multiplicativo. Estes efeitos serão submetidos a uma análise que utiliza o modelo SREG (Sites Regression). Este modelo, o SREG, é multiplicativo de regressão para locais e sítios, assim este modelo é denominado de GGE biplot, segundo descrito por Yan et al. (2000) (OLIVEIRA, 2013).

O método GGE biplot apresenta como principal vantagem em analogia à análise AMMI, o fato de que o GGE biplot sempre explica uma parcela intermediária da soma de quadrados de genótipos (G) + a interação (G x A) em comparação aos modelos AMMI1 e AMMI2.

Na avaliação de um modelo AMMI2, tornando assim possível a análise de adaptabilidade e estabilidade no mesmo biplot, como utilizado no método do GGE biplot, pesquisadores desenvolveram um gráfico 3D, cujo o efeito de genótipo é a terceira dimensão perpendicular ao plano IPCA1 (primeiro componente principal da interação) versus IPCA2 (segundo

componente principal da interação) (GAUCH, 1992). Embora haja uma captação de uma proporção maior da interação em relação ao gráfico AMMI1, a interpretação gráfica de AMMI2 é complexa e pouca prática (Yan et al., 2000; OLIVEIRA et al., 2010).

O GGE biplot adiciona outro benefício em relação ao gráfico AMMI1 que é ter ambos os eixos na mesma escala, pois em AMMI1, os eixos se apresentam em unidades diferentes (abscissa – produtividade média e ordenada – IPCA1). Assim, a performance de um genótipo em um determinado ambiente não pode ser visualizada com precisão, isto também ocorre no gráfico AMMI2 3D. Contudo, no gráfico do GGE biplot pode se visualizar não apenas a performance média e a estabilidade de cada genótipo, como também a performance relativa de cada genótipo em cada ambiente (OLIVEIRA et al., 2010).

Gomez et al. (2014) avaliando 45 genótipos de soja com os objetivos de selecionar variedades para recomendação para o estado de São Paulo, determinar a adaptabilidade e estabilidade destes genótipos, como também comparar o desempenho e a precisão dos métodos da ecovalência de Wricke, principais efeitos aditivos e análise da interação multiplicativa (AMMI), GGEbiplot e a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG). A interação G x A também foi outro objetivo. Assim os autores concluíram que 21 genótipos apresentaram alta produtividade média de grãos, estas representam diferentes grupos de maturação. As observações referentes aos métodos possibilitaram inferir que a ecovalência, métodos AMMI e GGE-biplot foram mais semelhantes do que os do método MHPRVG. Atribui-se a isto que às propriedades do método, pois há mais peso para produção de grãos e pouco peso para os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade (GOMEZ et al., 2014).

Outra alternativa gráfica foi proposta por Nunes et al. (2005) que constitui no emprego de gráficos que utilizam estimativas de estabilidade para classificar linhagens e ou cultivares para decidir quais recomendar. Os fenótipos inerentes a cada variável de interesse para um dado genótipo são

plotados em um gráfico polar, com formato “bola cheia” ou “bola murcha”.

Quando o formato é de “bola cheia” significa que a linhagem/cultivar tem comportamento acima da média para todas ou quase todas as variáveis. Por outro lado, “bola murcha” remete a linhagem que se apresenta deficiente, ou seja, desempenho abaixo da média, para alguma das variáveis. Assim, o Método Gráfico (NUNES et al., 2005) consiste na padronização das médias avaliadas em experimentos conduzidos em vários ambientes pela expressão: $Z_{ij} = (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{.j}) / S_{.j}$, em que, Z_{ij} é o valor da variável padronizada correspondente a linhagens/cultivares i no ambiente j , sendo $i = 1, \dots, t$ e $j = 1, \dots, n$; \bar{y}_{ij} é a média da linhagem/cultivar i no ambiente j ; $\bar{y}_{.j}$ é a média do ambiente j ; $S_{.j}$ é o desvio padrão fenotípico entre as médias das linhagens/cultivares no ambiente j dado por: $S_{.j} = \sqrt{\sum_{i=1}^t \frac{(\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{.j})^2}{t-1}}$. A variável padronizada Z_{ij} assume valores positivos e negativos, isto para facilitar a visualização gráfica, uma constante é somada de modo a tornar os valores de Z_{ij} sempre positivos. Portanto, a média dos valores de Z_{ij} para a linhagem/cultivar i nos k ambientes (\bar{Z}_i), será uma medida da adaptação da linhagem/cultivar i e o coeficiente de variação dos Z_{ij} para a linhagem/cultivar i nos diferentes ambientes será uma medida da estabilidade da linhagem/cultivar i . Os valores padronizados (Z_{ij}) serão utilizados para construir um gráfico para cada linhagem/cultivar, sendo as dimensões dos eixos (ambientes) equivalente aos valores de Z_{ij} da linhagem/cultivar i no ambiente j (RAMALHO et al., 2012).

2.3 Produção e Qualidade Fisiológica de sementes de soja

Para produção de semente de soja em qualquer ambiente, seja em regiões temperadas ou tropicais, se faz necessária a utilização de tecnologias de produção que tendem garantir as altas qualidades física, fisiológica, genética e sanitária. O emprego dessa semente que possui a mais alta

qualidade certifica um adequamento do estande onde as plantas terão alto desempenho assim contribuindo para o aumento da produtividade da lavoura (EMBRAPA, 2015).

Há distinção na produção de soja grão e soja semente e a semeadura influencia sobremaneira, a primeira. A data de semeadura leva em consideração à aquisição de máximas produtividades. Por outro lado, a produção de sementes a qualidade sobressai a produtividade (FRANÇA-NETO et al., 2010). Diversos aspectos interferem na produção de sementes de soja com alta qualidade fisiológica entre os principais estão: a determinação da época de semeadura, utilização de sementes com melhor qualidade na semeadura, ausência de danos mecânicos, microrganismos patogênicos, ataque de percevejos, colheita no período adequado e boas condições de armazenamento (MOTTA et al., 2002).

Nos estados com maior produção de grãos de soja no Brasil, de maneira geral, as maiores produtividades obtidas ocorrem quando a semeadura é no período entre o final de outubro e a primeira quinzena de novembro. Por outro lado, para se produzir sementes de soja com elevada qualidade, a melhor época de semeadura meados de novembro a meados de dezembro. Se esta é realizada fora do período mencionado, o que irá ocorrer é que a fase de maturação pode coincidir com períodos de alta umidade, que associados à elevadas temperaturas, ocasionaram baixa taxa de germinação, maior porcentagem de sementes deterioradas por umidade assim como maior incidência de patógenos (FRANÇA-NETO et al., 2010).

Durante os estágios de maturação e colheita, é recomendável que a temperatura seja igual ou inferior a 22 °C (EMBRAPA, 2015). Condições estas dificilmente encontradas nas regiões tropicais, inclusive no Brasil, porém, podem ser encontradas em áreas acima de 700 m de altitude como também realizando um planejamento de semeadura com ajustes para a época de semear (PÁDUA et al., 2014). Esta dificuldade segundo Costa et al. (2003; 2005), se faz devido as oscilações climáticas frequentemente encontradas nestas regiões que afetam a produção de sementes com alta

qualidade. Dentre as principais causas de sementes com reduzida qualidade são as constantes flutuações de temperatura e precipitação (PÁDUA et al., 2014). Em se tratando de produção de sementes de soja a fase de colheita requer muito cuidado pois, podem ocorrer danos mecânicos como também a mistura mecânica de sementes de outras cultivares, comprometendo a pureza varietal do lote.

A utilização de sementes de elevada qualidade é o alicerce da produção agrícola no país, o termo qualidade engloba as características relacionadas às propriedades genéticas, físicas, sanitárias e fisiológicas. Segundo Kolchinsky et al. (2006) as sementes que apresentam alto vigor dão origem a plantas com maior índice de área foliar, maior produção de matéria seca e conseqüentemente maior produtividade no que diz respeito às sementes de baixo vigor. Fatores genéticos como também adversidades durante o desenvolvimento da semente e processos fisiológicos ocorridos no período anterior ou após a colheita comprometem a qualidade fisiológica das sementes.

Franceloso et al. (2015) avaliaram a qualidade fisiológica de sementes de soja provenientes de diferentes empresas do Estado de Santa Catarina, estado este reconhecido pela alta qualidade de sementes soja, pois apresentam condições favoráveis como também produtores e cooperativas com alta tecnologia. A conclusão dos autores foi que as sementes dessa cultura têm qualidade adequada para semeadura e germinação para os padrões de comercialização, exceto as cultivares BRS 295 e Don Mario 7.0i produzida na região de Campos Novos.

A qualidade fisiológica da semente, que envolve o metabolismo para expressar o seu potencial, pode ser caracterizado pelo vigor e pela germinação. O vigor é definido como sendo a capacidade da semente em ter um adequado desempenho em quaisquer condições ambientais (da SILVA et al., 2016). Para Höfs et al. (2004), o vigor da semente é a soma de atributos que possibilitam à semente o potencial para germinar, emergir e tornar-se plântula normal em diferentes condições ambientais.

Em um experimento cujo objetivo foi avaliar o comportamento agrônomico de plantas provenientes de sementes de soja condicionadas em diferentes potenciais osmóticos, em função dos níveis de vigor com diferentes técnicas, observou-se que o condicionamento fisiológico em sementes de médio vigor influencia de maneira positiva nos seguintes componentes, emergência de plântulas, altura de inserção de primeira vagem, número de vagens/planta, número de sementes/planta, número de sementes/vagem e ainda na produtividade. Os autores complementam que os diferentes níveis de vigor das sementes proporcionam diferenças no número de vagens/planta (da SILVA et al., 2016). A técnica do condicionamento fisiológico estabelece que sementes em estágio avançado de deterioração apresenta detrimento na qualidade fisiológica, com efeito no vigor (LANTERI et al., 1996).

O Brasil apresenta uma ampla diversidade climática em suas regiões de cultivo de soja, além disso, anualmente grande número de cultivares são lançadas, apresentando diferenças de sensibilidade aos fatores ambientes, sendo assim a avaliação do potencial fisiológico nestas diferentes condições edafoclimáticas se faz importante.

Pesquisadores avaliaram a qualidade física e fisiológica de sementes de nove cultivares de soja, cultivadas em diferentes regiões dos estados do Paraná e São Paulo. A conclusão da pesquisa foi que a qualidade fisiológica de sementes de soja foi influenciada pelo ambiente de cultivo, danos mecânicos e por umidade foram responsáveis pela diminuição da germinação, vigor e viabilidade em todos os locais avaliados. As cultivares CD 214 RR, BRS 246 RR e BRS 255 obtiveram rendimento e qualidade fisiológica elevados (GOMES et al., 2012).

2.4 Mapeamento e Identificação de QTL

Inicialmente os mapas genéticos se fundamentavam em marcadores morfológicos e citológicos. Eram originados de estoques cromossômicos

com aberrações, como por exemplo, aneuploidias, translocações, deleções e inversões, em especial em culturas do milho, tomate e ervilha (COE et al., 1988). Os estudos com marcadores morfológicos contribuíram sobremaneira para a elucidação do fundamento teórico da análise de ligação gênica e também para a construção das primeiras versões de mapas genéticos (KNAPP, 1991). Caracteres de herança simples, facilmente distinguíveis, são bons marcadores morfológicos ou fenotípicos. Entretanto, apresentam restrição devido a poucas espécies vegetais terem disponibilidade de marcadores morfológicos para as quais o número de informações genéticas é maior.

Na década de 60, as isoenzimas foram descobertas e passaram a ser usadas como marcadores bioquímicos, como mencionado no tópico anterior, possibilitando assim a construção de mapas genéticos em todas as espécies de plantas (GARVIN & WEEDEN, 1994). Por exibirem um controle genético simples, em que a ação é alélica, os marcadores isoenzimáticos, em sua maioria são codominantes. Com o advento dos marcadores de DNA, o mapeamento genético pôde ser atribuído a todas as espécies. Os marcadores isoenzimáticos apresentam a desvantagem no número de marcadores previsto pelos ensaios pois é limitado, em torno de 10 a 20 por espécie. Embora o número total de locos detectados pode vir a ser maior que 100, os marcadores isoenzimáticos não faz a cobertura completa do genoma, o que limita por exemplo a construção de mapas genéticos.

Para a construção de mapas de ligação utiliza-se como base a análise de segregação de centenas de marcadores sendo isto efetuado em programas computacionais. Estes programas como “Mapmaker” (LANDER et al., 1987), “Linkage 1” (SUITER et al., 1983), “Gmendel” (LIU & KNAPP, 1992) foram desenvolvidos para auxiliar na análise genética dos dados visando à construção de mapas genéticos e estão disponíveis na internet (<http://linkage.rockefeller.edu/>). Ao construir um mapa genético alguns pontos são importantes devem ser considerados. Entre estes está a seleção da população para mapeamento, onde se escolhe os genitores e também a

determinação do tipo de cruzamento (F_2 , retrocruzamento, população RIL, etc). Esta é considerada uma etapa singular para o sucesso da construção do mapa (STAUB et al., 1996).

Por outro lado, independentemente dessa escolha, duas outras condições devem ser atendidas, a primeira delas é que se tenha o máximo de polimorfismo entre os genitores. Posteriormente, que sejam produzidas gerações em que os locos estejam em desequilíbrio de ligação (TANKSLEY, 1993). Os genitores escolhidos para gerar a população de mapeamento devem ser contrastantes (até mesmo quanto à expressão fenotípica para caracteres de interesse agrônômico), já que o número de marcas no mapa representa o número de caracteres contrastantes nos genitores. Em casos cujo polimorfismo é baixo, podem-se realizar cruzamentos interespecíficos para obter maior número de locos informativos (CARNEIRO & VIEIRA, 2002).

O primeiro a demonstrar a ligação entre um marcador genético e um QTL foi Sax (1923). No entanto, os fundamentos da teoria do mapeamento de QTL foram elucidados a partir do trabalho de Thoday (1961). Esse autor menciona que se um oligogene (herança complexa) estiver ligado a um monogene (herança simples), os efeitos fenotípicos do oligogene podem ser indiretamente estudados com base nos efeitos do gene vizinho (CARNEIRO & VIEIRA, 2002). O número enorme de marcadores distribuídos pelo genoma permite que se faça amostragem mais completa na busca de ligação gênica com o loco de interesse. O mapeamento de QTL permite mensurar o número de locos quantitativos envolvidos na herança complexa, como também suas localizações cromossômicas, modo de ação gênica (aditividade, dominância, heterose e epistasia). Ademais, viabiliza a possibilidade de decompor a interação genótipos por ambientes em nível de cada QTL (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996; AUSTIN & LEE, 1998).

A habilidade de identificação de um QTL é em função da magnitude do seu efeito sobre a característica, bem como do tamanho da população segregante avaliada, da frequência de recombinação entre o marcador e o

QTL, como também da herdabilidade da característica (TANKSLEY, 1993). Essa abordagem é conhecida como seleção assistida por marcadores (MAS). É importante, principalmente, nos casos em que a característica de interesse é de avaliação difícil e cara, nos estudos de espécies perenes de ciclo longo, e para características fenotípicas de baixa herdabilidade, o que pode significar redução no tempo e nos custos de programas de melhoramento (SOUZA, 2001).

Para a localização de QTL podem-se utilizar os modelos lineares (Anova e regressão linear), mapeamento por intervalo (“interval mapping” ou “flanking-marker analysis”), mapeamento por intervalo composto (“composite interval mapping”) (ZENG, 1993; 1994; JANSEN, 1993) e mapeamento multiponto (“multipoint mapping”) (KEARSEY & HYNE, 1994). Os modelos lineares apresentam os procedimentos mais simples para detecção de QTL que analisam, separadamente, a diferença entre os valores fenotípicos médios para cada marcador (EDWARDS et al., 1987), não sendo necessária a construção de mapas de ligação. Por outro lado, apresenta como limitação que quanto maior for a distância entre o QTL e o marcador, menor será a probabilidade de identificá-lo, pois eleva a possibilidade de recombinação entre o gene marcador e o QTL.

Além disso, a magnitude do QTL, pelo mesmo motivo, é normalmente subestimada. Outro inconveniente é que não é possível determinar a posição do QTL no genoma (CARNEIRO & VIEIRA, 2002). Lander e Botstein (1989) propuseram a metodologia de mapeamento com base em intervalo (“interval mapping”), esta proposta tem sido uma alternativa para aumentar o poder de detecção das associações, permitindo estimar o efeito e a posição dos QTL's. Esse método utiliza informações de segregação de pares de marcadores adjacentes como unidades de análise, empregando o método de máxima verossimilhança para estimar a frequência de recombinantes e a magnitude do efeito do QTL no intervalo entre dois marcadores ligados (LYNCH & WALSH, 1998). Porém, o mapeamento fundamentado em intervalo ignora outros QTL's que estão fora dos

intervalos. Sendo assim, como consequência toda a variação genética devido a esses outros QTL's é residual, ou ainda pode diminuir a precisão das estimativas e o poder dos testes. Além disso, eventuais QTL's que estejam ligados ao intervalo em questão interferem no processo de estimação, fazendo com que, se atribua a existência de um QTL no intervalo quando na realidade não há nenhum (BEARZOTI, 2000).

Com o intuito de solucionar estas questões, Jansen (1993) e Zeng (1993, 1994) propuseram o mapeamento por intervalo composto, método em que se consideram os QTL's localizados fora do intervalo em questão por um modelo de regressão linear múltipla. Assim proporciona maior resolução no mapeamento, permite o uso de dados obtidos em vários ambientes, para avaliar os efeitos da interação QTL versus ambientes. Outra abordagem é o mapeamento por intervalo múltiplo, proposto por Kao et al. (1999), que trouxe considerável aprimoramento no mapeamento de QTL, pois incorpora parâmetros de epistasia ao modelo, contrariando outros modelos, pode aumentar a eficiência da seleção assistida, considerando os efeitos epistáticos (BEARZOTI, 2000).

A clonagem de genes com base em mapas genéticos (map-based cloning e positional cloning) prediz que, o efeito fenotípico do gene é verificado anteriormente avaliando-se a característica de interesse na progênie, e sua posição cromossômica aproximada é determinada pelo mapeamento. Nesse mapeamento detalhado, de alta resolução, consegue-se identificar marcadores próximos a um gene, sendo essa resolução dependente do número de marcadores e da disponibilidade de grande número de indivíduos na progênie (CARNEIRO & VIEIRA, 2002). Além disso, os fragmentos mapeados em cada um dos grupos de ligação podem servir como sondas em ensaios de hibridação *in situ* contra metáfases mitóticas, possibilitando a atribuição dos grupos de ligação aos cromossomos das espécies em estudo.

A disponibilidade de marcadores moleculares tem facilitado à identificação, localização e análise genética de locos que controlam

quantitativamente traços herdados, como caracteres de rendimento (TANKSLEY,1993). Vários QTL's que associam características às sementes e vagens da cultura da soja já foram mapeados, tais como o comprimento das sementes, largura da semente, espessura da semente e rendimento de sementes (XU et al., 2011), número de vagens por planta, número de sementes por vagem (RAGIN et al., 2012).

Com o avanço das técnicas de marcadores moleculares, genética cromossômica e mapas físico é permitido à estimativa do número de QTL's, a sua posição genômica e os efeitos genéticos de QTL que os controlam. Usando esses mapas, métodos de mapeamento de QTL em populações experimentais tornaram-se onipresente (LANDER & BOTSTEIN, 1989; HALEY & KNOTT, 1992; JANSEN, 1993; ZENG, 1993, 1994). Mapas de ligação molecular tornaram possíveis as identificações, os efeitos dos locos individuais que controlam uma característica quantitativa herdada (ZHE et al., 2013). Assim a utilização de marcadores moleculares para a seleção indireta de características agrônomicas importantes, (MAS) busca-se melhorar a eficiência para o melhoramento de plantas.

Na cultura da soja, mais de 80 QTL associados ao rendimento foram identificados, distribuídos em 18 grupos de ligação, principalmente nos grupos de ligação C2, M, K e G, de acordo com as informações contidas SoyBase (<http://www.soybase.org/search/qtllist.php>). Todos os QTL foram mapeados a partir de mais de 20 populações independentes (MANSUR et al., 1996; HNETKOVSKY et al., 1996; TRIGIZANO & CAETANO-ANOLLÉS, 1998; SPECHT et al., 2001; YUAN et al., 2001; CHUNG et al., 2003; CONCIBIDO et al., 2003; WANG et al., 2004; SONG et al., 2004; KABELKA et al., 2006; GUZMAN et al., 2007; RAINER et al., 2009). QTL's associados às características de sementes e vagens são geralmente mais úteis para os produtores quando foram comprovados em mais de um ambiente (FASOULA et al., 2004).

A nova geração de tecnologia de sequenciamento possibilita obter milhares de SNPs em todo o genoma que são potenciais marcadores de mapas genéticos de alta densidade. Sendo assim, métodos eficazes para a descoberta de SNP com alto rendimento de genotipagem foram desenvolvidos, como RADseq (MILLER et al., 2007) (restrição associada do local de sequenciamento), dupla digestão RADseq (PETERSON et al., 2012), e de dupla enzima genotipagem-sequenciamento (GBS) (POLAND et al., 2012). Hyten et al. (2004) construíram dois mapas integrados de alta densidade de ligação genética da soja com base no sequenciamento do genoma e de alto rendimento da genotipagem de SNP.

A técnica de comprimento específico fragmento amplificado (SLAF) foi desenvolvida por Sun et al. (2013), desenvolveram também o sequenciamento (SLAF-seq) como uma estratégia de alta resolução para a genotipagem de novos SNP. Zhaoming et al (2014) detectaram 164,197 SLAFs de alta qualidade, destes 12,577 SLAFs foram polimórficos, e 5,308 dos marcadores polimórficos apresentaram condições necessárias para a utilização na construção de um mapa genético. Ressalta-se que este mapa tem a menor distância média de marcadores adjacentes para a cultura da soja. Esse possibilitou a construção de um mapa usando uma população de linhagem recombinante e a abordagem SLAF-SEQ, que permitiram o desenvolvimento eficiente de um grande número de marcadores polimórficos em um curto espaço de tempo. Os resultados deste estudo permitirão fornecer uma plataforma para gene traço/mapeamento quantitativo de locos assim como também vai possibilitar como referência para melhoramento molecular de soja.

Vários trabalhos atribuídos à identificação e análise de QTL na cultura da soja são associados ao surgimento de novos patógenos e pragas, ferrugem da soja (*Phakopsora pachyrhizi* Syd. & P.Syd), o vírus da necrose da soja na América do Norte (SCHNEIDER et al., 2005), identificação de novos genes que permitem aos produtores atender à crescente demanda por soja em face da mudança de estresses bióticos e abióticos (CHANG et al.,

2014). Pesquisas também tem sido executadas com espécies do gênero *Glycine* sp para identificar genes com características agronomicamente importantes, assim estudo realizado com *G. latifolia* (Benth.) Newell & Hymowitz, nativas da Austrália e ilhas vizinhas, identificou genes de resistência para *Heterodera glycines* e tolerância a *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) De Bary (LIM & HYMOWITZ, 1987; JONES, BROWN & COOTE, 1996).

Uma grande parte dos estudos também está relacionada ao mapeamento de QTL's relacionados à concentração de óleo e proteína em grãos de soja como também a interação de QTL com o ambiente (Q x E), que pode ser uma importante ferramenta para a genética quantitativa. Alguns estudos foram realizados para identificar os efeitos de QTL-ambiente em culturas como, arroz (LIU et al., 2008), soja (KOVIR et al., 2011), trigo (MOHAN et al., 2009) e amendoim (RAVI et al. 2011). Estes estudos elucidaram que os QTL's são afetados significativamente pelo ambiente. Zhaoming et al. (2014) realizaram a recombinação de duas linhagens derivadas de um cruzamento entre "Charleston" e "Dongnong594". A linhagens foram plantadas em três ambientes por quatro anos na China. Os autores observaram que quarenta e três locos de QTL quantitativos foram identificados em 17 de 20 cromossomas da soja excluindo Ch 7, Ch 8 e Ch 17. Dois QTL's apresentaram uma boa estabilidade em vários ambientes, qPRO20-1 foi detectado em quatro ambientes, o alelo era de "Charleston" entre quatro ambientes. O qPRO7-5 foi detectado em três ambientes, o alelo foi de 'Dongnong 594', três genes da via de biossíntese de proteínas foram detectados no intervalo de qPRO7-5. Os autores concluíram que é viável através de seleção assistida por marcadores melhorar a concentração de proteína em soja.

Pesquisas com as cultivares de soja plantadas no Brasil são incipientes para o controle genético dos teores de proteína e óleo. Locos quantitativos associados ao conteúdo de proteína no grão foram mapeados em cultivares brasileiras por Soares et al. (2008), onde foram avaliadas 118

linhagens endogâmicas recombinantes (RIL), obtidas do cruzamento entre as cultivares BARC-8 e Garimpo, em dois locais nas regiões Sul e Sudeste do país. Utilizando como base na média dos ambientes, dois QTL's, mapeados nos grupos Ee L, explicaram 9,9 e 7,11% da variação do fenótipo, respectivamente. A caracterização precisa dos QTL's e sua validação em diferentes populações é imprescindível para que se possa empregar marcadores moleculares no melhoramento da qualidade da soja. Pesquisa com o objetivo de detectar e mapear locos de QTL que afetam os conteúdos de proteína e óleo em soja (*Glycine max* L. Merrill.) utilizou plantas em F₂ provenientes do cruzamento entre a linhagem CS3032PTA276 e a variedade UFVS2012, utilizando-se quarenta e oito marcadores microssatélites (SSR) polimórficos, o resultado foi a detecção de quatro QTL's associados ao conteúdo de proteína, nos grupos de ligação D1a, G, A1, e I, e três QTL's associados ao conteúdo de óleo, nos grupos A1, I e O (Rodrigues et al., 2010).

Estudo conduzido por Lee et al. (2001) para identificação de QTL associados a características relacionadas com a brotação/germinação de soja em 100 linhas F₂ derivadas do cruzamento de 'Pureunkong' Jinpungkong 2' concluíram que QTL's condicionados a brotação estavam nas mesmas posições genômicas que os QTL's para peso de sementes, identificados nestas populações. Uma pesquisa cujo objetivo foi definir a base genética para a produção de sementes, utilizou três populações RILs e a frequência média de aborto nas três populações variou de 10 a 29%. Neste estudo os QTL's encontrados foram atribuídos aos grupos de ligação U11, U13, U22. O grupo U13, está ligado a genes atribuídos a esterilidade masculina e feminina (MS1, MS6, ST5) (TISCHNER et al., 2003).

Gutierrez-Gonzales et al. (2011) realizaram uma pesquisa para construção de um mapa de ligação não redundante, altamente saturado que abrangeu 451 marcadores SNP e SSR para localizar regiões genômicas que reagem a acumulação de isoflavonas em sementes de soja identificou cinco QTL's que contribuem para a concentração de isoflavonas, estas são

importantes componentes da semente que neutralizam os efeitos de vários estresses abiótico e bióticos.

Um estudo com o objetivo de identificar QTL's associados à variabilidade de polissacarídeos da parede celular das sementes (CWPs), estes são componentes significativos da parede celular das sementes de soja, e também de investigar as relações entre CWP sementes, proteínas e teor de óleo em soja, concluíram que três QTL's foram observados em grupos de ligação U3 (ISU A2), U7 (ISU A1), e U24 (ISU K), que representaram a maior parte da variabilidade no conteúdo de CWP expresso na matéria seca total de sementes de soja. O estudo ainda acrescentou que a diminuição do conteúdo CWP na semente irá melhorar a qualidade destas (STOMBAUGH et al., 2004).

Pesquisa ressalta que no melhoramento da soja, já foram identificados e liberados para uso geral 131 QTL's, destes 31 são associados a caracteres de resistência a patógenos; 19 a caracteres de qualidade de sementes, em especial a ácidos graxos; 44 sobre características agrônômicas e 3 sobre brotos de soja (VERNETTI & VERNETTI, 2009). Ainda assim, a identificação de QTL's se encontra como um estudo de relevada importância no intuito de contribuir para o processo de produção e qualidade de sementes de soja.

Em pesquisa realizada com o objetivo de realizar o mapeamento associativo para tamanho e forma de sementes de soja foram utilizadas 257 cultivares e informações de 135 microssatélites SSR (simple sequence repeat), foram avaliados comprimento, largura, espessura e forma. Foram identificados QTL com interações com o ambiente (Q x E) e interações QTL-QTL (Q x Q), os pesquisadores dissertam que a partir destes QTL encontrados, alelos de elite podem ser usados para projetar combinações parentais para melhoria de cultivares (NIU YUAN et al., 2013).

Em soja o peso individual de sementes é um componente determinante para o rendimento e a qualidade, esse sofre grande variação. Sabe-se que o peso individual de sementes está sobre controle genético,

porém os mecanismos moleculares para o controle ainda não foram esclarecidos. Com o objetivo de investigar QTL para o peso individual de sementes em diferentes ambientes duas populações com 225 e 250 respectivamente de linhagens recombinantes provenientes do cruzamento de cultivares japonesas e norte-americanas foram avaliadas. Foram identificados 15 QTL significativos para o peso individual de sementes dispersos entre 11 cromossomos nas duas populações (SHIN KATO et al., 2014).

Após dois anos de pesquisa em soja com o objetivo de mapear e identificar QTL para características de maturidade, altura, nó da haste principal, ramo principal do caule, peso de grãos, Yao et al. (2015) encontram um total de 30 QTL que foram detectados e distribuídos em grupos, sete pares de QTL de interações epistáticas para maturidade e altura de planta foram encontrados para soja.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v. 46, n. 1, p. 269-278, 1992.

AUSTIN, D.F.; LEE, M. Detection of quantitative trait loci for grain yield and yield components in maize across generations in stress and nonstress environments. **Crop Science**, Madison, v.38, p.1296-1308, 1998.

BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; CRUZ, C. D. Análises paramétricas e não-paramétricas para determinação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja. **Scientia Agraria**, v. 9, n. 3, p. 299-309, 2008.

BATTISTI, R.; SENTELHAS, P. C.; PILAU, F. G. Eficiência agrícola da produção de soja, milho e trigo no estado do Rio Grande do Sul entre 1980 e 2008. **Ciência Rural**, Santa Maria, 42, n.1, p.24-30, 2012.

BEARZOTI, E. Mapeamento de QTL. Análise de QTL no melhoramento de plantas. **Goiânia: FUNAPE** 63-223, 2000.

BECKER, H.C. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. **Euphytica**, Dordrecht, v.30, p.835-840, 1981.

BERGMANN, J. C.; TUPINAMBA, D. D.; COSTA, O. Y. A.; ALMEIDA, J. R. M.; BARRETO, C. C.; QUIRINO, B. F. Biodiesel production in Brazil and alternative biomass feedstocks. **Renewable and Sustainable Energy Reviews** 21 p.411–420, 2013.

BORÉM, A. Melhoria da Soja. In: Sedyama, T.; Teixeira, R. C.; Reis, M. S. Borém, A. (eds.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. ed. Viçosa: UFV, p.487-533, 1999.

BONETTI, L. P. Distribuição da soja no mundo. In: Miyasaka, S.; Medina, J. C. (eds.). **A soja no Brasil**. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos. p. 1-16, 1981.

BRANQUINHO, R. G., et al. Environmental stratification and optimization of a multi-environment trial net for soybean genotypes in Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 49.10: 783-795, 2014.

CARNEIRO, M. S.; VIEIRA, M. L. C. Mapas Genéticos em Plantas. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 2, 89-100, 2002.

CARNEIRO, P. C. S. **Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 168 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

CARVALHO, H. W. L.; SILVA, M. L.; CARDOSO, M. J.; SANTOS, M. X.; TABOSA, J. N.; CARVALHO, C. L.; LIRA, M. A. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no Nordeste brasileiro no triênio de 1998 a 2000. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 11, p. 1581-1588, 2002b.

DE CARVALHO, E. V., PELUZIO, J. M., DOS SANTOS, W. F., AFFÉRI, F. S., DOTTO, M. A. Adaptability and stability of soybean genotypes in Tocantins. **Agro@ mbiente On-line**, 7(2), 162-169, 2013.

CHANG, S.; THURBER, C. S.; BROWN, P. J.; HARTMAN, G. L.; LAMBERT, K. N.; DOMIER, L. L. Comparative Mapping of the Wild Perennial *Glycine latifolia* and Soybean (*G. max*) Reveals Extensive Chromosome Rearrangements in the Genus *Glycine*. **PLOS ONE**, v. 9 Issue 6 e99427, 2014.

CHUNG, J.; BABKA, H. L.; GRAEF, G. L.; STASWICK, P. E.; LEE, D. J.; CREGAN, P. B.; SHOEMAKER, R. C.; SPECHT, J. E. The seed protein,

oil, and yield QTL on soybean linkage group I. **Crop Sci** 43:1053–1067, 2003.

COE, H. E.; NEUFFER, M. G.; HOISINGTON, D. A. The genetics of corn. In: SPRAGUE, G. F.; DUDLEY, J.W. (Eds.). **Corn and corn improvement**, p.81-237, 1988.

CONAB, COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. Safra 2015/2016. Nono levantamento, 123. 2016.

CONAB, COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. Safra 2014/2015. Nono levantamento, 2015.

CONCIBIDO, V. C.; LA VALLEE, B.; MCLAIRD, P.; PINEDA, N.; MEYER, J.; HUMMEL, L.; YANG, J.; WU, K.; DELANNAY, X. Introgression of a quantitative trait locus for yield from *Glycine soja* into commercial soybean cultivars. **Theor Appl Genet** 106:575–582, 2003.

COSTA, J.A. Cultura da Soja. **PORTO ALEGRE**, p.233, 1996.

COSTA, N. P. DA; MESQUITA, C. DE M.; MAURINA, A. C.; NETO, J. B. F.; KRZYZANOWSKI, F. C.; HENNING, A. A. Qualidade fisiológica, física e sanitária de sementes de soja produzidas no Brasil. **Revista Brasileira de Sementes**, Londrina, v. 25, n. 1, p. 128-132, 2003.

COSTA, N. P. da; MESQUITA, C. de M.; MAURINA, A. C.; NETO, J. B. F.; KRZYZANOWSKI, F. C.; OLIVEIRA, M. C. N.; HENNING, A. A. Perfil dos aspectos físicos, fisiológicos e químicos de sementes de soja produzidas em seis regiões do Brasil. **Revista Brasileira de Sementes**, Londrina, v. 27, n. 2, p. 1-6, 2005.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v. 12, n. 3, p. 567-580, 1989.

CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F.L. Decomposição da interação genótipo x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v. 38, n. 219, p. 422-430, 1991.

DA SILVA, T. A., et al. Condicionamento fisiológico de sementes de soja, componentes de produção e produtividade. **Ciência Rural** 46.2: 227-232, 2016.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

EDWARDS, M. D.; STUBER, C. W.; WENDEL, J. F. Molecular-marker-facilitated investigations of quantitative-trait loci in maize. I. Numbers, genomic distribution and types of gene action. **Genetics**, v. 116, n. 1, p. 113-125, 1987.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). – Centro Nacional de Pesquisa de Soja. **Tecnologias para Produção de Sementes de Soja**. Londrina – PR: Embrapa Soja: 2015.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). – Centro Nacional de Pesquisa de Soja. **O agronegócio da soja nos contextos mundial e brasileiro**. Londrina – PR: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agro-pecuária Oeste, ISSN 2176-2937; n. 349, 2014.

EVANGELISTA, B.A.; SILVA, F.A.M.; SILVA NETO, S.P. Uso das informações agrometeorológicas no monitoramento das culturas agrícolas, tendo como referência a soja. In: **Anuário ABRASEM**. Pelotas: Editora Becker & Peske, p.38-42, 2013.

FAO, FAOSTAT: FAO statistical data bases. FAO, UN, Rome. Available via DIALOG. <http://faostat.fao.org/>, 2004.

FASOULA, V. A.; HARRIS, D. K.; BOERMA, H. R. Validation and designation of quantitative trait loci for seed protein, seed oil, and seed weight from two soybean populations. **Crop Sci** 44:1218–1225, 2004.

FERREIRA, M. E., GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 220, 1996.

FRANÇA NETO, J. B.; HENNING, A. A. **Qualidades fisiológica e sanitária de sementes de soja**. Londrina: EMBRAPA-CNPSO, 1984. 39p. (EMBRAPA-CNPSO. Circular Técnica, 9), 2014.

FRANÇA NETO, J. de B., KRZYZANOWSKI, F. C., HENNING, A. A., de PÁDUA, G. P. **TECNOLOGIA DA PRODUÇÃO DE SEMENTE DE SOJA DE ALTA QUALIDADE**. Informativo ABRATES, vol. 20, nº.3, 2010.

FRANDOLOSO, V., et al. Physical and sanitary quality of soybean seeds produced in the state of Santa Catarina. **Semina: Ciências Agrárias** 36.4: 2515-2526, 2015.

GARVIN, D.F.; WEEDEN, N.F. Genetic-linkage between isozyme, morphological, and DNA markers in tepary bean. **Journal of Heredity**, Cary, v.85, n.4, p.273-278, 1994.

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

GAVIOLI, E. A. Explanations for the Rise of Soybean in Brazil. licensee In Tech. This is an open access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, 2013. (<http://creativecommons.org/licenses/by/3.0>).

GOMES, G. D. R., BENIN, G., ROSINHA R. C., GALVAN D., PAGLIOSA E. S., PINNOW C., da SILVA C. L., BECHE E. Produção e qualidade fisiológica de sementes de soja em diferentes ambientes de cultivo. **Semina: Ciências Agrárias**. 33: 2593-2604, 2012.

GOMEZ, G. M. Abordagem genética e multivariada na performance agrônômica de genótipos de soja oriundos de diferentes genealogias. vii-79, 2014.

GONÇALVES, E. C. P.; DI MAURO, A. O.; CARGNELUTTU FILHO, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja conduzidos em duas épocas de semeadura, na região de Jaboticabal – SP. **Científica**, Jaboticabal, v.35, n.1, p.61 - 70, 2007.

GUTIERREZ-GONZALEZ, J.; VUONG, T.; ZHONG, R.; YU, O.; LEE, J.; SHANNON, G.; ELLERSIECK, M.; NGUYEN, H.; SLEPER, D. Major locus and other loci new additive and epistatic involved in the modulation of the concentration of isoflavones in soybean seeds. **Theor. Appl. Genet.** 123 (8): 1375-1385, 2011.

GUZMAN, P. S.; DIERS, B. W.; NEECE, D. J.; MARTIN, St. SK.; LEROY, A. R.; GRAU, C. R.; HUGHES, T. J.; NELSON, R. L. QTL associated with yield in three backcross-derived populations of soybean. **Crop Sci** 7:111–122, 2007.

HALEY, C. S.; KNOTT, S. A. A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. **Heredity** 69:315–324, (1992).

HNETKOVSKY, H.; CHANG, S. J. C.; DOUBLER, T. W.; GIBSON, P. T.; LIGHTFOOT, D. A. Genetic mapping of loci underlying field resistance to soybean sudden death syndrome (SDS). **Crop Sci** 36:393–400, 1996.

HÖFS, A., et al. Emergência e crescimento de plântulas de arroz em resposta à qualidade fisiológica de sementes. **Revista Brasileira de Sementes** 26.1: 92-97, 2004.

HYTEN, D. L., PANTALONE, V. R., SAXTON, A. M., SCHMIDT, M. E., & SAMS, C. E. Molecular mapping and identification of soybean fatty acid modifier quantitative trait loci. **Journal of the American Oil Chemists' Society**, 81(12), 1115-1118, 2004.

JANSEN, R.C. Interval mapping of multiple quantitative trait loci. **Genetics**, Baltimore, v.135, n.1, p.205-211, 1993.

JARVIE, J. A; SHANAHAN, P.E. Assessing tolerance to soybean rust in selected genotypes. **Field Crops Research** 114, 419–425, 2009.

JONES, R. M.; BROWN, A. H. D.; COOTE, J. N. Variation in growth and forage quality of *Glycine latifolia* (Benth.) (Newell and Hymowitz). Genetic Resources Communication No. 26. Australia: **Division of Tropical Crops and Pastures**, CSIRO, 1996.

KABELKA, E. A.; CARLSON, S. R.; DIERS, B. W. *Glycine soja* PI 468916 SCN resistance loci's associated effects on soybean seed yield and other agronomic traits. **Crop Sci** 46:622–629, 2006.

KANG, M.S.; GAUCH, JR H.G. **Genotype by environment interaction**. Editora CRC Press, New York, p.416.1996.

KAO, C. H.; ZENG, Z.B.; TEASDALE, R.D. Multiple interval mapping for quantitative trait loci. **Genetics**, Baltimore, v.152, p.1203-1216, 1999.

KATO, Shin, et al. A major and stable QTL associated with seed weight in soybean across multiple environments and genetic backgrounds. **Theoretical and Applied Genetics** 127.6 (2014): 1365-1374.

KEARSEY, M.J.; HYNE, V. QTL analysis: a simple marker regression approach. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.3, n.6, p.698-702, 1994.

KNAPP, S.J. Mapping quantitative trait loci using molecular makers: multilocus estimators of backcross, recombinant inbred, and doubled haploid parameters. **Theoretical and Applied Genetic**, New York, v.81, p.333-338, 1991.

KOLCHINSKI, E. M., SCHUCH, L. O. B., PESKE, S. T. Crescimento inicial de soja em função do vigor das sementes. **Current Agricultural Science and Technology** 12.2, 2006.

KOVIR, M. R.; ZHANG, Y.; YU, S.; YANG, G.; YAN, W.; XING, Y. Candidacy of a chitin-inducible gibberellin-responsive gene for a major Plant Cell Rep (2014) 33:551–564 561123 locus affecting plant height in rice that is closely linked to green revolution gene sd1. **Theor Appl Genet** 123:705–714, 2011.

LANDER, E., GREEN, P., ABRAHAMSON, J., BARLON, A., DALEY, M., LINCOLN, S. & NEWBURG, L. MAPMAKER: an interactive computer package for constructing primary genetic linkages maps of experimental and natural populations. **Genomics** 1:174-181. 1987.

LANDER, E.S.; BOTSTEIN, D. Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. **Genetics**, Baltimore, v.121, n.1, p.185-199, 1989.

LANTERI, S., et al. Effects of controlled deterioration and osmoconditioning on germination and nuclear replication in seeds of pepper (*Capsicum annum* L.). **Annals of Botany** 77.6: 591-597, 1996.

LEAL, J. C. Plantas da Lavoura Sul Rio-grandense. **Porto Alegre**, 274 p, 1967.

LEE, S.; FREEWALT, K. R.; MCHALE, L. K.; SONG, Q.; JUN, T-H.; MICHEL, A. P.; DORRANCE, A. E.; ROUF MIAN, M. A. A high resolution genetic linkage map of soybean based on 357 recombinant inbred lines genotyped with BARCSoySNP6K. **Molecular Breeding**, 2001.

LIM, S. M.; HYMOWITZ, T. Reactions of perennial wild species of genus *Glycine* to *Septoria glycines*. **Plant Disease** 71: 891–893, 1987.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivars x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 68, n. 1, p. 193-198, 1988.

LIN, C.S.; BINNS, M.R.; LEFKOVITCH, L.P. Stability analysis: where do we stand? *Crop Science*, v.26, p.894-900, 1986.

LIU, G.; ZHANG, Z.; ZHU, H.; ZHAO, F.; DING, X.; ZENG, R.; ZHANG, G. Detection of QTLs with additive effects and additive-by-environment interaction effects on panicle number in rice (*Oryza sativa* L.) with single-segment substitution lines. **Theoretical and Applied Genetics**, 116(7), 923-931, 2008.

LIU, B. H.; KNAPP, S. J. G. MENDEL: a program for Mendelian segregation and linkage analysis of individual or multiple progeny

populations using log-likelihood ratios. **Journal of Heredity**, Cary, v.81, n.5, p.407-418, 1992.

LYNCH, M.; WALSH, B. Genetics and analysis of quantitative traits. Sunderland: Sinauer Associates, 1998. 978p

MAIA, M. C. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, M. M.; PINHEIRO, J. B.; SILVA, N. F. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agronômicos através de método unimultivariado. **Bragantia**, v. 65, n. 2, p. 215-226, 2006.

MANSUR, L. M.; ORF, J. H.; CHASE, K.; JARVIK, T.; CREGAN, P. B.; LARK, K. G. Genetic mapping of agronomic traits using recombinant inbredlines of soybean. **Crop Sci** 36:1327–1336, (1996).

MARIOTTI, I. A. ET AL., G. H. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar. I. Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica Del Nordeste Argentino, Tucumán**, 13, n. 14, p.105-127, 1976.

MEOTTI, G. V.; BENIN, G.; SILVA, R. R.; BECHE, E.; MUNARO, L. B. Épocas de semeadura e desempenho agronômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47, n.1, p.14-21, 2012.

MILLER, M. R.; DUNHAM, J. P.; AMORES, A.; CRESKO, W. A.; JOHNSON, E. A. Rapid and cost-effective polymorphism identification and genotyping using restriction site associated DNA (RAD) markers. **Genome Res** 17(2): 240–248, 2007

MIRANDA, F. T. S. Interação genótipos x ambientes em linhagens de soja selecionadas para resistência ao nematóide de cisto. Dissertação de mestrado. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba. 141p, 1999.

MOHAN, A.; KULWAL, P.; SINGH, R. et al. **Euphytica** (2009) 168: 319. doi:10.1007/s10681-009-9935-2

MORENO, K. A. A. Expressão de genes relacionados com a qualidade fisiológica de sementes de soja. Tese de doutorado. Universidade Federal de Lavras, Lavras. 2016.

MOTTA, I. S., et al. Época de semeadura em cinco cultivares de soja. I. Efeito nas características agronômicas. **Acta Scientiarum. Agronomy** 24.5: 1275-1280, 2002.

NIU, YUAN, et al. Association mapping for seed size and shape traits in soybean cultivars. **Molecular Breeding** 31.4 (2013): 785-794.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Graphical method in studies of adaptability and stability of cultivars. Annual Report of the Bean Improvement Cooperative 48: 182-183, 2005.

OLIVEIRA, R. L. Índice de Seleção no estudo da adaptabilidade e estabilidade em milho. Lavras, UFLA, 2013. Tese Doutorado.

OLIVEIRA, R. L. et al. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 10, p. 247-253, 2010.

PÁDUA, G. P. de, et al. Agroclimatic zoning of the state of Minas Gerais for the production of high quality soybean seeds. **Journal of Seed Science** 36.4: 413-418, 2014.

PAOLINELLI, G. de P.; TANAKA, M.A. de S. & REZENDE, A.M. de. Influência da época de semeadura sobre a qualidade fisiológica e sanitária de sementes de soja. **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, 6(1):39-50, 1984.

PETERSON, B. K.; WEBER, J. N.; KAY, E. H.; FISHER, H. S.; HOEKSTRA, H. E.; Double digest RADseq: an inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. **PLoS ONE** 7(5): e37135, 2012.

POLAND, J. A.; BROWN, P. J.; SORRELLS, M. E.; JANNINK, J. L. Development of highdensity genetic maps for barley and wheat using a novel two-enzyme genotyping-by-sequencing approach. **PLoS ONE** 7(2): e32253, 2012.

POLIZEL, A. C.; JULIATTI, F. C.; HAMAWAKI, O. T.; HAMAWAKI, R. L.; GUIMARÃES, S. L. Adaptabilidade e Estabilidade Fenotípica de Genótipos de Soja no Estado do Mato Grosso. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 4, p. 910-920, July/Aug. 2013

PRADO, E.E.; HIROMOTO, D.M.; GODINHO, V.P.C.; UTUMI, M.M.; RAMALHO, A.R. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.4, p.625-635, 2001.

RAGIN, B.; RICHARD, B.; WILLSHEANA, C.; STELLA, K. K.; KHALID, M.; MASUM, A.; KASSEM, M. A. Genetic Analysis of Yield Components in the PI 438489B by 'Hamilton' Recombinant Inbred Line

(RIL) Population of Soybean [*Glycine max*(L.) Merr.]. **J Agric Sci** 4:98–105, 2012.

RAINER, M.; YVAN, F.; MARIANNE, B.; MATEO, V.; PETER, S.; RIBAUT, J. M. Drought stress and tropical maize: QTL-by-environment interactions and stability of QTLs across environments for yield components and secondary traits. **Theor Appl Genet** 119:913–930, 2009.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. UFLA. v.1, p. 365, 2012.

RAVI, K.; VADEZ, V.; ISOBE, S. et al. Identification of several small main-effect QTLs and a large number of epistatic QTLs for drought tolerance related traits in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 122, p. 1119-1132, 2011.

ROCHA, M. D. M., VELLO, N. A., LOPES, Â. D. A., & MAIA, M. C. C. Yield stability and adaptability in mid-cycle soybean lines. **Revista Ceres**, 56(6), 764-771, 2009.

ROCHA, R. B., MURO-ABAD, J. I., ARAÚJO, E. F., CRUZ, C. D. Avaliação do método do Centróide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, v. 15, n. 3, p. 255-266, 2005.

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

SANTOS, M. R. et al. Qualidade fisiológica e sanitária de sementes de genótipos de soja colhidas em três regiões de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 22, n. 2, p. 62-71, 2000.

SAX, K. The association of size differences with seed-coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. **Genetics**, Bethesda, v. 8., p. 552-560, 1923.

SCHNEIDER, R. W.; HOLLIER, C. A.; and WHITAM, H. K. First report of soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi* in the continental United States. **Plant Disease** 89:774, 2005.

SILVA, J. B., LAZARINI, E., de SÁ, M. E. Comportamento de sementes de cultivares de soja, submetidos a diferentes períodos de envelhecimento acelerado. **Bioscience Journal** 755-762, 2010.

SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. An application of segmented linear regression to the study of genotype x environment interaction. **Biometrics**, v. 41, n. 4, p. 1093-1093, 1986.

SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 1, p. 23-30, 2006.

SOARES, T.C.B.; GOOD-GOD, P.I.V.; MIRANDA, F.D. de; SOARES, Y.J.B.; SCHUSTER, I.; PIOVESAN, N.D.; BARROS, E.G. de; MOREIRA, M.A. QTL mapping for protein content in soybean cultivated in two tropical environments. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.1533-1541, 2008.

SONG, Q. J.; MAREK, L. F.; SHOEMAKER, R. C.; LARK, K. G.; CONCIBIDO, V. C.; DELANNAY, X.; SPECHT, J. E.; CREGAN, P. B. A new integrated genetic linkage map of the soybean. **Theor Appl Genet**, 109(1): 122–128, 2004.

SOUZA, A. P. Biologia molecular aplicada ao melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. Recursos Genéticos e Melhoramento. Fundação MT, p.939-965, 2001.

SPECHT, J. E.; CHASE, K.; MACRANDER, M.; GRAEF, G. L.; CHUNG, J.; MARKWELL, J. P.; GERMANN, M.; ORF, J. H.; LARK, K. G. Soybean response to water: A QTL analysis of drought tolerance. **Crop Sci** 41:493–509, 2001.

STAUB, J.E, SERQUEN, F.C., GUPTA, M. Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding. **Hort Science**, Alexandria, v.31, n.5, p.729-740, 1996.

STOMBAUGH, S. K.; A ORF, J. H.; JUNG, H. G.; CHASE, K.; LARK, K. G.; SOMERS, D. A. Quantitative Trait Loci Associated with cell wall polysaccharides in Soybean Seed. **Crop Sci**. 44: 2101-2106, 2004.

SUITER, K.A.; WENDELL, J.F.; CASE, J.S. Linkage 1: a pascal computer-program for the detection and analysis of genetic-linkage. **Journal of Heredity**, Cary, v.74, n.3, p.203-204, 1983.

SUN, X.; LIU, D.; ZHANG, X.; LI, W.; LIU, H.; et al. SLAF-seq: an efficient method of large-scale De novo SNP discovery and genotyping using highthroughput sequencing. **PLoS ONE** 8(3): e58700, 2013.

TANAKA, M.A.S.; PAOLINELLI, G.P.; ARANTES, N.E. Qualidade sanitária de sementes de soja produzidas no estado de Minas Gerais. In: SEMINÁRIO NACIONAL DE PESQUISA DE SOJA, 3, Campinas, 1984. *Anais...* Londrina, EMBRAPA-CNPSo. 1984. p.984-992.

TANKSLEY, S.D. Mapping polygenes. *Annual Review of Genetics*, Palo Alto, v.27, p.205-233, 1993.

THODAY, J. M. LOCATION OF POLYGENES. *NATURE*, LONDON, V. 191, N. 4786, P. 368-370, JULY 1961.

TISCHNER, T.; ALLPHIN, L.; CHASE, K.; A ORF, J. H.; LARK, K. G. Genetics of Seed Abortion and Reproductive Traits in Soybean. **Crop Sci.** 43 (2): 464-473, 2003.

TRIGIZANO, R. N.; CAETANO-ANOLLES, G. Laboratory exercises on DNA amplification fingerprinting for evaluating the molecular diversity of horticultural species. **Hort Technol** 8:413-423, 1998.

TUKAMUHABWA, P.; OLOKA, H.K.; SENGGOBA, T.; KABAYI, P. Yield stability of rust-resistant soybean lines at four mid-altitude tropical locations. **Euphytica** 183p.1-10, 2012.

UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Estabilidade fenotípica e potencialidade de progênies obtidas por cruzamentos óctuplos em soja. Tese de doutorado. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba. 228p, 1999.

VASCONCELOS, E. S. de; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ C. D. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, 36: 1203-1214.

VERNETTI, F. de J. VERNETTI JÚNIOR, F. de JV Genética da soja: caracteres qualitativos e diversidade genética. *Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica* 2009.

VICENTE, D.; PINTO, R. J. B.; SCAPIM, C. A. Análise da adaptabilidade e estabilidade de linhagens elite de soja. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 26, n. 3, p. 301-307, 2004.

XU, Y.; LI, H. N.; LI, G. J.; WANG, X.; CHENG, L. G.; ZHANG, Y. M. Mapping quantitative trait loci for seed size traits in soybean (*Glycine max* L. Merr.). **Theor Appl Genet** 122:581-594, 2011.

WANG, D.; GRAEF, G. L.; PROCOPIUK, A. M.; DIERS, B. W. Identification of putative QTL that underlie yield in interspecific soybean backcross populations. **Theor Appl Genet** 108:458–467, 2004.

WRICKE, G. Die erfassung der wechelwirkungenzwischen genotype und umwelt biequantitativeigenschaften. **Zeitscherif fur Pflanzenzüchtg**, **53**: 266-343, 1965.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. Quantitative genetics and selection in plant breeding. New York: **Walter de Gruyter**, 1986, p. 406.

YAN, W., HUNT, L. A., SHENG, Q., SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot, **Crop Sci**.40:597–605, 2000.

Yao, D., et al. Analysis of quantitative trait loci for main plant traits in soybean. **Genetics and molecular research: GMR** 14.2 (2015): 6101.

YOKOMIZO, G. K. Interação genótipos x ambientes em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. Tese de doutorado. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba. 171p, 1999.

YUAN, J.; NJITI, V. N.; MEKSEM, K.; IQBAL, M. J.; TRIWITAYAKORN, K.; KASSEMMY, A.; DAVIS, G. T.; SCHMIDT, M. E.; LIGHTFOOT, D. A. Quantitative trait loci in two soybean recombinant inbred line populations segregating for yield and disease resistance. **Crop Sci** 42:271–277, 2001.

ZENG, Z. B. Precision mapping of quantitative trait loci. **Genetics**, Baltimore, v.136, n.4, p.492-496, 1994.

ZENG, Z. B. Theoretical basis for separation of multiple linked gene effects in mapping of quantitative trait loci. Proceedings of the National Academic of Sciences of the United States of America, Washington, v.90, n.23, p.10972-10976, 1993.

ZHANG, Q. Z.; MA, J. H.; CHEN, X. J.; FU, Y. F. Cloning and analysis of GmCOL4 gene in *Glycine max* L. **Acta Agron Sin** 36(4) p.539–548, 2010. (in Chinese with English abstract)

ZHAOMING, Q.; HUANG, L.; ZHU, R.; XIN, D.; LIU, C.; HAN, X.; JIANG, H.; HONG, W.; HU, G.; ZHENG, H.; CHEN, Q. A High-Density Genetic Map for Soybean Based on Specific Length Amplified Fragment Sequencing. **PLOS ONE** v.9 Issue 8 e104871, 2014.

ZHE, Y.; DAWEI, X.; CHUNYAN, L.; HONGWEI, J.; XUE, H.; YANAN, S.; ZHAOMING Q.; GUOHUA, H.; QINGSHAN, C. Identification of QTLs for seed and pod traits in soybean and analysis for additive effects and epistatic effects of QTLs among multiple environments. **Mol Genet Genomics** 288:651–667, 2013.

SEGUNDA PARTE - ARTIGOS

**ARTIGO 1 - Adaptability and stability of soybean cultivars for grain
yield and seed quality**

ABSTRACT. This work aimed at verifying the adaptability and stability of soybean cultivars, considering the grain yield and quality of seeds, adopting an univariate and multivariate approach. The experiments were conducted in two crop years, three environments, in the 2013/2014 and 2014/2015 crop seasons, in the county of Inconfidentes, Lavras and Patos de Minas, in the Minas Gerais State, Brazil. We evaluated 17 commercial soybean cultivars. For adaptability and stability evaluations, the Graphic Method and the GGE biplot Method were employed. Previously, a selection index was estimated based on the sum of the standardized variables (Z index). The data relative to grain yield, mass of one thousand grain, uniformity test (sieve retention) and germination test were standardized (Z_{ij}) per cultivar. With the sum of Z_{ij} , we obtained the selection index for the four traits evaluated together. In the Graphic Method evaluation, cultivars NA 7200 RR and CD 2737 RR presented the highest values for selection index Z. By the GGE biplot method, we verified that cultivar NA 7200 RR presented greater stability in both univariate evaluation, for grain yield, and for selection index Z.

Keywords: GGE Biplot; Graphic Method; *Glycine max* L. Merrill; Selection Index.

INTRODUCTION

Soybean grain yield in Brazil, in 2015/16, presented a growth area encompassed 33,176.9 thousand ha, with average grain yield of 2.882 kg/ha (Conab, 2016). The Minas Gerais State has been prominent in the soybean crop production. It is the largest producer of the southeastern region. The 2015/16 crop season estimates an increment of 20.6% in a grain yield when compared to the previous one, reaching an average of 3.206 kg/ha (Conab, 2016).

However, adverse weather, as temperature or irregularity in rain distribution, causing the so-called “short mini-droughts,” are factors that compromise the good development of soybean culture. These factors, together with the intrinsic characteristics of genotype/environment

interaction (G x E) culminate in phenotype expression. Breeders through plant breeding seek to mitigate the effect of this interaction in the development of adapted and stable cultivars for various regions and climate conditions (Amira et al., 2013).

Seed quality is one of the important aspects in the search for an elevated grain or seed production, given that quality directly interferes over culture development. Therefore, seeds with an elevated degree of quality provide uniform stands, with the absence of seed transmitted diseases, resulting in high vigor plants (França-Neto et al., 2014). Soybean seeds are very sensitive to environmental factors. It is known that the region of cultivation influences the physiological quality of the seed due to oscillations in temperature and moisture conditions during plant maturation (Gomes et al., 2012). These environmental variations trigger distinct interactions between the cultivars and the cultivation environment (Meotti et al., 2012). The selection of more adapted cultivars, with good stability, quality assurance and technologies for different regions and edaphoclimatic conditions provide production and grain yield gain for the crop. Research associate production and seeds quality to soybean represent important gain for the cultivars selection and recommendation, however, there are few studies about it and not there reports of research for the Minas Gerais state.

The objective of this work was to verify the adaptability and stability of soybean cultivars considering the production and seeds quality.

MATERIALAND METHODS

The experiments were carried out in two crop years, in the 2013-2014 and 2014-2015 crop seasons, in three distinct locations in the Minas Gerais State. a) At the Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Minas Gerais, Inconfidentes campus, in experimental farm located at 869 m of altitude, 22°19'01" latitude south and 46°19'40" longitude west. The soil was classified as Eutrophic Red-Yellow Oxisol, of clayey texture. b) At the experimental farm situated in the Centro de Desenvolvimento Científico

e Tecnológico em Agropecuária – Muquém, of the Universidade Federal de Lavras – UFLA, located in the county of Lavras, at an altitude of 918 m, 21°12'11" latitude south and 44°58'47" longitude west, in soil classified as typical Distroferric Red Oxisol – fRO, with clayey texture. c) At the EPAMIG experimental farm in Patos de Minas, located at 1074 m of altitude, 18°29'70" latitude south and 46°26'55" longitude west.

The results of the soil analysis per environment are presented in Table 1, and the weather data are in Figure 1.

Table 1. Chemical characteristics of the soils in the studied environments, 2013/2014 e 2014/2015 crop seasons.

		Environments					
		Inconfidentes		Lavras		Patos de Minas	
Chemical properties		Env. 1	Env. 2	Env. 3	Env. 4	Env. 5	Env. 6
pH	H ₂ O	5.7	5.98	6.4	5.7	5.4	5.8
Ca ²⁺		6.1	2.98	5.0	3.3	1.3	2.0
Mg ²⁺		1.4	0.67	1.4	0.6	0.5	0.9
Al ³⁺	cmol _c /dm ³	0	0	0	0.2	0.5	0.1
H ⁺ +Al ³⁺		4.3	2.86	2.9	4.0	7.9	4.0
SB		7.7	3.96	6.7	4.2	1.9	3.0
P		20.3	41.84	11.4	24.6	16.0	43.8
K	mg/dm ³	70.1	121.6	118.0	116.0	56.0	36.0
Zn ²⁺		3.17	5.62	4.9	2.6	3.18	2.2
Mn ²⁺		5.9	8.4	31.7	20.6	3.99	3.1

Table 1, conclusion.

Cu ²⁺		0.34	0.01	1.4	0.08	1.1	0.8
B		0.001	0	0.17	0.2	0.19	0.1
Fe ²⁺		20.8	25.6	34.8	54.3	33.3	35.0
S		-	-	4.7	9.0	15.05	10.1
MO	dag/kg	4.14	3.45	3.4	2.2	4.14	3.0
V	(%)	64.2	58.03	69.8	83.5	19.8	42.8

Env. 1: 2013/14 crop season; Env. 2: 2014/15 crop season; Env. 3: 2013/14 crop season; Env. 4: 2014/15 crop season; Env. 5: 2013/14 crop season; Env. 6: 2014/15 crop season.

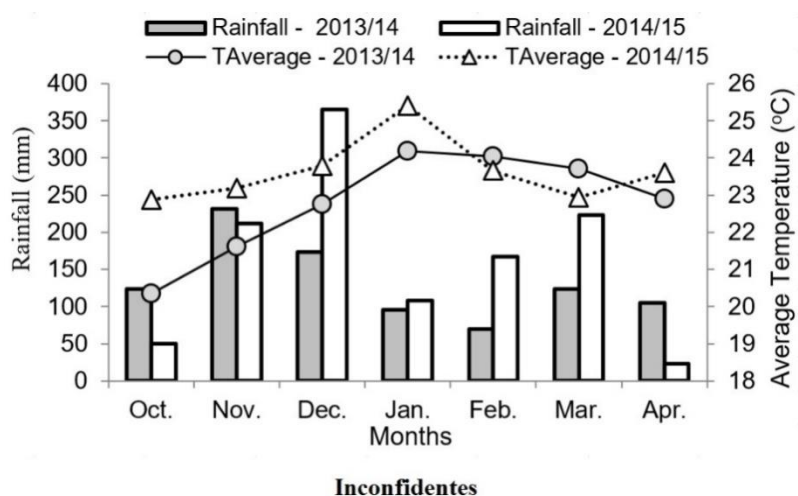


Figure 1: Monthly variations of precipitation and temperature in the period from October to April, under the experimental conditions in the evaluated counties. Source: Instituto Nacional de Meteorologia – INMET (2016).

Figure 1, conclusion.

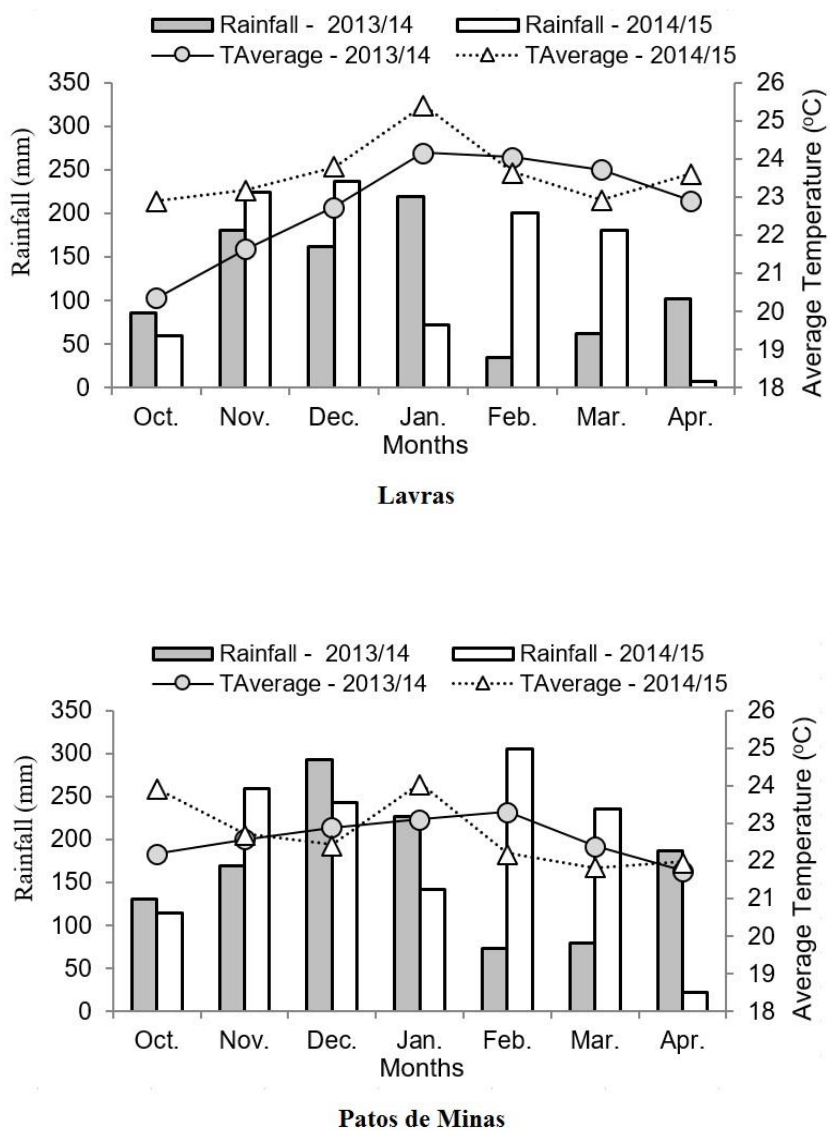


Figure 1. Monthly variations of precipitation and temperature in the period from October to April, under the experimental conditions in the evaluated counties. Source: Instituto Nacional de Meteorologia – INMET (2016).

In each environment, i.e., crop seasons and locations, 17 commercial soybean cultivars from different companies were evaluated (Table 2).

Table 2: Cultivars used in the experiments in the 2013/2014 and 2014/2015 crop seasons.

Cultivar	Origin	*R.M.	*G.H.	Information
1- TMG 123 RR		7.4	Determined	Resistance: to rain at harvest, to Cyst
2- TMG 1176 RR	Tropical	7.6	Determined	Resistance: to Cyst
3- TMG 1179 RR	Melhoramento & Genética	7.9	Determined	Resistance: to Cyst
4- TMG 1181 RR		8.1	Determined	Resistance: to Cyst
5- BRSMG 760 SRR	EMBRAPA	7.6	Indeterminate	Resistance: stem canker, bacterial pustule, frogeye leaf spot.
6- BRSMG 780F RR		7.8	Determined	Resistance: moderate to Asian rust.
7- CD 250 RR	COODETEC	5.5	Indeterminate	Resistance: stem canker, bacterial pustule, frogeye leaf spot.
8- CD 2737 RR		7.3	Indeterminate	Resistance: cyst nematodes, races 3 and 14.

Table 2, conclusion.

9- CD 237 RR			8.1	Determined	Resistance: gall forming nematodes and race 3 cyst.
10- Potência	BMX		7.0	Indeterminate	Resistance: Root rot of <i>Phytophthora</i> , races 1 and 4.
		BRASMAX			
11- BMX Força			6.2	Indeterminate	Resistance: Root rot of <i>Phytophthora</i> , races 1 and 3.
12- RG	NA 5909		6.1	Indeterminate	-
13- RR	NA 7200	Nidera	7.2	Indeterminate	-
14- RR	NS 7100		7.1	Indeterminate	Resistance: moderate to water deficit.
15- RR	V-MAX	Syngenta	6.2	Indeterminate	Resistance: to Cyst, race 1 and 3.
16- RR	P 98Y11	Du Pont Pioneer	8.1	Determined	Resistance: to Cyst, race 1 and 3.
17- 7211	Monsoy	Monsoy	7.2	Indeterminate	Resistance: lodging

*R.M.: relative maturity. *G.H.: growth habit.

A completely randomized block experimental design was adopted, with three replicates. Each experimental plots consisted of four 5.0-m length

rows, spaced at 0.50 m, using the two center rows as a useful area, with elimination of 0.50 m at their extremities.

The experiments were set up in an area under a no-tillage system (NT), for 10 years in a soybean/maize rotation. Desiccation was performed ten days before sowing. Fertilization followed the recommendations of Souza & Lobato (2014), performed at the planting groove, with 350 kg/ha of the commercial formula N-P₂O₅-K₂O (02-30-20) being applied in the planting furrow. Inoculation was performed in the groove after sowing, using the Nitral peat-based inoculant (*Bradyrhizobium japonicum*), with the aid of a motorized pulverizer, applying six times the recommended dose, in the proportion of 1,200,000 bacteria per seed, in the dose of 4 mL/kg seeds.

Sowing was conducted manually with a density of 12 seeds m⁻¹, and the thinning was performed at 25 days after germination. The other crop treatments were employed according to the premises for cultures in the region.

For the purposes of evaluation, data were obtained of grain yield in kg/ha, and at the time of harvest, the following were assessed: lodging rate, evaluated according to Bernard et al. (1965) with the following scores: 1 for all upright plants, 2 for some plants leaning or slightly lodged, 3 for all plants moderately leaning or 25-50% lodged, 4 for all the plants severely leaning or 50-80% lodged, and 5 for more than 80% lodged plants; plant height (distance from the root collar up to the extremity of the main stem, in centimeters, measured in 5 random plants); and height of the lowest pod (distance from the root collar of the plant up to the node of the first pod, in centimeters, of 5 random plants). Subsequently, we conducted the Mass of One Thousand Grain test, with eight replicates of 100 grain, calculating according to Brasil (2009), with result obtained in grams; Uniformity test (sieve retention), in which the sieve indicated for the cultivar was determined by means of percentage of seeds retained in the sieve (Brasil, 2009); and the Germination test in Germitest paper, conducted according to criteria established in the Rules for Seed Analysis (Brasil, 2009).

Individual analyses of variance evaluated per trait were carried out adopting a procedure similar to that presented by Ramalho et al. (2012). Before the joint analyses, the error variance homogeneity test was performed (Hartley Test). Subsequently, the R^2 calculation was obtained by means of the difference between the square sum of the interactions and the difference of the total square sum of the residue, to evaluate the contribution of the factor for total variance (Ramalho et al., 2012). With the phenotypic measurements, the joint analyses were carried out per location, also adopting the procedure developed by Ramalho et al. (2012). All statistical analyses were carried out through the R program (R Development Core Team, 2012). The phenotypic mean values were clustered using the Scott and Knott (1974) procedure at 5% probability.

Once determined the presence of the G x E interaction (Significant F test), we proceeded to the calculation of Z index, denominated the sum of standardized variables (Mendes et al., 2009).

The observations relative to grain yield, Mass of One Thousand Grain, Uniformity test (sieve retention) and Germination test were standardized by cultivar, aiming at making them directly comparable. Standardized variable Z_{ij} was obtained by the following estimator: $Z_{ij} = (y_{ij} - \bar{y}_{.j})/s_j$, in which Z_{ij} is the value of the standardized variable of cultivars i ($i = 1, 2, \dots, 17$), in replicate j ($j = 1, 2, 3$); y_{ij} is the observation of the variable of cultivar i in replicate j ; $\bar{y}_{.j}$ is the general mean of the variable of the 17 cultivars, in replicate j , and s_j is the phenotypic standard deviation of the variable of replicate j . After standardization of the variables, the sum Z_{ij} ($\sum_{k=1}^i Z_{ij}$) was obtained, corresponding to the sum of the four standardized variables. Variable $\sum_{k=1}^i Z_{ij}$ was used as selection index (Z index), in which the values correspond to the index favorable to selection. Since Z index was obtained for each cultivar, it was possible to perform the analysis of variance for the remaining evaluated traits. Then, the following methods were employed: Graphic Method (Nunes et al., 2005), for adaptability and

stability study of the cultivars, and the GGE biplot Method, which evaluates the effect of the genotype and of the genotype x environment interaction (Yan et al., 2000).

The Graphic Method was employed, given that it is an analysis of easy visualization and data interpretation in experiments conducted in different environments. This method is based on the standardization of the means evaluated in the experiments conducted in different environments, according to the expression $z_{ij} = (x_{ij} - \bar{x}_{.j})/s_{.j}$. In this work, z_{ij} is Z index, i.e., the sum of the standardized variables. Standardization of variables z_{ij} can assume positive and negative values, making for an easy graphic visualization with the addition of a constant. Thus, the values of z_{ij} because always positive. The standardization of the values for Z index was used for constructing a diagram for each cultivar. The dimensions of the axis (environments) are equivalent to the values of Z index for cultivar i (1, 2, ..., 17) in environment j (1, 2, 3) (Nunes et al., 2005).

The presentation of the inter-relation between environments and genotypes was done by means of the GGE biplot method (*Genotype and Genotypes by Environment Interaction*) developed by Yan et al. (2000). The analysis was performed according to that presented by Oliveira et al. (2010), considering the simplified model of two main components (Equation 1):

$$\bar{Y}_{ij} - \mu_j = \lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1} + \lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2} + \rho_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij} \quad 1$$

In which: $\lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1}$ is the first main component (PCA1), of the effect of genotypes (G) + interaction (GxE); $\lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2}$ is the second main component (PCA2), of the effect of genotype (G) + interaction (GxE); λ_1 and λ_2 are the eigenvalues associated to PCA1 and PCA2; γ_{i1} and γ_{i2} are the scores of PCA1 and PCA2, respectively, for genotypes; α_{j1} and α_{j2} are scores of the PCA1 and PCA2, concomitantly, for environments; ρ_{ij} is the residue of the genotype x environment interaction, correspondent to the main components not retained in the model; and $\bar{\epsilon}_{ij}$ is the residual of the model with normal

distribution, with mean zero and variance σ^2/r (in which σ^2 is the variance of the error between plots for each environment, and r is the number of replicates).

RESULTS AND DISCUSSION

The accuracy estimates reflect the precision with which the experiments were conducted, as well as the existence of variability and if its value were above 70%, it is considered of great magnitude (Resende and Duarte, 2007). In this research, all evaluated characters presented values superior to 70% (Table 3).

From the combined analysis of variance presented in Table 3, it can be observed that, in all three environments studied, there was significant difference ($P_r > F_C$) for the characteristics of grain yield, lodging, plant height and height of the lowest pod. Thus, these results show that, there is wide variability between the cultivars.

The interaction between treatments and locations (TxL) was significant for grain yield and for the remaining production components evaluated. This corroborates that the performance of the cultivars was not coincident in the different locations, i.e., the genotypes used in this research presented inconsistent behavior in each environment, and presented variation in the magnitude of the responses for each grain yield traits, as well as for the production components in virtue of environmental variation (Table 3). The remaining interactions of treatment x year (TxY) and location x year (LxY) were also significant for the evaluated characteristics, confirming that the behavior of the evaluated genotypes differ in relation to the year of experiment implementation, and that there is variation in the magnitude of the responses of the evaluation of the location x year interaction. This draws us to the need of experimenting in different location, crop years and ecological zoning for recommendation cultivars.

Table 3. Joint analysis of variance in the traits evaluated in field.

SV	DF	$P_r > F_C (R^2)$ Yield	$P_r > F_C (R^2)$)Lodg.	$P_r > F_C (R^2)$)Hei.	$P_r > F_C (R^2)$)Pod
Treatment (T)	16	0.0000**	0.0000**	0.0000**	0.0000**
		-	-	-	-
Replicate	12	0.0000**	0.0414**	0.0000**	0.0066**
		-	-	-	-
Location (L)	2	0.0000**	0.0000**	0.0000**	0.0000**
		-	-	-	-
Year (Y)	1	0.0000**	0.0000**	0.0000**	0.0000**
		-	-	-	-
T x L	32	0.0003** (21%)	0.0003** (10%)	0.0006** (18%)	0.0000** (12%)
T x Y	16	0.0025** (9,3%)	0.0000** (11%)	0.0177* (25%)	0.0017** (6%)
L x Y	2	0.0000** (30%)	0.0000** (15%)	0.0000** (41%)	0.0000** (13%)
T x L x Y	32	0.2150 (30%)	0.0000** (18%)	0.1062 (42%)	0.0083** (6%)
Error	192	-	-	-	-
General mean:	-	47 bag's.ha ⁻¹	1.37	85.88	13.94
Acuracy (%)	-	92.94	89.92	97.3	89.9
VC (%)	-	21.51	37.11	9.01	21.66

** Significant at 1% of probability, * significant at 5% of probability by the F test. SV: Source Variation. DF: Degree of Freedom. $P_r > F_C$: Correction factor. Lodg.: Lodging (score 1 to 5). Hei.: Height (cm). Pod: height of the lowest pod (cm). VC: variation coefficient.

In relation to the interaction magnitudes for grain yield, it can be observed that the interaction between treatment and location (TxL) was superior to that between treatment and year (TxY). Vasconcelos et al. (2015), aiming at evaluating grain yield, adaptability and phenotypic stability of soybean cultivars and lines of precocious and intermediate cycles, verified that the differential behavior of the genotypes in relation to the locations was also more pronounced than in relation to the crop years. In research focusing on the characterization of soybean genotypes resistant to red root rot disease, a significant difference of the TxL interaction in relation to TxY was verified (Farias Neto et al., 2013). Rocha & Vello (1999) detected effect of the interaction TxL in study with soybean lines of four cycles of maturation. In literature, this fact can also be verified for other cultures, such as common bean (*Phaseolus vulgaris*) (Ribeiro et al., 2014; Pereira et al., 2010), rice (*Oryza sativa*) (Neto et al., 2013; Borges et al., 2010) and wheat (*Triticum aestivum*) (Yan et al., 2002). However, this was not expected, given that the fluctuations that occurred from one year to the other are, in their majority, is caused by unpredictable environmental factors (Allard & Bradshaw, 1964).

On the other hand, when considering lodging and plant height, we observe a higher magnitude of TxY interaction when compared to the TxL interaction. Table 4 presents the phenotypic means of the cultivars. There was ample variation in average grain yield. The amplitude of the variation was of 25 bags/ha. This can be considered quite expressive. For Lodging, however, according to the classification adopted (Bernard et. al., 1965) the cultivars framed in the same phenotype, not lodged plants.

Concerning plant height, we also detected significant variation of 44 cm. The same was observed for the height of the lowest pod, with variation from 19.5 to 10.3 cm. Researches have been conducted in the region with the objective of selecting cultivars with good adaptability and stability, allied to good productive performance and agronomic characteristics (Silva et al., 2015; Soares et al., 2015; Carvalho et al., 2010; Rezende & Carvalho, 2007;

Carvalho et al., 2004). The present work is in accordance to literature. Furthermore, it associates the study in seed quality.

Table 4: Phenotypic means of the cultivars for the traits of grain yield (bags of 60 kg/ha), lodging (score 1 to 5), plant height (cm) and height of the lowest pod (cm).

Cultivars	Grain yield (bag's/ha)	Lodging (score)	Height (cm)	Pod (cm)
TMG 1179 RR	58 a	1.2 c	81.8 d	11.9 c
NA 7200 RR	56 a	1.2 c	85.7 c	13.2 c
CD 2737	53 a	1.1 c	99.4 b	12.8 c
CD 237	52 a	1.6 b	80.6 d	13.4 c
P98Y11 RR	51 b	1.5 b	81.1 d	15.9 b
BRSMG 760 RR	50 b	1.2 c	104.9 a	15.2 b
BMX Potência	49 b	1.1 c	85.1 c	13 c
BMX Força	48 b	1.2 c	86 c	13.6 c
Monsoy 7211	48 b	1.8 b	107.3 a	15.9 b
TMG 1176 RR	48 b	1.7 b	88.4 c	15.9 b
V-MAX RR	47 b	1.2 c	78.9 d	12.7 c
BRSMG 780 RR	46 b	1.6 b	97.2 b	19.5 a
NA 5909RG	44 b	1.0 c	63.3 f	12.8 c
TMG 1181 RR	43 c	1.8 b	83.3 c	12.9 c
TMG 123	38 c	2.3 a	84.2 c	16.2 b

Table 4, conclusion.

CD 250	38 c	1.0 c	74 e	10.2 c
NS 7100 RR	33 c	1.0 c	78.6 d	11.8 c

*Mean values followed by the same letters belong to the same group by the Scott and Knott test at 5% probability.

We verified that, for the tests Mass of One Thousand Grain and Germination test, the experimental precision, estimated by the variation coefficient (VC), was good. The same occurred for accuracy. These parameters evaluate the degree of precision of the experiments (Pimentel-Gomes, 2009; Resende and Duarte, 2007). In Table 5, a significant difference was detected for the sources of variation (SV), treatments (T), location (L) and year (Y) for all tests ($p \leq 0.01$). For treatments, this difference was expected, given that, as mentioned, the cultivars are from different origins, thus the variation for agronomic traits (Soares et al., 2015) and soybean seed quality.

When analyzing interactions TxL and LxY (Table 5), it can be verified that, for sieve yield (6.5 mm), all interactions presented significance lower than 1%. For the Mass of One Thousand Grain, these interactions presented significance of 5%. For the Germination test, all interactions presented statistical significance (Table 5). Gomes et al. (2012), when evaluating the physiological quality and yield of seeds of different soybean cultivars, concluded that the physiological quality and grain yield of the seeds were influenced by the growing environment.

Table 5: Analysis of joint variance for Sieve Yield (SY), Mass of One Thousand Grain and Germination test.

SV	DF	$P_r > F_c (R^2)$ SY 6,5 mm	-	$P_r > F_c (R^2)$ MTG	$P_r > F_c (R^2)$ Germination	-
Treatment (T)	16	0.0000**	-	0.0000**	0.0000**	-
Replicate	12	0.0017**	-	0.2537	0.0877	-
Location (L)	2	0.0000**	-	0.0000**	0.0000**	-
Year (Y)	1	0.0100**	-	0.0514*	0.0000**	-
T x L	32	0.0000** (18%)	-	0.0448* (11%)	0.0000** (11%)	-
T x Y	16	0.0000** (5%)	-	0.1169 (5%)	0.0000** (6%)	-
L x Y	2	0.0000** (5%)	-	0.0213* (6%)	0.0000** (20%)	-
T x L x Y	32	0.0000** (19%)	-	0.4561 (10%)	0.0000** (13%)	-
Error	192	-	-	-	-	-
General mean:	-	34.5	-	144.26	75.71	-
Accuracy (%)	-	97%	-	94.17 %	85%	-
VC (%)	-	21.71	-	11.67	11.00	-

** Significant at 1% of probability, * significant at 5% of probability by the F test. SV: Source Variation. DF: Degree of Freedom. $P_r > F_c$: correction factor. SY: sieve yield (6.5 mm). MTG: Mass of One Thousand Grain. VC: variation coefficient.

The results indicate a statistical difference for the evaluated locations in all studied traits (Table 5). Furthermore, the effect of the environment over quality expression is also constantly verified in literature (Gomes et al., 2012; Carvalho et al., 2013; Pádua et al., 2014; Frandoloso et al., 2015). The interaction TxL, for the test of the Mass of One Thousand Grain, indicated that the responses regarding environmental variations were not coincident for the evaluated cultivars. This result was expected in virtue of the distinction of the locations in relation to the characteristics of latitude, longitude and altitude. In addition, the characteristics of natural fertility and soil physics were also diverging, observed a significant difference in soil base saturation (V%), this characteristic is directly related to the natural fertility of the soil that influence on the nutrition of plants and in production consequently. This difference occurred between the county and the crops seasons (Table 1).

The test of Mass of One Thousand Grain is used to calculate sowing density and, then, estimate how much seeds will be used in function of density. In addition, we can infer over the size of the grain, as well as over its maturity and sanity (Brasil, 2009). In literature, it is reported that the specific mass of the seeds is strongly influenced by the edaphoclimatic conditions and chemical management of the soils (Peixoto et al., 2000; Batistella Filho et al., 2013).

Table 6: Average of Sieve Yield 6.5 mm % (SY), Mass of One Thousand Grain – MTG (g) and Germination test (%).

Cultivars	SY(%) 6.5 mm	MTG (g)	Germination (%)
V-MAX RR	51 a	170.8 a	74 c
BMX Força	48 a	152.8 b	72 c
NA 7200 RR	41 b	149.7 c	74 c
BMX Potência	41 b	154.2 b	79 b
NA 5909 RG	40 b	157.6 b	78 b
Monsoy 7211	40 b	154.7 b	76 c
BRSMG 780 RR	40 b	152.2 b	63 d
BRSMG 760 RR	37 b	156.4 b	73 c
CD 2737	37 b	141.9 c	89 a
P98Y11 RR	34 b	155.6 b	75 c
CD 250	32 c	148.6 c	75 c
TMG 1176 RR	32 c	123.2 d	74 c
NS 7100 RR	31 c	140.4 c	73 c
TMG 1181 RR	28 c	129 d	74 c
CD 237	24 d	139.6 c	77 c
TMG 123	21 d	119.3 d	78 b
TMG 1179 RR	9 e	105.2 e	81 b

*Mean values followed by the same letters belong to the same group by the Scott and Knott test at 5% probability.

For the phenotypic means of the trait sieve yield (6.5 mm), there was ample variation. Observe that cultivar V-MAX RR and BMX Força presented 50% of production in this class. On the other hand, cultivar TMG 1179 RR presented the worst performance. These results are directly with

the mass of one thousand grain, since the greater the sieve yield (6.5 mm) is, the greater the mass of one thousand grain will be (Table 6).

In the germination test, only two genotypes obtained the minimum response demanded by MAPA (Ministry of Agriculture, Livestock and Supply) for the commercialization of soybean seeds, and for the commercialization of seed in Brazil, is of 80%, according to regulations of the State Secretary of Agriculture and Supply, in resolution n. 051 of 1986 (Carraro et al., 2005), although a low variation has been verified for this characteristic for other cultivars. Soybean is a culture highly prone to deterioration, and is sensitive to environmental adversities, inadequate management at harvest, processing and storage during maturation (Marcos-Filho, 2013).

The occurrence of intermediate or low germination results in seedling weakened that hardly present field competitiveness. In a work with the objective of evaluating seed quality from soybean genotypes at different harvested periods, Xavier et al. (2015) concluded that the delay in harvest progressively reduces germination in all evaluated cultivars. One research, conducted with the objective of evaluating the variability between soybean plants within a population of seeds with different levels of physiologic quality, identified that seeds with low physiologic quality diminish the survival of plants in the field and increase the variability between plants in the community (Cantarelli et al., 2014). The alternate exposure to dry and humid environmental conditions at the post-maturation phase can cause damage by moisture, and can aggravate when under tropical conditions, since the climate is predominantly warm and humid, contributing to the acceleration of seed deterioration (Castro et al., 2016).

In plant breeding, it is common to work with many traits. In this work, we evaluated those attributed in the field and in the laboratory. In studies such as this, in soybean breeder is searching for lines which present the best attributes under both conditions. Thus, the use of selection indexes has been a good option for this type of research.

In this sense, the sum of the standardized variable method, Z index (Mendes et al., 2009) and the Graphic Method (Nunes et al., 2005) were applied. In Figure 2, it is possible to observe that cultivars NA 7200 RR, V-MAX RR, CD 2737 RR, BMX Potência and BMX Força presented good grain yield, uniformity (sieve yield – 6.5 mm), mass of one thousand grain and germination test. Cultivars NA 7200 RR and CD 2737 RR are within the group of highest grain yield cultivars evaluated in this study, in both crop seasons evaluated, according to Table 4. This strategy allows the identification of cultivars with good yield and physiological quality.

Literature presents many works with different cultures based on selection index. For eucalyptus, this Z index allowed to graphically observe in which characteristics the progeny presented any deficiency (Reis et al., 2011). Also with eucalyptus, Reis et al. (2015) concluded that the sum of Z of the standardized variables is a good alternative for simultaneous selection of many characteristics in the forestry sector. For the common bean, elevated selection indices were found for attributes erect plants and smaller lodging (Mendes et al., 2009). Lima et al. (2012), using Z index for the common bean, observed that this index contributed, outstandingly, allowing the simultaneous identification of grain yield, architecture and GxE interaction.

This also occurred in the corn culture, when selecting corn specific for popcorn and baby corn (DoVale et al., 2011), with sweet potato, associating attributes for human consumption, production of ethanol and animal feeding, reminding that the selection index is efficient in identifying aptitude in sweet potato genotypes (Neto et al., 2011), and with physic nut (*Jatropha curcas*), for grain quality (Rocha et al., 2012).

In soybean crop, especially for breeding, different selection index are used. Costa et al. (2004) concluded that the gains obtained with the indexes were more adequate for the selection of superior genotypes for registering higher total gains of the evaluated characteristics. For soybean populations, evaluated seeking genetic gain for eleven traits of economic interest, higher selection gain was observed by the selection indexes, with

advantages for the index based on sum of ranks (Bárbaro et al., 2007). It must be highlighted that literature lacks information that associate selection index Z for seed quality, there is no recent reports in the literature with this purpose. Thus, researches that associate seed quality to agronomic attribute are of maximum relevance, so the information involving the agronomic characteristics with the seeds quality it will assist the selection processes and recommendation soybean cultivars.

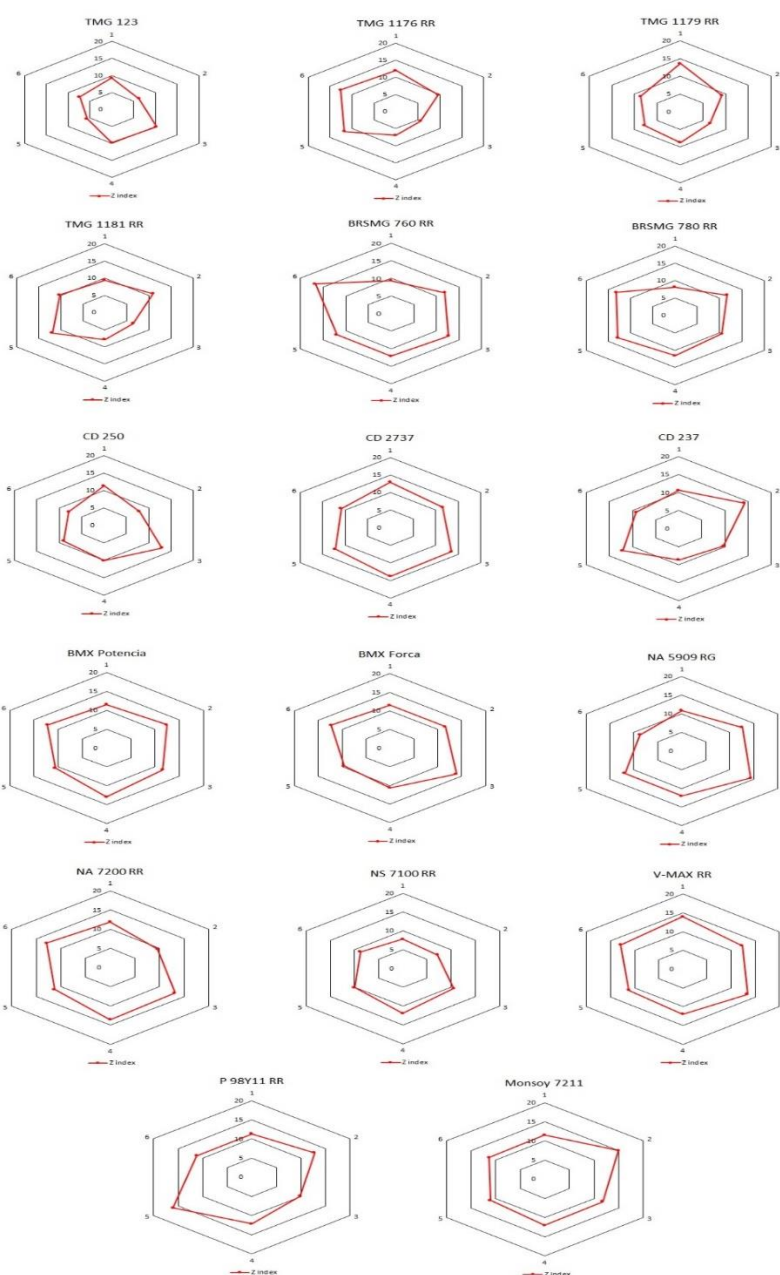


Figure 2. Graphic representation by the Graphic Method. The line represents the sum of the standardized grain yield, Mass of One Thousand Grain, Germination test, Uniformity test (sieve retention – 6.5 mm), the numbers are each environment (1: 2013/14 Inconfidentes; 2: 2014/15 Inconfidentes; 3: 2013/14 Lavras; 4: 2014/15 Lavras; 5: 2013/14 Patos de Minas; 6:

2014/15 Patos de Minas, associated to variable Z, and axis of each evaluated environment.

The analysis of the GGE biplot was conducted in order to evaluate the adaptability and stability of the cultivars regarding grain yield and the sum of Z index. The partition of the interaction of genotypes and environment (IGE) revealed that the main components (PCA1 and PCA2) represent 80.1% and 51.9% of the squares sum of the IGE of the grain yield mean and the sum of index Z, respectively. The values presented high to moderate reliability attribute to the explanation of total variation for the performance of the genotypes and its interaction with the environment (G + GxE). The first main component (PCA1) indicates the adaptability of the genotypes, thus being highly correlated with grain yield (Yan et al., 2000). In this sense, we can verify in the Which won Where approach, that cultivar 13 was the most adapted to the evaluation environments, followed by cultivars 3, 7, 11 and 8 (Figure 2-A) for yield. On the other hand, when observing the Z index graphic, we verify that the most adapted cultivar would be cultivar 8, followed by cultivars 14 and 11. The second main component (PCA2), closest to zero, would be the more stable genotypes (Yan et al., 2000). Therefore, cultivars 16, 4, 9 and 13, for grain yield, present higher stability (Figure 2-A), and, for constant Z, the cultivars with highest stability are 7, 1, 17, 10 and 13 (Figure 2-B). Analyzing both components of the graphic, we can infer that the best genotype for grain yield would be cultivar 13, considering adaptability and stability, given that it was most adapted and was among the most stable cultivars. Furthermore, verifying both components of the graphic for Z index, cultivar 13 stands out once more, being among the most adapted and stable cultivars.

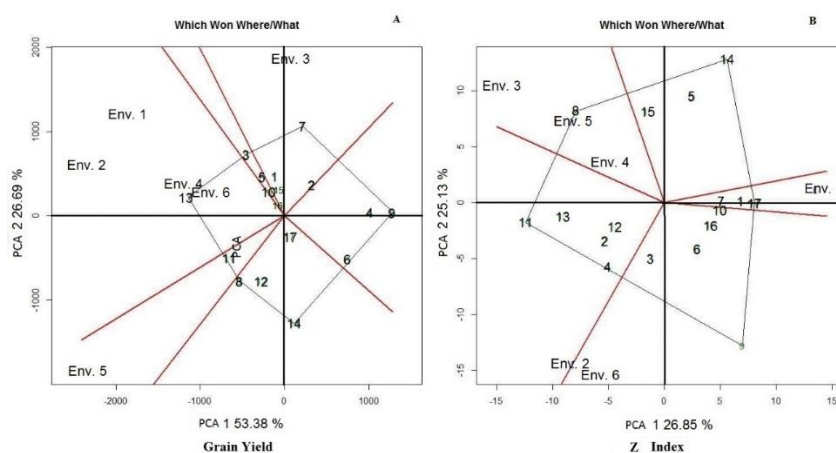


Figure 2. Diagram of GGE biplot. A – mean grain yield (kg ha^{-1}) and B –Z Index, Env. 1: 2013/14 Inconfidentes; Env. 2: 2014/15 Inconfidentes; Env. 3: 2013/14 Lavras; Env. 4: 2014/15 Lavras; Env. 5: 2013/14 Patos de Minas; Env. 6: 2014/15 Patos de Minas.

The GGE biplot also presents an environmental stratification based on the winning genotypes. Observing Figures 3 and 4 (A and B), we can see the formation of two environmental groups (denominated mega-environments). For grain yield (Figures 3 and 4-A), mega-environment I constitutes of locations 1, 2, 3, 4 and 6 (Inconfidentes crop season 13-14, Lavras crop season 13-14, Patos de Minas crop season 13-14, Inconfidentes crop season 14-15 and Patos de Minas crop season 14-15), and mega-environment II constitutes location 5 (Lavras crop season 14-15). It can be verified that, in mega-environment I, the cultivars with highest grain yield are 7, 3, 2 and 5, and in mega-environment II, cultivars 14, 8, 12 and 11 for PCA1. On the other hand, when evaluating PCA2, the cultivars with highest grain yield, allied to stability, were 13 and 16. Index Z revealed that, in the Mean vs Stability approach, for PCA2, cultivars 11, 13 and 7 stood out.

In Figure 3 and 4-B there are three mega-environments. Mega-environment I consisted of locations 3, 4 and 5, mega-environment II, of locations 2 and 6, and mega-environment III, of location 1. Cultivars 14, 8, 5 and 15 were prominent in mega-environment I, as cultivars 3 and 4 was in mega-environment II, in PCA1. In mega-environment III, cultivars 9 and 6,

were prominent, in PCA1. For PCA2, cultivars 11, 13, 12 and 7 presented higher stability in index Z.

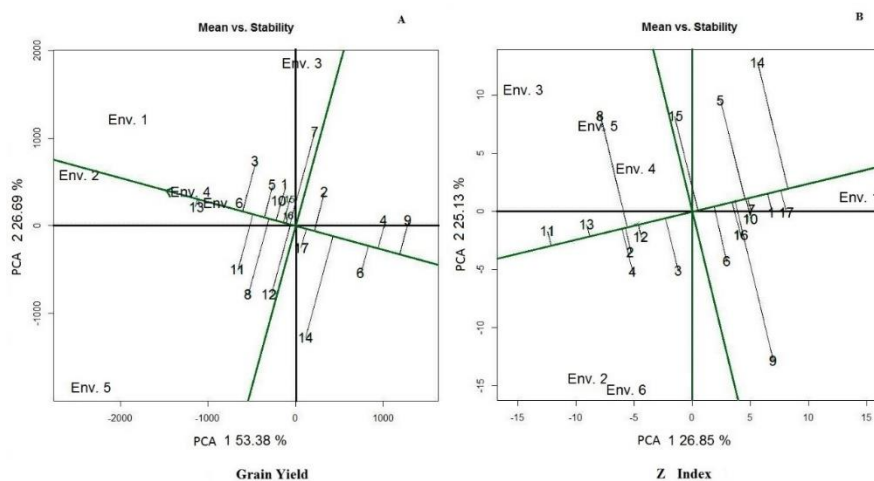


Figure 3. Diagram of GGE biplot, A – mean grain yield (kg ha^{-1}) and B –Z Index, Env. 1: 2013/14 Inconfidentes; Env. 2: 2014/15 Inconfidentes; Env. 3: 2013/14 Lavras; Env. 4: 2014/15 Lavras; Env. 5: 2013/14 Patos de Minas; Env. 6: 2014/15 Patos de Minas.

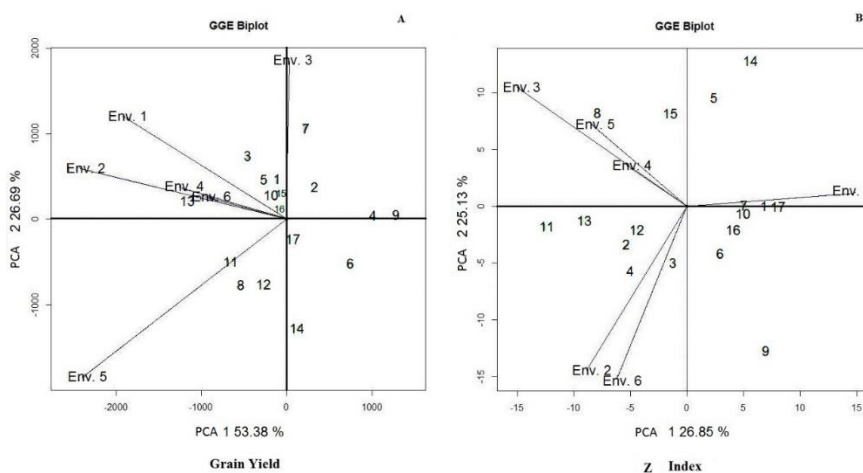


Figure 4. Diagram of GGE biplot, A – mean grain yield (kg ha^{-1}) and B –Z Index, Env. 1: 2013/14 Inconfidentes; Env. 2: 2014/15 Inconfidentes; Env. 3: 2013/14 Lavras; Env. 4: 2014/15 Lavras; Env. 5: 2013/14 Patos de Minas; Env. 6: 2014/15 Patos de Minas.

Therefore, it is evident that there is no association between the results, considering the univariate approach (grain yield), when evaluating the selection index Z, applied to the GGE biplot method in the analysis of PCA1, approaching Mean vs Stability (Figure 3 – A and B) and GGE biplot (Figure 3 – A and B).

When analyzing Figure 2 – A and B, using the Which won Where approach, cultivar 13 (NA 7200) is highlighted in both the univariate analysis (grain yield) and the index Z. In addition, in the Mean vs Stability approach and GGE biplot method for PCA2, which reveals that the more stable genotypes are closer to zero, cultivar 13 (NA 7200) is once more pronounced.

CONCLUSIONS

Cultivars NA 7200 RR and CD 2737 RR presented the highest values for the selection index Z in the Graphic Method evaluation, considering, simultaneously, the traits of grain yield, uniformity (sieve yield), mass of one thousand grain, and germination test.

Cultivar NA 7200 was prominent based on univariate analysis (grain yield) and Z index, in the GGE Biplot Method, constituting the cultivar with greater adaptability stability, considering production and seed quality

ACKNOWLEDGMENTS

The authors wish to thank Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) for granting the scholarship and the financial support; Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) for financial support; Instituto Federal do Sul de Minas (IfSuldeMinas) for assistance in experimental design; Universidade Federal de Lavras (UFLA); and Departamento de Agricultura (DAG) for the opportunity to carry out this study.

REFERENCES

ALLARD, R. W.; BRADSHAW A. D. Implications of Genotype-environmental interactions. **Crop Science**.503-507, 1964.

AMIRA, J.O.; OJO, D.K.; ARIYO, O.J.; ODUWAYE, A.O.; AYO-VAUGHAN, M. A. Relative Discriminating powers of GGE and AMMI models in the selection of tropical soybean genotypes. **African Crop Science Journal**. 21: 67-73, 2013.

BÁRBARO, I. M.; CENTURION, M. A. P. DA C.; MAURO, A. O. DI; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F5 de soja. **Ceres**. 54(313): 250-261, 2007.

BATISTELLA FILHO, F.; FERREIRA, M. E.; VIEIRA, R. D.; CRUZ, M. C. P. DA; CENTURION, M. A. P. DA C.; SYLVESTRE, T. DE B.; RUIZ, J. G. C. L. Adubação com fósforo e potássio para produção e qualidade de sementes de soja. **Pesq. agropec. bras.** Brasília. 48; 783-790, 2013. DOI: 10.1590/S0100-204X2013000700011

BERNARD, R. L.; et al. Results of the cooperative uniform soybeans tests. Washington: USDA, 134, 1965.

Borges, V.; Soares, A. A.; Reis, M. S.; Resende, M. D. V.; Cornélio, V. M. O.; Leite, N. A.; Vieira, A. R. Desempenho Genotípico de linhagens de arroz de Terras Altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**. 69: 833-841, 2010.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Regras para análise de sementes, Brasília, 147-343-351, 2009.

CANTARELLI, L. D.; SCHUCH, L. O. B.; TAVARES, L. C.; RUFINO, C. DE A. Variabilidade de plantas de soja originadas de sementes de diferentes níveis de qualidade fisiológica. **Acta Agron**. 64: 234-238, 2014.

CARRARO, I. M.; PESKE, S. T. Uso de sementes de soja no Estado do Paraná. **Revista Brasileira de Sementes**, Pelotas. 27:75-80, 2005.

CARVALHO, E. D. DE; PELUZIO, J. M.; SANTOS, W. F. DOS; AFFÉRRI, F. S.; DOTTO, M. A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em Tocantins. *Revista Agro@mbiente On-line*. 7: 162-169, 2013.

CARVALHO, E. R.; REZENDE, P. M.; OGOSHI, F. G. A.; BOTREL, E. P.; ALCANTARA, H. P.; SANTOS, J. P. Desempenho de cultivares de soja

[*Glycine max* (L.) Merrill] em cultivo de verão no Sul de Minas Gerais. **Ciênc. Agrotec.**34: 892-899, 2010.

CARVALHO, E. A.; REZENDE, P. M. DE; GRIS, C. F.; SANTOS, J. P.; MASSAROTO, J. A.; ALMEIDA, A. A. Seleção de cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] em cultivo de verão para a região Sul de Minas Gerais. In: Simpósio sobre a cultura da soja. Lavras. Resumos ... Lavras:UFLA, 2004.

CASTRO, E. DE M.; OLIVEIRA, J. A.; LIMA, A. E. DE; SANTOS, H. O. DOS; BARBOSA, J. I. L. Physiological quality of soybean seeds produced under artificial rain in the pre-harvesting period. **Journal of Seed Science.** 38: 014-021, 2016.

CONAB, COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento da safra brasileira de grãos. Safra 2015/2016. Nono levantamento, 123, 2016.

COSTA, M. M.; MAURO, A. O. DI; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília. 39:1095-1102, 2004.

DOVALE, J. C.; FRITSCHÉ-NETO, R.; SILVA, P. S. L. Índice de seleção para cultivares de milho com dupla aptidão: minimilho e milho verde. **Bragantia**, Campinas.70: (4) 781-787, 2011.

FARIAS-NETO, A. L. DE; DIANESE, A. DE C.; SANTIN, M. R.; COUTO, B. C. DO. Caracterização de genótipos de soja na região dos Cerrados quanto à reação à podridão vermelha da raiz, causada pelos fungos *Fusarium tucumaniae* e *Fusarium brasiliense*. Rev. **Ceres.**60: 215-220, 2013.

FRANÇA-NETO, J. B.; KRZYZANOWSKI, F. C.; HENNING, A. A.; LORINI, I.; HENNING, F. A. A relação de alto vigor e produtividade. *A Granja.* 789: 34-37, 2014.

FRANDOLOSO, V.; MENEGHELLO, G. E.; ANDRÉ, M. A.; DEUNER, C.; MENEGAZ, W. Physiological quality of soybean seeds produced in four edaphoclimatic regions of Santa Catarina. **Journal of Seed Science.**37: 226-233, 2015.

GOMES, G. D. R.; BENIN, G.; ROSINHA, R. C.; GALVAN, D.; PAGLIOSA, E. S.; PINNOW, C.; DA SILVA, C. L.; BECHE, E. Produção e qualidade fisiológica de sementes de soja em diferentes ambientes de cultivo. **Semina: Ciências Agrárias.** 33: 2593-2604, 2012.

LIMA, L. K.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Implications of the progeny x environment interaction in selection index involving characteristics of the common bean. **Genetics and Molecular Research**. 11(4): 4093-4099, 2012.

MARCOS-FILHO, J. Importância do potencial fisiológico da semente de soja. *Informativo Abrates*. 23, 2013.

MENDES, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília. 44:1312-1318, 2009.

MEOTTI, G. V.; BENIN, B.; SILVA, R. R.; BECHE, E.; MUNARO, B. Épocas de semeadura e desempenho agronômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília. 47:14-21, 2012.

NETO, A. R. et al. Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. *Revista Ciência Agronômica*. 44: 512-519, 2013.

NETO, A. C. G.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; GONÇALVES, R. J. DE S.; SILVA, V. DE F.; LASMAR, A. Aptidões de genótipos de batata-doce para consumo humano, produção de etanol e alimentação animal. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília. 46 (11) 1513-1520, 2011.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Graphical method in studies of adaptability and stability of cultivars. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative* 48: 182-183, 2005.

OLIVEIRA, R. L.; VON PINHO, R. G.; BALESTRE, M.; FERREIRA, D. V. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breed. Appl. Biotechnol**. 10: 247–253, 2010.

PÁDUA, G. P. DE; FRANÇA-NETO, J. DE B.; ROSSI, R. F.; CÂNDIDO, H. G. Agroclimatic zoning of the state of Minas Gerais for the production of high quality soybean seeds. **Journal of Seed Science**.36: 413-418, 2014.

PEIXOTO, C. P.; CÂMARA, G. M. DE S.; MARTINS, M. C.; MARCHIORI, L. F. S.; GUERZONI, R. A.; MATTIAZZI, P. Épocas de semeadura e densidade de plantas de soja: I. Componentes da produção e rendimento de grãos. **Scientia Agricola**. 57: 89-96, 2000. DOI: 10.1590/S0103-90162000000100015.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C. DE; DEL PELOSO, M. J.; WENDLAND, A. Estratificação ambiental na avaliação de genótipos de

feijoeiro-comum tipo Carioca em Goiás e no Distrito Federal. *Pesq. Agropec. Bras.* Brasília. 45: 554-562, 2010.

PIMENTEL-GOMES, F. Curso de estatística experimental. 15^a Ed. Piracicaba: FEALQ. 451p, 2009.

R DEVELOPMENT CORE TEAM R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. DE F. B.; DOS SANTOS, J. B.; RODRIGUES NUNES, J. A. Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas. UFLA, Lavras, 2012.

REIS, C. A. F.; GONÇALVES, F. M. A.; RAMALHO, M. A. P.; ROSADO, A. M. Estratégias na seleção simultânea de vários caracteres no melhoramento do *Eucalyptus*. **Ciência Florestal**, Santa Maria. 25: 457-467, 2015.

REIS, C. A. F.; GONÇALVES, F. M. A.; RAMALHO, M. A. P.; ROSADO, A. M. Seleção de progênies de eucalipto pelo índice Z por MQM e Blup. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília. 46: 517-523, 2011.

RESENDE, M. D.V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesqui. Agropecu. Trop.*3: 182-194, 2007.

REZENDE, P. M. DE; CARVALHO, E. DE A. Avaliação de cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] para o sul de Minas Gerais. **Cienc. Agrotec.**31:1616-1623, 2007.

RIBEIRO, N. D. et al. Desempenho agrônomo e qualidade de cozimento de linhagens de feijão de grãos especiais. **Revista Ciência Agronômica**. 45: 92-100, 2014.

ROCHA, R. B.; RAMALHO, A. R.; TEIXEIRA, A. L.; LAVIOLA, B. G.; SILVA, F. C. G. DA; MILITÃO, J. S. L. T. Eficiência da seleção para incremento do teor de óleo do pinhão-manso. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília. 47: 44-50, 2012.

Rocha M de M and Vello NA (1999). Interação Genótipos e Locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. *Bragantia*. 58: 69-81.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**.507-512, 1974.

SILVA, K. B.; BRUZI, A. T.; ZUFFO, A. M.; ZAMBIAZZI, E. V.; SOARES, I. O.; REZENDE, P. M. DE; FRONZA, V.; VILELA, G. D. L.; BOTELHO, F. B. S.; TEIXEIRA, C. M.; COELHO, M. A. DE O. Adaptability and phenotypic stability of soybean cultivars for grain yield and oil content. **Genetics and Molecular Research** 15 (2): gmr.15026756, 2015.

SOARES, I. O.; REZENDE, P. M. DE; BRUZI, A. T.; ZAMBIAZZI, E. V.; ZUFFO, A. M.; SILVA, K. B.; GWINNER, R. Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genetics and Molecular Research** 14: 8995-9003, 2015.

SOUZA, D. M. G. DE; LOBATO, E. Cerrado: correção do solo e adubação. 2ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Planaltina: Embrapa Cerrados, 416, 2004.

VASCONCELOS, E. S. DE; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, 36: 1203-1214, 2015.

YAN, W.; HUNT, L. A.; JOHNSON, P.; STEWART, G.; LU, X. On-Farm strip trials vs. Replicated Performance trials for cultivar evaluation. **Crop Sci.** 42:385-392, 2002.

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot, **Crop Sci.** 40:597-605, 2000.

XAVIER, T. DA S.; DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; CARVALHO, E. V. DE; SANTOS, W. F. DOS. Época de colheita na qualidade de sementes de genótipos de soja. **Comunicata Scientiae.** 6(2): 241-245, 2015.

ARTIGO 2 - QTL mapping associated to soybean seed vigor

Abstract

In this study, one soybean population of recombinant inbred lines (RILs) was used to identify QTL associated with traits related to physiological of soybean seeds quality, such as vigor and germination. The experiments were used to determine the genetic characteristics of seed vigor, including the percentage of seedling and percentage of germination seeds. This experiments evaluated RILs from two different crop season and generations, seeds F_{9:10} from 2012 and F_{9:11} from 2014, derived from the cross between Conrad and Sloan lines. Significant differences of seed vigor were observed among the parents and RIL population from phenotypic analysis. A total of nine additive quantitative trait loci (QTL) for seed vigor were identified by Inclusive Composite Interval Mapping(ICIM) using IciMapping V4 software. So it is possible to identified regions where you can identify QTL for soybean seeds vigor.

Keywords Recombinant inbred lines, seed quality, phenotypic analyses.

Introduction

Improved seeds are a key input to achieve higher grain yield in any crop. The physiological seed quality is a factor that will influence decisively the success of the tillage. The analysis of physiological seed quality is being carried out preferably by means of germination and vigor. The germination and vigor seed are quantitative characteristics that are determined by plant genetics constitution, the effect of the environment and the interaction between genotype and environment (Wang et al. 2010). Thereafter, it is evident the importance of studying the genetic architecture of these traits. Some QTL related to the seeds vigor such as dry weight, biochemical features of the seed, the germinating time and seed weight that is a physicist test, evaluate aspects morphological and physical characteristics of the seeds possibly associated with vigor are reported in the literature (Watanabe et al.,

2004). According Lee et al. (2001) the linkage of Bng119 on the Linkage Group (LG) is B1, K455n on LG C2 and K418n on LG N to QTLs conditioning the percent of abnormal seedlings, the variation of 45%, 28% and 32%, respectively. As an example Ragin et al. (2012) found QTL's for days of germination (qDG001-qDG003) identified on chromosomes 5, the b linkage group, 6, and 13, b linkage group. Liu et al. (2011) reported several QTL for day flowering, maturity, plant height, pod number.

While these reports of success of QTL identification for seeds physiological quality has been reported, there is not available search in which the experiments evaluated the percentage of seedling emergence, germination percentage and sheets dry matter.

The purpose of this study was to identify QTL associated with traits related to physiological soybean seeds quality, such as vigor and germination.

Material and Methods

Plant Materials

The experiments were carried out using a population derived from the cross between Conrad and Sloan lines (Wang et al., 2012b). The cultivar Conrad (Fehr et al., 1989) was identified as a soybean cultivar resistant to *P. soja* and *F. graminearum* (Burnham et al. 2003; Li et al., 2010; Ellis et al, 2012; Wang et al., 2010, 2012a, 2012b) while Sloan (Bhrenfus & Fehr, 1980) has moderate to high susceptibility to these pathogens. A total of 315 lines (RILs) of F_{9:10} generations were harvested and in 2012 and F_{9:11} were harvested in 2014. Seed from this harvest were used in the emergence and germination assays.

SNP Genotyping and Genetic Mapping

The genotyping and genetic mapping are following Song et al. (2013).

Phenotypic Analyses and Data Record

Emergence Test

Twenty-five seeds, per replication, per seed lot (harvest year) of each RIL were sown in plastic trays containing a soil substrate mixture Fafard 3B (Sun Gro Horticulture, Agawam, MA). The seeds within each row were spaced 5cm apart, with line spacing of 10cm and sowing depth of 3cm. Trays were watered daily. The number of emerged seedlings with fully expanded cotyledons, were recorded daily until the 20th day after sowing. The total percentage of emerged seedlings, which reached the V2 stage, i. e., where it is observed the second node, first open trefoil was recorded. The emergency percentage was calculated with daily data of seedlings number after the twentieth day of sowing. The calculation of the emergence percentage was an adaptation of Maguire (1962) according;

$$emerg. = \frac{Pl_1}{N_1} + \frac{Pl_2}{N_2} + \dots + \frac{Pl_n}{N_n}$$

where:

emerg. = emergence individual of seedlings

Pl₁, Pl₂, Pl_n = number of normal seedlings counted in the first count, the second count and at last.

N₁, N₂, N_n = number of days from sowing, first day, second and last count.

The emergence percentage of the sample was the arithmetic mean of the four replications of 25 seeds, in percentage (%).

$$\% \text{ emerg.} = (R_1 + R_2 + R_3 + R_4) / 4 \times 100$$

% emerg. = percentage of seedlings

R₁, R₂, R₃, R₄ = represent each repetition

Seedling dry matter

Twenty days after seeds were sown for the emergence test, four plants were harvested per RIL, per replicate, per seed lot. The plants were

dried using a forced air circulation oven at 60 °C for 72 hours to constant weight, with subsequent weighing of dry matter in grams (g).

Germination test

Three replicates of 50 seeds per RIL, per seed lot were sown between germination paper moistened with distilled water at a ratio of 2.5 times the paper of the weight. The seeds were stored in the germination chamber with controlled temperature to 25 °C ± 1 °C. Evaluation for germination were performed at five and eight days, recording the percentage of normal seedlings, which are those that show potential to continue development and give rise to normal plants, when grown under favorable conditions (Brasil, 2009). Dead seeds were analyzed following the criteria set out in the Rules for Seed Analysis, where dead seeds are those who are not hard, are not dormant, and usually present themselves loose, attacked by microorganisms and not show any early sign of germination (Brasil, 2009).

Statistical Analysis

The experimental design used in both the emergence and germination tests were in a randomized complete block design. The emergence test was carried out with four replications and the germination with three replications. After conducting the tests, analyses were performed per seed lot and joint variance for each test site, according to a similar procedure provided by Ramalho et al. (2012). All statistical analyzes were performed by the R software (R Development Core Team, 2012). The phenotypic means were grouped using the Scott Knott procedure (1974) with a 5% threshold.

QTL Analysis

The average of phenotypic tests data was used in the map construction. QTL analysis was Performed by Inclusive Composite Interval Mapping is additive and dominance effects (ICIM) (Li et al., 2007) using IciMapping V4 software. ICIM method is based on mapping interval compost (CIM (Li et al, 2008b.); Zeng 1993) for QTL with additive effect in ICIM, the selection marker was performed only once through regression, considering all the markers of information simultaneously (Li et al, 2008b). The experiment wise LOD threshold was determined by permutation analysis with 1,000 repetitions. The LOD value corresponding to an experiment-wise threshold of $\alpha = 0.05$ was used to declare the QTL significant. The estimate of the QTL position was the point of maximum LOD score in the region under consideration.

Results

Phenotype Results

The results of tests performed in this study with the parental are presented on the table 1.

Table 1: Phenotypic means for Emergency (%) and Germination test (%).

Parental	Year	% Emergency	% Germination	% Dead
Sloan	2011	2	0	18
Sloan	2014	15	21	0.3
Conrad	2011	19	10	2
Conrad	2014	16	8	0

The seedling emergence test showed that the seeds of the F_{9:10} RIL population harvested in 2012 had a significantly lower emergence percentage than the F_{9:11} RIL population harvested in 2014 ($p < 0.0001$, significant at 5% of probability by the F test). The average percentage of RIL from 2012 seeds had a higher frequency of lines averaging 84% as showed in histogram (Figure 1-A). On the other hand, the seeds of F_{9:11} RIL population got most of lines with an average emergence, 97.9% (Figure 1-B). There was a significant interaction between RILs and year ($p < 0.0001$, by the F test) with a variation coefficient (VC) of 9.97%, which demonstrates that the seedling emergence percentage lines were different in each generation F_{9:10} and F_{9:11} RIL.

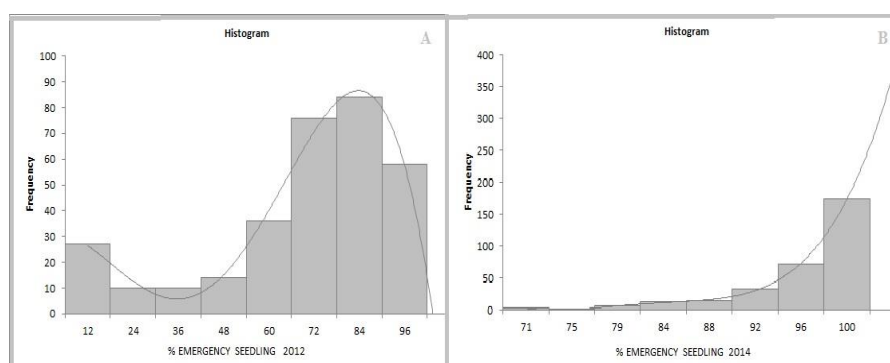


Figure 1: Average percentage of emerged seedlings with populations of 2012 seeds F_{9:10} RIL (A) and F_{9:10} RIL populations seeds with 2014 seeds (B).

The germination test revealed that the 2012 F_{9:10} seeds showed significantly lower average percentage germination ($p < 0.0001$), being that the most of the lines had an average of 2.3% (Figure 2-A). On the other hand, 2014 seeds F_{9:11} lines, displayed a higher germination percentage, with the largest number of lines had a mean of 42% and 49% (Figure 2-B). However, this is not considered ideal percentage for a seed lot for commercialization. The Anova test showed a significant effect on germination for harvest year ($p < 0.0001$) with VC of 18%. The Anova found

a significant effect from the interaction of RILs populations and harvest year.

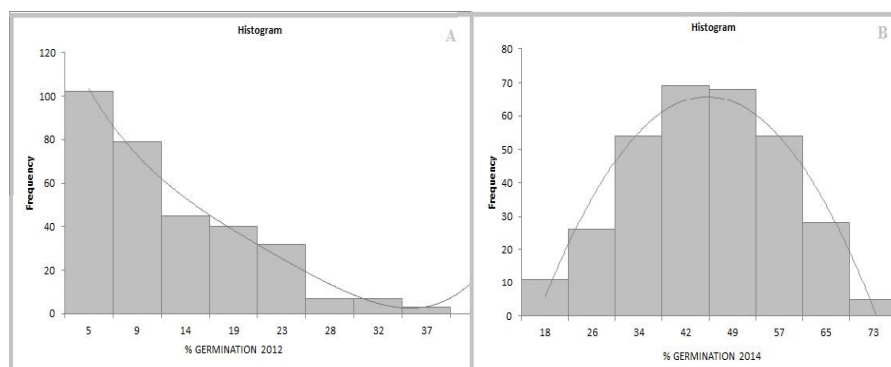


Figure 2: Average percentage (%) of seed germination with F_{9:10} RIL populations of 2012 (A) and seeds F_{9:11} RIL populations with 2014 seed (B).

The percentage of dead seeds was obtained in the germination test, these are the seeds that did not germinate. The population of F_{9:10} lines with seeds of 2012, showed a higher percentage of dead seeds than the F_{9:11} 2014 seeds (Figure 3 A and B). The VC was 32%, the analysis showed a significant effect on percentage of dead seed for RIL and harvest year, as well as the interaction between these effects.

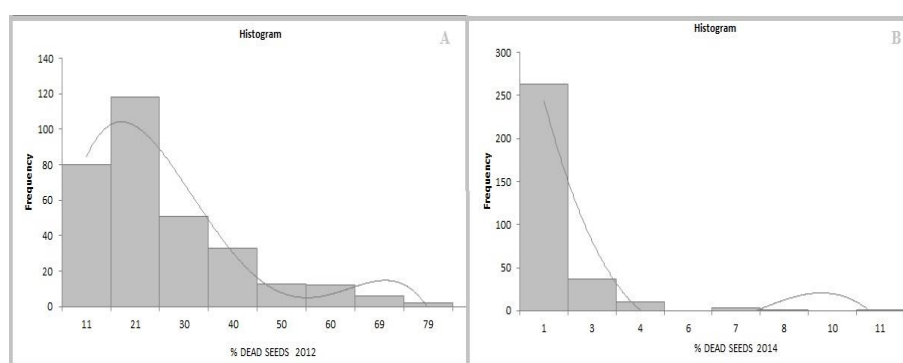


Figure 3: Average percentage (%) of dead seeds F_{9:10} RIL populations of 2012 (A) and F_{9:11} RIL populations with 2014 seeds (B).

The dry matter from the emergency test seedlings, after 20 days of sowing on stage V2. It was observed that in both treatments the largest number of lines had weight 0.3 grams are presented on the figure 4.

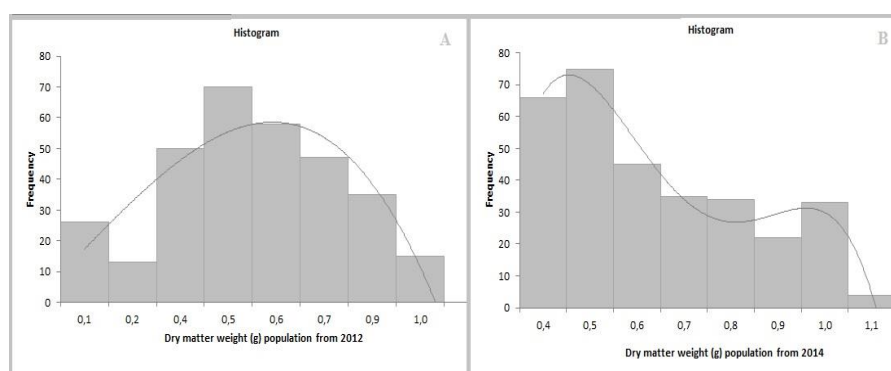


Figure 4: Average weight of dry matter of seedlings emerged in grams (g), F_{9:10} RIL populations of the 2012 year (A) and F_{9:11} RIL seeds populations, 2014 seeds (B).

Linkage Map Construction

The linkage map construction is following Stasko et al. (year).

QTL Mapping

Emergence test on seed from 2012: One QTL was found for soybean seed vigor, has been mapped to linkage group ch19-b. The LOD score was 3.951. The identified QTL explained 5.7% of the phenotypic variation (PV%) (Table 2, Figure 5). It was flanked by marker Glyma19g41210 left and the right Glyma19g41390. This QTL was centered around 60 cM and possessed an additive effect of 5.869.

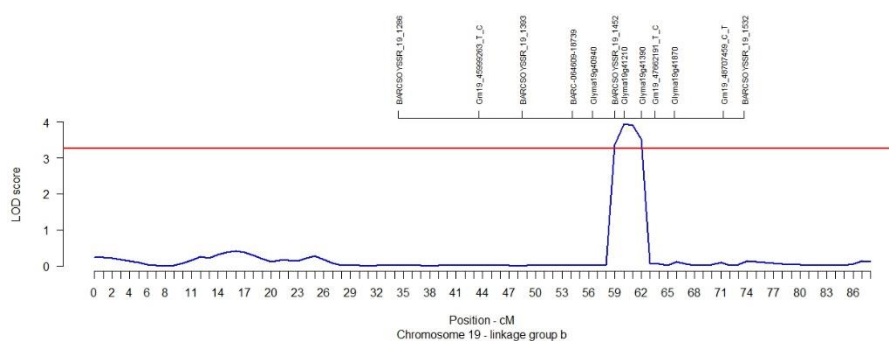


Figure 5: Identifications of QTL conferring seeds vigor on chromosome 19, b linkage group. Mapped in Conrad x Sloan $F_9:10$ RIL population. The red horizontal line represents LOD threshold of significance of 5%, the blue line represents the peak LOD interval for each QTL, LOD of 3.951. The chart's upper range are the markers near the QTL.

Emergence test on seed from 2014: Three QTL associated with soybean seeds vigor were identified (Table 2). Two QTL found on chromosome 2 were flanked by markers Gm02_43725963_A_G (left) and Gm02_43952429_A_G (right) and centered at 103 cM with a LOD score of 7.97 and also by markers Gm02_45805567_A_G (left) and Gm02_47528737_C_T (right) at 114 cM with a LOD score of 4.405. These QTL explained 6.668% and 3.436% PV with additive effects of 1.973 and -1.416, respectively (Figure 6). The third QTL was found on chromosome 14 at 50 cM. This third QTL was flanked by markers Gm14_6554406_T_C (left) and Gm14_6770667_T_C (right) with a LOD score of 3.201, PV 2:51% and additive effect 1.209.

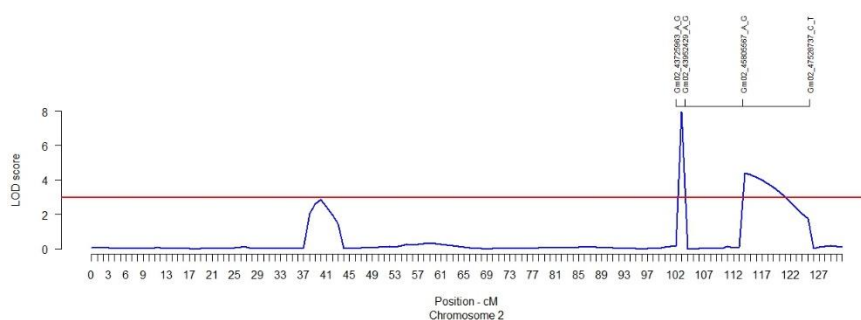


Figure 6: Identifications of a QTL conferring seed vigor on chromosome 2. Mapped in Conrad x Sloan F_{9: 11} RIL population. The red horizontal line represents LOD threshold of significance of 5%, the blue line represents the peak LOD interval for each QTL, LOD of 7.97 and 4.405. The chart's upper range are the markers near the QTL.

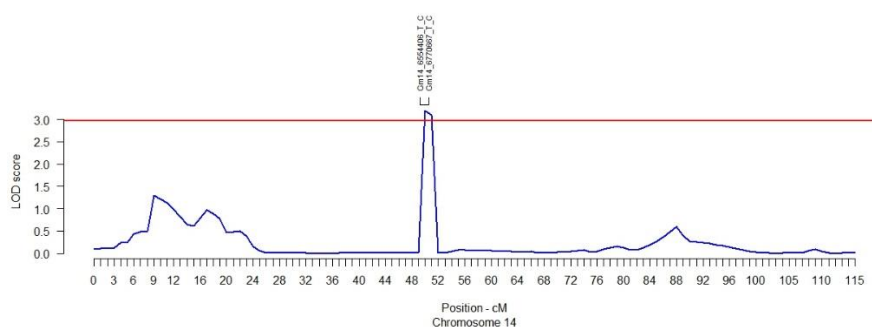


Figure 7: Identifications of QTL conferring seed vigor on chromosome 14. Mapped in Conrad x Sloan F_{9: 11} RIL population. The red horizontal line represents LOD threshold of significance of 5%, the blue line represents the peak LOD interval for each QTL, LOD of 3.2. The chart's upper range are the markers near the QTL.

Germination test 2012, percentage normal seedlings: Two QTL were found for germination test, percentage of normal seedlings (Table 2). The first found on chromosome 7, b linkage group, was flanked by markers Gm07_3281799_T_G (left) and Gm07_1630335_G_A (right) and centered at 57 cM position with a LOD score of 4.609, PV of 5.942% and additive

effect of -2.012 (Figure 8). The second QTL whose LOD score was 3.306, PV 4.378% additive effect 1.745, was found in chromosome 19, b linkage group, 64.000 position. This was flanked by Gm19_47662191_T_C left and Glyma19g41870 right (Figure 9).

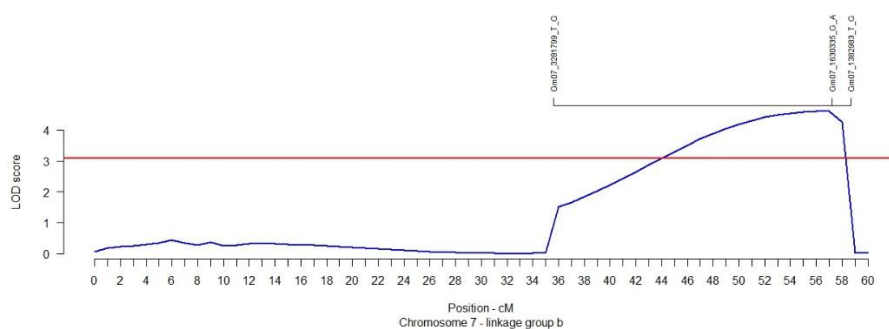


Figure 8: Identifications of QTL conferring germination on chromosome 7, b linkage group. Mapped in Conrad x Sloan F_{9:10} RIL population. The red horizontal line represents LOD threshold of significance of 5%, the blue line represents the peak LOD interval for each QTL, LOD of 4.6. The chart's upper range are the markers near the QTL.

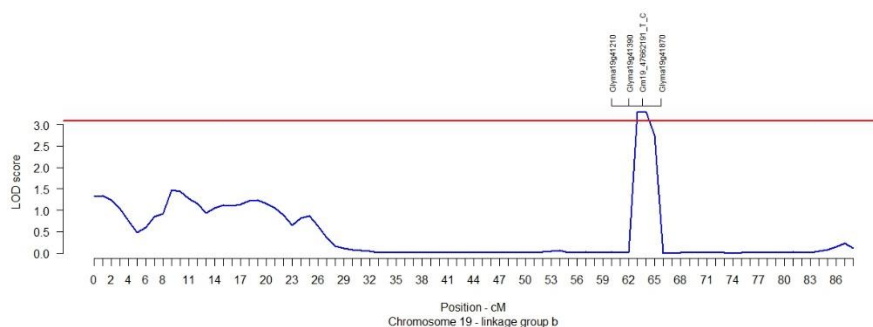


Figure 9: Identifications of QTL conferring germination on chromosome 19, b linkage group. Mapped in Conrad x Sloan F_{9:10} RIL population. The red horizontal line represents LOD threshold of significance of 5%, the blue line represents the peak LOD interval for each QTL, LOD of 3.3. The chart's upper range are the markers near the QTL.

Germination test 2014 percentage normal seedlings: A QTL was located on the germination test with seeds of 2014, percentage of normal

seedlings, on chromosome 13, b linkage group, centered 7cM position. This QTL was flanked Gm13_28206014_A_C (left) and Gm13_28437643_G_A (right), LOD score of 3.514, PV and 4.482% additive effect -2.753 (Table 2, Figure 10).

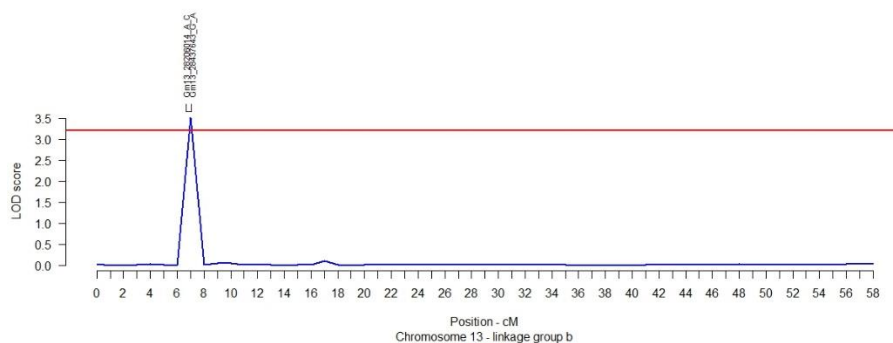


Figure 10: Identifications of QTL conferring germination on chromosome 13, b linkage group. Mapped in Conrad x Sloan F_{9:11} RIL population. The red horizontal line represents LOD threshold of significance of 5%, the blue line represents the peak LOD interval for each QTL, LOD of 3.51. The chart's upper range are the markers near the QTL.

Germination test 2012, percentage dead seeds. Two QTL identified in the percentage of dead seeds using 2012 seeds data (Table 2), the first on chromosome 7, b linkage group, centered at 52 cM position. This flanked by markers Gm07_3281799_T_G (left) and Gm07_1630335_G_A (right) with a LOD score of 4.106, additive effect and 3.666 PV 5.135% (Figure 11). The second QTL on chromosome 19, in b linkage group, centered at 60 cM position. Flanked by marker Glyma19g41210 (left) and by Glyma19g41390 (right) with LOD score 13.730. The additive effect was -6.003 and 13.514% PV (Figure 12).

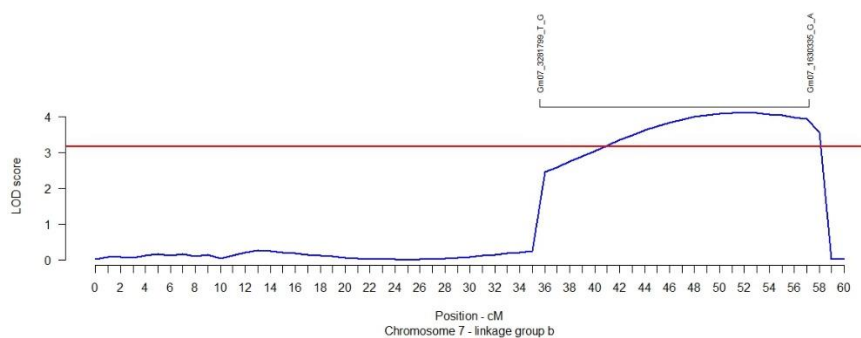


Figure 11: Identifications of QTL conferring dead seeds on chromosome 7, b linkage group. Mapped in Conrad x Sloan F_{9:10} RIL population. The red horizontal line represents LOD threshold of significance of 5%, the blue line represents the peak LOD interval for each QTL, LOD of 4.1. The chart's upper range are the markers near the QTL.

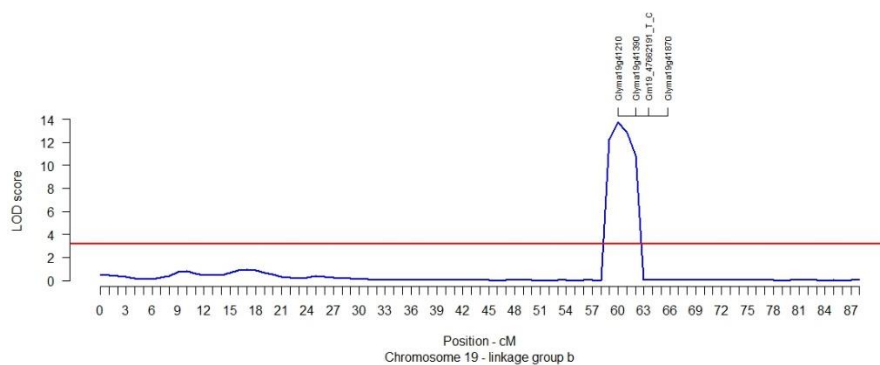


Figure 12: Identifications of QTL conferring dead seeds on chromosome 19, b linkage group. Mapped in Conrad x Sloan F_{9:10} RIL population. The red horizontal line represents LOD threshold of significance of 5%, the blue line represents the peak LOD interval for each QTL, LOD of 13.7. The chart's upper range are the markers near the QTL.

No QTL were identified from germination test percent dead seeds from 2014. Similarly, no QTL were identified for dry matter data from the emergence test.

Table 2: Quantitative trait loci (QTL) for vigor seedling the soybean emergency and germination test to identified by Inclusive Composite Interval Mapping (ICIM) using 315 F 9:11 recombinant inbredlines (RILs) of Conrad x Sloan.

LG: linkage group; PV (%): percentage variance; LeftCI: left QTL confidence interval; RightCI: right QTL confidence interval.

Trait	LG	Left marker	Right marker	Position	LOD	Additive	PV(%)	LeftCI	RightCI
Ch19 for 2012	Ch19-b	Glyma19g41210	Glyma19g41390	60.000	3.9511	5.8693	5.7083	58.5000	62.5000
Ch2 for 2014	Ch2	Gm02_43725963_A_G	Gm02_43952429_A_G	103.000	7.9702	1.9733	6.6688	102.5000	103.5000
Ch2 for 2014	Ch2	Gm02_45805567_A_G	Gm02_47528737_C_T	114.000	4.4051	-1.4169	3.4368	113.5000	119.5000
Ch14 for 2014	Ch14	Gm14_6554406_T_C	Gm14_6770667_T_C	50.000	3.2018	1.2096	2.5100	49.5000	51.5000
Ch7 for 2012	Ch7-b	Gm07_3281799_T_G	Gm07_1630335_G_A	57.000	4.6095	-2.0125	5.9425	46.5000	58.5000
Ch19 for 2012	Ch19-b	Gm19_47662191_T_C	Glyma19g41870	64.000	3.3069	1.7452	4.3787	62.5000	65.5000
Ch13 for 2014	Ch13-b	Gm13_28206014_A_C	Gm13_28437643_G_A	7.000	3.5148	-2.7539	4.4827	65.000	75.000
CH 7 for 2012	Ch7-b	Gm07_3281799_T_G	Gm07_1630335_G_A	52.000	4.1068	3.6664	5.1351	40.5000	58.5000
Ch19 for 2012	Ch19-b	Glyma19g41210	Glyma19g41390	60.000	13.7307	-6.033	13.5147	59.5000	61.5000

Ch19 for 2012: is the trait of emergence test, the normal seedlings evaluated in the germination test and dead seeds, did not germinate with the seeds of the 2012 RILs population;

Ch2 for 2014: is the trait of emergence test with the seeds of the 2014 RILs population.

Ch14 for 2014: is the trait of emergence test with the seeds of the 2014 RILs population.

Ch7 for 2012: represents the normal seedlings evaluated in the germination test and dead seeds, did not germinate with the seeds of the 2012 RILs population.

Ch13 for 2014: represents the normal seedlings evaluated in the germination test with the seeds of the 2014 RILs population.

Discussion

The concept of seed vigor is directly related to the deterioration, since that the greater the vigor, the less the deterioration of seed (Krzyzanowski & França-Neto, 2001). According to The International Seed Testing Association (ISTA) and the Association of Official Seed Analysts (AOSA) the effect is defined as the potential of seeds to germinate rapidly and uniformly under adverse and optimum conditions, therefore, the strong seed set booths earlier in the field by providing competitive advantage against weeds and microflora (Miller B., McDonald, Jr., 1975). The literature reports specific studies for QTL identification for seeds vigor and soybean seed germination. Several QTL for different traits in soybean are studied: flowering and maturity (Tasma et al. 2001; Zhang et al. 2004; Yamanaka et al. 2005; Zhang et al. 2013), soybean seed hardness (Orazaly et al., 2015), soybean protein concentration (Sebolt et al., 2000; Chapman et al., 2003; Chung et al., 2003; Fasoula et al., 2004; Hyten et al., 2004; Panthee et al., 2005; Nichols et al., 2006; Jun et al., 2008; Long Yan et al., 2014). Concentration of oil in seeds (Specht et al. 2001; Chung et al. 2003; Kabelka et al. 2004; Reinprecht et al. 2006; Palomeque et al. 2009b; Qi et al. 2011; Eskandari et al., 2013). Resistance and or control the pathogens and diseases (Hoffmann-Campo et al. 2006; Komatsu et al. 2004; Li et al. 2008; Silva et al. 2013; Ortega et al. 2016; Lee et al. 2014; Acharya et al. 2015).

In the present study, QTL found are present in chromosomes 2, 7, 13 and 19, associated with soybean seeds quality. Orazaly et al. (2014) found that QTL on chromosome 7 in the region associated marker Satt677 for hardness of soybean seeds. In a recent survey of the rice crop, Lai et al. (2016) concluded that the establishment of seed vigor during maturity is a complex quantitative trait controlled by the interaction between genetic and environmental factors. In soybean, the literature points out that the evaluation of germination and seedling emergence are features with high heritability and variability (Vasconcelos et al., 2012; Martins et al., 2016.).

Therefore, selection of genotypes for improving the quality of seeds is an important feature in conventional breeding programs or by molecular techniques, and thus the identification of QTL for these characteristics result in relevant information.

In this study were identified QTL for soybean seeds quality, however, the %PV explained for each trait was very low.

QTL identified from 2012 and 2014 harvested seed were unique to each year and possibly reflective of the significant RIL by harvest year interaction. QTL for the three traits (emergence, percent dead, and percent normal) were occasionally overlapping. For seeds harvested in 2012, QTL for seedling emergence was found on the same chromosome region for dead seeds, it was on chromosome 19, b linkage group flanked by Glyma19g41210 and Glyma19g41390 markers, showing that this is a possible area where you can identify QTL for soybean seeds quality. QTL for soybean abortion were mapped in the same position QTL associated with seed yield and oil content, both in qDG003 and qDF002 positions (Tischner et al., 2003).

In addition, many QTL govern other important agronomic traits, the knowledge of these contributes to the development of high-yielding cultivars associated with high quality, disease and pathogens resistance.

Acknowledgments

The authors would like to thank CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico), CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) and FAPEMIG (Fundação de amparo à pesquisa do Estado de Minas Gerais) for the scholarships and financial support. The Leah McHale for orientation at the Ohio State University on doctorate sandwich and all members the McHale Lab.

REFERENCES

ACHARYA, B. S.; LEE, M. A.; ROUF MIAN; TAE-HWAN JUN; MCHALE, L. K. MICHEL, A. P.; DORRANCE, A. E. Identification and mapping of quantitative trait loci (QTL) conferring resistance to *Fusarium graminearum* from soybean PI 567301B. **Theor Appl Genet** 128: 827, 2015.

BAHRENFUS, J. B.; FEHR, W. R. Registration of ‘Sloan’ soybean. **Crop Sci.** 20:673, 1980. doi:10.2135/cropsci1980.0011183X002000050045x.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Regras para Análise de sementes, Brasília, 147-343-351, 2009.

BURNHAM, K. D.; DORRANCE, A. E.; VAN TOAI, T. T.; ST. MARTIN, S. K. Quantitative trait loci for partial resistance to *Phytophthora sojae* in soybean. **Crop Sci.** 43:1610-1617, 2003. 16 doi:10.2135/cropsci2003.1610.

CHAPMAN, A.; PANTALONE, V. R.; USTUN, A.; ALLEN, F. L.; LANDAU-ELLIS, D.; TRIGIANO, R. N.; GRESSHOFF, P. M. Quantitative trait loci for agronomic and seed quality traits in an F2 and F4:6 soybean population. **Euphytica** 129: 387–393, 2003.

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

DOERGE, R. W. Mapping and analysis of quantitative trait loci in experimental populations. **Nature Reviews.** 3:43-52, 2001.

DOYLE, J. J.; DICKSON, E. E. Preservation of plant samples for DNA restriction endonuclease analysis. **Taxon.** 36:715-722, 1987.

ELLIS, M. L.; WANG, H.; PAUL, P. A.; ST. MARTIN, S. K.; MCHALE, L. K.; DORRANCE, A. E. Identification of soybean genotypes resistant to *Fusarium graminearum* and genetic mapping of resistance quantitative trait loci in the cultivar Conrad. **Crop Sci.** 52: 2224-2232, 2012. doi:10.2135/cropsci2011.11.0624.

ESKANDARI, M.; COBER, E. R.; RAJCAN, I. Genetic control of soybean seed oil: II. QTL and genes that increase oil concentration without decreasing protein or with increased seed yield. **Theor Appl Genet** 126:1677–1687, 2013. doi 10.1007/s00122-013-2083-z

FASOULA, V.A.; HARRIS, D. K.; BOERMA, H. R. Validation and designation of quantitative trait loci for seed protein, seed oil, and seed weight from two soybean populations. **Crop Science** 44: 1218–1225, 2004.

FEHR, W.R.; CIANZO, S. R.; VOSS, B. K.; SCHULTZ, S. P. Registration of ‘Conrad’ soybean. 15 **Crop Sci.** 29:830-831, 1989. doi:10.2135/cropsci1989.0011183X002900030067x.

GRANT, D.; NELSON, R. T.; CANNON, S. B.; SHOEMAKER, R. C. SoyBase, the USDA-ARS soybean genetics and genomics database. *Nucl. Acids Res.* 38:D843-D846, 2010. doi:10.1093/nar/gkp798.

GUTIERREZ-GONZALEZ, J. J.; WU1, X.; GILLMAN, J. D.; LEE, J.; ZHONG, R.; YU, O.; SHANNON, G.; ELLERSIECK, M.; NGUYEN, H. T.; SLEPER, D. A. Intricate environment-modulated genetic networks control isoflavone accumulation in soybean seeds. **BMC Plant Biology**, 10:105, 2010.

HOFFMANN-CAMPO, C.B.; NETO, J. A. R.; DE OLIVEIRA, M. C. N.; OLIVEIRA, L. J. Detrimental effect of rutin on *Anticarsia gemmatalis*. **Pesqui Agropecu Bras** 41:1453–1459, 2006.

HYTEN, D. L.; PANTALONE, V. R.; SAMS, C. E.; SAXTON, A. M.; LANDAU-ELLIS, D.; STEFANIAK, T. R.; SCHMIDT, M. E. Seed quality QTL in prominent soybean population. **Theoretical and Applied Genetics** 109: 552–561, 2004.

JUN, T. H.; VAN, K.; KIM, M. Y.; LEE, S. H.; WALKER, D. R. Association analysis using SSR markers to find QTL for seed protein content in soybean. **Euphytica** 162: 179–191, 2008.

KABELKA, E. A.; DIERS, B. W.; FEHR, W. R.; LEROY, A. R.; BAIANU, I. C.; YOU, T.; NEECE, D. J.; NELSON, R. L. Putative alleles for increased yield from soybean plant introductions. **Crop Sci** 44:784–791, 2004.

KOMATSU, K.; OKUDA, S.; TAKAHASHI, M.; MATSUNAGA, R. Antibiotic effect of insect-resistant soybean on common cutworm (*Spodoptera litura*) and its inheritance. **Breeding Sci** 54:27–32, 2004.

KRZYZANOWSKI, F. C.; FRANÇA-NETO, J. B. *Informático Abrates*. v.11, n. 3, 2001.

LAI, Y.; CHENG, J.; HE, Y.; YANG, B.; WANG, Z.; ZHANG, H. Identification of QTLs with Additive, Epistatic, and QTL × Seed Maturity Interaction Effects for Seed Vigor in Rice. **Plant Mol Biol Rep** 34:160–171, 2016 doi 10.1007/s11105-015-0913-7.

LEE, S.; MIAN, M. A. R.; SNELLER, C. H.; WANG, H.; DORRANCE, A. E.; MCHALE, L. K. **Theor Appl Genet** 127: 429, 2014.

LEE, S.; MIAN, M. R.; MCHALE, L. K.; WANG, H.; WIJERATNE, A. J.; SNELLER, C. H.; DORRANCE, A. E. Novel quantitative trait loci for partial resistance to *Phytophthora sojae* in soybean PI 398841. **Theor Appl Genet** 126(4):1121–1132, 2013.

LEE, S. H.; PARK, K. Y.; LEE, H. S.; PARK, E. H.; BOERMA, H. R. Genetic mapping of QTLs conditioning soybean sprout yield and quality. **Theor Appl Genet** 103:702–709, 2001.

LI, X.; HAN, Y.; TENG, W.; POYSA, V.; ANDERSON, T.; DONG, J.; LI, W. Pyramided QTL underlying tolerance to *Phytophthora* root rot in mega-environments from soybean cultivars ‘Conrad’ and ‘Hefeng 25’. **Theor. Appl. Genet.** 121:651-658, 2010. doi:10.1007/s00122-010-1337-2

LI, H.; RIBAUT, J. M.; LI, Z.; WANG, J. Inclusive composite interval mapping (ICIM) for digenic epistasis of quantitative traits in biparental populations. **Theor. Appl. Genet.** 116:243–260, 2008b.

LI, H.; YE, G.; WANG, J. A modified algorithm for the improvement of composite interval mapping. **Genetics** 175:361–374, 2007.

LIU, H.; CHE, Z.; ZENG, X.; ZHANG, G.; WANG, H.; YU, D. Identification of single nucleotide polymorphisms in soybean associated with resistance to common cutworm (*Spodoptera litura* Fabricius) **Euphytica**, 209: 49-62, 2016.

LIU, W.; KIM, M.; VAN, K.; LEE, Y.; LI, H.; LIU, X.; LEE, S. QTL Identification of Yield-Related Traits and their Association with Flowering and Maturity in Soybean. **J. Crop Sci. Biotechnol.** 14: 65, 2011.

MARTINS, C. C.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MÔRO, G. V.; VIEIRA, R. D. Metodologia para seleção de linhagens de soja visando germinação, vigor e emergência em campo. **Revista Ciência Agronômica**, v. 47, n. 3, p. 455-461, 2016.

MCDONALD, M. B. A review and evaluation of seed vigor tests. *Proceeding of the Association of Official Analysts.* 65:109-139, 1975.

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

ORAZALY, M.; CHEN, P.; ZENG, A.; ZHANG, B. Identification and Confirmation of Quantitative Trait Loci Associated with Soybean Seed Hardness. **Crop Sci.** 55:688-694, 2015.

ORTEGA, M. A.; ALL, J. N.; BOERMA, H. R. et al. Pyramids of QTLs enhance host-plant resistance and Bt-mediated resistance to leaf-chewing insects in soybean. **Theor Appl Genet** 129: 703, 2016.

PALOMEQUE, L.; LIU, L.; LI, W.; HEDGES, B.; COBER, E.; RAJCAN, I. QTL in mega-environments: II. Agronomic trait QTL colocalized with seed yield QTL detected in a population derived from a cross of high-yielding adapted 9 high-yielding exotic soybean lines. **Theor Appl Genet** 119:429–436, 2009b.

PANTHEE, D. R.; PANTALONE, V. R.; WEST, D.R.; SAXTON, A. M.; SAMS, C. E. Quantitative trait loci for seed protein and oil concentration, and seed size in soybean. **Crop Science** 45: 2015–2022, 2005.

QI, Z.; WU, Q.; HAN, X.; SUN, Y.; DU, X.; LIU, C.; JIANG, H.; HU, G.; CHEN, Q. Soybean oil content QTL mapping and integrating with meta-analysis method for mining genes. **Euphytica** 179:499–514, 2011.

RAGIN, B.; BAZELLE, R.; CLARK, W.; KANTARTZI, S.; MEKSEM, K.; AKOND, M.; KASSEM, M. Genetic analysis of yield components in the PI 438489B by 'Hamilton' recombinant inbred line (RIL) population of soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. **Journal of Agricultural Science** 4.9: 98-105, 2012.

R DEVELOPMENT CORE TEAM R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, DE F. B.; DOS SANTOS, J. B.; RODRIGUES NUNES, J. A. Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas. UFPA, Lavras, 2012.

REINPRECHT, Y.; POYSA, V. W.; YU, K. F.; RAJCAN, I.; ABLETT, G. R.; PAULS, K. P. Seed and agronomic QTL in low linolenic acid, lipoxygenase-free soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) germplasm. **Genome** 49:1510–1527, 2006.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**.507-512, 1974.

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

SILVA, J. P. G. F.; BALDIN, E. L. L.; SOUZA, E. S.; CANASSA, V. F.; LOURENÇÃO, A. L. Characterization of antibiosis to the redbanded stink bug *Piezodorus guildinii* (Hemiptera: Pentatomidae) in soybean entries. **J Pest Sci** 86:649–657, 2013.

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** 8: 54985, 2013. doi:10.1371/journal.pone.0054985

SPECHT, J. E.; CHASE, K.; MACRANDER, M.; GRAEF, B. L.; CHUNG, J.; MARKWELL, J. P.; GERMANN, M.; ORF, J. H.; LARK, K. G. Soybean response to water: a QTL analysis of drought tolerance. **Crop Sci** 41:493–509, 2001.

TASMA, I.; LORENZEN, L.; GREEN, D.; SHOEMAKER, R. Mapping genetic loci for flowering time, maturity, and photoperiod insensitivity in soybean. **Mol Breeding** 8:25–35, 2001.

TISCHNER, T.; ALLPHIN, L.; CHASE, K.; ORF, J. H.; LARK, K. G. Genetics of Seed Abortion and Reproductive Traits in Soybean. **Crop Sci**, 43, 464-473. doi.org/10.2135/cropsci2010.03.0123, 2003.

VAN OOIJEN, J. W. JoinMap 4.0, Software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations. Kyazma B.V. Wageningen, the Netherlands, 2006.

VASCONCELOS, E. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012.

WANG, H.; ST. MARTIN, S. K.; DORRANCE, A. E. Comparison of phenotypic methods and yield contributions of quantitative trait loci for partial resistance to *Phytophthora sojae* in soybean. **Crop Sci**. 52:609-622, 2012a. doi:10.2135/cropsci2011.06.0336

WANG, H.; WIJERATNE, A.; WIJERATNE, S.; LEE, S.; TAYLOR, C. G.; ST. MARTIN, S. K.; MCHALE, L. K.; DORRANCE, A. E. Dissection of two soybean QTL conferring partial resistance to *Phytophthora sojae* through sequence and gene expression analysis. **BMC Genomics** 12:428.6, 2012b. doi:10.1186/1471-2164-13-428

WANG, H.; WALLER, L.; TRIPATHY, S.; ST. MARTIN, S. K.; ZHOU, L.; KRAMPIS, K.; TUCKER, D. M.; MAO, Y.; HOESCHELE, I.; MAROOF, M. A. S.; TYLER, B. M.; DORRANCE, A. E. Analysis of genes underlying soybean quantitative trait loci conferring partial resistance to *Phytophthora sojae*. **Plant Genet.** 2 3:23-40, 2010. doi:10.3835/plantgenome2009.12.0029

WANG, Z. F.; WANG, J. F.; BAO, Y. M.; WANG, F. H.; ZHANG, H. S. Quantitative trait loci analysis for rice seed vigor during the germination stage. *JZhejiang Univ Sci B* 11:958–964, 2010.

WATANABE, S.; TAJUDDIN, T.; YAMANAKA, N.; HAYASHI, M.; HARADA, K. Analysis of QTL for Reproductive Development and Seed Quality Traits in Soybean using Recombinant Inbred Lines. **Breeding Science**: 399-407, 2004.

YAMANAKA, N.; WATANABE, S.; TODA, K.; HAYASHI, M.; FUCHIGAMI, H.; TAKAHASHI, R.; HARADA, K. Fine mapping of the FT1 locus for soybean flowering time using a residual heterozygous line derived from a recombinant inbred line. **Theor Appl Genet** 110:634–639, 2005.

ZHANG, D.; CHENG, H.; HU, Z.; WANG, H.; KAN, G.; LIU, C.; YU, D. Fine mapping of a major flowering time QTL on soybean chromosome 6 combining linkage and association analysis. **Euphytica** 191:23–33, 2013. doi 10.1007/s10681-012-0840-8

ZHANG, W. K.; WANG, Y. J.; LUO, G. Z.; ZHANG, J. S.; HE, C. Y.; WU, X. L.; GAI, J. Y.; CHEN, S. Y. QTL mapping of ten agronomic traits on the soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] genetic map and their association with EST markers. **Theor Appl Genet** 108:1131–1139, 2004.

ZHENG, D. S. Use of Italian wheat varieties in China. **Genet Resour Crop Evol** 40:137–142, 1993.