JOSIANE ISABELA DA SILVA RODRIGUES

ANÁLISES BIOMÉTRICAS E MOLECULARES PARA O MELHORAMENTO DOS TEORES DE ÓLEO E PROTEÍNA DA SOJA E MAPEAMENTO GENÉTICO DO FEIJOEIRO COMUM

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2012

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e Classificação da Biblioteca Central da UFV

T
R696a
2012

Rodrigues, Josiane Isabela da Silva, 1983-
Análises biométricas e moleculares para o melhoramento dos teores de óleo e proteína da soja e mapeamento genético do feijoeiro comum / Josiane Isabela da Silva Rodrigues. – Viçosa, MG, 2012.
120f. : il. (algumas col.) ; 29 cm.

Inclui anexo.
Orientador: Maurílio Alves Moreira.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Soja - Melhoramento genético. 2. Biometria. 3. Locos de caracteres quantitativos. 4. Marcadores genéticos. 5. Microssatélites (Genética). 6. Soja - Teor de proteína. 7. Mapeamento cromossômico. 8. Diversidade genética. 9. Interação genótipo-ambiente. 10. Soja - Teor de óleo. 11. Feijão - Genética. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22. ed. 633.642

JOSIANE ISABELA DA SILVA RODRIGUES

ANÁLISES BIOMÉTRICAS E MOLECULARES PARA O MELHORAMENTO DOS TEORES DE ÓLEO E PROTEÍNA DA SOJA E MAPEAMENTO GENÉTICO DO FEIJOEIRO COMUM

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

Aprovada: 02 de julho de 2012.

Everaldo Gonçalves de Barros
(Coorientador)

Cosme Damião Cruz
(Coorientador)

Newton Deniz Piovesan

Rita Maria Alves de Moraes

Maurilio Alves Moreira
(Orientador)

A Deus,

Ao meu marido João Henrique Zonta,

Aos meus pais João e Ana Rosa,

Aos meus irmãos João Henrique e Júlio César,

A minha tia Ariadney,

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Ao Professor Maurilio Alves Moreira, pelas oportunidades, pelos ensinamentos, pela amizade e pelo exemplo de competência e dedicação.

Ao Dr. Perry Cregan, pela oportunidade, pelos ensinamentos e pelo exemplo de humildade.

Ao Newton Deniz Piovesan, pela amizade, pela boa vontade em ajudar e pelas oportunidades de trabalho.

Ao professor Cosme Damião Cruz pelos ensinamentos, pelas críticas, pelas sugestões, pela disposição em ajudar e pelo exemplo de competência.

Ao Professor Everaldo Gonçalves de Barros, pelo exemplo de dedicação didática e científica.

Ao Dr. Gaufeng Jia, pela amizade.

Ao Dr. Qijian Song, pelos ensinamentos.

Ao Klever Márcio Antunes Arruda, pela grande contribuição, pela amizade, pelos ensinamentos e pelo exemplo de dedicação.

A doutora Rita Maria Alves de Moraes, pela amizade e sugestões.

Aos funcionários Gláucia, José Carlos, Naldo e Cupertino, pela ajuda.

Aos amigos de laboratório, por tudo.

ÍNDICE

RESUMO
ABSTRACT
1. INTRODUÇÃO GERAL 1
2. OBJETIVOS 3
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA 4
3.1 Percentuais de óleo e proteína em soja 4
3.2 Diversidade genética 7
3.3 Mapeamento de QTL para os teores de óleo e proteína 10
3.4 Mapeamento genético do feijoeiro comum 12
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 14

CAPÍTULO 1 - TEORES DE ÓLEO E PROTEÍNA DE GENÓTIPOS DE SOJA CULTIVADOS EM DIFERENTES ÉPOCAS E REGIÕES DE MINAS GERAIS
RESUMO 21
1. INTRODUÇÃO 22
2. MATERIAL E MÉTODOS 23
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO 26
4. CONCLUSÕES 35
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 35

CAPÍTULO 2 - DIVERSIDADE GENÉTICA EM REGIÕES DE QTL PARA O TEOR DE ÓLEO EM SOJA E SUA RELAÇÃO COM A VARIÂNCIA GENÉTICA
RESUMO 38
1. INTRODUÇÃO 39
2. MATERIAL E MÉTODOS 40
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO 43
4. CONCLUSÕES 54
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 54

CAPÍTULO 3 - DIVERSIDADE GENÉTICA EM REGIÕES DE QTL PARA O TEOR DE PROTEÍNA EM SOJA E SUA RELAÇÃO COM A VARIÂNCIA GENÉTICA
RESUMO 58
1. INTRODUÇÃO 59
2. MATERIAL E MÉTODOS 60

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO 63
4. CONCLUSÕES 75
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 76

CAPÍTULO 4 - ASSOCIAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES COM OS PERCENTUAIS DE ÓLEO E PROTEÍNA EM SOJA
RESUMO 79
1. INTRODUÇÃO 80
2. MATERIAL E MÉTODOS 81
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO 83
4. CONCLUSÕES 87
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 94

CAPÍTULO 5 - MAPEAMENTO GENÉTICO DO FEIJOEIRO COMUM
RESUMO 97
1. INTRODUÇÃO 98
2. MATERIAL E MÉTODOS 99
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO 100
4. CONCLUSÕES 104
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 105
ANEXO 108

RESUMO

RODRIGUES, Josiane Isabela da Silva, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2012. **Análises biométricas e moleculares para o melhoramento dos teores de óleo e proteína da soja e mapeamento genético do feijoeiro comum**. Orientador: Maurilio Alves Moreira. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Everaldo Gonçalves de Barros.

Os objetivos do presente trabalho foram: i) identificar genótipos de soja mais estáveis e geneticamente divergentes visando à melhoria dos conteúdos de óleo e proteína; ii) avaliar a relação entre estimativas de diversidade e variância genética; e iii) selecionar marcadores moleculares associados com a variação nos teores de óleo e proteína visando implementar a seleção assistida por marcadores moleculares em programas de melhoramento. Para isto, 49 genótipos de soja foram cultivados em Viçosa, MG (12/2009); Rio Branco, MG (02/2010) e São Gotardo, MG (02/2010; 10/2011) utilizando o delineamento de blocos casualizados com três repetições e os respectivos teores de óleo e proteína foram determinados por espectrometria do infravermelho. Pela análise estatística dos dados fenotípicos, foi observada ampla variabilidade genética para teor de óleo e proteína. Os efeitos de genótipo, ambiente e da interação genótipo x ambiente foram significativos para as duas características a 1% de probabilidade e a interação genótipo x ambiente foi predominantemente complexa. Pela análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, as cultivares Suprema, CD01RR8384 e A7002, para teor de óleo, e BARC-8, BR8014887 e CS3032PTA276-3-4, para teor de proteína, tiveram maiores médias fenotípicas, adaptabilidade geral e maior estabilidade nos diferentes ambientes. Para avaliar a diversidade genética e sua relação com a variância genética, dois grupos de genótipos, para os quais era esperada uma significativa variação dos caracteres, foram genotipados com marcadores microssatélites localizados próximo a QTL para os teores de óleo e proteína. Maiores estimativas de distância genética foram observadas entre PIs e cultivares e os genótipos mais divergentes em cada grupo foram as PI181544 e PI417360 que, entretanto, mostraram teor normal de óleo e proteína. Nos grupos, destacaram a cultivar Suprema para teor de óleo e BARC-8 para teor de proteína, que apresentaram altos valores fenotípicos e relativa diversidade em relação à maioria. Observou-se uma relação direta entre as estimativas de

diversidade e variância genética (0,73), indicando o poder preditivo dos marcadores moleculares para a seleção de progenitores mais contrastantes. Nos grupos, foi avaliada a associação dos marcadores microssatélites com a variação nos conteúdos de óleo e proteína por análise de variância. A análise de marcadores microssatélites, localizados em regiões onde as características foram anteriormente mapeadas em outros backgrounds genéticos, permitiu a seleção de três marcadores que foram associados às características nos diferentes ambientes. Os SSR Satt239, Satt384 e Satt562 tiveram associação significativa com as duas características em todos os ambientes, marcadores que poderão ser eficazes para a seleção assistida por marcadores moleculares neste background genético. Outra proposta do presente trabalho foi obter um mapa genético para o feijoeiro comum que será útil para o desenvolvimento de um novo mapa genético de referência. Para isto, 281 marcadores microssatélites foram amplificados em amostras de DNA de 92 progênies F_5 derivadas do cruzamento entre as cultivares Stampede x Red Hawk e 270 mostraram-se ligados. Pela análise de 10.798 marcadores SNP, utilizando a plataforma Illumina Infinium, 7.181 foram polimórficos e 6.502 foram mapeados em 11 grupos de ligação (GL). Os 11 GL envolveram 6.772 marcadores moleculares, 6.502 SNP e 270 SSR, cobrindo a extensão de 1.146,51 cM. A distância média entre os marcadores moleculares neste mapa foi de 1,32 cM.

ABSTRACT

RODRIGUES, Josiane Isabela da Silva, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2012. **Biometrics and molecular analyses to improve soybean oil and protein contents and common bean genetic mapping.** Adviser: Maurilio Alves Moreira. Co-advisers: Cosme Damião Cruz and Everaldo Gonçalves de Barros.

The objectives of this work were: i) identify more stable and divergent genotypes aiming to improve oil and protein content, ii) determine the relationship between diversity and genetic variance estimates, and iii) selecting microsatellite markers associated with oil and protein content in order to implement marker assisted selection in the breeding program. For that, 49 soybean genotypes were cultivated in Viçosa, MG (12/2009), Rio Branco, MG (02/2010) and São Gotardo, MG (02/2010, 10/2011) using a randomized complete block design with three replications. Their oil and protein contents were determined by infrared spectroscopy. Statistical analysis of phenotypic data demonstrated that the effects of genotype, environment and genotype x environment interaction were significant for both traits ($P<0.01$). The genotype x environment interaction was predominantly complex. The cultivars Suprema, CD01RR8384 and A7002 for oil content and BARC-8, BR8014887 and CS3032PTA276-3-4 for protein content had higher means, adaptability and greater stability with environment variation. To evaluate the genetic diversity and its relationship with the genetic variance, two groups of genotypes with a large variation for the traits were genotyped with microsatellite markers located close to QTL for oil and protein content. Higher genetic distances were seen between PIs and cultivars and the most divergent genotypes were PI181544 and PI417360 in group I and II, which however showed normal oil and protein content. In the groups the cultivars Suprema for oil content and BARC-8 for protein content showed high diversity to most genotypes and high phenotypic means. A direct relationship was seen in estimates of diversity and genetic variance (0.73), indicating the predictive power of molecular markers for the selection of more contrasting parents. In the same groups was evaluated the association of microsatellite markers with oil and protein contents variation by analysis of variance ($P<0.05$). The analysis of microsatellite markers located on regions where the traits have previously been mapped, in other genetic

backgrounds, allowed the selection of three molecular markers associated with the traits under different environmental conditions. The SSR Satt239, Satt384 and Satt562 were significantly associated with both traits in all environments, markers which may be effective for marker-assisted selection in that genetic background. Another proposed objective of this work was to obtain a genetic map for common bean that will be useful for developing a new reference genetic map for the specie. For that, 281 microsatellites markers (SSR) were amplified with DNA samples of 92 F_5 progenies derived from the cross Red Hawk x Stampede and 270 showed to be linked. By Illumina Infinium analysis, a total of 7181 SNP markers were polymorphic in F_5 progenies and 6502 were mapped on 11 linkage groups (GL). Eleven LG were mapped with 6772 markers, 6502 SNP and 270 SSR, covering 1146.51 cM. The mean distance between molecular markers on this map was 1.32 cM.

1. INTRODUÇÃO

Cultivares de soja apresentam, em média, 20% de óleo e 40% de proteína e os valores de herdabilidade dos percentuais são razoavelmente elevados (SEDIYAMA et al., 1999). No entanto, frequentemente, o percentual de proteína é negativamente correlacionado com a produtividade, relação que dificulta ganhos genéticos adicionais no teor de proteína. Existe também uma relação genética inversa entre os teores de óleo e proteína (WILCOX e GUODONG, 1997), que dificulta o aumento simultâneo nestes percentuais.

Outra dificuldade encontrada no melhoramento genético da soja para teor de óleo e proteína é a influência ambiental, que prejudica a seleção. Por serem caracteres quantitativos, é esperado que a interação genótipo x ambiente influencie os valores fenotípicos. Portanto, é vantajoso que os genótipos tenham maior estabilidade na expressão fenotípica e sejam adaptados a uma ampla faixa de ambientes, já que a composição das sementes pode variar com as condições ambientais.

Além destes fatores que devem ser considerados no melhoramento, a existência de variabilidade genética nas populações base é essencial para o progresso genético. É esperada uma maior variabilidade genética e ganhos com a seleção quando os progenitores são geneticamente divergentes e têm altos valores de média para o caráter a ser selecionado (CRUZ et al., 2011).

Atualmente os marcadores moleculares são as metodologias mais comuns para avaliar a diversidade genética. Expressas em medidas de dissimilaridade, as estimativas de distância genética representam a diversidade existente no conjunto de cultivares (CRUZ et al., 2008). Estimativas de diversidade podem contribuir muito para o melhoramento genético de espécies cultivadas como a soja que apresenta base genética estreita.

Outra estratégia que pode auxiliar na obtenção de cultivares com teores mais elevados de óleo ou proteína é a seleção, com o auxílio de marcadores moleculares, de QTL relacionados com o aumento destes componentes. A eficiência da seleção depende da contribuição de cada QTL para o fenótipo. Como os conteúdos de óleo e proteína dependem de vários locos e são influenciados pelo ambiente, a seleção com marcadores moleculares é

importante, pois permite identificar combinações alélicas favoráveis (PANTHEE et al., 2005).

Vários QTL relacionados com aumento nos teores de óleo e proteína foram mapeados em soja e estão relatados na literatura (HYTEN, et al., 2004; REINPRECHT et al., 2006; CHEN et al., 2007; LI et al. 2007; SOARES et al., 2008; PIOVESAN, 2008). No entanto, para que haja uma maior eficiência, a seleção assistida com base nestas regiões deve ser precedida pela confirmação dos efeitos de cada QTL.

Para o feijoeiro comum, diversos marcadores moleculares foram identificados e vários mapas genéticos foram construídos. Inicialmente, os mapas de ligação tinham um número reduzido de marcadores bioquímicos e os primeiros mapas genéticos com marcadores de DNA foram baseados em RFLP (BASSETT, 1991; VALLEJOS e CHASE, 1991; VALLEJOS et al., 1992; NODARI et al., 1993; ADAM-BLONDON et al., 1994; FREYRE et al., 1998). Em seguida, marcadores microssatélites foram mapeados permitindo a integração dos mapas iniciais (BLAIR et al. 2003; BLAIR et al., 2008; GRISI et al., 2007; HANAI et al., 2010; CORDOBA et al. 2010a,b). Mais recentemente, polimorfismos de base única e novos marcadores microssatélites foram desenvolvidos para o feijoeiro comum e o mapeamento dos marcadores moleculares provavelmente irá localizá-los em regiões de intervalo dos mapas anteriores e contribuirá para saturar estas regiões.

2. OBJETIVOS

O presente trabalho teve como objetivos:

(1) Avaliar os conteúdos de óleo e proteína de 49 genótipos de soja cultivados em diferentes épocas e localidades do estado de Minas Gerais visando identificar progenitores mais estáveis e com alto teor de óleo e proteína;

(2) Avaliar a diversidade genética por meio de marcadores microssatélites localizados próximo a QTL para teores de óleo e proteína e sua relação com a variância genética;

(3) Selecionar marcadores microssatélites associados à variação nos teores de óleo e proteína por análise de variância nos diferentes ambientes;

(4) Obter um mapa genético para o feijoeiro comum visando o desenvolvimento de um novo mapa genético de referência.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. Percentuais de óleo e proteína em soja

O valor econômico da soja depende dos percentuais de óleo e proteína nos grãos. Para o percentual de proteína, o farelo destinado à exportação é classificado nas categorias HyPro (>48%), Normal (46%) e LowPro (<43,5%) e para atingir as classificações Normal e HyPro, a soja deve conter níveis de proteína com base na matéria seca acima de 41,5 e 43%, respectivamente (MORAES et al., 2006).

Em média, as cultivares apresentam em base seca 40% de proteína, 21% de lipídios, 5% de cinzas e 34% de carboidratos (SEDIYAMA et al., 1999). Em valores absolutos, as cultivares contém de 30 a 45% de proteínas e de 15 a 25% de óleo e estes teores variam com as condições climáticas, localização geográfica, tipo de solo e práticas agronômicas (SOUZA et al., 2009).

Vários autores relatam haver uma relação negativa entre os percentuais de óleo e proteína. COBER et al. (2000), PHANTEE et al. (2005) e PIOVESAN (2008) observaram coeficientes de correlação entre os caracteres que variaram de -0,27 a -0,86. Outros autores verificaram coeficientes de correlação positivos entre o teor de óleo e a produtividade (NETO et al., 2001; MIRANDA, 2006; FINOTO, 2008), mas negativos entre a produtividade e o teor de proteína (ORF et al., 1999, MIRANDA, 2006; FINOTO, 2008).

STEEL e TORRIE (1980) definem a correlação como uma medida de intensidade de associação entre as variáveis ou uma medida do grau de variação conjunta de duas variáveis. E conhecer essa relação entre os caracteres é necessário em programas de melhoramento principalmente quando a característica de interesse tem baixo valor de herdabilidade.

A herdabilidade é um parâmetro genético relevante para o trabalho do melhorista, pois fornece a proporção da variância genética presente na variância fenotípica e dessa forma mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (RAMALHO et al., 1993). Para os teores de óleo e proteína em soja têm sido observados valores de herdabilidade que variam de médios a elevados.

Para o percentual de proteína, ERICKSON et al. (1981) verificaram estimativas de herdabilidade restrita de 27% e ampla de 78% avaliando 100

famílias F_3 e igual valor de herdabilidade ampla para o teor de proteína foi observado por NAOE et al. (2006) em uma população de retrocruzamento.

SOARES et al. (2008) também verificaram um valor próximo de herdabilidade ampla (73,16%) para o teor de proteína em uma população de RIL avaliada em dois locais.

MIRANDA (2006) observou um valor menor de herdabilidade ampla (62,36%) para o teor de proteína em 207 famílias F_3. Para o percentual de óleo, a herdabilidade ampla nas famílias foi estimada em 71,5%.

CSANÁDI et al. (2001) verificaram herdabilidade ampla para o teor de óleo de 59,2% em RIL avaliadas em 5 locais. CHUNG et al. (2003) observaram valores mais elevados de herdabilidade ampla, de 84% e 89% para os percentuais de óleo e proteína, respectivamente.

DUDLEY e MOLL (1969) explicam que os valores de herdabilidade para uma característica variam, pois as estimativas são específicas para as condições experimentais nas quais os genótipos foram estudados.

Muitas vezes os percentuais de óleo e proteína de um genótipo sofrem variações quando o mesmo é cultivado em outra região, devido à influência ambiental sobre as características e aos efeitos da interação genótipo x ambiente (G x A) que constitui um dos maiores problemas na fase de seleção e recomendação de cultivares.

COCKERHAM (1963) explica que o aparecimento da interação G x A é devido a respostas diferenciais de um mesmo conjunto gênico em ambientes distintos. E CRUZ e CARNEIRO (2003) definem a adaptabilidade como a capacidade de os genótipos aproveitarem vantajosamente o estímulo do ambiente, enquanto a estabilidade é a capacidade de os genótipos mostrarem um comportamento previsível mesmo com as variações ambientais.

RAMALHO et al. (1993) citam que a interação G x A pode ser reduzida pelo uso de cultivares específicas para cada ambiente ou pela utilização de cultivares com adaptabilidade ampla e estabilidade.

Segundo BUENO et al. (2001), a avaliação de cultivares por meio de análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica considera a interação G x A e dá uma melhor interpretação dos resultados experimentais do que quando se despreza a interação G x A.

VENCOVSKY e BARRIGA (1992) relatam que não basta apenas detectar a presença de interações G x A, devendo-se também considerar a sua natureza. A interação G x A pode ser simples, quando não causa mudanças na classificação dos genótipos entre os ambientes, ou complexa se altera a classificação dos genótipos entre os ambientes. A interação simples indica a presença de genótipos adaptados a uma ampla faixa de ambientes e neste caso a recomendação de cultivares pode ser feita de forma generalizada. Já a interação complexa indica a presença de material adaptado a ambientes particulares, tornando a recomendação restrita a ambientes específicos (RAMALHO et al., 1993).

A interação genótipo x ambiente ou resposta diferencial dos genótipos às mudanças dos ambientes tem sido estudada em soja avaliando-se interações genótipos x locais, genótipos x anos, genótipos x locais x anos e genótipos x épocas de semeadura (FARIA et al., 2007).

Apesar de verificar a existência de interação G x A, tais estudos não proporcionam informações pormenorizadas do comportamento de genótipos frente às variações ambientais. Para isto, realizam-se análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais se torna possível a identificação de cultivares com comportamento previsível e que sejam responsivas às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

CARRÃO-PANIZZI (1998) observou que variedades de soja cultivadas em Brasília (DF), Balsas (MA) e Londrina (PR) apresentaram diferentes teores de óleo e proteína nestes locais, sendo observado em Balsas (MA) teores mais elevados para os dois componentes.

Acredita-se que temperaturas de 25°C a 28°C favoreçam o aumento no percentual de óleo, porém temperaturas muito elevadas causam diminuição na concentração. O teor de proteína, por sua vez, parece aumentar linearmente com a temperatura, mesmo em temperaturas maiores que 28°C (DORNBOS e MULLEN, 1992; GIBSON e MULLEN, 1996).

De acordo com SEDIYAMA et al. (1993), um alto teor de óleo associa-se à floração e a maturação precoces. Estes autores citam que em experimentos em casa de vegetação, nas temperaturas de 21ºC, 25ºC e 29ºC, durante o estádio de enchimento de vagens, obteve-se soja com 19,5%, 20,8% e 23,2%

de óleo respectivamente, indicando que temperaturas mais elevadas favoreceram um maior teor de óleo nas sementes.

NASCIMENTO et al. (2010) também observaram diferenças nos percentuais de óleo e proteína em 15 variedades de soja, que foram cultivadas em Viçosa, MG, Frutal, MG e Pindorama, SP em diferentes épocas e tipos de solos, e efeitos significativos de ambiente e da interação genótipo x ambiente. A presença de interação G x A significativa indica que os genótipos são influenciados diferencialmente pelos ambientes, o que torna difícil a recomendação de cultivares e requer o uso de técnicas de análise de adaptabilidade e estabilidade.

MARQUEZ et al. (2011) avaliaram sete cultivares de soja em três épocas de semeadura em Uberlândia, MG e observaram pela análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica algumas cultivares com adaptabilidade geral alta para o teor de óleo, enquanto para o teor de proteína todas as cultivares mostraram ampla adaptabilidade e baixa estabilidade.

3.2. Diversidade genética

A importância de estudos de diversidade genética para o melhoramento reside no fato de que cruzamentos envolvendo progenitores geneticamente divergentes são mais prováveis em produzir maior variabilidade genética nas populações e maior efeito heterótico (RAO et al., 1981).

CRUZ et al. (2011) citam que dois progenitores geneticamente próximos tendem a compartilhar alelos em comum, havendo no cruzamento pouca complementaridade e baixo vigor, em razão do baixo nível de heterozigose alélica no cruzamento.

Diferentes autores consideram as cultivares atuais de soja relativamente uniformes e citam que poucos acessos contribuíram com a maioria dos alelos das atuais cultivares, existindo uma diversidade genética limitada no germoplasma elite de soja (MULATO, 2009).

Na análise de pedigrees de 258 cultivares de soja liberadas entre 1947 e 1988 nos EUA, GIZLICE et al. (1994) determinaram que 35 ancestrais contribuíram com >95% dos alelos e dentre eles 5 genótipos contribuíram com >55% do background genético das cultivares, sendo também verificado um aumento no coeficiente de parentesco quando as cultivares das regiões Norte e

Sul foram analisadas separadamente, havendo portanto maior restrição na base genética dentro das regiões. E resultados similares foram obtidos por SNELLER et al. (1997) em cultivares do Norte e do Sul dos EUA.

HIROMOTO e VELLO (1986) relataram que 74 cultivares recomendadas no Brasil entre 1983 e 1984 descendiam de 26 ancestrais, sendo que 11 representavam coletivamente 89% do pool gênico e 6 eram também frequentes em pedigrees de cultivares dos EUA.

VELLO et al. (1988) calcularam o coeficiente de parentesco de cada par de combinação entre 69 cultivares de soja e relataram um valor médio de 0,16. BONATO (2000), em um estudo similar com 100 cultivares de soja liberadas a partir do ano de 1984, obtiveram um valor médio de parentesco de 0,21.

Avaliando 457 cultivares de soja, MIRANDA (2005) relataram um valor médio de parentesco de 0,178. MIRANDA et al. (2007) verificaram um valor maior de coeficiente de parentesco em 90 cultivares de soja adaptadas a diferentes ambientes brasileiros, que teve média e desvio padrão de 0,2124 ± 0,1276. Os valores de coeficiente de parentesco foram considerados elevados pelos autores, que recomendaram o uso de genótipos com baixos coeficientes para um aumento na diversidade.

O coeficiente de parentesco de Malécot (KEMPTHORNE, 1957) mede indiretamente a diversidade. Esse coeficiente expressa a probabilidade de dois indivíduos em um loco tomado ao acaso apresentarem um alelo idêntico por ascendência, havendo a necessidade de se conhecer as genealogias, isto é, o número de ancestrais dos genótipos e suas respectivas contribuições (FALCONER e MACKAY, 1996).

No entanto, as informações de genealogia nem sempre são disponíveis ou detalhadas o suficiente, especialmente quando se avalia elevado número de cultivares. Quando não existem informações detalhadas de genealogia, os marcadores de DNA são métodos alternativos para avaliar a diversidade. Devido à influência ambiental sobre as características agronômicas e a informações incompletas de genealogia ou origem dos acessos, os marcadores moleculares de DNA têm sido utilizados para estudos de diversidade genética, havendo diversas metodologias com vantagens e limitações específicas (MULATO, 2009).

Em soja, os marcadores microssatélites (SSR) têm sido a metodologia mais utilizada para estimar a diversidade genética devido a vários fatores, tais como abundância, alto nível de polimorfismo, multialelismo e herança codominante. Além disso, houve melhorias na técnica pelo uso de primers marcados com fluorescência que permitiram uma fácil identificação de alelos simultaneamente em diferentes locos, aumentando-se também a acurácia (PARRA, 2011).

No germoplasma de soja brasileiro, ABDELNOOR et al. (1995) utilizaram marcadores RAPD para avaliar 38 cultivares e obtiveram estimativas de distância genética que variaram entre 0 e 0,31 e tiveram média de 0,17.

PRIOLLI et al. (2002) avaliando a diversidade genética em 186 cultivares de soja por meio de 12 SSR observaram um alto nível de polimorfismo, de em média 5,3 alelos por loco, e obtiveram um valor médio de diversidade genética de 0,64 $\pm$ 0,12. Os locos SSR distinguiram grupos morfologicamente similares e permitiram determinar 184 perfis para as 186 cultivares, uma alternativa viável para os autores para fornecer informações de genealogia de cultivares de soja.

PRIOLLI et al. (2004) utilizaram os 12 SSR para avaliar os efeitos do melhoramento genético sobre a diversidade genética comparando seis programas de melhoramento e períodos de liberação de cultivares, verificando diferenças significativas apenas entre os programas de melhoramento. Os autores concluíram que o germoplasma de soja utilizado nos programas avaliados manteve nível constante de diversidade genética nas três décadas anteriores, além de haver uma relativa heterogeneidade em determinados programas.

BONATO et al. (2006), por meio da técnica AFLP, avaliaram 317 cultivares de soja liberadas no período entre 1962 e 1998 e observaram coeficientes de similaridade genética que variaram de 0,17 a 0,97 e tiveram média de 0,61, com 56,8% dos coeficientes acima de 0,60 e 9,7% deles iguais ou menores que 0,50. Pela análise da genealogia de 100 cultivares, os coeficientes de parentesco observados variaram de 0 a 1 e tiveram média de 0,21, no entanto não houve correlação entre as estimativas de parentesco e similaridade genética pela análise AFLP.

VIEIRA et al. (2009) avaliaram 23 cultivares de soja por marcadores microssatélites e observaram uma média 2,34 alelos por loco e valores de

conteúdo de informação polimórfica que variaram entre 0,16 e 0,66. A distância genética estimada pelos marcadores variou de 0,02 a 0,73 e teve média de 0,47.

PRIOLLI et al. (2010) avaliaram 168 cultivares de soja utilizando 18 SSR e informações de genealogia das cultivares. Por marcadores SSR, os autores verificaram coeficientes de similaridade genética entre 0,01 e 0,9 e valor médio de similaridade de 0,25. Também foi observada uma correlação baixa mas significativa entre as estimativas de similaridade e parentesco ($r=0,31$, $p<0,001$).

LI et al. (2010) avaliaram genótipos ancestrais (*Glycine soja*) e cultivares de soja (*Glycine max*) com 99 SSR e 554 SNP, verificando média de 21,5 alelos por loco e uma diversidade genética média de 0,77. Os SSR indicaram que a espécie *Glycine soja* tem maior diversidade que *Glycine max*, enquanto os SNP indicaram uma pequena diferença de diversidade entre as espécies, mas os dois marcadores mostraram uma divisão clara entre genótipos ancestrais e cultivados.

3.3. Mapeamento de QTL para os teores de óleo e proteína

Vários marcadores de DNA, entre eles polimorfismos de comprimento de fragmentos de restrição (RFLP), seqüências repetidas simples (SSR) e polimorfismos de nucleotídeos simples (SNP) foram integrados ao mapa de ligação da soja, que tem sido utilizado para o mapeamento de locos de características quantitativas visando à seleção por marcadores moleculares de características de interesse em soja (VOUNG et al., 2007).

Em plantas, o primeiro relato de polimorfismo e herdabilidade de marcadores microssatélites foi em soja (AKKAYA et al., 1992). Logo depois, 606 marcadores SSR foram desenvolvidos e mapeados em três populações de mapeamento, sendo construída a primeira versão do mapa genético de ligação da soja (CREGAN et al., 1999).

Alguns anos depois, foi publicada a segunda versão do mapa genético, que foi baseado em cinco populações distintas de mapeamento e conteve um total de 1015 locos SSR (SONG et al., 2004). Mais adiante, foi descoberto que os SNP eram a forma mais abundante de polimorfismo em soja (HYTEN et al., 2006; ZHU et al., 2003). Uma plataforma de genotipagem GoldenGate foi então

projetada para a detecção em escala dos SNP descobertos em soja (HYTEN et al., 2008).

Na terceira versão do mapa genético, 1141 marcadores SNP foram adicionados ao mapa (CHOI et al., 2007). E recentemente, HYTEN et al. (2010) obtiveram a quarta versão do mapa genético da espécie, onde foram adicionados mais 2500 novos SNP. Neste estudo, 1536 marcadores SNP foram selecionados para a construção rápida de mapas genéticos para o mapeamento em escala de QTL em soja.

DIERS et al. (1992) publicaram o primeiro estudo onde foram mapeados QTL para os percentuais de óleo e proteína, por análise de variância em uma população de 60 famílias F_3 de soja. Pela análise de 252 marcadores RFLP, os autores localizaram duas regiões nos grupos de ligação (GL) I e E que determinavam maior teor de proteína e menor teor de óleo.

Em uma população de soja relacionada, que foi avaliada para o teor de proteína em 2 locais e em 2 anos consecutivos, SEBOLT et al. (2000) confirmaram apenas o QTL no GL I relatado por DIERS et al. (1992). Neste GL, o marcador Satt127 foi associado com aumento de proteína e redução de óleo e os valores de R^2 do marcador para o teor de proteína foram de 0,8 e 0,41 em cada ano de avaliação.

CSANÁDI et al. (2001), a partir de um mapa com 113 SSR, 6 RAPD e 1 RFLP, identificaram 4 marcadores associados ao teor de proteína (Satt77, Sct_028, Satt567 e Satt196) e 3 marcadores para o teor de óleo (Satt020, Satt196 e Satt562) em cinco ambientes onde foram cultivadas 82 RIL. Juntos, os marcadores explicaram 23% e 15% da variação nos teores de proteína e óleo, respectivamente.

No intervalo entre os SSR Satt239 e Satt496, próximo a região do GL I relatada por SEBOLT, outro QTL para o teor de proteína foi mapeado por CHUNG et al. (2003), que observaram valores de efeito aditivo para o QTL de +1 e -0,6 para os teores de proteína e óleo, respectivamente.

Outro estudo direcionado para o GL I foi realizado por NICHOLS et al. (2006) utilizando grupos de populações RC_4F_3, RC_3 e RC_5, que permitiu definir a posição do QTL para teor de proteína e óleo no GL I. Pela análise de mais marcadores na região do GL, o QTL foi localizado no intervalo de 3 cM entre o SSR Satt239 e o AFLP ACG9b.

No Brasil, pelo menos 10 QTL para os teores de óleo e proteína foram mapeados por SOARES et al. (2008), PIOVESAN (2008) e RODRIGUES et al. (2010), sendo que um deles, na região do marcador microssatélite Satt384 (LG E), pôde ser confirmado. Os valores de R^2 para a região do marcador Satt384 foram de 7,51 a 9,9%, enquanto as estimativas dos efeitos aditivos foram de 0,5425 e 1,19.

Além destes QTL que foram confirmados, vários outros foram mapeados para os percentuais de óleo e proteína em outras regiões (SEBOLT et al., 2000; CSANÁDI et al., 2001; CHUNG et al., 2003; HYTEN, et al., 2004; PANTHEE et al., 2005; NICHOLS et al., 2006; REINPRECHT et al., 2006; CHEN et al., 2007; LI et al., 2007), embora poucos tenham sido validados nas diferentes populações.

3.4. Mapeamento genético do feijoeiro comum

Os primeiros mapas genéticos do feijoeiro comum foram baseados em características morfológicas, isozimas e proteínas da semente (BASSETT, 1991; VALLEJOS e CHASE 1991).

O primeiro mapa predominantemente baseado em marcadores de DNA conteve 224 marcadores RFLP e evidenciou o tamanho relativamente pequeno do genoma (960 cM, 11 GL) (VALLEJOS et al., 1992). Um segundo mapa baseado em 152 marcadores RFLP (827 cM, 15 GL) foi desenvolvido por NODARI et al. (1993a). Logo depois, um terceiro mapa baseado em 51 RFLP e 100 RAPD foi construído por ADAM-BLONDON et al. (1994) (567,5 cM, 11GL).

No sentido de alinhar os mapas anteriores, um mapa núcleo foi estabelecido por FREYRE et al. (1998) a partir de uma população de RIL proveniente de BAT93 x JALOEEP558, que conteve 563 marcadores, incluindo 120 RFLP, 430 RAPD, além de isozimas e marcadores fenotípicos (1.226 cM). Marcadores comuns permitiram alinhar os grupos de ligação destes mapas.

O alinhamento dos mapas permitiu a localização aproximada de mais de mil marcadores: 489 RAPD do mapa núcleo; 190 RFLP do mapa da Universidade da Califórnia (NODARI et al., 1993a; NODARI et al., 1993b); 240 marcadores do mapa da Universidade da Flórida (VALLEJOS et al., 1992) e 160 marcadores do mapa da Universidade de Paris-Orsay (ADAM-BLONDON

et al., 2004), tornando o mapa de FREYRE et al. (1998) o mapa genético de referência da espécie.

Pela primeira vez, YU et al. (2000) mapearam no feijoeiro comum 15 SSR, que foram adicionados ao mapa de referência em 7 GL.

Pouco tempo depois, BLAIR et al. (2003) criaram o primeiro mapa inteiramente baseado em SSR. Neste mapa foram mapeados 78 SSR (GAITÁN-SOLÍS et al. 2002; YU et al., 1999; YU et al., 2000) em uma população de RIL proveniente de DOR364 x G19833. Outros 22 SSR foram mapeados na população de RIL derivada de BAT93 x JALOEEP558. O alinhamento com os mapas de RFLP obtidos por FREYRE et al. (1998) e VALLEJOS et al. (1992) produziu um mapa de 1.720 cM, que teve uma distância média entre locos SSR de 19,5 cM. Outros 45 SSR foram em seguida adicionados ao mapa genético da população DOR364 x G19833 por BLAIR et al. (2008).

Outros 96 SSR foram mapeados na população BAT93 x JALOEEP558 por GRISI et al. (2007) e integrados ao mapa de referência junto a outros 10 SSR mapeados por BLAIR et al. (2003). O mapa integrado conteve 199 marcadores, 13 GL e 1.358 cM (GRISI et al., 2007).

Recentemente, CORDOBA et al. (2010a) integraram seqüências BAC da espécie a um mapa genético baseado em SSR, um passo inicial para a clonagem posicional de genes. Repetições microssatélite foram identificadas em 89.017 seqüências terminais BAC e 99 SSR foram integrados ao mapa obtido por BLAIR et al. (2008), resultando em um mapa de ligação com 1.397 cM e 215 SSR, 116 SSR previamente mapeados por BLAIR et al. (2003; 2008).

Outros 75 SSR foram desenvolvidos por CORDOBA et al. (2010b) e integrados ao mapa genético. O novo mapa combinou 114 SSR mapeados por BLAIR et al. (2003; 2008), 91 SSR mapeados por CORDOBA et al. (2010a) e 75 SSR recém desenvolvidos, cobrindo 1.575 cM.

No mesmo ano, 270 marcadores moleculares (50 EST-SSR; 32 RGA e 203 AFLP) foram combinados aos dados de 143 locos mapeados por FREYRE et al. (1998), que resultou em um mapa genético de 1.259 cM, 413 marcadores e 11 GL (HANAI et al., 2010).

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDELNOOR, R.V.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Determination of genetic diversity within Brazilian soybean germoplams using random amplified polymorphic DNA techniques and comparative analysis with pedigree data. **Revista Brasileira de Genética**, v.18, n.2, p.265-273, 1995.

ADAM-BLONDON, A.F.; SEVIGNAC, M.; DRON, M. A genetic map of common bean to localize specific resistance genes against anthracnose. **Genome**, v.37, p.915-924, 1994.

AKKAYA, M.S., BHAGWAT, A.A.; CREGAN, P.B. Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in soybean. **Genetics**, v.132, p.1131–1139, 1992.

BASSETT, M.J. A revised linkage map of common bean. **Hortscience**, v.26, p.834-836, 1991.

BLAIR, M.W.; BUENDÍA, H.F.; GIRALDO, M.C.; MÉTAIS, I.; PELTIER, D. Characterization of AT-rich microsatellites in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) **Theoretical and Applied Genetics**, v.118, p.91–103, 2008.

BLAIR, M.W.; PEDRAZA, F.; BUENDIA, H.F.; GAITÁN-SOLÍS, E.; BEEBE, S.E. Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.107, p.1362–1374, 2003.

BONATO, A.L.V. **Avaliação da diversidade genética entre cultivares brasileiras de soja, através de marcadores AFLP**. Piracicaba, SP: ESALQ, 2000. 89p. Dissertação (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - Universidade de São Paulo, 2000.

BONATO, A.L.V.; CALVO, E.S.; GERALDI, I.O.; ARIAS, C.A.A. Genetic similarity among soybean (Glycine max (L) Merrill) cultivars released in Brazil, using AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**, v.29, p.692-704, 2006.

BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2001. 282p.

CARRÃO-PANIZZI, M.C. Caracterização química, física, tecnológica e sensorial de cultivares de soja provenientes das diferentes regiões produtoras do Brasil. In: EMBRAPA, Centro Nacional de Pesquisa de Soja. **Resultados de Pesquisa da Embrapa Soja**. Londrina: EMBRAPA – CNPSo, 1998. p.237-242.

CHEN, O.; ZHANG, Z.; LIU, C.; XIN, D.; QIU, H.; SHAN, D.; SHAN, C.; HU, G. QTL analysis of major agronomic traits in soybean**. Agricultural Sciences in China**, v.6, n.4, p. 399-405, 2007.

CHOI, I-Y.; HYTEN, D.L.; MATUKUMALLI, L.K.; SONG, Q.; CHAKY, J.M.; QUIGLEY, C.V.; CHASE, K.; LARK, K.G.; REITER, R.S.; YOON, M-S. A soybean transcript map: gene distribution, haplotype and single-nucleotide polymorphism analysis. **Genetics**, v.176, n.1, p.685-696, 2007.

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

COBER, E.R.; VOLDENG, H.D. Developing High-Protein, High-Yield Soybean Populations and Lines. **Crop Science**, v.40, p.39-42, 2000.

COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances, In: COCKERHAM, C.C. (Eds) **Statistical Genetics and Plant Breeding.** Washington: Natl. Acad. Sci. Natl., 1963. p.53- 94.

CÓRDOBA, J.M., CHAVARRO, C., SCHLUETER, J.A., JACKSON, S.A., BLAIR, M.W. Integration of physical and genetic maps of common bean through BAC-derived microsatellite markers. **BMC Genomics**, v.11, p.436-446, 2010a.

CÓRDOBA, J.M.; CHAVARRO, C.; ROJAS, F.; MUÑOZ, C.; BLAIR, M.W. Identification and Mapping of Simple Sequence Repeat Markers from Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) - Bacterial Artificial Chromosome and Sequences for Genome Characterization and Genetic-Physical Map Integration. **The plant Genome**, v.3, n.3, p.154-165, 2010b.

CREGAN, P.B.; JARVIKB, T.; BUSHC, A.L.; SHOEMAKERC, R.C.; LARKB, K.G.; KAHLERD, A.L.; KAYAE, N.; VANTOAIF, T.T.; LOHNESG, D.G.; CHUNGH, J.; SPECHT, J.E. An Integrated Genetic Linkage Map of the Soybean Genome. **Crop Science**, v.39, p.1464-1490, 1999.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Diversidade Genética**. Viçosa: Editora UFV, 2008. 278p.

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

CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. **Biometria Amplicada ao estudo da Diversidade Genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620p.

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

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

DORNBOS, D.L.J.; MULLEN, R.E. Soybean seed protein and oil contents and fatty acid composition adjustments by drought and temperature. **JAOCS**, v.69, p.228-231, 1992.

DUDLEY, J.M.; MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetics variances in plant breeding. **Crop Science**, v.9, n.3, p.257-262, 1969.

ERICKSON, L.R.; VOLDENG, H.D.; BEVERSDORF, W.D. Early generation selection for protein in *Glycine max* x *Glycine soja* crosses. **Canadian Journal of Plant Science**, v.61, p.901-908, 1981.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4th ed. London: Longman, 1996. 464p.

FARIA, A.P.; FONSECA, J.R.; DESTRO, D.; FARIA, R. T. Genetic gain in soybean crop. **Ciências Agrárias**, v.28, n.1, p.71-78, 2007.

FINOTO, E.L. **Variabilidade fenotípica dos teores de óleo e proteína de cultivares de soja em diferentes ambientes**. Viçosa, MG: UFV, 2008. 116p. Dissertação (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2008.

FREYRE, R.; SKROCH, P.W.; GEFFROY, V.; ADAM-BLODON, A.F.; SHIRMOHAMADALI, A.; JOHNSON, W.C.; LACA, V.; NODARI, R.O.; PEREIRA, P.A.; TSAI, S.M.; TOHME, J.; DRON, M.; NIENHUIS, J.; VALLEJOS, C.E.; GEPTS, P. Towards an integrated linkage map of common bean. 4. Development of a core linkage map and alignment of RFLP maps. **Theoretical Applied Genetics**, v.97, p.847-856, 1998.

GAITÁN-SOLÍS, E.; DUQUE, M.C.; EDWARDS, K.J.; TOHME, J. Microsatellite repeats in common bean: isolation, characterization, and cross-species amplification in *Phaseolus ssp*. **Crop Science**, v.42, p.2128-2136, 2002.

GIBSON, L.R.; MULLEN, R.E. Soybean composition under high day and night growth temperatures. **JAOCS**, v.73, p.733-737, 1996.

GIZLICE, Z.; CARTER JUNIOR, T.E.; BURTON, J.W. Genetic diversity in North American soybean. II. Prediction of heterosis in F_2 populations of southern founding stock using genetic similarity measures. **Crop Science**, v.33, p.620-626, 1993.

GRISI, M.C.M.; BLAIR, M.W.; GEPTS, P.; BRONDANI, C.; PEREIRA, P.A.A.; BRONDANI, R.P.V. Genetic Mapping of a new set of microsatellite markers in a reference common bean population BAT93 x Jalo EEP558. **Genetics and Molecular Research**, v.6, n.3, p.691-706, 2007.

HANAI, L.R.; SANTINI, L.; CAMARGO, L.E.A.; FUNGARO, M.H.P.; GEPTS, P.; TSAI, S.M.; VIEIRA, M.L.C. Extension of the core map of common bean with EST-SSR, RGA, AFLP, and putative functional markers. **Molecular Breeding**, v.25, p.25-45, 2010.

HIROMOTO, D.M.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean *Glycine max* (L.) Merril) cultivars. **Brazilian Journal of Genetics**, v.9, n.2, p.295- 306, 1986.

HYTEN, D.L.; CHOI, I-Y.; SONG, Q.; SPECHT, J.E.; CARTER, T.E.; SHOEMAKER, R.C.; HWANG, E.Y.; MATUKUMALLI, L.K.; CREGAN, P.B. A high density integrated genetic linkage map of soybean and the development of a 1536 Universal Soy Linkage Panel for QTL mapping. **Crop Science**, v.50, p.960-968, 2010.

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 a prominent soybean population. **Theoretical and Applied Genetics**, v.109, p.552–561, 2004.

HYTEN, D.L.; SONG, Q.; CHOI, I.Y.; YOON, M.S.; SPECHT, J.E.; MATUKUMALLI, L.K.; NELSON, R.L.; SHOEMAKER, R.C.; YOUNG, N.D.; CREGAN, P.B. High-throughput genotyping with the GoldenGate assay in the complex genome of soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.116, v.7, p.945-952, 2008.

HYTEN, D.L.; SONG, Q.; ZHU, Y.; YOUNG, IK.; CHOI, NELSON, R.L.; COSTA, J.M.; SPECHT, J.E.; SHOEMAKER, R.C.; CREGAN, P.B. **PNAS**, v.103, n.45, 16666-16671, 2006.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. Oxford, England: Wiley, 1957. 545p.

LI, W.; SUN, D.; DU, Y.; CHEN, Q.; ZHANG, Z.; QIU, L.; SUN, G. Quantitative trait loci underlying the development of seed composition in soybean (Glycine max L. Merr.). **Genome**, v.50, p.1067–1077, 2007.

LI, Y.; LI, W.; ZHANG, C.; YANG, L.; CHANG, R.; GAUT, B.S.; QIU, L. Genetic diversity in domesticated soybean (Glycine max) and its wild progenitor (Glycine soja) for simple sequence repeat and single-nucleotide polymorphism loci. **New Phytologist**, v.188, p. 242–253, 2010.

MARQUES, M.C.; HAMAWAKI, O.T.; SEDIYAMA, T.; BUENO, M.R.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D.; NOGUEIRA, A.P.O. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v.27, n.1, p.59-69, 2011.

MIRANDA, F.D. **Produção, conteúdo de proteína e óleo no grão da soja**:**herdabilidades, correlações e seleção de genótipos superiores**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 76p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2006.

MIRANDA, Z.F.S. **Base genética de cultivares de soja no Brasil**. Londrina, PR: UEL, 2005. 871p. Dissertação (Doutorado) - Universidade Estadual de Londrina, 2005.

MIRANDA, Z.F.S.; ARIAS, C.A.A.; PRETE, C.E.C.; KIIHL, R.A.S.; ALMEIDA, L.A.; TOLEDO, J.F.F.; DESTRO, D. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage**. Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.3, p.363-369, 2007.

MORAES, R.M.A; JOSÉ, I.C.; RAMOS, F.G.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Caracterização bioquímica de linhagens de soja com alto teor de proteína. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.5, p.725-729, 2006.

MULATO, B.M. **Diversidade genética em germoplasma de soja identificada por marcadores SSR, EST-SSR e caracteres agromorfológicos.** Piracicaba, SP: ESALQ, 2009. 87p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - Universidade de São Paulo, 2009.

NAOE, L.K.; SEDIYAMA, C.S., PIOVESAN, N.D. , LOPES, P.S.; COIMBRA, R.R.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos, considerando o parentesco em população de retrocruzamento de soja. **Revista Ciência Agroambiental**, v.1, n.1, p.21-26, 2006.

NASCIMENTO, M.; FINOTO, E.L.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Adaptability and stability of soybean in terms of oil and protein content. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.10, p.48-54, 2010.

NETO, J.T.F.; VELLO, N.A. Avaliação de progênies $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ e estimativas de parâmetros genéticos com ênfase para porcentagem de óleo e produtividade de grãos e óleo em soja. **Ciência e Agrotecnologia**, v.25, n. 4, p.812-820, 2001.

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

NODARI, R.0.; TSAI, S.M.; GUZMAN, P.; GILBERTSONT, R.L.; GEPTS, P. Toward an Integrated Linkage Map of Common Bean. III. Mapping Genetic Factors Controlling Host-Bacteria Interactions. **Genetics**, v.134, p.341-350, 1993b.

NODARI, R.O.; TSAIR, S.M.; GILBERTSO, L.; GEPTS, P. Towards an integrated linkage map of common bean II. Development of an RFLP-based linkage map. **Theoretical and Applied Genetics**, v.85, p.513-520, 1993a.

ORF, J.H.; CHASE, K.; JARVIK, T.; MANSUR, L.M.; CREGAN, P.B.; ADLER, F.R.; LARK, K.G. Genetics of soybean agronomic traits: Comparision of three related recombinant inbred populations. **Crop Science**, v.39, n.6, p.1642-1651, 1999.

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**, v.45, p.2015-2022, 2005.

PARRA, R.M.A. **Variabilidade e divergência genética em cruzamentos dialélicos de soja**. Piracicaba, SP: ESALQ, 2011. 98p. Dissertação (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - Universidade de São Paulo, 2011.

PIOVESAN, N.D. **Análises biométricas e moleculares visando o desenvolvimento de linhagens de soja com alto teor protéico e produtivas**. Viçosa, MG: UFV, 2008. 130p. Dissertação (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2008.

PRIOLLI, G.R.; MENDES-JUNIOR, T.C.; ARANTES, N.E.; CONTEL, B.E. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and molecular biology,** v.25, p.185-193, 2002.

PRIOLLI, G.R.; MENDES-JUNIOR, T.C.; SOUSA, B.S.; SOUSA, A.N.; CONTEL, B.E. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil**. Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, n.10, p.967-975, 2004.

PRIOLLI, G.R.; PINHEIRO, J.B.; ZUCCHI, M.I.; BAJAY, M.M.; VELLO, N.A. Genetic Diversity among Brazilian Soybean Cultivars Based on SSR Loci and Pedigree Data. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v.53, n.3, p.519-531, 2010.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro.** Goiânia: Editora UFG, 1993. 574p.

RAO, N.K.S.; SWAMY, R.D.; CHACO, E.K. Differenciation of plants in hybrid embryo callus of pinneaple. **Scientia Horticulturae**, v.15, p.235-238, 1981.

REINPRECHT, Y.; POYSA, V.W.; YU, K.; RAJCAN, I.; ABLETT, G.R.; PAULS, K.P. Seed and agronomic QTL in low linolenic acid, lipoxygenase free soybean germoplasm. **Genome**, v.49, p.1510-1527, 2006.

RODRIGUES, J.I.S.; MIRANDA, F.D.; BORGES, L.L.; SILVA, M.F.; GOOD-GOD, P.I.V.; PIOVESAN, N.D.; BARROS, E.G.; CRUZ, C.D.; MOREIRA, M.A. Mapeamento de QTL para o conteúdo de proteína e óleo na soja em um

germoplasma brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.5, p.472-480, 2010.

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

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M.G.; SEDIYAMA, C.S.; GOMES, J.L.L. **Cultura da soja:** Viçosa: UFV, 1993. 96p.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S. Melhoramento de soja. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p.487-534.

SNELLER, C.H.; MILES, J.W.; HOYT, J.M. Agronomic performance of soybean plant introductions and their genetic similarity to elite lines. **Crop Science**, v.37, p.1595-1600, 1997.

SOARES, T.C.B.; GOOD-GOD, P.I.V.; MIRANDA, F.D.; SOARES, Y.J.B.; SCHUSTER, I.; PIOVESAN, N.D.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. QTL mapping for protein content in soybean cultivated in two tropical enviroments. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.11, 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 soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.109, p.122-128, 2004.

SOUZA, L.C.F.; ZANON, G.D.; PEDROSO, F.F.; ANDRADE, L.H.L. Teor de proteína e de óleo nos grãos de soja em função do tratamento de sementes e aplicação de micronutrientes. **Ciência Agrotécnicas**, v.33, n.6, p.1586-1593, 2009.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. New York: McGraw-Hill, 1980. 631p.

VALLEJOS, C.E.; CHASE, C.D. Linkage between isozyme markers and a locus affecting seed size in *Phaseolus vulgaris* L. **Theoretical and Applied Genetics**, v.81, p.413–419, 1991.

VALLEJOS, C.E.; SAKIYAMA, N.S.; CHASE, C.D. A molecular marker-based linkage map of *Phaseolus vulgaris* L. **Genetics**, v.131, p.733–740, 1992.

VELLO, N.A.; HIROMOTO, D.M.; AZEVEDO FILHO, A.J.B.V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. **Revista Brasileira de Genética**, v.11, p.679-697, 1988.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

VIEIRA, E.; SCHUSTER, I.; SILVA, R.; OLIVEIRA, M. Variabilidade genética em cultivares de soja determinada com marcadores microssatélites em gel de agarose. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.11, p.1460-1466, 2009.

VUONG, T.D.; WU, X.; PATHAN, M.DS.; VALLIYODAN, B.; NGUYEN, H.T. Genomics approaches to soybean improvement. In: Varshney, R.K.; Tuberosa, R. (eds) **Genomics-Assisted Crop Improvement**, Genomics Applications in Crops, 2007. 243-279p.

WILCOX, J.R.; GUODONG, Z. Relationship between seed yield and seed protein in determinate and indeterminate soybean populations. **Crop Science**, v.37, p.361-364, 1997.

YU, K., PARK, S.J., POYSA, V. Abundance and variation of microsatellite DNA sequences in beans (Phaseolus and Vigna). **Genome**, v.42, p.27-34, 1999.

YU, K.; PARK, S.J.; POYSA, V.; GEPTS, P. Integration of simple sequence Repeat (SSR) markers into a molecular linkage Map of common bean (Phaseolus vulgaris). **The journal of Heredity**, v.91, n.6, p.429-434, 2000.

ZHU, Y.L.; SONG, Q.J.; HYTEN, D.L.; VAN-TASSELL, C.P.; MATUKUMALLI, L.K.; GRIMM, D.R.; HYATT, S.M.; FICKUS, E.W.; YOUNG, N.D.; CREGAN, P.B. Single-Nucleotide Polymorphisms in Soybean. **Genetics**, v.163, p1123–1134, 2003.

CAPÍTULO 1

TEORES DE ÓLEO E PROTEÍNA DE GENÓTIPOS DE SOJA CULTIVADOS EM DIFERENTES ÉPOCAS E REGIÕES DE MINAS GERAIS

RESUMO

A escolha de cultivares de soja para o melhoramento dos teores de óleo e proteína deve ser precedida por análises em diferentes ambientes, uma vez que o desempenho da cultivar resulta do genótipo, dos efeitos de ambiente e da interação genótipo x ambiente. O presente trabalho teve como objetivo avaliar os teores de óleo e proteína de quarenta e nove genótipos de soja cultivados em diferentes épocas e localidades do estado de Minas Gerais e selecionar progenitores mais estáveis. A análise estatística dos dados fenotípicos indicou que os efeitos de genótipo, ambiente e da interação genótipo x ambiente foram significativos a 1% de probabilidade. A cultivar BARC-8 mostrou ser o melhor progenitor para o aumento no teor protéico, seguida por BR8014887 e CS3032PTA276-3-4. Já a seleção para alto teor de óleo será mais eficiente a partir de cruzamentos envolvendo Suprema, CD01RR8384 e A7002, que apresentaram altos valores de média fenotípica, adaptabilidade ampla e maior estabilidade com a variação ambiental.

ABSTRACT

The choice of soybean cultivars to improve oil and protein content should be preceded by analyses in different environments, since the cultivar performance results from the effects of genotype, environment and genotype x environment interactions. This study aimed to analyze oil and protein contents of forty-nine soybean genotypes cultivated in different environments and locations of Minas Gerais state and select more stable parents. Statistical analysis of phenotypic data demonstrated that the effects of genotype, environment and genotype x environment interaction were significant at 1% of probability. BARC-8 proved to be the best parent to increase protein content, followed by BR8014887 and CS3032PTA276-3-4. Selection for high oil content will be more efficient from crosses involving Suprema, CD01RR8384 and A7002 that showed higher mean and greater stability to environmental variation.

1. INTRODUÇÃO

No Brasil, a soja é utilizada como matéria prima pela indústria de óleo e como fonte de proteína na produção de farelos, além de constituir 90% da matéria prima de biocombustível (FERRARI et al., 2005) e ter lugar de destaque na pauta de exportação.

O melhoramento genético de soja tem conseguido ganhos no potencial produtivo, porém tem ocorrido uma redução nos teores de proteína nas cultivares comerciais (BONATO et al., 2000). Em média, as cultivares de soja apresentam em base seca 40% de proteína, 21% de lipídios, 5% de cinzas e 34% de carboidratos (SEDIYAMA et al., 1999). Tanto o teor de óleo como o teor proteína é determinado em parte pela ação aditiva dos genes, apresentando valores de herdabilidade que variam de médios a elevados (WILCOX, 1998; MIRANDA, 2006).

Os teores de proteína são negativamente correlacionados com o rendimento de grãos, relação que dificulta ganhos adicionais no conteúdo de proteína. Com o teor de óleo a associação é positiva e possibilita ganhos simultâneos nos dois caracteres. Entretanto, existe uma relação inversa entre os conteúdos de óleo e proteína (WILCOX e GUODONG, 1997; FINOTO, 2008; BARBOSA et al., 2011). Tais associações dificultam o desenvolvimento de cultivares produtivas com aumento simultâneo nos teores de óleo e proteína.

A seleção de cultivares para altos conteúdos de óleo e proteína deve ser precedida por análises em diferentes ambientes, uma vez que o desempenho da cultivar resulta dos efeitos do genótipo, de ambiente e da interação genótipo x ambiente (G x A).

PÍPOLO (2002) relata que o teor de proteína se altera com variações no ambiente, principalmente no que se refere ao regime pluviométrico no período de enchimento dos grãos. De acordo com SEDYAMA et al. (1993), a temperatura tem menor efeito sobre o teor de proteína, que é fortemente influenciado pela disponibilidade de nitrogênio.

A temperatura tem efeito mais pronunciado no teor de óleo de acordo com RANGEL et al. (2004), que relatam que variações de temperatura 20 a 40 dias antes da maturação têm maior influência sobre o acúmulo de óleo em relação a outros períodos, afetando também em menor grau os níveis de proteína.

A resposta diferencial dos genótipos de soja às mudanças nos ambientes tem sido avaliada pela estimação dos efeitos de interações genótipos x locais, genótipos x anos, genótipos x locais x anos e genótipos x épocas de semeadura (PÍPOLO, 2002; ÁVILA et al., 2007; ALBRECHT et al., 2008; BARBOSA et al., 2011). Após estimar os efeitos da interação, o desempenho dos genótipos frente às variações ambientais deve ser avaliado por meio de análises de adaptabilidade e estabilidade, que possibilitam identificar cultivares com comportamento previsível ou responsivo às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Segundo BARBOSA et al. (2011), nas condições brasileiras existem poucas informações experimentais sobre o efeito de variações ambientais no conteúdo de óleo e proteína das cultivares de soja para auxiliar os programas de melhoramento genético.

O objetivo do presente trabalho foi avaliar os percentuais de óleo e proteína de 49 genótipos de soja cultivados em diferentes épocas e locais e selecionar progenitores mais estáveis.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Quarenta e nove genótipos de soja do Programa de Melhoramento Genético da Qualidade de Soja (PMGQS) do BIOAGRO foram cultivados em regiões do estado de Minas Gerais no período entre 2009 e 2011. Foram cultivados 4 experimentos, o primeiro deles foi semeado em Viçosa, MG (12/2009), dois outros em Visconde do Rio Branco, MG (02/2010) e São Gotardo, MG (02/2010) e o último foi semeado em São Gotardo, MG (10/2011) no ano seguinte.

O clima predominante nestes locais de acordo com a classificação de Köppen é do tipo C_{wa} ou mesotérmico úmido, que é caracterizado por verões quentes e úmidos e invernos frios e secos, com precipitação média anual de 1.200 mm e temperaturas máxima média e mínima média de 26,1 e 14,0ºC, respectivamente (ORLANDINI et al., 2002).

Os experimentos foram montados em áreas experimentais da Universidade Federal de Viçosa e locais e épocas foram considerados ambientes distintos na análise. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. Na semeadura, 15 sementes foram

semeadas por fileira de 1 m e o espaçamento entre as parcelas foi de 0,5 m. Após a colheita manual, os grãos foram triturados em moinho industrial (modelo MA020, Marconi). A farinha de soja moída foi analisada para os teores de óleo e proteína pelo método de espectrometria do infravermelho utilizando um analizador FT-NIR (modelo Antaris II, Thermo Scientific). As análises foram conduzidas no Instituto de Biotecnologia Aplicada a Agropecuária (BIOAGRO) da Universidade Federal de Viçosa.

Para análise estatística dos dados fenotípicos, foi realizada a análise de variância com base no modelo fatorial para testar os efeitos de genótipo, ambiente e da interação genótipo x ambiente por meio do teste F, utilizando o modelo estatístico $Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \varepsilon_{ijk}$ e os efeitos G fixo e A aleatório. Os componentes de variância foram estimados como apresentado a seguir:

$$\hat{\phi}_g = \frac{QMG - QMGA}{ar}$$

$$\delta^2_{ga} = \frac{QMGA - QMR}{rl}$$

Após a análise conjunta dos experimentos, foram feitos estudos de estratificação ambiental e análises de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos de WRICKE (1965), ANNICCHIARICO (1992), LIN e BINNS (1988) adaptado por CARNEIRO (1998) e Centróide (ROCHA et al., 2005). Os percentuais das partes simples e complexa dos $QMGxA_{jj'}$ foram calculados pelos procedimentos de CRUZ e CASTOLDI (1991) e ROBERTSON (1959).

No método de WRICKE (1965), o parâmetro de estabilidade, ou ecovalência, é estimado por uma partição da soma de quadrados da interação genótipos x ambientes (SQGA), nas partes devidas a genótipos isolados. A partição é feita usando-se a estatística w_i, conforme mostrado a seguir:

$SQGA = \omega_1 + \omega_2 + ... + \omega_g$, sendo

$\omega_i = \sum_j \hat{GA}^2_{ij}$ (para i=1, 2, 3..., g) em que,

$$\hat{GA}_{ij} = Y_{ij} - \overline{Y_{i.}} - \overline{Y_{.j}} + \overline{Y_{..}}$$

No método de ANNICCHIARICO (1992), o parâmetro de estabilidade é medido pela superioridade do genótipo em relação à média de cada ambiente.

A partir dos percentuais para cada genótipo, $Z_{ij} = \frac{100Y_{ij}}{\overline{Y}_{.j}}$, são obtidas as médias e os desvios relativos considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis ou apenas os ambientes desfavoráveis, como a seguir:

$\mu_{i(g/f/d)} = \frac{\sum_{j=1}^{a} Z_{ij}}{a}$ em que,

a: em cada caso, refere-se ao número total de ambientes, aos ambientes favoráveis ou desfavoráveis;

$\hat{\sigma}_{zi(g/f/d)}$: refere-se ao desvio-padrão dos valores de Z_{ij} do i-ésimo genótipo, considerando o comportamento em todos os ambientes; nos ambientes favoráveis ou desfavoráveis, respectivamente.

A partir das estimativas, os índices de recomendação são calculados por $\omega_{i(g/f/d)} = \hat{\mu}_{i(g/f/d)} - Z_{(1-\alpha)}\hat{\sigma}_{zi(g/f/d)}$. Os genótipos mais estáveis são aqueles com altos valores de média e baixa variação do comportamento nos vários ambientes.

LIN e BINNS (1988) definiram como medida para estimar a estabilidade em plantas o quadrado médio da distância entre a média da cultivar e a resposta média máxima para todos os ambientes. O quadrado médio menor indica a superioridade geral da cultivar dada por: $P_i = \frac{\sum_{j=1}^{a}(Y_{ij} - M_j)^2}{2a}$ em que,

P_i: estimativa do parâmetro estabilidade da cultivar i;

Y_{ij}: valor da i-ésima cultivar no j-ésimo ambiente;

M_j: resposta máxima observada entre todas as cultivares no ambiente j; e

a: número de ambientes.

CARNEIRO (1998) apresentou algumas modificações no método de LIN e BINNS (1988) que aprimora a metodologia para avaliar a performance genotípica em relação a obtenção da estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade. Neste método é feita a decomposição do estimador P_i do método proposto por LIN e BINNS (1988) nas partes devidas a ambientes favoráveis e desfavoráveis. CARNEIRO (1998) denominou P_i de MAEC (Medida de Adaptabilidade e Estabilidade de Comportamento). O

genótipo referencial foi definido baseando-se no modelo de CRUZ et al. (1989) dado por:

$Y_{mj} = B_{0m} + B_{1m}I_j + B_{2m}T(I_j)$, em que:

Y_{mj}: resposta ideal do genótipo hipotético no ambiente j;

B_{0m}: valor para que a resposta ideal seja máxima para todos os locais ($b_{1m} + b_{2m} = 1{,}5$);

I_j: índice ambiental codificado;

$T(I_j)$: 0 se $I_j < 0$;

$T(I_j)$: $I_j - \overline{I_+}$ se $I_j > 0$, sendo $\overline{I_+}$ a média dos índices (I_j) positivos.

A ponderação pelo CV é feita multiplicando-se o estimador do parâmetro MAEC pela estatística $f = \frac{CV_j}{CVT}$, em que CV_j representa o CV residual do ambiente j e CVT a soma dos coeficientes de variação dos j ambientes.

Na metodologia do Centróide (ROCHA et al., 2005) é admitida a existência de referenciais, entre eles genótipos com adaptabilidade geral, de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e de desempenho desfavorável, e procura-se classificar os genótipos estudados por técnicas de agrupamento baseadas em distâncias aos referencias. Após a análise classificatória é feita a dispersão gráfica dos genótipos em relação aos referenciais.

Todas as análises foram realizadas utilizando o programa GENES (CRUZ, 2006).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância revelou diferenças significativas nos teores de óleo e proteína dos 49 genótipos nas diferentes condições experimentais. As médias dos experimentos variaram de 18,75 a 20,23% para o teor de óleo e de 38,12 a 41,14% para o teor de proteína. Nas quatro avaliações, a variação nos percentuais foi de 14,40 a 24,20% para o teor de óleo e de 32,07 a 48,57% para o teor de proteína, amplitudes próximas de valores relatados por ALBRECHT et al. (2008) e ALVES et al. (2011).

Para os valores de média geral, o maior percentual de óleo foi apresentado pela cultivar Suprema (23,01%), que foi seguida por CD01RR8384

(22,91%) e o menor valor foi observado para a CS3032PTA137-4-10 (16,48%). Para teor de proteína, o maior percentual foi mostrado pela cultivar BARC-8 (45,18%), que foi seguida por BR8014887 (44,71%), enquanto a cultivar Suprema (34,25%) mostrou o menor percentual.

Os valores de herdabilidade ampla foram elevados nas quatro avaliações variando entre 0,90-0,95 e 0,86-0,96 para os percentuais de óleo e proteína, respectivamente e houve associação negativa entre os percentuais, o que concorda com a literatura (BONATO et al., 2000; MIRANDA, 2006). Os coeficientes de correlação observados tiveram alta magnitude (r_f= - 0,80** a - 0,90**; r_g= - 0,82 a - 0,92) e pequena variação, que revelam o grau de associação genética entre os caracteres e explicam as dificuldades da seleção simultânea.

Os resultados da ANOVA avaliando-se os efeitos de genótipo, ambiente e da interação genótipo x ambiente são apresentados na Tabela 1. Os coeficientes de variação estiveram abaixo de 5% e demonstram boa precisão no controle das causas de variação experimental e com base na razão entre o maior e menor quadrado médio residual houve homogeneidade nas variâncias residuais dos experimentos.

Os efeitos de genótipo, ambiente e da interação genótipo x ambiente foram significativos para os dois caracteres a 1% de probabilidade, indicando haver variabilidade genética entre os tratamentos, diferença entre os ambientes e comportamento diferencial dos genótipos nos ambientes. Em todos os pares de ambientes a interação existente foi predominantemente complexa para os dois caracteres, o que evidencia a inconsistência de superioridade com a variação do ambiente.

O efeito de ambiente, em relação aos outros efeitos principais, foi o de maior contribuição para a variação nos caracteres. Em média, tanto o teor de óleo quanto o de proteína foram maiores nos experimentos de final de ano em relação aqueles de fevereiro. O teor de proteína foi maior para o período de dezembro e similar nas épocas de fevereiro e outubro. Já o teor de óleo foi superior para o mês de outubro em relação a dezembro e fevereiro. O maior percentual de óleo quando a soja foi semeada em outubro pode ser explicado por temperaturas geralmente mais elevadas nesta época, que têm maior influência sobre o acúmulo de óleo.

Tabela 1. Resumo da análise de variância dos percentuais de óleo e proteína de 49 genótipos de soja cultivados nas localidades de Viçosa, MG (12/2009); Rio Branco, MG (02/2010) e São Gotardo, MG (02/2010 e 10/2011)

FV	GL	QM	
		Teor de proteína	Teor de óleo
Bloco/Ambiente	8	11,73	8,31
Genótipo	48	89,22**	30,39**
Ambiente	3	236,44**	63,53**
G x A	144	6,56**	3,80**
Resíduo	384	2,00	0,82
Média Geral	-	39,67	19,51
CV (%)	-	3,56	4,64
Relação QMR (Maior/Menor)	-	3,77	3,50
Razão CVg/CVe	-	1,86	1,64

**significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

BARBOSA et al. (2011) verificaram que temperaturas mais altas durante a fase de enchimento dos grãos favoreceram o acúmulo de óleo e observaram uma tendência de redução no teor de óleo com o retardamento da semeadura. Para o autor, a redução provavelmente deve-se às menores temperaturas durante o enchimento dos grãos. FINOTO (2008) também observaram que o retardamento no plantio provocou diminuição nos teores de óleo, enquanto os teores de proteína aumentaram.

Pela análise de estratificação ambiental não houve formação de grupos de ambientes com interação G x A não significativa, o que pode ser explicado pela magnitude da interação, que foi alta o suficiente para resultar na ausência de padrões de similaridade de respostas dos genótipos nos pares de ambientes.

A interação genótipo x ambiente é um fator que traz dificuldades para o melhoramento, pois exige que o mesmo seja conduzido na mesma região que o material será utilizado para garantir ganho. Um genótipo com um perfil desejado pode apresentar composição distinta quando o mesmo é cultivado em outra região. Portanto, a composição do grão deve ser avaliada em diferentes épocas e locais para identificar materiais mais previsíveis ou melhor adaptados.

Com base nas estimativas do parâmetro de estabilidade de WRICKE (1965), os genótipos mais estáveis em relação às concentrações de óleo e proteína foram as cultivares Garantia (19,74% de teor de óleo) e CD226RR (39,62% de teor protéico) respectivamente, para as quais houve as menores variações ao longo dos ambientes. No entanto, os teores de óleo e proteína destas cultivares foram normais. Já as cultivares CS3032PTA276-3-4 (44,31%), B3PTA382-2-10 (43,80%) e CS3032PTA137-4-10 (43,55%) foram também mais estáveis e mostraram percentuais maiores de proteína. Para o teor de óleo, nenhum dos genótipos de maior estabilidade se destacou, com exceção de CD219RR (21,61%).

Com base no índice de recomendação proposto por ANNICCHIARICO (1992), os genótipos BARC-8, BR8014887 e CS3032PTA276-3-4 mostraram maior estabilidade geral para o teor de proteína. Para o teor de óleo, os menores desvios dos valores percentuais que expressam a estabilidade foram apresentados pelas cultivares CD01RR8384, Suprema e A7002. Os genótipos CS3032PTA276-3-4, B3PTA382-2-10 e CS3032PTA137-4-10, para o teor de proteína, e CD219RR, para o teor de óleo, foram também mais estáveis em relação à maioria pelos dois métodos (Tabela 2).

As estimativas de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos de LIN e BINNS (1988) modificado por CARNEIRO (1998) e Centróide (ROCHA et al., 2005) encontram-se nas Tabelas 3 e 4. Pela metodologia de LIN e BINNS (1988) modificada por CARNEIRO (1998), houve maior adaptabilidade e estabilidade para o teor de proteína, quando se considera todos os ambientes, para os genótipos BARC-8, BR8014887 e CS3032PTA276-3-4, que também foram indicados pelo método de ANNICCHIARICO (1992). Para o teor de óleo, as cultivares CD01RR8384, Suprema e A7002 foram as de maior adaptabilidade e estabilidade considerando todos os ambientes. Pela análise multivariada, os genótipos com melhor desempenho foram BARC-8 e PI371611.

Na análise centróide é assumido que o genótipo de adaptabilidade geral alta é aquele que apresenta valores máximos da variável nos ambientes favoráveis e desfavoráveis, enquanto um genótipo com valores mínimos é pouco adaptado. As dispersões gráficas dos dois primeiros componentes

principais dos genótipos em função dos percentuais de óleo e proteína podem ser visualizadas nas Figuras 1 e 2, respectivamente.

Para o teor de proteína, oito genótipos foram classificados com adaptabilidade geral alta: BARC-8, BR8014887, CS3032PTA276-3-4, B3PTA382-2-10, CS3032PTA276-1-2, CS3032PTA190-5-1, CS3032PTA137-4-10 e B3PTA216-1-9, que também foram indicados pelos métodos de ANNICCHIARICO (1992) e LIN e BINNS (1988) modificado por CARNEIRO (1998). CS3032PTA276-3-4, B3PTA382-2-10 e CS3032PTA137-4-10 foram mais estáveis em relação à maioria ou tiveram adaptabilidade geral em todos os métodos. Além de maior estabilidade e adaptabilidade geral, as cultivares BARC-8 e BR8014887 tiveram os maiores percentuais médios de proteína. Os outros genótipos com adaptabilidade geral alta pelo Centróide (ROCHA et al., 2005) mostraram também teores elevados de proteína, acima de 43%. Por outro lado, foram pouco adaptadas as cultivares CD222, MSOY6101 e Suprema, pela análise do teor protéico.

Para o teor de óleo, apenas as cultivares Suprema, CD01RR8384 e A7002 tiveram adaptabilidade geral alta na análise centróide, que também foram indicadas pelos métodos de ANNICCHIARICO (1992) e LIN e BINNS (1988) modificado por CARNEIRO (1998). E foram classificados como pouco adaptados os genótipos CS3032PTA190-5-1, PI417360, CS3032PTA276-1-2, CS3032PTA276-3-4 e CS3032PTA137-4-10.

Houve concordância nos diferentes métodos exceto para o método de WRIKE que, no entanto, indicou os genótipos CS3032PTA276-3-4, B3PTA382-2-10 e CS3032PTA137-4-10 para o teor proteína e CD219RR para o teor óleo, que também foram indicados pelos métodos de ANNICCHIARICO (1992) e LIN e BINNS (1988) modificado por CARNEIRO (1998).

Apesar de observar percentuais menores de óleo e proteína, FINOTO (2008) também verificou interação genótipo x ambiente significativa para os teores de óleo e proteína e observaram algumas cultivares de soja que mostraram adaptabilidade ampla e estabilidade fenotípica para estas características. ALBRECHT et al. (2008) e ÁVILA et al. (2007) também observaram variações nos teores de óleo e proteína em diferentes condições ambientais e teores menores de óleo e proteína em cultivares de soja.

Tabela 2. Estimativas de estabilidade de WRICKE (1965) e ANNICCHIARICO (1992) dos genótipos de soja cultivados em diferentes épocas e regiões de Minas Gerais

Genótipos	Wricke (1965)		Annicchiarico (1992)					
	Ecovalência Wi (%)		Wi					
			Proteína			Óleo		
	Prot	Óleo	Geral	Fav.	Desf.	Geral	Fav.	Desf.
1-Garantia	0,38	0,07	97,44	96,77	98,22	100,88	100,31	101,67
2-Tucunaré	2,59	2,57	93,41	96,39	90,76	104,88	111,09	100,44
3-Luziania	0,45	0,85	98,20	99,14	97,51	98,45	101,93	95,94
4-UFV16	2,18	1,75	95,84	96,74	94,87	100,20	101,04	98,99
5-CS3032PTA182	1,13	3,16	104,68	106,10	103,26	89,73	95,58	85,12
6-Sambaíba	2,09	0,29	93,55	94,57	92,21	99,83	100,04	99,63
7-CS94731	4,00	2,98	101,08	105,03	97,71	91,57	97,66	86,86
8-MSOY8914	1,08	2,86	93,13	94,81	91,89	103,49	110,00	98,79
9-UFV18	2,78	1,88	93,98	93,41	95,09	103,15	104,87	101,48
10-MSOY8400	3,10	3,09	97,78	95,59	100,52	94,50	92,48	96,11
11-DM339	5,29	3,00	97,38	96,76	98,52	94,38	91,14	97,88
12-UFVS2012	1,55	1,12	92,78	92,63	92,80	105,13	106,03	103,97
13-UFVS2011	0,88	1,65	94,80	95,28	94,08	99,00	100,94	97,30
14-MSOY8001	1,13	1,68	92,99	93,09	92,59	100,14	103,38	97,10
15-UFVS2001	1,48	0,52	99,24	97,54	101,33	97,13	98,10	95,99
16-Conquista	0,40	0,22	96,63	97,97	95,52	99,26	99,51	99,20
17-Suprema	3,54	2,06	85,01	83,43	86,41	116,31	115,64	116,84
18-MSOY6101	1,20	2,43	89,87	88,63	91,32	110,57	107,36	115,37
19-A7002	1,78	0,78	92,98	94,26	91,51	114,90	114,39	115,11
20-PI417360	18,81	22,12	100,55	93,39	108,84	83,35	76,80	90,32
21-CS3032PTA190-5-1	0,81	1,01	109,31	108,49	109,90	87,49	89,87	85,20
22-CS3032PTA137-4-10	0,41	2,48	109,32	109,71	108,89	82,58	87,53	78,35
23-B3PTA382-2-10	0,16	0,30	110,12	109,84	110,53	89,79	91,80	88,13
24-CS3032PTA276-3-4	0,05	0,38	111,48	111,12	111,84	85,58	87,25	84,06
25-B3PTA216-1-9	1,04	0,84	108,87	108,93	108,54	93,71	92,05	95,27
26-BARC-8	2,47	1,04	112,79	111,63	113,92	92,41	94,15	90,99
27-CS3032PTA276-1-2	0,43	0,57	109,79	109,19	110,36	86,90	88,97	85,18
28-CS3032PTA167-1-2	1,73	1,81	103,44	103,74	103,07	92,85	94,96	90,93
29-B3PTA213-3-4	1,27	0,97	108,18	110,01	106,79	93,74	93,16	93,91
30-CS303TNKCA	3,20	0,49	95,38	95,76	94,50	106,11	108,14	104,39
31-Vencedora	3,60	1,12	93,02	97,44	89,51	100,20	102,88	98,24
32-PI181544	3,35	8,79	103,85	104,71	102,77	90,40	88,65	90,77
33-PI371611	1,48	2,60	97,79	95,83	100,22	104,11	102,10	106,75
34-PI371610	0,80	3,10	95,34	95,15	95,39	108,28	104,53	112,02
35-CD225RR	0,53	0,78	98,94	99,61	98,17	102,63	101,60	103,40
36-CD224	2,99	2,15	91,93	88,87	96,55	104,59	101,06	110,23
37-CD219RR	0,46	0,31	91,80	91,55	91,88	110,10	108,86	111,38
38-PI235347	3,67	3,42	98,19	102,42	94,86	97,65	100,53	94,40
39-CD226RR	0,04	1,44	99,70	99,61	99,75	101,88	99,21	104,94
40-UFV20	3,16	1,65	93,22	96,17	91,36	99,26	103,32	95,97
41-CD222	1,69	1,06	89,74	93,54	87,16	104,51	107,46	101,95
42-CD01RR8376	1,38	0,57	92,78	92,82	92,47	108,97	106,63	112,34
43-CD983321RR	0,58	0,48	98,17	97,09	99,48	100,95	99,15	103,97
44-BR8014887	1,67	1,01	111,78	110,46	112,86	87,52	86,20	89,12
45-CD01RR8384	1,71	0,69	92,01	90,54	93,46	116,45	114,10	120,54
46-Monarca	0,93	2,24	98,34	97,47	99,01	97,94	96,24	99,13
47-UFVTN105AP	1,79	0,89	107,72	107,09	108,18	88,30	91,29	85,80
48-CD201	0,61	1,12	102,93	102,22	104,05	98,10	95,77	100,64
49-CD2013PTA	2,14	1,60	108,27	106,20	110,45	92,57	89,17	97,65

Ecovalência (Wi %), parâmetro de estabilidade pelo método de Wrike (1965), são mais estáveis os genótipos associados aos menores valores de Wi (%); Wi, índice de recomendação pelo método de Annicchiarico (1992), são mais estáveis os genótipos associados aos maiores valores de índice de recomendação (Wi).

Tabela 3. Estimativas de adaptabilidade e estabilidade pelo método de LIN e BINNS (1988) modificado por CARNEIRO (1998) dos genótipos de soja cultivados em diferentes épocas e regiões de Minas Gerais

Genótipos	Pi								
	Proteína			Óleo			Multivariada		
	Geral	Fav.	Desf.	Geral	Fav.	Desf.	Geral	Fav.	Desf.
1-Garantia	13,06	11,11	15,01	2,79	2,67	2,91	0,24	0,33	0,22
2-Tucunaré	18,09	11,31	24,86	1,96	0,80	3,12	0,26	0,35	0,31
3-Luziania	12,52	9,34	15,69	3,36	2,31	4,42	0,25	0,37	0,27
4-UFV16	15,02	10,87	19,17	2,59	2,21	2,97	0,25	0,35	0,26
5-CS3032PTA182	7,23	4,53	9,93	5,91	3,79	8,02	0,29	0,49	0,34
6-Sambaíba	17,81	12,80	22,83	3,04	2,69	3,39	0,30	0,41	0,31
7-CS94731	10,55	5,19	15,91	5,18	2,94	7,43	0,29	0,49	0,37
8-MSOY8914	17,97	12,71	23,22	2,25	0,96	3,53	0,27	0,35	0,31
9-UFV18	15,06	14,90	15,22	2,25	1,77	2,73	0,24	0,29	0,22
10-MSOY8400	11,29	12,39	10,19	4,11	4,58	3,63	0,26	0,38	0,20
11-DM339	11,06	11,61	10,51	4,38	5,01	3,75	0,27	0,41	0,21
12-UFVS2012	18,14	14,34	21,94	1,84	1,38	2,30	0,26	0,32	0,26
13-UFVS2011	16,37	12,54	20,21	2,91	2,47	3,35	0,28	0,38	0,28
14-MSOY8001	18,21	14,20	22,22	2,90	1,80	3,99	0,29	0,39	0,32
15-UFVS2001	11,01	10,28	11,74	3,64	3,13	4,16	0,25	0,36	0,23
16-Conquista	14,46	10,57	18,34	3,08	2,57	3,58	0,26	0,37	0,27
17-Suprema	27,24	24,79	29,70	0,39	0,37	0,40	0,30	0,29	0,27
18-MSOY6101	21,50	19,06	23,94	0,87	1,28	0,45	0,26	0,27	0,22
19-A7002	17,05	13,50	20,60	0,51	0,50	0,51	0,20	0,22	0,20
20-PI417360	8,18	12,63	3,74	8,38	10,12	6,64	0,38	0,64	0,24
21-CS3032PTA190-5-1	3,52	3,24	3,81	6,74	5,39	8,08	0,28	0,50	0,28
22-CS3032PTA137-4-10	4,07	2,77	5,37	8,41	5,84	10,99	0,34	0,62	0,39
23-B3PTA382-2-10	3,63	2,94	4,33	5,75	4,68	6,83	0,24	0,43	0,25
24-CS3032PTA276-3-4	2,86	2,29	3,43	7,45	6,24	8,67	0,29	0,55	0,30
25-B3PTA216-1-9	4,33	2,99	5,66	4,40	4,17	4,63	0,20	0,36	0,19
26-BARC-8	2,08	1,98	2,17	4,73	4,18	5,27	0,19	0,35	0,18
27-CS3032PTA276-1-2	3,54	2,93	4,16	6,90	5,69	8,12	0,28	0,51	0,29
28-CS3032PTA167-1-2	7,80	5,55	10,06	4,87	3,85	5,89	0,25	0,42	0,27
29-B3PTA213-3-4	4,74	2,59	6,90	4,42	3,83	5,01	0,21	0,37	0,22
30-CS303TNKCA	15,71	11,56	19,86	1,71	1,19	2,23	0,23	0,29	0,24
31-Vencedora	18,88	10,96	26,80	2,76	1,80	3,72	0,30	0,42	0,35
32-PI181544	6,36	5,39	7,33	5,42	5,90	4,94	0,26	0,45	0,22
33-PI371611	12,29	11,82	12,77	1,79	2,14	1,44	0,19	0,24	0,16
34-PI371610	15,51	12,51	18,51	1,06	1,34	0,78	0,20	0,24	0,19
35-CD225RR	11,49	8,99	13,98	2,16	2,11	2,21	0,20	0,27	0,19
36-CD224	18,08	19,17	16,98	1,75	2,42	1,07	0,25	0,28	0,18
37-CD219RR	19,78	16,34	23,21	0,99	0,95	1,03	0,24	0,27	0,24
38-PI235347	13,03	6,85	19,22	3,09	2,05	4,14	0,25	0,38	0,30
39-CD226RR	11,32	9,24	13,41	2,25	2,33	2,18	0,20	0,28	0,19
40-UFV20	17,65	11,41	23,90	2,91	2,02	3,81	0,29	0,41	0,33
41-CD222	22,51	14,63	30,39	1,90	1,32	2,48	0,30	0,40	0,34
42-CD01RR8376	17,21	15,00	19,42	1,18	1,45	0,91	0,22	0,26	0,20
43-CD983321RR	11,95	11,20	12,70	2,64	2,88	2,40	0,22	0,30	0,19
44-BR8014887	2,36	2,40	2,31	6,26	6,41	6,10	0,25	0,46	0,21
45-CD01RR8384	17,97	17,28	18,66	0,31	0,49	0,14	0,20	0,19	0,17
46-Monarca	11,63	10,35	12,91	3,51	3,58	3,44	0,25	0,36	0,22
47-UFVTN105AP	5,04	3,99	6,10	6,37	4,89	7,85	0,28	0,49	0,30
48-CD201	8,27	7,34	9,20	3,22	3,36	3,09	0,20	0,31	0,18
49-CD2013PTA	3,78	4,32	3,23	4,60	5,30	3,91	0,20	0,36	0,15

Distância em relação ao ideal baseado na reta bissegmentada ponderada pelo coeficiente de variação residual
Menores distâncias em relação a cultivar ideal significam maior adaptabilidade e estabilidade de comportamento
Pi - Estimativa de MAEC (Medida de adaptabilidade e estabilidade de comportamento
Pi geral -Estimativa de todos os ambientes
Pi fav. - Estimativa dos ambientes favoráveis
Pi desf. - Estimativa dos ambientes desfavoráveis.

Tabela 4. Classificação em relação aos centróides e probabilidades associadas à classificação dos genótipos de soja cultivados em diferentes condições experimentais pelo método dos Centróides (ROCHA et al., 2005)

Genótipos	Proteína			Óleo		
	Média	*Classif	Prob	Média	*Classif	Prob
1-Garantia	38,82	V	0,48	19,74	V	0,66
2-Tucunaré	37,56	V	0,29	20,82	VI	0,33
3-Luziania	39,16	V	0,54	19,42	V	0,48
4-UFV16	38,47	V	0,35	19,85	V	0,38
5-CS3032PTA182	41,84	V	0,25	17,91	V	0,25
6-Sambaíba	37,55	V	0,29	19,60	V	0,61
7-CS94731	40,71	V	0,30	18,27	V	0,28
8-MSOY8914	37,26	V	0,28	20,57	VI	0,29
9-UFV18	37,72	V	0,29	20,43	V	0,28
10-MSOY8400	39,26	V	0,36	18,81	V	0,32
11-DM339	39,26	V	0,31	18,76	V	0,31
12-UFVS2012	37,15	V	0,27	20,74	V	0,27
13-UFVS2011	37,90	V	0,33	19,61	V	0,41
14-MSOY8001	37,19	V	0,28	19,83	V	0,38
15-UFVS2001	39,71	V	0,45	19,12	V	0,49
16-Conquista	38,54	V	0,43	19,47	V	0,65
17-Suprema	34,25	IV	0,63	23,01	I	0,48
18-MSOY6101	35,96	IV	0,32	21,90	VII	0,28
19-A7002	37,27	V	0,27	22,61	I	0,37
20-PI417360	41,01	VII	0,26	17,19	IV	0,24
21-CS3032PTA190-5-1	43,63	I	0,25	17,30	IV	0,25
22-CS3032PTA137-4-10	43,55	I	0,25	16,48	IV	0,31
23-B3PTA382-2-10	43,80	I	0,28	17,67	V	0,27
24-CS3032PTA276-3-4	44,31	I	0,34	16,84	IV	0,31
25-B3PTA216-1-9	43,48	I	0,23	18,47	V	0,35
26-BARC-8	45,18	I	0,55	18,27	V	0,32
27-CS3032PTA276-1-2	43,75	I	0,26	17,13	IV	0,26
28-CS3032PTA167-1-2	41,40	V	0,29	18,41	V	0,31
29-B3PTA213-3-4	43,23	VI	0,22	18,50	V	0,35
30-CS303TNKCA	38,36	V	0,33	20,86	V	0,26
31-Vencedora	37,51	V	0,27	19,79	V	0,43
32-PI181544	41,72	V	0,23	18,26	V	0,23
33-PI371611	39,13	V	0,43	20,66	V	0,25
34-PI371610	38,09	V	0,35	21,50	VII	0,23
35-CD225RR	39,46	V	0,57	20,22	V	0,38
36-CD224	36,91	V	0,24	20,71	V	0,24
37-CD219RR	36,61	V	0,24	21,61	VI	0,20
38-PI235347	39,54	V	0,34	19,48	V	0,33
39-CD226RR	39,62	V	0,82	20,13	V	0,36
40-UFV20	37,53	V	0,27	19,67	V	0,40
41-CD222	36,04	IV	0,26	20,63	V	0,27
42-CD01RR8376	37,13	V	0,26	21,42	VII	0,21
43-CD983321RR	39,15	V	0,51	19,84	V	0,50
44-BR8014887	44,71	I	0,45	17,28	V	0,23
45-CD01RR8384	36,85	V	0,24	22,91	I	0,46
46-Monarca	39,27	V	0,49	19,41	V	0,37
47-UFVTN105AP	43,11	VII	0,22	17,45	V	0,24
48-CD201	41,06	V	0,34	19,36	V	0,46
49-CD2013PTA	43,36	VII	0,26	18,31	V	0,31

Centróide I : Adaptabilidade geral alta (Maxf, Maxd);
Centróide II : Adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (Maxf,Mind)
Centróide III : Adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis(Minf,Maxd)
Centróide IV : Pouco adaptado (Minf,Mind)
Centróide V: Adaptabilidade geral (Medf,Medd)
Centróide VI : Adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (Maxf,Medd)
Centróide VII : Adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis(Medf,Maxd)

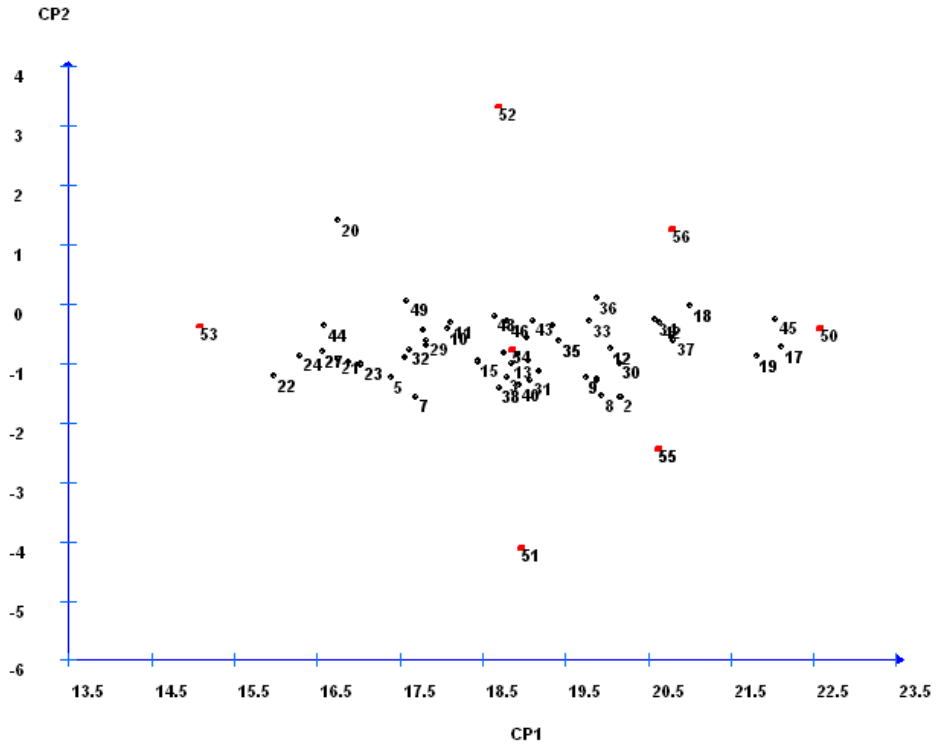


Figura 1. Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais para a variável teor de óleo. CP1, CP2: componente principal 1 e 2; 1 a 49 refere-se aos genótipos de soja; 50 a 56 são referenciais; 50, adaptabilidade geral; 51, adap. desfavoráveis; 52, adap. favoráveis; 53, pouco adaptado; 54, mediano; 55, adap. desfavoráveis; 56, adap. favoráveis.

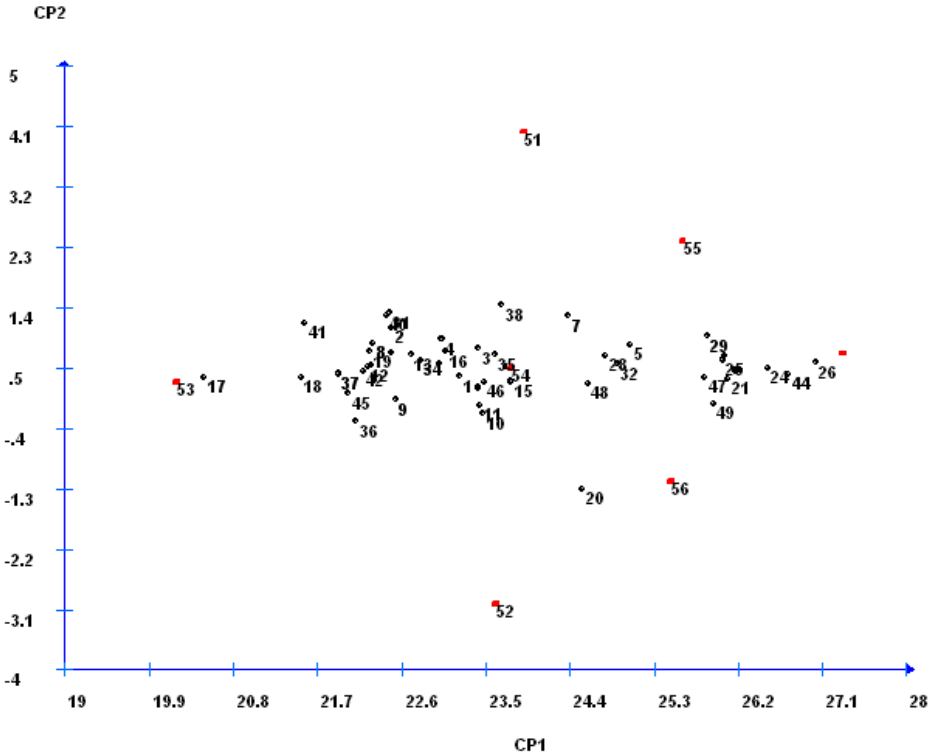


Figura 2. Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais para a variável teor de proteína CP1, CP2: componente principal 1 e 2; 1 a 49 refere-se aos genótipos de soja; 50 a 56 são referenciais; 50, adaptabilidade geral; 51, adap. favoráveis; 52, adap. desfavoráveis; 53, pouco adaptado; 54, mediano; 55, adap. favoráveis; 56, adap. desfavoráveis.

Com base nas estimativas de adaptabilidade e estabilidade e nos valores fenotípicos, a cultivar BARC-8 e, em seguida, BR8014887 e CS3032PTA276-3-4 mostraram serem os melhores progenitores para o aumento no teor de proteína, enquanto a seleção para alto teor de óleo será mais eficiente a partir de cruzamentos envolvendo as cultivares Suprema, CD01RR8384 e A7002.

4. CONCLUSÕES

i. Os efeitos de genótipo, ambiente e da interação genótipo x ambiente foram significativos para as duas características a 1% de probabilidade e a interação genótipo x ambiente foi predominantemente complexa;

ii. Não foram observados grupos de ambientes com interação G x A não significativa;

iii. Os genótipos BARC-8, BR8014887 e CS3032PTA276-3-4 para teor de proteína e Suprema, CD01RR8384 e A7002 para teor de óleo se destacaram pelos maiores valores de média fenotípica, pela adaptabilidade geral e maior estabilidade com a variação ambiental.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBRECHT, L.P.; BRACCINI, A.L.A.; ÁVILA, M.R.; SUZUKI, L.S.; SCAPIM, C.A.; BARBOSA, M.C. Teores de óleo, proteínas e produtividade de soja em função da antecipação da semeadura na região oeste do Paraná. **Bragantia**, v.67, n.4, p.865-873, 2008.

ALVES, F.P.; OLIVEIRA, M.A.; MANDARINO, J.M.G.; BENASSI, V.T.; LEITE, R.S.; SEIBEL, N. **Composição centesimal de grãos de soja de oito diferentes cultivares**. Embrapa Soja, Documentos, 2011. 328p.

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

ÁVILA, M.R.; BRACCINI, A.L.; SCAPIM, C.A.; MANDARINO, J.M.G.; ALBRECHT, L.P.; FILHO, P.S.V. Componentes do rendimento, teores de isoflavonas, proteínas, óleo e qualidade de sementes de soja. **Revista Brasileira de Sementes**, v.29, n.3, p.111-127, 2007.

BARBOSA, V.S.; PELUZIO, J.M.; AFFÉRRI, F.S.; SIQUEIRA, G.B. Comportamento de cultivares de soja, em diferentes épocas de semeaduras,

visando a produção de biocombustível. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, n.3, p.742-749, 2011.

BONATO, E.R.; BERTAGNOLLI, P.F.; LANGE, C.E.; RUBIN, S.A.L. Teor de óleo e de proteína em genótipos de soja desenvolvidos após 1990. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.12, p.2391-2398, 2000.

CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análises da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. Viçosa, MG: UFV, 1998. 168p. Dissertação (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 1998.

CRUZ, C.D. **Programa Genes - Biometria**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 382p.

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

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

CRUZ, C.D.; TORRES, R.A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, n.2, p.567-580, 1989.

FERRARI, R.A.; OLIVEIRA, V.S.; SACABIO, A. Biodiesel da soja - Taxa de conversão em ésteres etílicos, caracterização físico-química e consumo em gerador de energia. **Química Nova**, v.28, n.1, p.19-23, 2005.

FINOTO, E.L. **Variabilidade fenotípica dos teores de óleo e proteína de cultivares de soja em diferentes ambientes**. Viçosa, MG: UFV, 2008. 116p. Dissertação (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2008.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v.68, n.3, p.193-198, 1988.

MIRANDA, F.D. **Produção, conteúdo de proteína e óleo no grão da soja: herdabilidades, correlações e seleção de genótipos superiores**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 76p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2006.

ORLANDINI, D. **Avaliação do uso dos recursos naturais de uma sub-bacia do Ribeirão São Bartolomeu com vista ao aumento da produção de água com qualidade**. Viçosa, MG: UFV, 2002. 97p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, 2002.

PÍPOLO, A.E. **Influência da temperatura sobre as concentrações de proteína e óleo em sementes de soja (Glycine max (L.) Merrill)**. Piracicaba, SP: USP, 2002. 128p. Dissertação (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2002.

RANGEL, M.A.S. Efeito do genótipo e do ambiente sobre os teores de óleo e proteína nos grãos de soja, em quatro ambientes da Região Sul de Mato Grosso do Sul, safra 2002/2003. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2004. 30p.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, p.469-485, 1959.

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

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S. Melhoramento de soja. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 1999. p.487-534.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M.G.; SEDIYAMA, C.S.; GOMES, J.L.L. **Cultura da Soja**. Viçosa: UFV, 1993. 97p.

WILCOX, J.R. Increasing seed protein in soybean with eight cycles of recurrent selection. **Crop Science**, v.38, p.1536-1540, 1998.

WILCOX, J.R.; GUODONG, Z. Relationship between seed yield and seed protein in determinate and indeterminate soybean populations. **Crop Science**, v.37, p.361-364, 1997.

WRICKE, G. Zur berechning der okovalenz bei sommerweizen und hafer. **Pflanzenzuchtung**, v.52, p.127-138, 1965.

CAPÍTULO 2

DIVERSIDADE GENÉTICA EM REGIÕES DE QTL PARA O TEOR DE ÓLEO EM SOJA E SUA RELAÇÃO COM A VARIÂNCIA GENÉTICA

RESUMO

Os marcadores moleculares são técnicas auxiliares para avaliar as relações genéticas entre cultivares e predizer a variabilidade genética para o desenvolvimento de populações. Neste sentido, a eficiência de marcadores moleculares em regiões de QTL da característica de interesse pode ser ainda maior. O presente trabalho teve como objetivos avaliar a diversidade genética de genótipos de soja utilizando marcadores microssatélites localizados próximo a QTL para o teor de óleo e sua relação com a variância genética. Os marcadores microssatélites utilizados foram eficazes em distinguir as cultivares de soja, houve razoável diversidade genética nas regiões de QTL e uma relação direta (0,73) foi verificada entre as estimativas de distância e variância genética nos genótipos, indicando haver um grande potencial de uso destes marcadores moleculares na seleção de progenitores para teor de óleo.

ABSTRACT

Molecular markers are considered to be auxiliary techniques to assess the genetic relationships between cultivars and predict the genetic variability for development of populations. This efficiency can even be increased by using molecular markers located on QTL regions of the target trait. This work aimed to estimate the genetic diversity in soybean genotypes using microsatellite markers located close to QTL for oil content and its relationship with the genetic variance. Microsatellite markers selected were effective in discriminate the soybean genotypes. There was reasonable diversity on QTL regions and a positive relationship (0.73) have been observed between the estimates of distance and genetic variance, suggesting the markers have a great potential for parent selection.

1. INTRODUÇÃO

Além do alto potencial produtivo, a soja tem perspectiva de melhoramento para o teor de óleo já que pequena fração do germoplasma constitui a base genética das cultivares melhoradas. O uso repetido de genótipos elite nos cruzamentos manteve estreita a base genética das variedades cultivadas e a variabilidade genética disponível tem sido pouco explorada no melhoramento.

Segundo VELLO et al. (1988) na década de 80, 15% da soja cultivada no Brasil eram introduções da região sul dos EUA e as 85% restantes vinham da hibridação de introduções norte-americanas. Naquela época, HIROMOTO e VELLO (1986) observaram que 79 cultivares recomendadas no país descendiam de 26 ancestrais e 11 formavam 89% do pool gênico. VELLO et al. (1988), na mesma época, observaram um valor médio de parentesco de 0,16 em 69 cultivares de soja, que equivalem a uma população de pequeno tamanho efetivo populacional (N=11-15).

Outras 100 cultivares liberadas no período entre 1984 e 1998 mostraram valor médio de parentesco de 0,21 (BONATO et al., 2006a), e o mesmo valor de parentesco foi observado em 90 cultivares elite por MIRANDA et al. (2007), que estimaram um tamanho efetivo populacional de Ne=11. Os baixos valores de tamanho efetivo e as elevadas estimativas de parentesco, segundo os autores, refletiam a alta similaridade das cultivares.

Desde então, um nível relativamente baixo de diversidade foi mantido no germoplasma de soja de diferentes programas de melhoramento, ocorrendo, no entanto, uma relativa heterogeinidade em alguns programas, de acordo com PRIOLLI et al. (2004).

Com o auxílio de marcadores moleculares, ABDELNOOR et al. (1995) estimaram em 0,83 a similaridade média de 38 cultivares de soja e observaram níveis de similaridade que variaram entre 0,69 e 1. Outras 317 cultivares brasileiras liberadas entre 1962 e 1998 tiveram índices de similaridade genética que variaram entre 0,17 e 0,97 e tiveram média de 0,6 (BONATO et al., 2006b).

Outros autores verificaram níveis maiores de diversidade. VIEIRA et al (2009), por exemplo, em 53 cultivares de soja estimaram um valor de diversidade média de 0,47 e verificaram distâncias genéticas que variaram entre 0,02 e 0,73. PRIOLLI et al. (2010), em 168 cultivares de soja, observaram

uma similaridade genética média de 0,42 e estimativas de similaridade que variaram de 0,01 a 0,9.

Alguns estudos demonstraram haver uma relação positiva entre a média populacional e o desempenho per si dos progenitores. Entretanto, o potencial de uma população em relação à outra difere principalmente em relação à variância genética (KISHA et al., 1997; GUMBER et al., 1999).

A ocorrência de genótipos superiores é mais provável em populações com alta variabilidade genética, que em geral são resultantes de cruzamentos envolvendo progenitores divergentes para a característica sob seleção, o que por sua vez é reflexo da variabilidade genética existente entre eles (GUMBER et al., 1999). Este parâmetro deve ser considerado na predição do potencial de uma população para aumentar a eficiência de programas de melhoramento na fase de seleção de progenitores, evitando-se populações pouco promissoras.

O presente trabalho teve como objetivos: (1) Estimar a diversidade genética de genótipos de soja com diferentes teores de óleo, utilizando marcadores microssatélites em regiões de QTL da característica teor de óleo; e (2) avaliar a relação entre as estimativas de distância genética obtidas com os marcadores moleculares e a variância genética para teor de óleo e proteína.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Vinte e dois genótipos de soja com diferentes teores de óleo do Programa de Melhoramento Genético da Qualidade da Soja do BIOAGRO (PMQS) foram cultivados em casa de vegetação. Folhas foram coletadas, congeladas em nitrogênio líquido e armazenadas a -80ºC. A extração de DNA foi realizada conforme descrito por DOYLE e DOYLE (1990).

A partir das amostras de DNA, foram amplificados trinta e três pares de primers de marcadores microssatélites: Satt006; Satt468; Satt510; Satt020; Satt196; Satt562; Satt239; Satt308; Satt250; Satt156; Satt496; Satt313; Satt398, Satt184, Satt458, Satt166; Satt229; Satt540; Satt274; Satt317; Satt420; Satt479; Satt277; Satt212; Satt571; Satt144; Satt257; Satt551; Satt141; Satt355; Satt384; Satt200; Satt259. QTL para o teor de óleo nestas regiões foram mapeados por MANSUR et al. (1996); SPECHT et al. (2001); CSANÁDI et al. (2001); TAJUDDIN et al. (2003); CHUNG et al. (2003); FASOULA et al. (2004); HYTEN, et al. (2004); PANTHEE et al. (2005); REINPRECHT et al. (2006); CHEN et al.

(2007); LI et al. (2007); SHIBATA at al. (2008) e RODRIGUES et al. (2010), nos grupos de ligação A1; B2; C2; D1; D1a; D1b; D2;E;F;H;I;K;L;M;N e O.

As reações de amplificação tiveram volume final de 15 µL e as seguintes condições: Tris-HCl 10 mM, pH 8,3; KCl 50 mM; $MgCl_2$ 2 mM; Triton X100 0,1%; 100 µM de cada um dos desoxinucleotídios; 0,3 µM de cada iniciador; uma unidade de Taq polimerase e 30 ng de DNA. As reações de PCR tiveram um passo inicial de 94ºC por 4 min; 30 ciclos de 94ºC por 1 min, 55ºC por 1 min e 72º C por 2 min, mais uma etapa final de 72ºC por 7 min.

Os produtos de amplificação foram separados por eletroforese em géis verticais de poliacrilamida 10%, utilizando tampão TAE 1X (Tris-acetato 40 mM e EDTA 1 mM) e período de corrida de três horas a 140 volts. Após a eletroforese, os géis foram corados com nitrato de prata 2% e fotografados com um equipamento Loccus Biotechnology (modelo L-PIX EX).

O conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) dos marcadores moleculares foi calculado por meio da equação:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^{a} p_i^2 - \sum_{i,j=1}^{a} \sum_{i \neq j}^{a} p_i^2 p_j^2 \text{ em que,}$$

p_i é a freqüência do i-ésimo alelo no loco estudado; e

p_j é a freqüência do j-ésimo alelo no loco estudado (BOTSTEIN et al., 1980).

Matrizes de similaridade e de dissimilaridade foram obtidas a partir dos dados moleculares, pelos índices:

$$S_{ii'} = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^{L} p_j c_j$$

$$D = 1 - S_{ii'}$$

sendo $p_j = \frac{a_j}{A}$, o peso associado ao loco j; a_j, o número total de alelos do loco j; A, o número total de alelos estudados e c_j, o número de alelos comuns entre os pares de acessos i e i'. A partir das duas matrizes, os genótipos foram agrupados pelo método de agrupamento UPGMA (Ligação Média entre Grupo) e projeções bi e tridimensional foram obtidas a partir da matriz de dissimilaridade. Os genótipos foram também agrupados pelos métodos de Tocher e Tocher modificado (VANCONCELOS et al., 2007) a partir da matriz de dissimilaridade.

Pelo complemento do índice de similaridade ponderado, outra matriz de distância foi obtida a partir dos dados de marcadores microssatélites do grupo

de ligação I (GL), GL relacionado com o teor de óleo na literatura. Esta matriz foi correlacionada com a matriz de dissimilaridade produzida pelos 33 locos SSR.

Matrizes de distância a partir do complemento do índice de similaridade não ponderado e a partir do índice d^2 de Smouse e Peakall foram também correlacionadas com a matriz de dissimilaridade obtida a partir do complemento do índice de similaridade ponderado para os 33 SSR.

Para análise dos percentuais de óleo e proteína, os genótipos foram cultivados nas localidades de Viçosa, MG; Visconde do Rio Brando, MG e São Gotardo, MG entre 2009 e 2011. O primeiro experimento foi semeado em Viçosa (12/2009), dois outros em Rio Branco (02/2010) e São Gotardo (02/2010) e o último foi semeado em São Gotardo (10/2011) no ano seguinte. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. Foram semeadas 15 sementes por fileira de 1 m e o espaçamento entre as parcelas foi de 0,5 m. Após a colheita, os grãos foram triturados em moinho industrial (modelo MA020, Marconi). O farelo de soja foi analisado para os teores de óleo e proteína pelo método de espectrometria do infravermelho utilizando um analizador FT-NIR (modelo Antaris II, Thermo Scientific).

Para análise estatística dos dados fenotípicos foram realizadas análises de variância com base no modelo fatorial utilizando o modelo estatístico $Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \varepsilon_{ijk}$ e os efeitos G fixo e A aleatório.

Para avaliar a relação entre estimativas de diversidade e variância genética, nos agrupamentos pelo método UPGMA a partir das matrizes de distância e similaridade os genótipos foram divididos em grupos com dissimilaridade mínina e máxima. A dissimilaridade média dos grupos foi calculada a partir dos coeficientes da matriz de distância ou foi dada pelo complemento aritmético do valor de similaridade média. As estimativas de variância genética nos grupos foram obtidas por meio de análises de variância pelo modelo hierárquico com dois e três fatores principais utilizando o modelo estatístico $Y_{ijk} = \mu + A_i + G/A_{ij} + B_k + E_{ijk}$, sendo a variância genética estimada por $\sigma_g^2 = (QMGENOT/GRUPO - QMR)/r$. Estas estimativas entre os grupos foram comparadas no sentido de avaliar a relação entre a diversidade e a variância genética nos grupos.

Estas estimativas foram em seguida calculadas em grupos de genótipos com menor e maior divergência média. Primeiro foram calculados os valores de dissimilaridade média de cada genótipo em relação aos 21 restantes, em seguida os genótipos foram ordenados de maneira crescente pelos valores de dissimilaridade média, e depois de ordenados os genótipos foram divididos em grupos com menor e maior divergência média e igual número de genótipos por grupo.

Estimativas de dissimilaridade média e variância genética foram por último calculadas em grupos estabelecidos a partir da projeção de distâncias tridimensional. Os critérios para definir os grupos foram a proximidade na projeção e o igual número de genótipos por grupo. Em cada situação, foram estabelecidos 2 e 3 grupos principais. Para realizar as análises estatísticas foi utilizado o programa GENES (CRUZ, 2006).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os 33 marcadores microssatélites localizados próximo a QTL para o teor de óleo foram eficazes em distinguir os 22 genótipos de soja, que exibiram significativa variabilidade para os teores de óleo e proteína pela análise de variância dos valores fenotípicos ($p<0,01$). Os percentuais médios de óleo e proteína nas quatro avaliações são apresentados na Tabela 1.

Cento e oito alelos foram observados e o número de alelos por loco variou de 2 a 6, com média de 3,3 alelos por loco. Os valores de conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) variaram de 0,08 a 0,77 e tiveram média de 0,44, nível de informatividade similar ao encontrado por VIEIRA et al. (2009) que também avaliaram marcadores SSR em cultivares de soja. O tamanho dos alelos esteve entre 100 e 600 pb e apenas 4 heterozigotos foram observados, o que é coerente com o alto nível de endogamia esperado nos genótipos.

As matrizes de dissimilaridade calculadas a partir do complemento dos índices de similaridade ponderado e não ponderado e a partir do complemento do índice d^2 de Smouse e Peakall mostraram altos valores de correlação de Pearson (>0,94), havendo concordância entre as estimativas dos índices e pouca diferença na utilização dos mesmos. Para todos eles, a diversidade foi

Tabela 1. Percentuais médios de óleo e proteína em base seca

N	Genótipo	Teor de Óleo (%)	Teor de Proteína (%)
1	Garantia	19,74	38,82
2	Tucunaré	20,82	37,56
3	Luziânia	19,42	39,16
4	Conquista	19,47	38,54
5	Suprema	23,01	34,25
6	BARC-8	18,27	45,18
7	CS303TNKCA	20,86	38,36
8	Vencedora	19,79	37,51
9	PI181544	18,26	41,72
10	PI371611	20,66	39,13
11	PI371610	21,50	38,09
12	CD225RR	20,22	39,46
13	CD224	20,71	36,91
14	CD219RR	21,61	36,61
15	PI235347	19,48	39,54
16	CD226RR	20,13	39,62
17	UFV20	19,67	37,53
18	CD222	20,63	36,04
19	CD01RR8376	21,42	37,13
20	CD983321RR	19,84	39,15
21	BR8014887	17,28	44,71
22	CD01RR8384	22,91	36,85

N, número atribuído ao genótipo.

máxima entre a PI181544 e a cultivar CD224, em seguida as maiores estimativas de distância envolveram as PIs PI371611 e PI371610 e a cultivar Suprema.

Para o complemento do índice de similaridade ponderado, as distâncias calculadas variaram entre 0,06 e 0,81, e tiveram média de 0,61, nível de diversidade próximo daqueles relatados por outros autores (PRIOLLI et al., 2002; PRIOLLI et al., 2004). O maior valor de distância (0,81) foi observado nos seguintes pares de genótipos: PI181544 x CD224; PI371610 x CD224; PI371611 x Suprema; PI371610 x Suprema e Garantia x CD225RR. Já o menor valor de distância foi observado entre as PI371611 e PI371610 (0,06). Tiveram maiores distâncias genéticas e pelo menos 21,5% de teor de óleo, os pares de genótipos: Suprema x PI371610 (0,81); Suprema x CD01RR8384 (0,63) e Suprema x CD219RR (0,63).

Considerando a dissimilaridade média de cada genótipo em relação aos 21 restantes, o maior valor foi observado para a PI181544 (0,68), que foi seguida por Suprema (0,67) e CD01RR8384 (0,65) e o menor valor foi

observado para a cultivar CD219RR (0,56), que foi seguida por CD983321RR e CD226RR (0,57). Comparando-se PIs (0,65), variedades com as iniciais CD (0,61) e os genótipos restantes (0,60), o grupo de PIs foi o mais dissimilar, o que era esperado.

No agrupamento pelo método UPGMA, um corte feito a 95,77% da dissimilaridade estabeleceu 4 grupos, valor de distância indicado pelo método de MOJEMA (1977) utilizando o valor de k=1,25 (CRUZ et al., 2011). Neste agrupamento, um grupo foi formado só com PIs, outro grupo conteve as cultivares CD01RR8376 e CD01RR8384 e o grupo seguinte reuniu as outras cultivares, com exceção da cultivar Suprema que formou um grupo único, o que reflete a maior distância da cultivar em relação aos genótipos restantes no dendograma. Os valores de correlação cofenética, distorção e estresse foram de 0,76, 1,2% e 10,9% respectivamente, que indicam bom ajuste dos valores originais e gráficos e pequena distorção das distâncias no dendograma. (Figura 1).

O agrupamento pelo método de Tocher estabeleceu 6 grupos com mais de um genótipo e mostrou relações também observadas no dendograma obtido pelo método UPGMA. No agrupamento, as cultivares CD01RR8376 e CD01RR8384 foram novamente reunidas e a cultivar Suprema manteve-se um grupo único, relações que foram também observadas no método modificado (Tabela 2).

Nas projeções bi e tridimensional da matriz de distância houve uma relativa distância das PIs e das cultivares CD224 e Suprema em relação à maioria, apesar do baixo ajuste verificado entre as distâncias originais e aquelas obtidas nas projeções. Os valores de correlação, distorção e estresse nas projeções bi e tridimensional foram de 0,52 e 0,61; 29,07% e 13,22% e 42,62% e 31,26% respectivamente, indicando que as projeções foram pouco eficazes em representar a matriz de dissimilaridade (Figura 2). Portanto, o método que melhor representou as distâncias genéticas estimadas foi o UPGMA.

Levando-se em conta apenas os microssatélites do GL I, que foi várias vezes associado com o teor de óleo na literatura, foi possível verificar variabilidade na região principal do GL. QTL mapeados na região explicaram

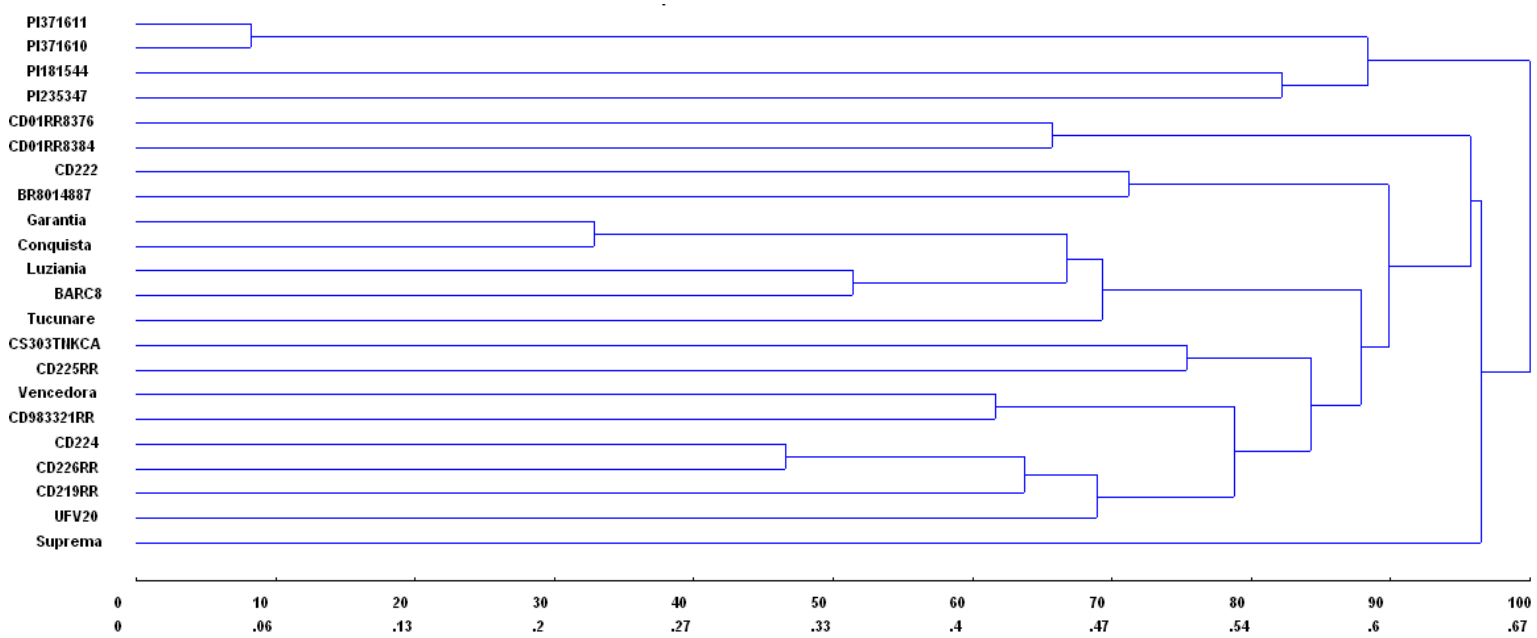
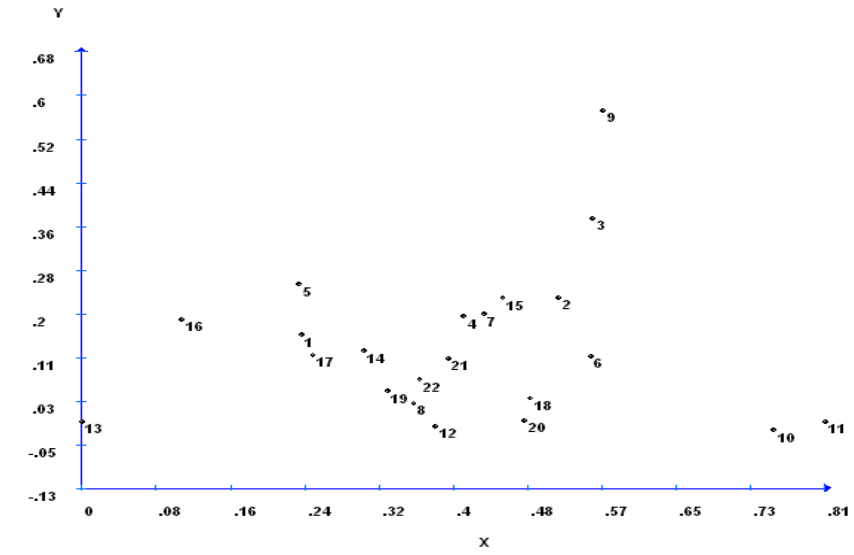


Figura 1. Agrupamento pelo método UPGMA em função de estimativas de distância pelo complemento do índice de similaridade ponderado pela análise de marcadores microssatélites em regiões de QTL para o teor de óleo.

Tabela 2. Agrupamento pelo método de Tocher

Grupos	Genótipos
1	PI371611, PI371610, CD983321RR
2	Garantia, Conquista, Luziânia, BARC-8, Tucunaré, UFV20, CD226RR, CD219RR, Vencedora
3	CD01RR8376, CD01RR8384
4	CD222, BR8014887
5	CS303TNKCA, CD225RR
6	PI181544, PI235347
7	Suprema
8	CD224

A



B

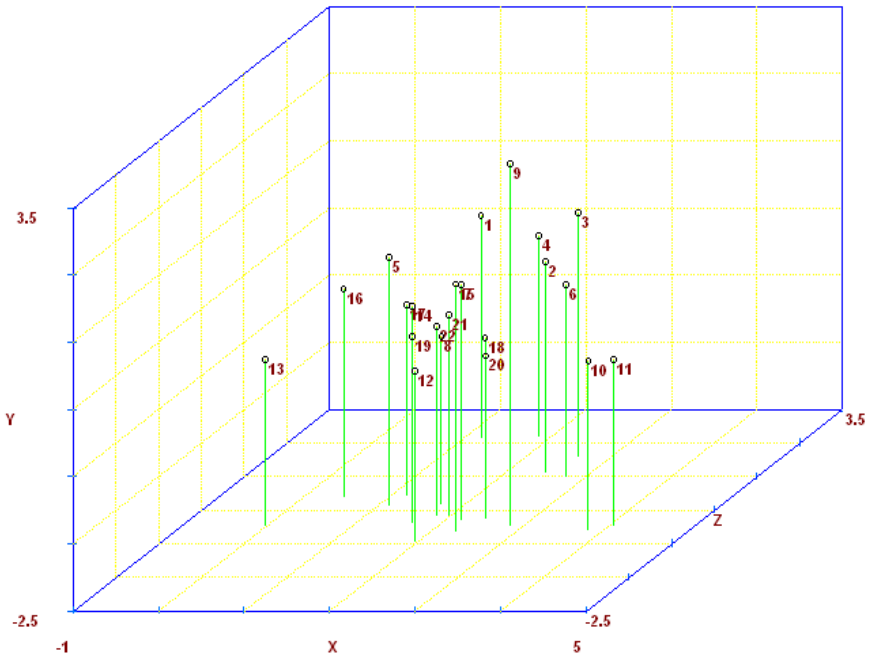


Figura 2. Projeções 2D (A) e 3D (B) da matriz de dissimilaridade utilizando o complemento do índice de similaridade ponderado pela análise de marcadores microssatélites em regiões de QTL para o teor de óleo.

de 6 a 24% da variação para o teor de óleo nas populações avaliadas, sendo essa região a mais relatada e envolvida, simultaneamente, com o teor de óleo e proteína (SEBOLT et al., 2000; CSANÁDI et al., 2001; CHUNG et al., 2003).

O coeficiente de correlação entre as matrizes de dissimilaridade obtidas a partir dos 33 SSR de diferentes regiões e a partir dos SSR do GL I foi de r=0,61, indicando que as distâncias nos dois casos não foram discrepantes. Nas duas matrizes, os mesmos pares de genótipos mostram o maior valor de dissimilaridade (PI371610 x CD224; Garantia x CD225RR; Suprema x PI371611 e Suprema x PI371610), enquanto o menor valor de distância foi observado entre PI371611 e PI371610 nos dois casos. Portanto, houve concordância nas relações de distância considerando apenas a região principal do GL I e também outras regiões genômicas envolvidas no controle das características.

Para avaliar a relação entre a diversidade estimada e a variância genética, os genótipos foram divididos em grupos por diferentes critérios e as estimativas nos grupos foram comparadas. No agrupamento UPGMA a partir da matriz de distância, foram definidos dois e três grupos principais e maiores valores de dissimilaridade média coincidiram com maiores estimativas de variância genética 75% (6/8) e 79,2% (19/24) das vezes respectivamente, quando se considera os percentuais de óleo e proteína em cada ambiente. Pelo dendograma a partir da matriz de similaridade, houve concordância nas estimativas 75% (6/8) e 41,6% (10/24) das vezes, quando foram avaliados 2 e 3 grupos de genótipos respectivamente. A definição dos grupos em cada dendograma e as respectivas estimativas nos grupos são apresentadas na Figura 3 e Tabela 3, respectivamente.

Nos grupos com menor e maior divergência média, definidos com base na média dos valores de distância média de cada genótipo em relação aos 21 restantes, houve concordância nas estimativas de dissimilaridade média e variância genética para 87,5% (7/8) e 83,3% (20/24) dos valores estimados, quando foram definidos 2 e 3 grupos principais respectivamente (Tabela 4).

Nos grupos definidos na projeção de distâncias tridimensional, adotando-se os critérios de proximidade na projeção e igual número de genótipos por grupo, houve concordância entre maiores valores de dissimilaridade média e maiores estimativas de variância genética 62,5% (5/8)

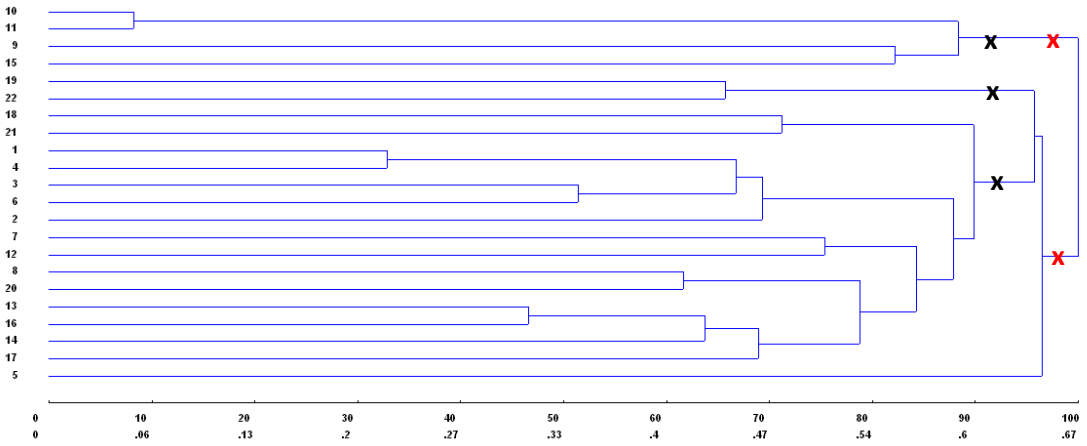
e 87,5% (21/24) das vezes, pela divisão dos genótipos em dois e três grupos principais respectivamente (Figura 4 e Tabela 5).

Considerando os diferentes grupos em cada análise, para o método UPGMA utilizando as matrizes de distância e similaridade, os percentuais de concordância nas estimativas foram de 78,13% (25/32) e 50% (16/32), respectivamente. Nos grupos com menor e maior divergência média, a concordância nas estimativas foi de 84,38% (27/32), enquanto nos grupos estabelecidos na projeção de distâncias 3D este valor foi de 81,25% (26/32). Contabilizando os resultados, o valor geral de concordância entre maiores valores de dissimilaridade média e maiores estimativas de variância genética foi de 73,4% (94/128), que evidencia uma relação direta entre as estimativas quando se utiliza marcadores moleculares selecionados por regiões de QTL.

Em estudos anteriores poucas vezes foi possível predizer a variância genética a partir de estimativas de distância genética obtidas com marcadores moleculares. Em populações de soja avaliadas por BARROSO et al. (2003), não foi observada correlação entre as distâncias genéticas dos progenitores, estimadas por marcadores RAPD, e as estimativas de variância genética das características produtividade e altura de plantas. Para a produtividade de grãos, os coeficientes de correlação verificados foram de -0,13, -0,20, -0,05 e 0,19, nas quatro gerações avaliadas, e de -0,04 para os dados de produtividade combinados. Para altura de plantas, os coeficientes de correlação foram de 0,10, 0,35, 0,35 e 0,44, nas quatro gerações, e de 0,37 para os dados combinados.

Resultado semelhante foi encontrado por BONATO et al. (2006b), que estimaram distâncias genéticas com marcadores AFLP e avaliaram 6 populações de RIL para 7 características agronômicas, em 4 épocas de semeadura. Nas quatro épocas de semeadura, os coeficientes de correlação observados entre as estimativas de distância e variância genética foram de 0,21, 0,5, 0,35, 0,16, 0,42, 0,22 e 0,32, para as variáveis produção de grãos, número de nódulos, número de dias para o florescimento, altura da planta no florescimento, número de dias para a maturação, altura da planta na maturação e peso de cem sementes, respectivamente.

A



B

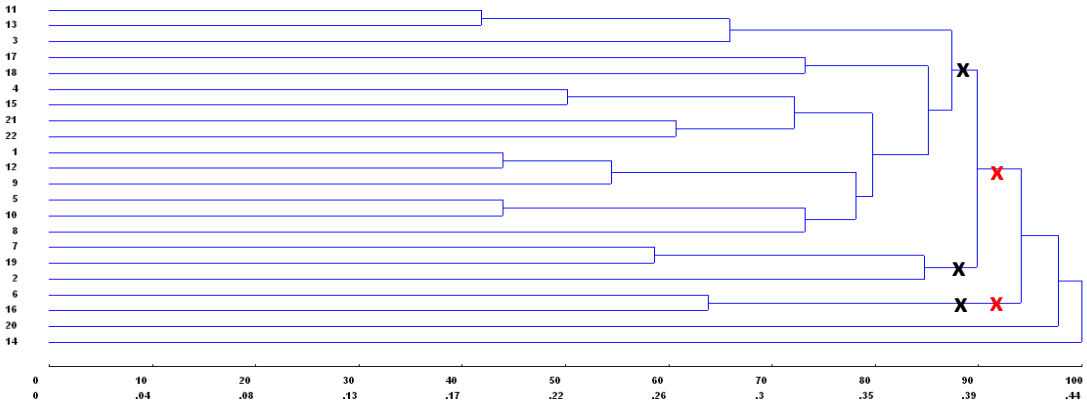


Figura 3. Definição de dois (marcas em vermelho) e três (marcas em preto) grupos principais nos agrupamentos pelo método UPGMA a partir das matrizes de distância (A) e similaridade (B).

Tabela 3. Estimativas de dissimilaridade média e variância genética em grupos estabelecidos pelo método UPGMA

	N		G	DISS	A1PTN	A1OL	A2PTN	A2OL	A3PTN	A3OL	A4PTN	A4OL
Máxima similaridade	2	1	10-15	0,5	3,53	1,69	7,71	7,35	2,29	4,15	-0,06	0,21
		2	19-5	0,59	6,77	2,15	8,66	1,58	9,11	2,56	7,12	2,28
	3	1	10-15	0,5	3,65	1,69	7,77	7,37	2,31	4,17	-0,07	0,21
		2	19,22	0,44	-0,06	0,77	-1,32	1,34	-0,08	0,98	-0,24	0,36
		3	18-17	0,56	4,03	0,52	10,22	1,35	9,88	1,79	6,05	1,53
Mínima similaridade	2	1	11-2	0,63	5,98	2,52	7,01	2,56	5,86	2,87	4,54	1,98
		2	6,16	0,72	6,39	0,16	16,69	2,59	26,99	5,58	12,41	-0,04
	3	1	11-8	0,64	6,86	2,85	7,95	2,92	6,51	3,06	4,94	2,09
		2	7-2	0,66	2,78	1,47	1,11	0,05	-0,29	0,19	4,00	-0,03
		3	6,16	0,72	6,39	0,16	16,69	2,59	26,99	5,58	12,41	-0,04

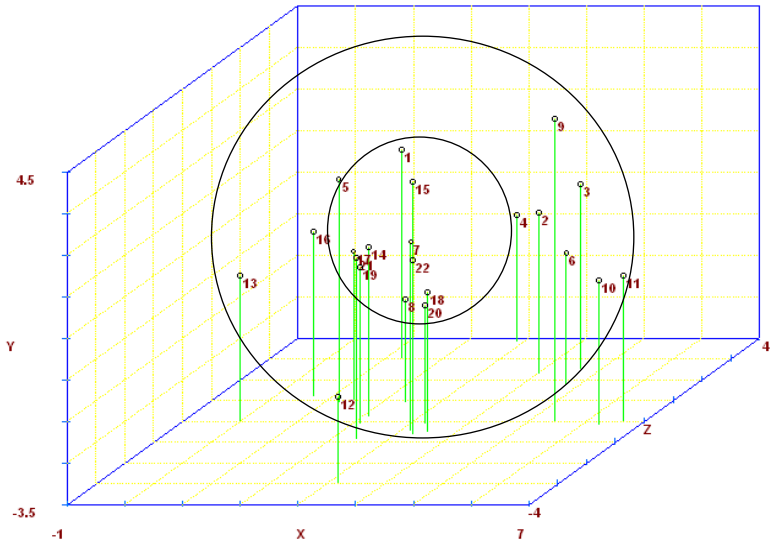
Grupos com máxima e mínima similaridade nos agrupamentos pelo método UPGMA a partir das matrizes de distância e similaridade, respectivamente. N, número de grupos; G, Grupos e respectivos constituintes; DISS, dissimilaridade média calculada; A1-A4, experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011), respectivamente; PTN, teor de proteína; e OL, teor de óleo.

Tabela 4. Estimativas de dissimilaridade média e variância genética em grupos com menor e maior divergência média

	G		DISS	A1PTN	A1OL	A2PTN	A2OL	A3PTN	A3OL	A4PTN	A4OL
2 Grupos	1	14-4	0,54	2,27	0,15	8,81	0,83	8,40	1,61	5,77	1,11
	2	1-9	0,66	9,73	2,74	7,12	4,11	8,79	4,35	6,42	2,90
3 Grupos	1	14-8	0,51	0,31	0,37	3,27	0,61	2,03	1,37	1,05	0,87
	2	7-13	0,59	8,34	0,84	17,60	1,82	20,15	2,56	10,90	2,44
	3	19-5	0,63	9,07	1,94	5,64	4,42	4,79	3,86	4,27	1,94

G, Grupos e respectivos constituintes; DISS, dissimilaridade média calculada; A1-A4, experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011); PTN, teor de proteína; e OL, teor de óleo.

A



B

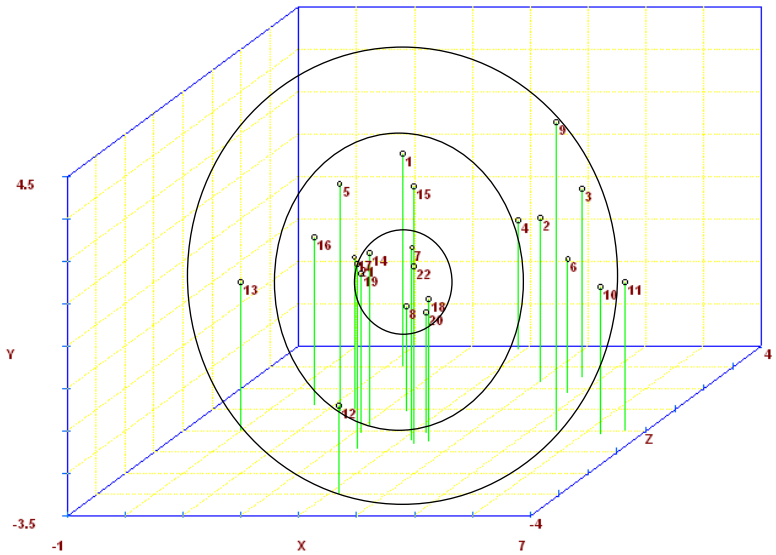


Figura 4. Grupos definidos a partir da projeção de distâncias 3D, utilizando os critérios de proximidade na projeção e igual número de genótipos por grupo. A e B referem-se aos dois e três grupos estabelecidos pelas circunferências, respectivamente.

Tabela 5. Estimativas de dissimilaridade média e variância genética nos grupos estabelecidos a partir da projeção de distâncias tridimensional

	G		DISS	A1PTN	A1OL	A2PTN	A2OL	A3PTN	A3OL	A4PTN	A4OL
2 Grupos	1	1-22	0,61	3,87	1,36	8,45	1,81	7,70	3,54	5,86	2,25
	2	2-16	0,63	8,86	2,97	8,11	3,13	9,15	2,48	6,15	1,75
3 Grupos	1	7-22	0,59	1,45	1,40	3,27	0,60	0,94	2,01	2,49	0,92
	2	1-21	0,63	11,58	2,94	9,94	2,44	9,28	2,85	9,89	3,74
	3	2-13	0,62	6,56	1,81	10,97	3,26	12,70	2,56	5,50	0,96

G, Grupos e respectivos constituintes; DISS, dissimilaridade média calculada; A1-A4, experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011); PTN, teor de proteína; e OL, teor de óleo.

Uma provável causa da falta de associação nas estimativas pode ser o uso de marcadores moleculares que não representam regiões de QTL da característica. Os locos amostrados podem não estar ligados aos QTL, ou parte dos QTL envolvidos com a variância genética da característica pode não estar ligada aos locos marcadores (BERNARDO et al. 1992).

CHARCOSSET e ESSIOUX (1994) citam que quanto mais ao acaso for a amostragem dos cromossomos pelos marcadores moleculares e mais desigual for a distribuição dos QTL da variável ou maiores forem as diferenças de magnitude nos efeitos dos QTL, menor é a correlação esperada entre a diversidade e a variância genética.

4. CONCLUSÕES

i. Existe razoável diversidade entre as cultivares, sendo a PI181544 a mais divergente, seguida por PI371610, PI371611 e Suprema;

ii. Houve relação direta (0,73) entre as estimativas de distância genética e variância genética nos genótipos, o que indica a utilidade dos marcadores moleculares na seleção de progenitores.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDELNOOR, R.V.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Determination of genetic diversity within Brazilian soybean germplams using random amplified polymorphic DNA techniques and comparative analysis with pedigree data. **Revista Brasileira de Genética**, v.18, n.2, p.265-273, 1995.

BARROSO, P.A.V.; GERALDI, I.O.; VIEIRA, M.L.C.; PULCINELLI, C.E.; VENCOVSKY, R.; DIAS, C.T.S. Predicting performance of soybean populations using genetic distances estimated with RAPD markers. **Genetics and Molecular Biology**, v.26, n.3, p.343-348, 2003.

BERNARDO, R. Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity. **Theoretical and Applied Genetics**, v.83, p.628-634, 1992.

BONATO, A.L.V.; CALVO, E.S.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F.F.; GERALDI, I.O. Prediction of genetic variability through AFLP-based measure of genetic distance in soybean, **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, n.6, p.30-39, 2006b.

BONATO, A.L.V.; CALVO, E.S.; GERALDI, I.O.; ARIAS, C.A.A. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers, **Genetics and Molecular Biology**, v.29, n.4, p.692-704, 2006a.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLMICK, M.; DAVIS, R. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, v.32, p.314-331, 1980.

CHARCOSSET, A.; LEFORT-BUSON, M.; GALLAIS, A. Relationship between heterosis and heterozygosity at marker loci, a theoretical computation. **Theoretical and Applied Genetics**, v.81, p.571-575, 1991.

CHEN, O.; ZHANG, Z.; LIU, C.; XIN, D.; QIU, H.; SHAN, D.; SHAN, C.; HU, G. QTL analysis of major agronomic traits in soybean. **Agricultural Sciences in China**, v.6, n.4, p. 399-405, 2007.

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

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Biometria**. Viçosa: Editora UFV. 2006. 382p.

CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. **Biometria Amplicada ao estudo da Diversidade Genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011. 620p.

CSANÁDI G.; VOLLMANN, J.; STIFT, G.; LELLEY, T. Seed quality QTL identified in a molecular map of early maturing soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.103, p.912-919, 2001.

DOYLE, J.J.; DOYLE. J.L. A rapid DNA isolation procedure from small quantities of fresh leaf tissues. **Phytochem bull**, v.19, p.11-15, 1990.

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**, v.44, p.1218-1225, 2004.

GUMBER, R.K.; SCHILL, B.; LINK, W.; KITTLITZ, E.V.; MELCHINGER, A.E. Mean, genetic variance, and usefulness of selfing progenies from intra- and inter-pool crosses in faba beans (*Vicia faba* L.) and their prediction from parental parameters. **Theoretical and Applied Genetics**, v.98, p.569-580, 1999.

HIROMOTO, D.M.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean Glycine max (L.) Merril) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, v.9, p.295-306, 1986.

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 a prominent soybean population. **Theoretical and Applied Genetics**, v.109, p.552–561, 2004.

KISHA, T.J.; SNELLER, C.H.; DIERS; B.W. Relationship between genetic distance among parents and genetic variance in populations of soybean. **Crop Science**, v.37, n.4, p.1317-1325, 1997.

LI, W.; SUN, D.; DU, Y.; CHEN, Q.; ZHANG, Z.; QIU, L.; SUN, G. Quantitative trait loci underlying the development of seed composition in soybean (*Glycine max* L. Merr.) **Genome**, v.50, p.1067–1077, 2007.

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

MIRANDA, Z.F.S.; ARIAS, C.A.A.; PRETE, C.E.C.; KIIHL, R.A.S.; ALMEIDA, L.A.; TOLEDO, J.F.F. DESTRO, D. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.3, p.363-369, 2007.

MOJEMA, R. Hierarchical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**, v.20, p.359-363, 1977.

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**, v.45, p.2015-2022, 2005.

PRIOLLI, G.R.; MENDES-JUNIOR, T.C.; ARANTES, N.E.; CONTEL, B.E. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and molecular biology**, v.25, p.185-193, 2002.

PRIOLLI, G.R.; PINHEIRO, J.B.; ZUCCHI, M.I.; BAJAY, M.M.; VELLO, N.A. Genetic Diversity among Brazilian Soybean Cultivars Based on SSR Loci and Pedigree Data. **Brazilian archives of biology and technology**, v.53, n.3, p.519-531, 2010.

PRIOLLI, R.H.G.; MENDES-JUNIOR, C.T.; SOUSA, S.M.B; SOUSA, N.E.A.; CONTEL, E.P.B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, n.10, p.967-975, 2004.

REINPRECHT, Y.; POYSA, V.W.; YU, K.; RAJCAN, I.; ABLETT, G.R.; PAULS, K.P. Seed and agronomic QTL in low linolenic acid, lipoxygenase free soybean germoplasm. **Genome**, v.49, p.1510-1527, 2006.

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

SHIBATA, M.; TAKAYAMA, K.; UJIIE, A.; YAMADA, T.; ABE, J.; KITAMURA, K. Genetic relationship between lipid content and linolenic acid concentration in soybean seeds. **Breeding Science**, v.58, n.4, p.361-366, 2008.

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 Science**, v.41, p.493–509, 2001.

TAJUDDIN, T.; WATANABE, S.; YAMANAKA, N.; HARADA, K. Analysis of quantitative trait loci for protein and lipid contents in soybean seeds using recombinant inbred lines**. Breeding Science**, v.55, p.133-140, 2003.

VASCONCELOS, E.D.; CRUZ, C.D.; BHERING, L.L.; RESENDE JUNIOR, M.F.R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.1421-1428, 2007.

VELLO, N.A.; HIROMOTO, D.M.; AZEVEDO FILHO, A.J.B.V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. **Revista Brasileira de Genética**, v.11, p.679-697, 1988.

VIEIRA, E.S.N.; SCHUSTER, I.; SILVA, R.B.; OLIVEIRA, M.A.R. Variabilidade genética em cultivares de soja determinada com marcadores microssatélites em gel de agarose. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.11, p.1460-1466, 2009.

CAPÍTULO 3

DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE EM REGIÕES DE QTL PARA O TEOR DE PROTEÍNA EM SOJA E SUA RELAÇÃO COM A VARIÂNCIA GENÉTICA

RESUMO

As estimativas de diversidade genética com base em marcadores moleculares têm sido pouco utilizadas para a seleção de progenitores, pois nem sempre é possível predizer a variabilidade genética a partir de medidas de distância. O presente trabalho teve como objetivos estimar a diversidade genética de genótipos de soja utilizando marcadores microssatélites localizados próximo a QTL para o teor proteína e avaliar a possibilidade de predizer a variância genética a partir das estimativas de distância obtidas com os marcadores moleculares. Com base nas distâncias genéticas estimadas houve diversidade nas regiões de QTL, além de significativa variabilidade para teor de proteína e óleo de acordo com as análises de variância dos valores fenotípicos (P<0,01). Relação direta (0,72) foi verificada entre as estimativas de distância genética e variância genética nos genótipos, o que indica o potencial dos marcadores moleculares para a seleção de progenitores.

ABSTRACT

Estimates of genetic diversity based on molecular markers have been little used for parents selection because is not always possible to predict the genetic variability from distance measurements. This work aimed to assess the genetic diversity in soybean genotypes using microsatellite markers located close to QTL for protein content and its relationship with the genetic variance. Based on estimated genetic distances, there was diversity on QTL regions of the trait, as well as significant variability for protein and oil content according to analyses of variance of phenotypic values (P <0.01). A positive relationship (0.72) was seen between the estimates of genetic distance and genetic variance in those genotypes, which indicates the molecular markers potential for parent selection.

1. INTRODUÇÃO

No Brasil, os programas de melhoramento de soja trabalham quase sempre com uma base genética estreita e um pequeno tamanho efetivo populacional. Além de haver baixa variabilidade, tem sido observada redução nos percentuais de proteína nas cultivares melhoradas, possivelmente em razão da prioridade dos programas de melhoramento pela melhoria do potencial produtivo, o que pode ter reduzido a variabilidade para o teor de proteína, associada à seleção para alto teor de óleo, pois existe uma relação inversa entre os conteúdos de óleo e proteína (BONATO et al., 2000; PIOVESAN, 2008).

Outro provável fator envolvido com a redução nos níveis de proteína é que a produtividade de grãos é em geral inversamente correlacionada com o teor de proteína nas sementes. No entanto, BURTON (1984) relata que apesar de freqüentes as correlações negativas, elas usualmente são pouco expressivas. VOLDENG et al. (1997) também observaram aumentos na produtividade e teores mais elevados de óleo em variedades cultivadas nos EUA, enquanto o nível de proteína reduziu em 4 g/kg/ano.

Frente à relativa falta de variabilidade genética nos programas de melhoramento, o uso de novas fontes de germoplasma pode contribuir para ampliar a base genética e possibilitar acréscimos no teor de proteína nas novas cultivares. Os marcadores moleculares, neste sentido, são ferramentas úteis para estimar a diversidade genética disponível e avaliar as relações genéticas entre cultivares, que por sua vez pode facilitar a seleção de progenitores, evitando-se populações pouco promissoras para maior eficiência nos programas de melhoramento.

No melhoramento genético de plantas autógamas, o ideal para a seleção é que as populações endogâmicas tenham médias e variâncias elevadas. Para um caráter quantitativo, é esperada uma variância genética maior em uma população quanto maior forem as diferenças genéticas entre os progenitores, enquanto a média populacional é relacionada ao desempenho per si dos progenitores. Portanto, a variância genética e a média fenotípica dos progenitores podem ser indicativos prévios do potencial de uma população para a seleção (GUMBER et al., 1999).

Pelo fato do número de genes que segregam para determinado caráter quantitativo definir tanto a variância quanto a divergência genética, as estimativas de distância genética podem ser úteis no planejamento de cruzamentos. Porém, nem sempre é possível predizer a variância genética a partir de medidas de distância estimadas por marcadores moleculares. Por ser pouco conhecida esta relação, as estimativas de diversidade genética com base em marcadores moleculares têm sido pouco utilizadas no melhoramento.

De acordo com MELCHINGER et al. (1992) e CHARCOSSET et al. (1991), para haver capacidade preditiva as estimativas de diversidade genética devem considerar as posições de QTL que controlam a característica alvo, requer desequilíbrio de ligação entre marcadores moleculares e QTL e a fase de ligação entre marcadores e QTL deve se manter invariável nos genótipos.

Os objetivos do presente trabalho foram (1) estimar a diversidade genética de 29 genótipos de soja, utilizando marcadores microssatélites localizados próximo a QTL para o teor de proteína e (2) avaliar a possibilidade de predizer a variância genética a partir das estimativas de distância obtidas com os marcadores moleculares.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Vinte e nove genótipos de soja com diferentes teores de proteína do Programa de Melhoramento Genético da Qualidade da Soja do BIOAGRO (PMQS) foram cultivados em casa de vegetação. Amostras de folhas foram coletadas, congeladas em nitrogênio líquido e armazenadas a -80ºC. A extração de DNA foi realizada conforme descrito por DOYLE e DOYLE (1990).

Trinta e nove pares de primers de marcadores microssatélites localizados próximo a QTL para o teor de proteína foram amplificados a partir das amostras de DNA. Os seguintes marcadores microssatélites foram amplificados: Satt166; Satt127; Satt178; Satt567; Satt077; Satt567; Satt196; Satt239; Satt310; Satt301; Satt384; Satt281; Satt156; Satt496; Satt239; Satt251; Satt373; Satt460; Satt335; Satt539; Satt486; Satt570; Satt389; Satt571; Satt419; Satt270; Satt263; Satt151; Satt151; Satt117; Satt445; Satt257; Satt173; Satt581; Satt476; Satt471; Satt286; Satt518; Satt164. QTL para o teor de proteína nestas regiões foram mapeados por ORF et al., 1999; SEBOLT et al., 2000; SPECHT et al., 2001; CSANÁDI et al., 2001; TAJUDDIN

et al., 2003; CHUNG et al., 2003; CHAPMAN et al., 2003; HYTEN et al., 2004; PANTHEE et al., 2005; REINPRECHT et al., 2006; CHEN et al., 2007 e SOARES et al., 2008, nos grupos de ligação A1, B2, C1, C2, D1a, D2, E,F,I,K,L e M.

As reações de amplificação tiveram volume final de 15 µL e as seguintes condições: Tris-HCl 10 mM, pH 8,3; KCl 50 mM; $MgCl_2$ 2 mM; Triton X-100 0,1%; 100 µM de cada um dos desoxinucleotídios; 0,3 µM de cada iniciador; uma unidade de Taq polimerase e 30 ng de DNA. As reações de PCR tiveram um passo inicial de 94ºC por 4 min; 30 ciclos de 94ºC por 1 min, 55ºC por 1 min e 72º C por 2 min e uma etapa final de 72ºC por 7 min.

Os produtos de amplificação foram separados por eletroforese em géis verticais de poliacrilamida 10%, utilizando tampão TAE 1X (Tris-acetato 40 mM e EDTA 1 mM) e período de corrida de três horas a 140 volts. Após a eletroforese, os géis foram corados com nitrato de prata 2% e depois fotografados com um equipamento Loccus Biotechnology (L-PIX EX).

O conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) dos marcadores microssatélites foi calculado por meio da equação:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^{a} p_i^2 - \sum_{i,j=1}^{a} \sum_{i \neq j}^{a} p_i^2 p_j^2$$, em que:

p_i é a freqüência do i-ésimo alelo no loco estudado; e

p_j é a freqüência do j-ésimo alelo no loco estudado (BOTSTEIN et al., 1980).

Matrizes de similaridade e de dissimilaridade foram obtidas a partir dos dados moleculares, pelos índices:

$$S_{ii'} = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^{L} p_j c_j$$

$$D = 1 - S_{ii'}$$

sendo $p_j = \frac{a_j}{A}$, o peso associado ao loco j; a_j, o número total de alelos do loco j; A, o número total de alelos estudados e c_j o número de alelos comuns entre os pares de acessos i e i'. A partir das duas matrizes, os genótipos foram agrupados pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA (Ligação Média entre Grupo) e projeções bi e tridimensional foram obtidas a partir da matriz de dissimilaridade. Os genótipos foram também agrupados pelos métodos de Tocher e Tocher modificado (VANCONCELOS et al., 2007) a partir da matriz de dissimilaridade.

Pelo complemento do índice de similaridade ponderado, outra matriz de distância foi obtida a partir dos dados de marcadores microssatélites do grupo de ligação I (GL), GL relacionado com o teor de proteína na literatura, que em seguida foi correlacionada com a matriz de distância produzida pelos 39 locos SSR.

Para análise dos percentuais de proteína e óleo, os genótipos foram cultivados nas localidades de Viçosa, MG; Rio Brando, MG e São Gotardo, MG entre 2009 e 2011. O primeiro experimento foi semeado em Viçosa (12/2009), dois outros em Visconde do Rio Branco (02/2010) e São Gotardo (02/2010) e o último foi semeado em São Gotardo (10/2011) no ano seguinte. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. Quinze sementes foram semeadas por fileira de 1 m e o espaçamento entre as parcelas foi de 0,5 m. Após a colheita, os grãos foram triturados em um moinho industrial (modelo MA020, Marconi). O farelo de soja foi analisado para os teores de óleo e proteína pelo método de espectrometria do infravermelho utilizando um analizador FT-NIR (modelo Antaris II, Thermo Scientific).

Para análise estatística dos dados fenotípicos foram realizadas análises de variância com base no modelo fatorial utilizando o modelo estatístico $Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \varepsilon_{ijk}$ e os efeitos G fixo e A aleatório.

Para avaliar a relação entre estimativas de diversidade e variância genética, nos agrupamentos pelo método UPGMA a partir das matrizes de distância e similaridade os genótipos foram divididos em grupos com dissimilaridade mínina e máxima. A dissimilaridade média dos grupos foi calculada a partir dos coeficientes da matriz de distância ou foi dada pelo complemento aritmético do valor de similaridade média. As estimativas de variância genética nos grupos foram obtidas por meio de análises de variância pelo modelo hierárquico com dois e três fatores principais utilizando o modelo estatístico $Y_{ijk} = \mu + A_i + G/A_{ij} + B_k + E_{ijk}$, sendo a variância genética estimada por $\sigma_g^2 = (QMGENOT/GRUPO - QMR)/r$. Estas estimativas entre os grupos foram comparadas no sentido de avaliar a relação entre a diversidade e a variância genética nos grupos.

Estas estimativas foram em seguida calculadas em grupos de genótipos com menor e maior divergência média. Primeiro foram calculados os valores de

dissimilaridade média de cada genótipo em relação aos 28 restantes, os genótipos foram ordenados de maneira crescente pelos valores de dissimilaridade média, e depois de ordenados os genótipos foram divididos em grupos com menor e maior divergência média e igual número de genótipos por grupo.

Estimativas de dissimilaridade média e variância genética foram por último calculadas em grupos estabelecidos a partir da projeção de distâncias tridimensional. Os critérios para definir os grupos foram a proximidade na projeção e o igual número de genótipos por grupo. Em cada situação, foram estabelecidos 2 e 3 grupos principais. Para realizar as análises estatísticas foi utilizado o programa GENES (CRUZ, 2006).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os 39 marcadores microssatélites amplificados de regiões de QTL para o teor de proteína produziram 134 alelos distintos. O número de alelos por loco variou de 2 a 6, teve média de 3,44 alelos por loco e 10 heterozigotos foram observados, valor que equivale a uma freqüência inferior a 1%. Os valores de conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) variaram de 0,1 a 0,75 e tiveram média de 0,44.

A análise dos marcadores microssatélites revelou haver diversidade genética nas regiões de QTL, além de haver significativa variabilidade para os teores de proteína e óleo de acordo com as análises de variância dos valores fenotípicos ($P<0,01$).

Os percentuais médios de proteína e óleo pela avaliação fenotípica em diferentes ambientes são apresentados na Tabela 1. Os maiores percentuais de proteína foram observados para as cultivares BARC-8 (45,18% de teor protéico) e BR8014887 (44,71% de teor protéico), enquanto o menor percentual foi exibido por Suprema (34,25% de teor protéico).

As dissimilaridades calculadas pelo complemento do índice de similaridade ponderado variaram de 0,04 a 0,85 e tiveram média de 0,57. O maior valor de distância foi observado para os pares de genótipos PI417360 x Garantia e PI417360 x Conquista (0,85), que foram seguidos por PI417360 x MSOY8400 e PI417360 x B3PTA216-1-9 (0,80). Já o menor valor de distância

Tabela 1. Percentuais médios de óleo e proteína em base seca

N	Genótipo	Proteína (%)	Óleo (%)
1	Garantia	38,82	19,74
2	Tucunaré	37,56	20,82
3	Luziânia	39,16	19,42
4	UFV16	38,47	19,85
5	CS3032PTA182	41,84	17,91
6	Sambaíba	37,55	19,60
7	CS94731	40,71	18,27
8	MSOY8914	37,26	20,57
9	UFV18	37,72	20,43
10	MSOY8400	39,26	18,81
11	DM339	39,26	18,76
12	UFVS2012	37,15	20,74
13	UFVS2011	37,90	19,61
14	MSOY8001	37,19	19,83
15	UFVS2001	39,71	19,12
16	Conquista	38,54	19,47
17	Suprema	34,25	23,01
18	MSOY6101	35,96	21,90
19	PI417360	41,01	17,19
20	CS3032PTA190-5-1	43,63	17,30
21	CS3032PTA137-4-10	43,55	16,48
22	B3PTA382-2-10	43,80	17,67
23	CS3032PTA276-3-4	44,31	16,84
24	B3PTA216-1-9	43,48	18,47
25	BARC-8	45,18	18,27
26	CS3032PTA276-1-2	43,75	17,13
27	CS3032PTA167-1-2	41,40	18,41
28	B3PTA213-3-4	43,23	18,50
29	BR8014887	44,71	17,28

N, número atribuído ao genótipo.

foi observado entre os genótipos CS3032PTA276-3-4 x CS3032PTA276-1-2 e B3PTA216-1-9 x B3PTA213-3-4 (0,04), que foram seguidos por CS3032PTA276-1-2 x CS3032PTA167-1-2 (0,05).

Tiveram maiores distâncias e pelo menos 43% de teor protéico, os seguintes pares de genótipos: BARC-8 x CS3032PTA276-1-2 (0,71); BARC-8 x CS3032PTA190-5-1 (0,71); BARC-8 x CS3032PTA276-3-4 (0,71); CS3032PTA276-1-2 x B3PTA382-2-10 (0,62); B3PTA382-2-10 x CS3032PTA276-3-4 (0,62); B3PTA382-2-10 x CS3032PTA190-5-1 (0,62);

B3PTA216-1-9 x CS3032PTA276-1-2 (0,61); e B3PTA216-1-9 x CS3032PTA276-3-4 (0,61).

Quando se considera a dissimilaridade média de cada genótipo em relação aos 28 restantes, o maior valor foi observado para a PI417360 (0,74), que foi seguida pelas cultivares BARC-8 (0,66) e Sambaíba (0,63), já o menor valor foi observado para a CS3032PTA-137-4-10 (0,47), que foi seguida por CS3032PTA-190-5-1 (0,49).

Valores também elevados de dissimilaridade média foram observados para os genótipos CS94731 (0,62), MSOY6101 (0,62) e BR8014887 (0,62). Comparando-se os materiais com as iniciais B3, CS, UFV e MSOY, o grupo de cultivares com as iniciais MSOY (0,59) foi o mais divergente, enquanto o grupo de genótipos com as iniciais CS (0,51) foi o mais similar.

No agrupamento pelo método UPGMA com base na matriz de distância, a PI417360 foi a mais divergente, em seguida a mais distante em relação à maioria foi a cultivar Sambaíba. A cultivar BARC-8 que tem alto teor protéico foi agrupada com BR8014887, que mostrou o segundo teor mais alto de proteína, indicando haver maior similaridade entre elas. Dois grupos foram formados por genótipos com as iniciais B3 e CS303, enquanto as cultivares com as iniciais UFV e UFVS foram agrupadas duas a duas, exceto UFVS2012 que foi agrupada na projeção com MSOY8001. Já as cultivares com as iniciais MSOY não ficaram agrupadas na projeção (Figura 1).

Pelo corte a 80,37% da dissimilaridade, valor de distância indicado pelo método de MOJEMA (1977) utilizando o valor de k=1,25 (CRUZ et al., 2011), 4 grupos são estabelecidos. Um grupo reuni as cultivares com as inicias B3; outro grupo agrupa genótipos com as iniciais CS e UFV, exceto UFVS2012; DM339 e MSOY6101 formam o grupo seguinte e o grupo restante reuni BARC-8 e BR8014887 que têm alto teor protéico. Os valores de correlação cofenética, distorção e estresse na projeção foram de 0,87, 1,21% e 11,01% respectivamente, que indicam bom ajuste dos valores originais e gráficos.

O agrupamento pelo método de Tocher, bem como o método modificado, estabeleceu apenas um grupo principal e dois grupos únicos, um deles a PI417360 e o outro a cultivar BARC-8, evidenciando a distância genética dos mesmos em relação à maioria.

Nas projeções bi e tridimensional da matriz de distância houve baixo ajuste das distâncias originais e gráficas, os valores de correlação, distorção e estresse nas projeções foram de 0,56 e 0,69; 40,74% e 18,59%; e 51,40% e 32,52% respectivamente, valores insatisfatórios para representar a matriz de distância. Portanto, as relações genéticas foram melhor representadas na projeção pelo método UPGMA.

Mesmo havendo altos valores de estresse, as projeções bi e tridimensional da matriz de distância mostraram relações também vistas nos métodos anteriores. A PI417360 foi a mais distante e a cultivar BARC-8 mostrou também relativa distância em relação à maioria (Figura 2).

Quando foram avaliados apenas marcadores microssatélites do GL I, onde foram mapeados vários QTL para o teor de proteína, houve variabilidade para o GL. Um QTL que explicou 65% da variação no teor de proteína foi mapeado neste GL por SEBOLT et al. (2000), um alelo de Glycine soja que foi relacionado ao aumento no teor de proteína. Outros QTL para o teor de proteína, na mesma região, foram mapeados por BRUMMER et al. (1998) e DIERS et al. (1992).

A correlação entre as matrizes de distância obtidas a partir dos 39 SSR de regiões distintas e a partir dos SSR do GL I foi de r=0,66, indicando relações próximas de distância nos dois casos. Nas duas matrizes, PI417360 x Garantia e PI417360 x Conquista foram os pares de genótipos mais distantes (0,85), enquanto CS3032PTA-276-3-4 x CS3032PTA-276-1-2 e B3PTA-216-1-9 x B3PTA-213-3-4 (0,04) foram os pares mais similares, havendo concordância nas relações de distância para o GL principal e quando se considera outras regiões genômicas.

Para avaliar a relação entre a diversidade estimada e a variância genética para teor de óleo e proteína, os genótipos foram divididos em grupos por diferentes critérios e as estimativas nos grupos foram comparadas. No agrupamento pelo método UPGMA com base na matriz de distância, foram definidos dois e três grupos principais e maiores valores de dissimilaridade média coincidiram com maiores estimativas de variância genética 75% (6/8) e 62,5% (10/16) das vezes, respectivamente, considerando os teores de óleo e proteína em cada avaliação. Pelo dendograma a partir da matriz de similaridade, houve concordância nas estimativas 93,75% (15/16) e 31,3%

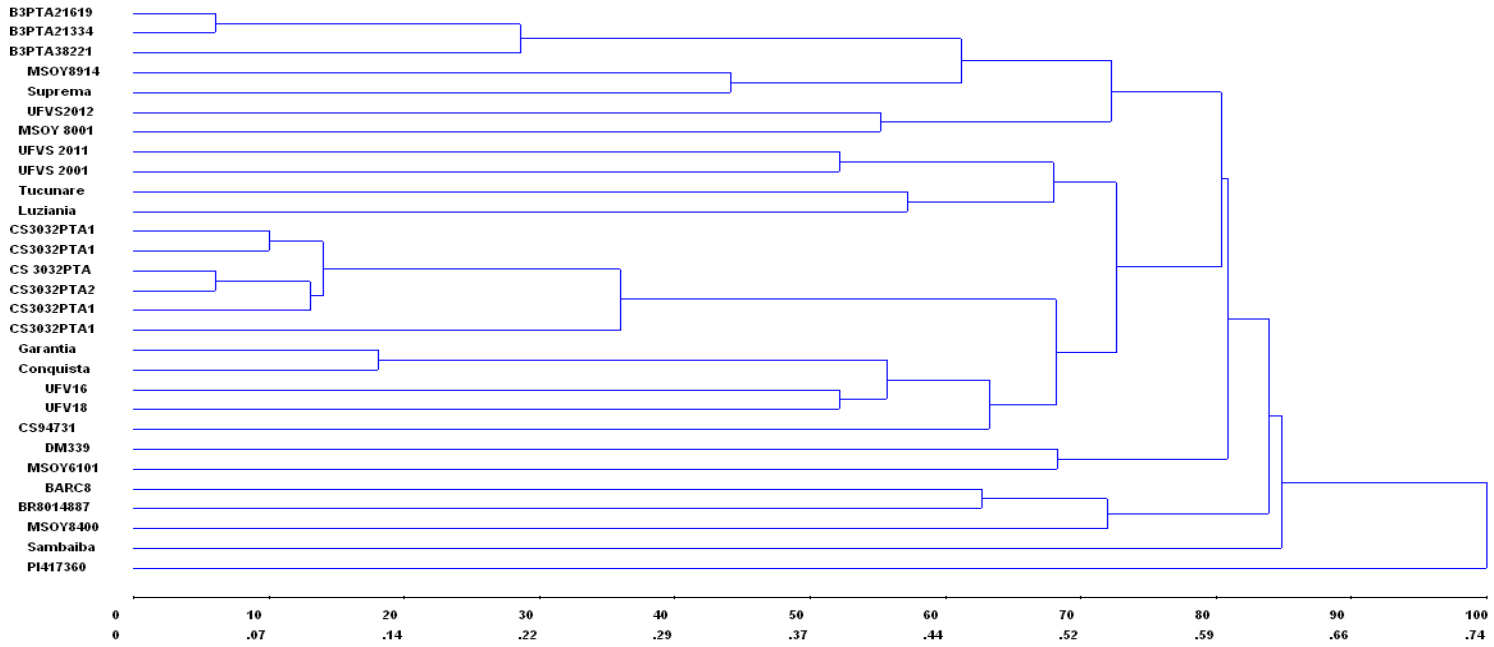
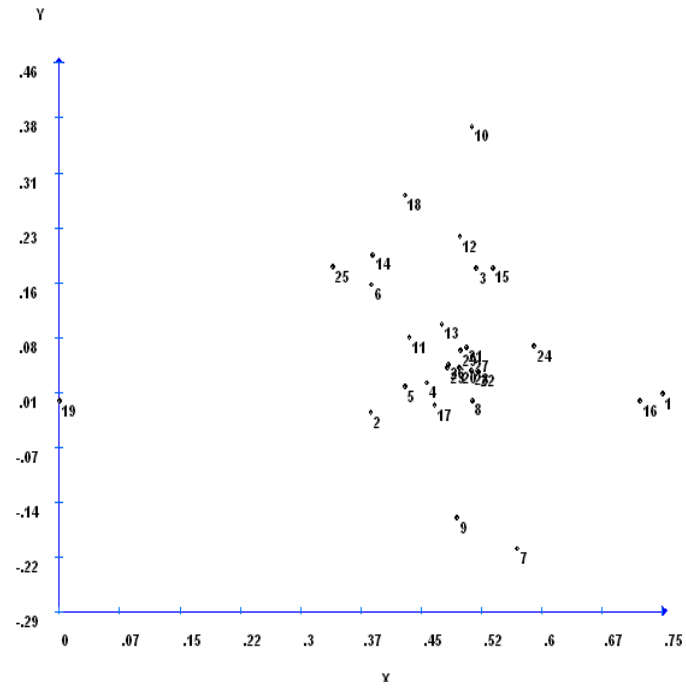


Figura 1. Agrupamento pelo método UPGMA em função de estimativas de distância utilizando o complemento do índice de similaridade ponderado pela análise de marcadores microssatélites em regiões de QTL para o teor de proteína.

A



B

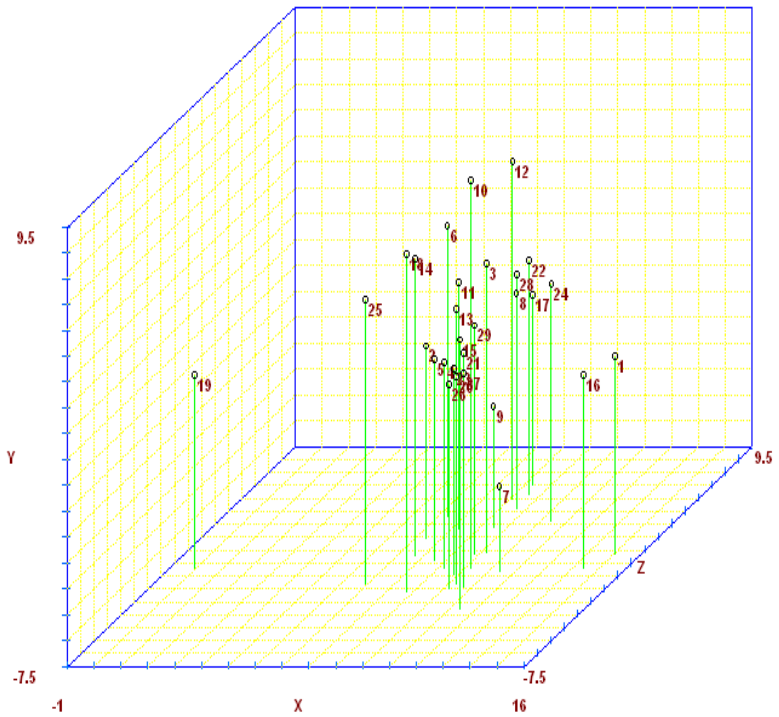


Figura 2. Projeções 2 D (A) e 3 D (B) da matriz de dissimilaridade pela análise de marcadores microssatélites em regiões de QTL para o teor de proteína.

(5/16) das vezes, quando foram avaliados 2 e 3 grupos de genótipos respectivamente. Os grupos definidos em cada dendograma e as respectivas estimativas de dissimilaridade e variância genética são apresentados nas Figuras 3 e 4 e Tabela 2.

Nos grupos com menor e maior divergência média, definidos com base na média dos valores de distância média de cada genótipo em relação aos 28 restantes, houve concordância nas estimativas de dissimilaridade média e variância genética para 87,5% (7/8) e 79,2% (19/24) dos valores estimados, quando foram definidos 2 e 3 grupos respectivamente (Tabela 3).

Nos grupos definidos a partir da projeção de distâncias tridimensional, adotando-se os critérios de proximidade na projeção e igual número de genótipos por grupo, houve concordância entre maiores valores de dissimilaridade média e maiores estimativas de variância genética 62,5% (5/8) e 83,3% (20/24) das vezes, quando os genótipos foram divididos em 2 e 3 grupos principais respectivamente. A constituição dos grupos na projeção é mostrada na Figura 5 e as respectivas estimativas encontram-se na Tabela 4.

Ao considerar os diferentes grupos em cada análise, para o método UPGMA utilizando as matrizes de distância e similaridade, os percentuais de concordância nas estimativas foram de 66,7% (16/24) e 62,5% (20/32), respectivamente. Nos grupos com menor e maior divergência média, a concordância nas estimativas foi de 81,25% (26/32), enquanto nos grupos estabelecidos na projeção de distâncias tridimensional este valor foi de 78,13% (25/32). Contabilizando os resultados, o valor geral de concordância entre maiores valores de dissimilaridade média e maiores estimativas de variância genética foi de 72,5% (87/120), o que evidencia a relação direta entre as estimativas quando se utiliza marcadores moleculares em regiões de QTL.

Em estudos anteriores não foi clara a relação entre a diversidade estimada por marcadores moleculares e a variância genética. KISHA et al. (1997), utilizando marcadores RFLP, investigaram a relação em três grupos de populações de soja derivadas de cruzamentos biparentais, que foram avaliadas para as características produção de grãos, altura de plantas e número de dias para a maturação. O primeiro grupo incluía 8 populações, outro grupo incluía 34 e no último grupo havia outras 34 populações que foram avaliadas em dois anos. Neste estudo, foi observada correlação significativa entre as

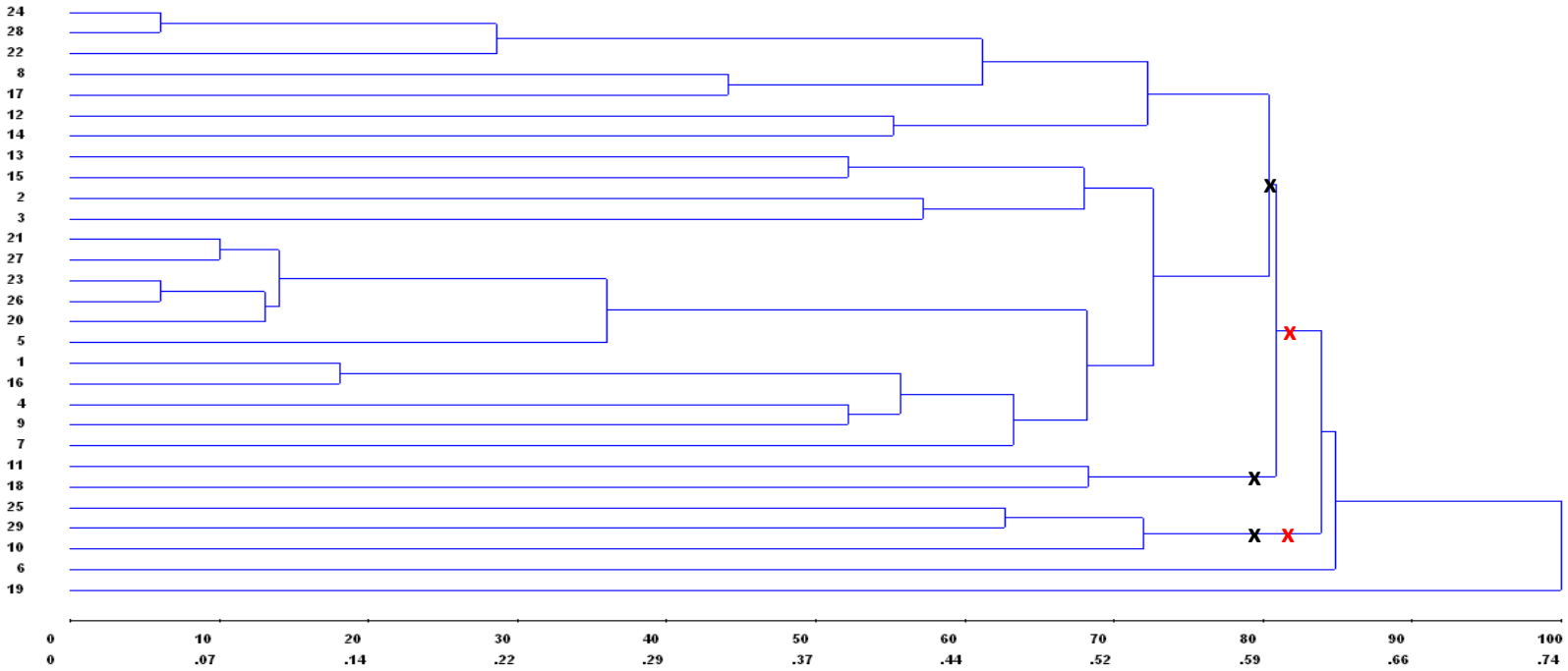


Figura 3. Definição de dois (marcas em vermelho) e três (marcas em preto) grupos principais a partir do agrupamento pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade.

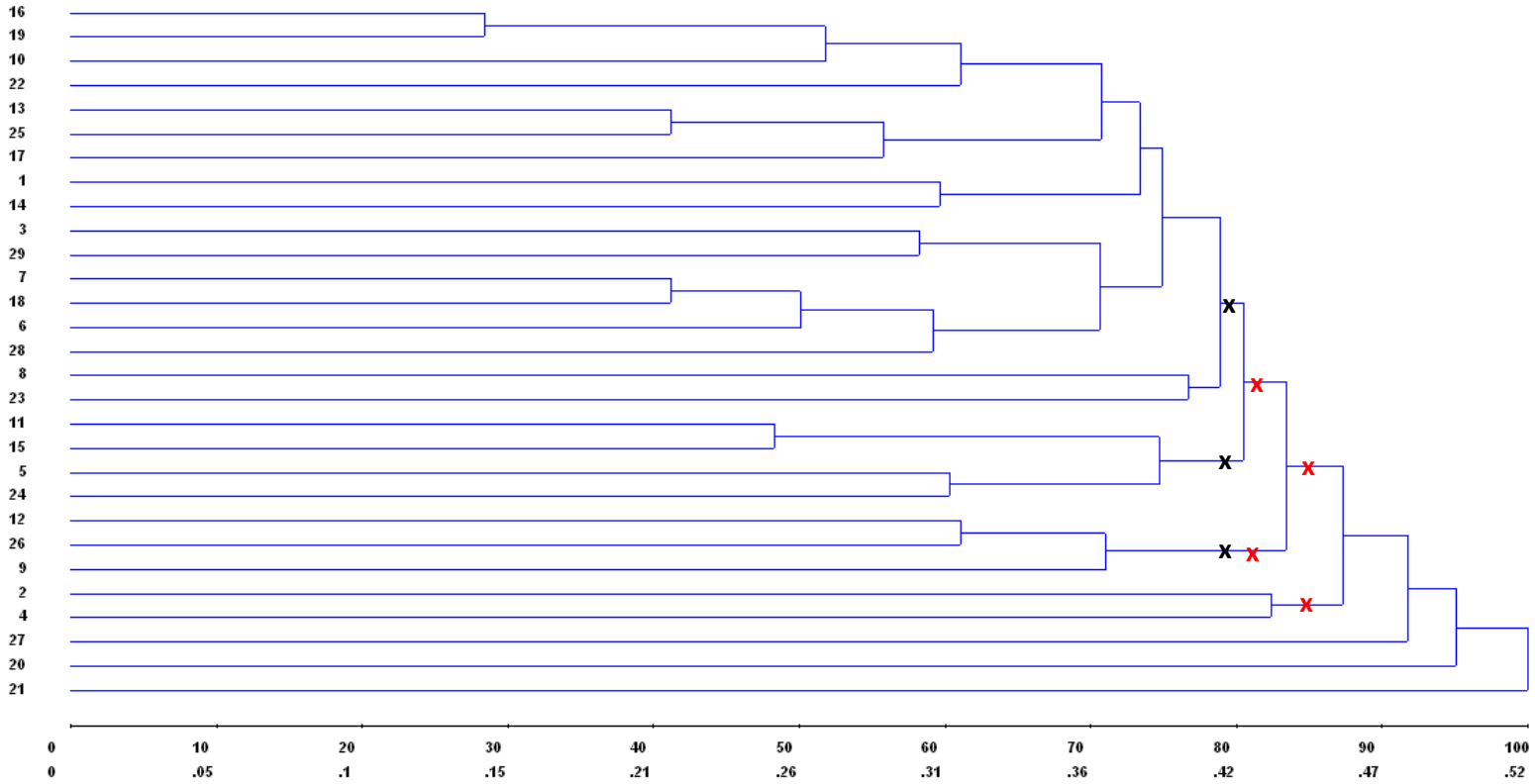


Figura 4. Definição de dois (marcas em vermelho) e três (marcas em preto) grupos principais a partir do agrupamento pelo método UPGMA utilizando a matriz de similaridade.

Tabela 2. Estimativas de dissimilaridade média e variância genética em grupos estabelecidos pelo método UPGMA

	N		G	DISS	A1PTN	A1OL	A2PTN	A2OL	A3PTN	A3OL	A4PTN	A4OL
Máxima similaridade	2	1	24-18	0,54	12,51	4,94	7,53	2,22	7,08	1,89	8,80	2,65
		2	25-10	0,51	9,75	0,67	3,03	0,05	20,26	0,07	10,21	1,59
	3	1	24-7	0,52	11,76	4,23	7,47	1,98	7,23	1,72	8,63	2,79
		2	11,18	0,51	7,17	8,12	18,01	9,33	1,13	4,12	0,43	0,47
		3	25-10	0,51	9,75	0,67	3,03	0,05	20,26	0,07	10,21	1,59
Mínima similaridade	2	1	16-9	0,60	11,46	4,20	10,09	3,18	11,43	2,29	9,55	2,65
		2	2,4	0,57	1,41	1,14	0,35	0,65	3,87	1,70	-0,05	2,42
	2	1	16-24	0,61	11,70	4,40	10,51	3,29	11,41	2,26	9,49	2,44
		2	12-9	0,64	14,70	4,38	11,72	3,58	14,37	3,58	14,25	5,52
	3	1	16-23	0,62	12,38	4,93	12,70	3,88	13,55	2,83	10,29	2,82
		2	11-24	0,64	10,96	2,35	0,30	0,64	2,70	-0,18	7,63	1,13
		3	12-9	0,64	14,70	4,38	11,72	3,58	14,37	3,58	14,25	5,52

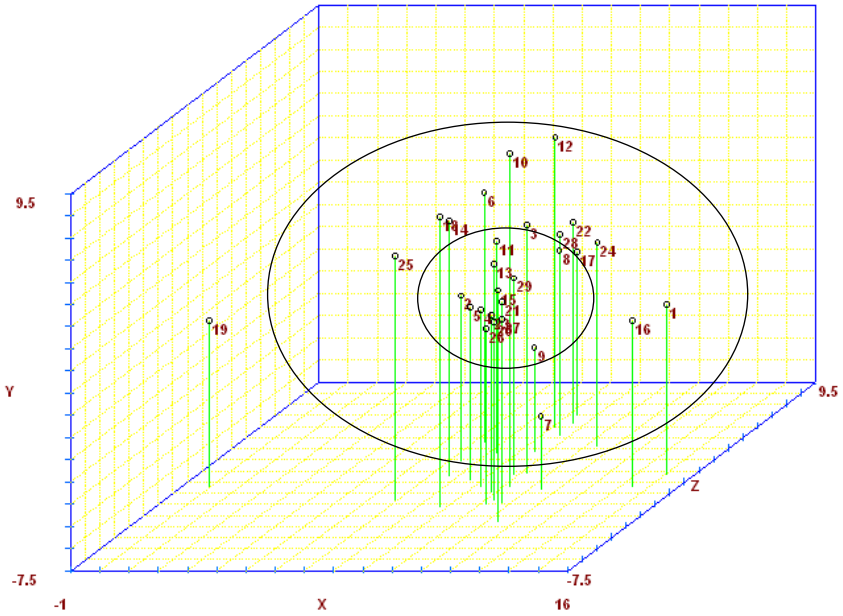
Grupos com máxima e mínima similaridade nos agrupamentos pelo método UPGMA a partir das matrizes de distância e similaridade, respectivamente. N, número de grupos; G, Grupos e respectivos constituintes; DISS, dissimilaridade média calculada; A1-A4, experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011); PTN, teor de proteína; e OL, teor de óleo.

Tabela 3. Estimativas de dissimilaridade média e variância genética em grupos com menor e maior divergência média

		G	DISS	A1PTN	A1OL	A2PTN	A2OL	A3PTN	A3OL	A4PTN	A4OL
2 Grupos	1	21-9	0,46	8,23	3,00	7,26	2,10	6,40	1,39	7,96	2,89
	2	24-19	0,64	12,40	5,10	13,43	4,52	14,15	3,04	10,25	2,78
3 Grupos	1	21-2	0,34	7,03	3,89	8,89	2,46	4,91	1,53	5,71	2,12
	2	8-17	0,52	8,80	0,25	4,92	0,86	8,37	1,29	8,98	2,62
	3	14-19	0,64	11,98	5,90	11,74	3,46	9,55	2,76	8,24	2,93

G, Grupos e respectivos constituintes; DISS, dissimilaridade média calculada; A1-A4, experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011); PTN, teor de proteína; e OL, teor de óleo.

A



B

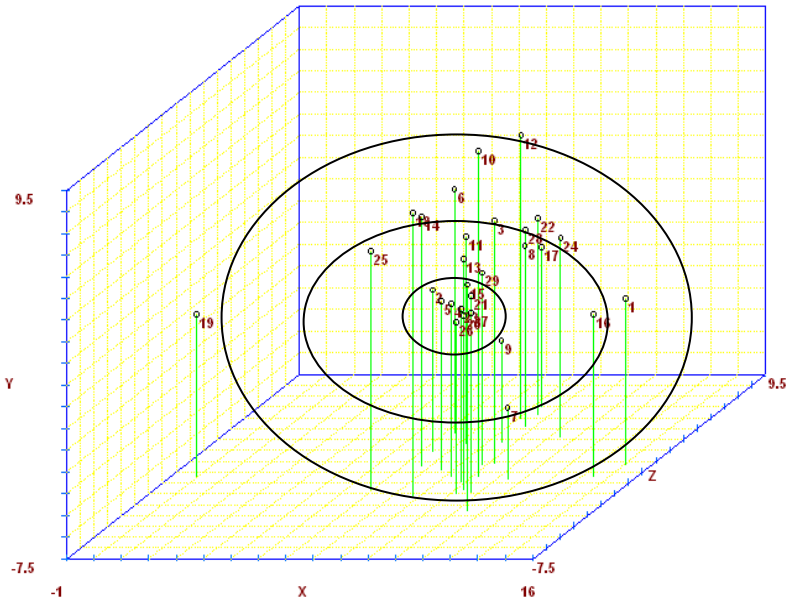


Figura 5. Grupos definidos a partir da projeção de distâncias tridimensional utilizando os critérios de proximidade na projeção e igual número de genótipos por grupo. A e B referem-se aos dois e três grupos estabelecidos pelas circunferências, respectivamente.

Tabela 4. Estimativas de dissimilaridade média e variância genética nos grupos estabelecidos a partir da projeção de distâncias tridimensional

	G		DISS	A1PTN	A1OL	A2PTN	A2OL	A3PTN	A3OL	A4PTN	A4OL
2 Grupos	1	2-29	0,48	9,22	3,62	9,39	2,62	7,26	1,26	8,20	3,05
	2	1-28	0,59	13,90	4,18	8,75	1,42	11,87	2,26	10,29	2,21
3 Grupos	1	2-27	0,35	8,35	3,66	8,60	2,35	3,49	1,21	5,10	2,17
	2	7-29	0,61	12,74	4,20	13,77	3,10	15,37	2,23	13,01	3,96
	3	1-28	0,57	12,13	2,85	7,06	0,97	8,52	1,62	8,18	1,50

G, Grupos e respectivos constituintes; DISS, dissimilaridade média calculada; A1-A4, experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011); PTN, teor de proteína; e OL, teor de óleo.

estimativas de distância dos progenitores e a variância genética para altura de plantas, mas apenas no primeiro grupo de populações (r=0,73; r=0,82). No segundo grupo, não foi observada correlação significativa. No terceiro grupo, houve correlação significativa para o número de dias para a maturação apenas em um ano. Para a produtividade de grãos, não houve correlação entre as estimativas. Na maioria das vezes, a distância genética não pôde predizer a variância genética nestes cruzamentos.

Em outras cinco populações de soja avaliadas para a produtividade de grãos, MANJARREZ-SANDOVAL et al. (1997) observaram uma correlação negativa, porém não significativa, entre as medidas de similaridade genética dos progenitores, estimadas por marcadores RFLP, e as estimativas de variância genética para a produtividade (r=–0,58).

Uma provável explicação da pequena associação nestas estimativas pode ser a falta de cobertura das regiões de QTL das características agronômicas, em razão de um número reduzido de marcadores moleculares ou devido à distribuição desigual dos marcadores moleculares nos grupos de ligação. Para características agronômicas em que QTL foram previamente mapeados, as estimativas de diversidade genética com base nestas regiões são mais prováveis em refletir a variabilidade genética, havendo provavelmente melhor predição da variância genética pelos marcadores moleculares.

4. CONCLUSÕES

i. Houve razoável diversidade entre os genótipos, sendo a PI417360 a mais divergente, seguida pelas cultivares BARC-8 e Sambaíba;
ii. A PI417360, apesar de ser a mais divergente, contem teor normal de proteína. Já a cultivar BARC-8 se destaca pelo alto teor de proteína e relativa distância genética em relação à maioria.
iii. Houve uma relação direta (0,72) entre as estimativas de distância e variância genética nos genótipos, indicando que os marcadores moleculares podem ser úteis no planejamento de cruzamentos.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BONATO, E.R.; BERTAGNOLLI, P.F.; LANGE, C.E.; RUBIN, S.A.L. Teor de óleo e de proteína em genótipos de soja desenvolvidos após 1990. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.12, p.2391-2398, 2000.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLMICK, M.; DAVIS, R. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, v.32, p.314-331, 1980.

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

BURTON, J.W. Breeding soybeans for improved protein quantity and quality. In: **World Soybean Research Conference**, Ames. Boulder: Westview, 1984. p.361-367.

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**, v.129, p.387–393, 2003.

CHARCOSSET, A.; LEFORT-BUSON, M.; GALLAIS, A. Relationship between heterosis and heterozygosity at marker loci, a theoretical computation. **Theoretical and Applied Genetics**, v.81, p.571-575, 1991.

CHEN, O.; ZHANG, Z.; LIU, C.; XIN, D.; QIU, H.; SHAN, D.; SHAN, C.; HU, G. QTL analysis of major agronomic traits in soybean. **Agricultural Sciences in China**, v.6, n.4, p.399-405, 2007.

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

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Biometria**. Viçosa: Editora UFV, 2006. 382p.

CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. **Biometria Amplicada ao estudo da Diversidade Genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011. 620p.

CSANÁDI G.; VOLLMANN, J.; STIFT, G.; LELLEY, T. Seed quality QTL identified in a molecular map of early maturing soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.103, p.912-919, 2001.

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

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. A rapid DNA isolation procedure from small quantities of fresh leaf tissues. **Phytochem bull**, v.19, p.11-15, 1990.

GUMBER, R.K.; SCHILL, B.; LINK, W.; KITTLITZ, E.V.; MELCHINGER, A.E. Mean, genetic variance, and usefulness of selfing progenies from intra and inter-pool crosses in faba beans (*Vicia faba L.*) and their prediction from parental parameters. **Theoretical and Applied Genetics**, v.98, p.569-580, 1999.

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 a prominent soybean population. **Theoretical and Applied Genetics**, v.109, p.552–561, 2004.

KISHA, T.J.; SNELLER, C.H.; DIERS; B.W. Relationship between genetic distance among parents and genetic variance in populations of soybean. **Crop Science**, v.37, n.4, p.1317-1325, 1997.

MANJARREZ-SANDOVAL, P.; CARTER, T.E.; WEBB, D.M.; BURTON, J.W. Heterosis in soybean and its prediction by genetic similarity measures. **Crop Science**, v.37, n.5, p.1443-1452, 1997b.

MELCHINGER, A.E.; BOPPENMAIER, J.; DHILLON, B.S.; POLLMER, W.G.; HERRMANN, R.G. Genetic diversity for RFLPs in European maize inbreds: Relation to performance of hybrids within versus heterotic groups for forage traits. **Theoretical and Applied Genetics**, v.84, p.672-681, 1992.

MOJEMA, R. Hierarchical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**, v.20, p.359-363, 1977.

ORF, J.H.; CHASE, K.; JARVIK, T.; MANSUR, L.M.; CREGAN, P.B.; ADLER, F.R.; LARK, K.G. Genetics of soybean agronomic traits: Comparision of three related recombinant inbred populations. **Crop Science**, v.39, n.6, p.1642-1651, 1999.

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**, v.45, p.2015-2022, 2005.

PIOVESAN, N.D. **Análises biométricas e moleculares visando o desenvolvimento de linhagens de soja com alto teor protéico e produtivas**. Viçosa, MG: UFV, 2008. 130p. Dissertação (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2008.

REINPRECHT, Y.; POYSA, V.W.; YU, K.; RAJCAN, I.; ABLETT, G.R.; PAULS, K.P. Seed and agronomic QTL in low linolenic acid, lipoxygenase free soybean germoplasm. **Genome**, v.49, p.1510-1527, 2006.

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

SOARES, T.C.B.; GOOD-GOD, P.I.V.; MIRANDA, F.D.; SOARES, Y.J.B.; SCHUSTER, I.; PIOVESAN, N.D.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. QTL mapping for protein content in soybean cultivated in two tropical enviroments. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.11, p.1533-1541, 2008.

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 Science**, v.41, p.493–509, 2001.

TAJUDDIN, T.; WATANABE, S.; YAMANAKA, N.; HARADA, K. Analysis of quantitative trait loci for protein and lipid contents in soybean seeds using recombinant inbred lines**. Breeding Science**, v.55, p.133-140, 2003.

VASCONCELOS, E.D.; CRUZ, C.D.; BHERING, L.L.; RESENDE JUNIOR, M.F.R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.1421-1428, 2007.

VOLDENG, H.D.; COBER, E.R.; HUME, D.J.; GILLARD, C.; MORRISON, M.J. Fifty-eight years of genetic improvement of short-season soybean cultivars in Canada. **Crop Science**, v.37, p.428-431, 1997.

CAPÍTULO 4

ASSOCIAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES COM OS PERCENTUAIS DE ÓLEO E PROTEÍNA EM SOJA

RESUMO

A obtenção de maiores percentuais de óleo e proteína pode ser facilitada pela seleção, com o auxílio de marcadores moleculares, de QTL relacionados com o aumento destes componentes. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a associação de marcadores microssatélites, localizados próximo a QTL descritos na literatura, com os teores de óleo e proteína em genótipos de soja cultivados em diferentes ambientes. De um total de 65 marcadores moleculares testados, 35 (53,85%) deles tiveram associação significativa com pelo menos uma variável, mas poucos foram consistentes com a variação de ambiente. Três marcadores microssatélites foram significativos para as duas características, mesmo com a variação de ambiente, mostrando serem promissores para a seleção de alelos favoráveis.

ABSTRACT

Achieving higher oil and protein contents in soybeans may be facilitated by selection with molecular markers of QTL associated with the increase of those components. This study aimed to investigate the association between microsatellite markers located close to QTL reported for these traits and oil and protein contents of soybean genotypes cultivated on different environments. From 65 markers tested, 35 (53.85%) showed significant association with at least one variable, but few of them were consistent with the change of environment. Three microsatellite markers were significant for both traits in all environment tested. Therefore, they are promising molecular markers for selection of favorable alleles.

1. INTRODUÇÃO

Fatores genéticos e ambientais influenciam os teores de óleo e proteína em cultivares de soja que apresentam, em média, 20% de óleo e 40% de proteína (SEDIYAMA et al., 1999). Existe correlação negativa entre os percentuais de óleo e proteína e frequentemente entre o teor de proteína e a produtividade. Por sua vez, a relação entre o teor de óleo e a produtividade é positiva, sendo possível manter a produtividade quando se pratica a seleção para alto teor de óleo. No entanto, o aumento no potencial produtivo ou no teor de óleo pode causar redução no teor de proteína, o que traz dificuldades ao melhoramento (WILCOX e GUODONG, 1997; FINOTO, 2008).

Por serem caracteres quantitativos, os teores de óleo e proteína têm controle genético complexo. Portanto, além de diferentes locos envolvidos na expressão fenotípica, outra dificuldade no melhoramento é a influência ambiental sobre os caracteres. Também tem sido observado para teor de óleo e proteína interações genótipo x ambiente de natureza complexa, tornando mais difícil a seleção (MARQUEZ, 2010).

A obtenção de maiores teores de óleo e proteína pode ser facilitada pela seleção, com o auxílio de marcadores moleculares, de QTL relacionados com o aumento destes componentes. Vários QTL foram relatados para os teores de óleo e proteína em soja (SEBOLT et al., 2000; CSANÁDI et al., 2001; SPECHT et al., 2001 CHUNG et al., 2003; TAJUDDIN et al., 2003; CHAPMAN et al., 2003; FASOULA et al., 2004; ZHANG et al., 2004; HYTEN, et al., 2004; PANTHEE et al., 2005; NICHOLS et al., 2006; REINPRECHT et al., 2006; CHEN et al., 2007).

Em cultivares brasileiras, 4 QTL associados ao teor de proteína foram mapeados por RODRIGUES et al. (2010) nos grupos de ligação D1a, G, A1, e I, além de outros 3 QTL para o teor de óleo nos GL A1, I e O, que explicaram de 6,24-18,94% e de 17,26-25,93% da variação nos teores de proteína e óleo, respectivamente.

Outros 5 QTL nos grupos de ligação C2, D1a, E; N e G para o teor de proteína foram mapeados em condições tropicais por SOARES et al. (2008), que explicaram entre 7,34 e 14,37% da variação no teor de proteína. Na mesma região do LG E, um QTL que explicou 7,51% da variação no teor de proteína foi mapeado por PIOVESAN (2008).

Além de poucos QTL terem sido confirmados, alguns QTL relatados explicaram percentuais de variação muito elevados. QTL mapeados por DIERS et al. (1992) e SEBOLT et al. (2000) para o teor de proteína chegaram a explicar 65% da variação fenotípica. É possível que estes valores foram superestimados devido ao uso de populações reduzidas. DIERS et al. (1992) e LEE et al. (1996), por exemplo, avaliaram um número reduzido de progênies, de 60 e 120 progênies respectivamente, e mapearam QTL que explicaram até 43% da variação no teor de proteína.

Apesar da existência de um grande número de QTL para os teores de óleo e proteína relatados na literatura, muitos foram mapeados em PIs ou cultivares com genealogia distinta do germoplasma de soja cultivado no Brasil. Portanto, para que haja uma maior eficiência, a seleção assistida com base nestas regiões deve ser precedida pela confirmação dos efeitos de cada QTL.

O presente trabalho teve como objetivo avaliar a associação de marcadores microssatélites localizados próximo a QTL descritos na literatura com os teores de óleo e proteína de genótipos de soja promissores para o melhoramento genético das características em diferentes ambientes.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Dois grupos de genótipos de soja foram genotipados com marcadores moleculares, localizados próximo a QTL para os teores de óleo e proteína, e avaliados fenotipicamente em diferentes ambientes. Os grupos consistiram de 22 (Grupo I) e 29 genótipos de soja (Grupo II) que apresentam variações para os teores de óleo e proteína, respectivamente. As amostras de DNA dos genótipos do Grupo I foram amplificadas a partir de 33 pares de primers de marcadores microssatélites (SSR), localizados próximo a QTL para o teor de óleo, e as amostras de DNA dos genótipos do grupo II foram avaliadas com 39 marcadores microssatélites próximos a QTL para o teor de proteína.

A relação dos marcadores moleculares amplificados encontra-se nas Tabelas 1 e 2. Estes marcadores foram selecionados por regiões de QTL relatadas pelos autores: MANSUR et al. (1996); SPECHT et al. (2001); CSANÁDI et al. (2001); TAJUDDIN et al. (2003); CHUNG et al. (2003); FASOULA et al. (2004); HYTEN, et al. (2004); PANTHEE et al. (2005); REINPRECHT et al. (2006); CHEN et al. (2007); LI et al. (2007); SHIBATA at al.

(2008) e RODRIGUES et al. (2010), para o teor de óleo, e ORF et al. (1999); SEBOLT et al. (2000); SPECHT et al. (2001); CSANÁDI et al. (2001); TAJUDDIN et al. (2003); CHUNG et al. (2003); CHAPMAN et al. (2003); HYTEN et al. (2004); REINPRECHT al. (2004); CHEN et al. (2007) e SOARES et al. (2008), para o teor de proteína.

A extração de DNA foi realizada conforme descrito por DOYLE e DOYLE (1990). As reações de amplificação tiveram volume final de 15 µL e as seguintes condições: Tris-HCl 10 mM, pH 8,3; KCl 50 mM; $MgCl_2$ 2 mM; Triton X-100 0,1%; 100 µM de cada um dos desoxinucleotídios; 0,3 µM de cada iniciador (Research Genetics, Huntsville, AL, EUA); uma unidade de Taq polimerase e 30 ng de DNA. As reações de PCR tiveram um passo inicial de 94ºC por 4 min; 30 ciclos de 94ºC por 1 min, 55ºC por 1 min e 72º C por 2 min e uma etapa final de 72ºC por 7 min. Os produtos de amplificação foram separados por eletroforese em géis verticais de poliacrilamida 10%, utilizando tampão TAE 1X (Tris-Acetato 40 mM e EDTA 1 mM) e período de corrida de três horas, a 140 volts. Após a eletroforese, os géis foram corados com nitrato de prata 2% e fotografados com um equipamento Loccus Biotechnology (modelo L-PIX EX).

Para avaliação fenotípica, os genótipos foram cultivados em Viçosa, MG, Rio Branco, MG, e São Gotardo, MG no período entre 2009 e 2011. O primeiro experimento foi semeado em Viçosa (12/2009), dois outros em Visconde do Rio Branco (02/2010) e São Gotardo (02/2010) e o último foi cultivado em São Gotardo (10/2011) no ano seguinte. O delineamento foi o de blocos casualizados com três repetições. Quinze sementes foram semeadas por fileira de 1 m e o espaçamento entre as parcelas foi de 0,5 m. Após a colheita manual, os grãos foram triturados em moinho industrial (modelo MA020, Marconi). O farelo de soja foi analisado por espectrometria do infravermelho utilizando um analizador FT-NIR (modelo Antaris II, Thermo Scientific).

Para análise estatística dos dados fenotípicos, foi realizada a análise de variância com base no modelo fatorial utilizando o modelo estatístico $Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \varepsilon_{ijk}$ e os efeitos G fixo e A aleatório.

Em cada grupo, a associação entre marcadores e valores fenotípicos foi avaliada por análise de variância individual em cada ambiente e com base nos

valores de média fenotípica dos quatro ambientes, para cada característica e loco particular. Por meio da estatística F, foi avaliado se houve diferença entre as classes genotípicas observadas em cada loco marcador e por meio do teste T foi avaliada a significância dos contrastes entre médias. Foram utilizados os programas GENES (CRUZ et al., 2006) e GQMOL (http//www.ufv.br/dbg/gqmol/gqmol.htm).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Significativa variabilidade genética (P<0,01) foi observada para os teores de óleo e proteína nos dois grupos pela análise de variância conjunta dos valores fenotípicos. No grupo I, os percentuais de óleo e proteína variaram de 17,28 a 23,01% e de 34,25 a 45,18%, respectivamente. No grupo II, estes percentuais variaram de 18,5 a 20,74% e de 34,25 a 45,18%, respectivamente.

No grupo I foi observado o total de 54 associações significativas, 33 (61,1%) a 5% e 21 (38,9%) a 1% de probabilidade, metade das associações observadas para o teor de óleo e outra metade para o teor de proteína. O maior número de associações significativas foi observado nos experimentos de Viçosa/2009, para o teor de óleo (7), e de São Gotardo/2011, para o teor de proteína (7). Para as duas características, o maior número de associações significativas foi também observado para o experimento de Viçosa/2009 (13). Para os valores de média geral nos quatro ambientes, 6 associações significativas foram observadas tanto para o teor de óleo quanto para o teor de proteína. Neste grupo, 15 (42,42%) marcadores microssatélites não foram significativos (Tabela 1).

No grupo II foi observado o total de 79 associações significativas, 34 (43,04%) a 5% e 45 (56,96%) a 1% de probabilidade. Quarenta e uma associações observadas para o teor de óleo e 38 para o teor de proteína. Para o teor de proteína, o número de associações significativas oscilou entre 7 e 8 nos ambientes. Para o teor de óleo, o experimento de Rio Branco/2010 teve o maior número de associações significativas (11). Para os valores de média geral nos 4 ambientes, 8 associações significativas foram observadas para as duas características. Neste grupo, 20 (51,28%) marcadores não tiveram associação com nenhuma variável (Tabela 2).

Tabela 1. Associação de marcadores microssatélites com os conteúdos de óleo e proteína no Grupo I por análise de variância em diferentes condições ambientais

Marc	Teor de Proteína (%)					Teor de Óleo (%)					P	OL	P/OL
	A1	A2	A3	A4	A1-4	A1	A2	A3	A4	A1-4			
Satt006	-	-	-	-	-	**	-	-	-	*	-	*,**	*,**
Satt141	-	-	-	-	-	-	*	-	-	-	-	*	*
Satt200	*	-	-	-	-	-	-	-	-	-	*	-	*
Satt229	**	-	-	*	*	**	-	-	-	*	*,**	*,**	*,**
Satt156	**	-	**	*	**	-	-	**	-	*	*,**	*,**	*,**
Satt184	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt239	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt212	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt250	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt259	-	-	-	-	-	**	-	-	-	-	-	**	**
Satt274	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt355	-	-	*	-	*	-	-	-	-	-	*	-	*
Satt384	-	-	-	*	-	-	-	-	*	-	*	*	*
Satt496	-	-	-	*	-	-	-	-	-	-	*	-	*
Satt510	-	-	-	-	-	-	-	-	*	-	-	*	*
Satt540	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt562	**	**	*	*	*	*	**	**	*	**	*,**	*,**	*,**
Satt571	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt020	-	*	*	*	*	-	-	-	-	-	*	-	*
Satt317	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt420	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt166	*	-	-	-	-	*	-	-	-	-	*	*	*
Satt277	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Sat458	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt308	*	**	-	-	-	**	**	**	-	**	*,**	**	*,**
Satt313	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt468	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt196	-	-	-	-	-	-	*	-	-	-	-	*	*
Satt551	-	-	-	-	-	-	**	-	-	-	-	**	**
Satt257	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Satt398	-	-	**	*	*	-	-	*	**	*	*,**	*,**	*,**
Sat114	-	-	-	-	-	*	-	-	*	-	-	*	*
Satt479	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	

Marc, marcador molecular; P, teor de proteína (%); OL, teor de óleo (%), P/OL, teor de proteína ou teor de óleo; A1 a A4, médias fenotípicas nos experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011); A1-4, médias fenotípicas nos quatro ambientes.

Tabela 2. Associação de marcadores microssatélites com os conteúdos de óleo e proteína no Grupo II por análise de variância em diferentes condições ambientais

Marc	Teor de Proteína (%)					Teor de Óleo (%)					P	OL	P/OL
	A1	A2	A3	A4	A1-4	A1	A2	A3	A4	A1-4			
Satt077	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt151	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt127	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt117	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt147	-	*	-	-	-	-	*	-	-	-	*	*	*
Satt156	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt164	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt166	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt173	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt178	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt196	-	-	-	-	-	-	*	-	-	-	-	*	*
Satt251	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt239	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
Satt286	-	*	**	-	-	-	**	*	-	-	*,**	*,**	*,**
Satt300	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt257	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt270	*	-	**	**	**	-	-	**	-	*	*,**	*,**	*,**
Satt263	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt281	-	*	-	-	-	-	-	-	-	-	*	-	*
Satt301	-	-	-	-	-	-	**	-	*	-	-	*,**	*,**
Satt310	*	-	*	**	*	**	*	*	**	**	*,**	*,**	*,**
Satt335	*	-	-	-	-	*	-	-	*	-	*	*	*
Satt367	-	-	-	-	-	-	-	-	-	*	-	*	*
Satt384	**	**	**	**	**	*	**	**	**	**	**	*,**	*,**
Satt389	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt408	-	-	-	-	-	**	-	-	-	-	-	**	**
Satt419	-	-	-	-	-	*	**	-	-	-	-	*,**	*,**
Satt460	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt471	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt476	*	-	**	-	*	-	-	-	-	-	*,**	-	*,**
Satt518	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt539	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt567	**	**	*	**	**	-	**	-	**	*	*,**	*,**	*,**
Satt570	-	-	-	-	-	*	-	**	*	**	-	*,**	*,**
Satt571	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt469	-	-	-	-	-	-	**	-	-	-	-	**	**
Satt486	*	-	-	*	*	-	-	-	-	-	*	-	*
Satt581	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt373	-	**	*	*	*	-	**	*	**	*	*,**	**	*,**

Marc, marcador molecular; P, teor de proteína; OL, teor de óleo; A1 a A4, médias fenotípicas nos experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011); A1-4, médias fenotípicas nos quatro ambientes.

Dezoito marcadores microssatélites, no grupo I, e 19, no grupo II, tiveram associação significativa com pelo menos uma das características, 54,55% e 48,72% dos marcadores testados nestes grupos respectivamente. Do total de 65 marcadores moleculares testados, 35 (53,85%) tiveram associação significativa com pelo menos uma variável, porém poucos foram consistentes com a variação de ambiente.

Para o GL I, o principal GL citado na literatura envolvido com o controle genético dos teores de óleo e proteína, 6 dos 8 microssatélites deste GL tiveram associação significativa com pelo menos uma das características (Satt496, Satt562, Satt239, Satt270, Satt367, Satt419). O marcador Satt239 (GL I), no grupo II, teve associação significativa tanto com o teor de óleo como com o teor de proteína em todos os ambientes e também com a média das variáveis nos 4 ambientes, a 1% de probabilidade. Apesar de não significativo no Grupo I, outro marcador na região do grupo de ligação, o Satt562, mostrou associação significativa com as duas características em todos os ambientes e também com a média das características nos 4 ambientes. Outros 4 marcadores na mesma região (Satt496, Satt419, Satt270, Satt367) tiveram associação significativa com pelo menos uma das características.

QTL para os teores de óleo e proteína na região do GL I foram mapeados em outros backgrounds genéticos por CHUNG et al. (2003), TAJUDDIN et al. (2003) e NICHOES et al. (2006), provavelmente QTL que estão próximos no GL ou um único QTL com efeito pleoiotrópico. O efeito pleiotrópico de um único QTL é mais provável, pois explicaria a correlação genética negativa entre os teores de óleo e proteína, já que de acordo com FALCONER (1981) as ligações gênicas são causas apenas transitórias de correlações genéticas.

Incluindo outras regiões, 7 marcadores microssatélites tiveram associação simultânea com as duas características no grupo I. No grupo II, 9 marcadores mostraram resultado similar. QTL mapeados em um mesmo intervalo foram muitas vezes relatados em soja. O pleiotropismo, por exemplo, foi comum para a maioria dos QTL mapeados por ZHANG et al. (2004), que detectaram QTL que influenciaram ao mesmo tempo até 5 características agronômicas distintas.

As médias genotípicas, no grupo I, são apresentadas nas Tabelas 3 e 4 e no grupo II, nas Tabelas 5 e 6. Para o primeiro grupo, pelo teste t, houve pelo menos um contraste significativo entre médias para 14 dos 18 marcadores significativos pelo teste F. Para o grupo II, este número foi de 16 entre 19 marcadores significativos pelo teste F. Não houve diferença significativa entre médias genotípicas dos seguintes marcadores: Satt020, Satt496, Satt510 e Satt551, para o grupo I, e Satt196, Satt367 e Satt469, para o grupo II.

Com exceção destes marcadores moleculares, os marcadores microssatélites significativos provavelmente confirmam QTL em 11 grupos de ligação anteriormente mapeados em outro background genético, que poderão ser eficazes para a seleção de combinações de alélicas favoráveis para maiores percentuais de óleo e proteína.

Uma vez implementada, a seleção assistida por marcadores moleculares vislumbra a possibilidade de seleção simultânea para maiores teores de óleo e proteína, que possivelmente permitirá em longo prazo ganhos nos dois constituintes.

4. CONCLUSÕES

i. Razoável número de marcadores microssatélites mostrou ter associação com os teores de óleo e proteína, mas poucos foram significativos em todos os ambientes.

ii. O SSR Satt562 foi significativo tanto para o teor de óleo quanto para o teor de proteína, no primeiro grupo, mesmo com a variação de ambiente. No segundo grupo, resultado similar foi observado para os SSR Satt239 e Satt384, que se destacaram entre os marcadores microssatélites significativos para a seleção assistida.

Tabela 3. Médias das classes genotípicas em locos microssatélites e contraste entre médias para o teor de óleo no Grupo I

	Marc	11	12	14	22	23	33	44	55	66	Contrastes entre médias		
A1	Satt006	19,07			23,32		19,88				M_{11}-M_{33}=-0,81**	M_{22}-M_{33}=3,44**	
	Satt229	24,20			19,56		20,51				NS		
	Satt259	19,26			21,06		18,55				M_{22}-M_{33}=2,51**		
	Satt562	20,65			18,98		20,13	24,20			NS		
	Satt166	19,76			20,57		21,73				M_{11}-M_{33}=-1,96**		
	Satt308	19,09			22,21	18,13	19,82	22,42	19,24	20,55	M_{11}-M_{22}=-3,12** M_{22}-M_{55}=2,97**	M_{11}-M_{44}=-3,32** M_{44}-M_{55}=3,17**	M_{11}-M_{66}=-1,46* M_{55}-M_{66}=1,86*
	Sat114	18,91			20,54		21,53				M_{11}-M_{22}=-1,63**		
A2	Satt141	21,70		16,54	20,35		20,50	21,24	21,91	21,30	M_{11}-M_{33}=1,20*		
	Satt562	21,56			17,15		21,17	23,14			M_{11}-M_{22}=4,42**	M_{22}-M_{33}=-4.03**	
	Satt308	20,30			21,96	17,75	16,54	21,91	22,09	22,04	M_{11}-M_{22}=-1,66*	M_{11}-M_{55}=-1,79**	M_{11}-M_{66}=-1,74**
	Satt196	20,41			21,18		21,49	16,54			M_{11}-M_{33}=-1,09**		
	Satt551	21,03			16,54		22,04				NS		
A3	Satt156	20,06			18,23						M_{11}-M_{22}=1,83**		
	Satt562	19,83			16,14		18,92	21,16			M_{11}-M_{22}=3,69**	M_{22}-M_{33}=-2,77**	
	Satt308	18,03			21,00	16,28	16,00	19,91	19,47	18,93	M_{11}-M_{22}=-2,97**		
	Satt398	16,46			18,92		21,32	21,04	18,63		M_{22}-M_{33}=-2,39**	M_{33}-M_{55}=2,68**	
A4	Satt384	18,92	19,88		20,80						M_{11}-M_{22}=-1,88*		
	Satt510	20,12			22,12						NS		
	Satt562	20,50			18,84		20,34	23,54			NS		
	Satt398	18,68			20,37		22,52	21,64	19,66		M_{22}-M_{33}=-2,16**	M_{33}-M_{55}=2,87**	
	Sat114	19,68			20,00		21,96				M_{11}-M_{33}=-2,28*	M_{22}-M_{33}=-1,96*	
A1-4	Satt006	19,47			22,91		19,89				NS		
	Satt229	23,01			19,48		20,45				NS		
	Satt156	20,84			19,68						M_{11}-M_{22}=1,16*		
	Satt562	20,64			17,77		20,14	23,01			M_{11}-M_{22}=2,87**	M_{22}-M_{33}=-2,37**	
	Satt308	19,31			21,64	17,28	18,26	21,08	20,49	20,57	M_{11}-M_{22}=-2,32**	M_{11}-M_{44}=-1,77**	M_{11}-M_{55}=-1,18*
	Satt398	18,27			19,96		22,26	21,42	19,94		M_{22}-M_{33}=-2,30**	M_{33}-M_{55}=2,32*	M_{44}-M_{55}=1,48*

Marc, marcador molecular; A1 a A4, médias fenotípicas nos experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011); A1-4, médias fenotípicas nos quatro ambientes.

Tabela 4. Médias das classes genotípicas em locos microssatélites e contraste entre médias para o teor de proteína no Grupo I

	Marc	11	12	22	23	33	44	55	66	Contrastes entre médias	
	Satt200	39,13		39,77		36,69				M_{22}-M_{33}=3,08**	
	Satt229	32,07		40,45		38,24				M_{22}-M_{33}=2,31*	
	Satt156	37,39		40,07						M_{11}-M_{22}=-2,67**	
A1	Satt562	38,11		42,49		39,21	32,07			M_{11}-M_{22}=-4,38**	M_{22}-M_{33}=3,28**
	Satt166	39,66		37,68		36,76				M_{11}-M_{33}=2,90*	
	Satt308	39,95		35,91	43,44	41,53	37,56	39,61	38,52	M_{11}-M_{22}=4,04* M_{22}-M_{55}=-3,7*	M_{11}-M_{44}=2,39* M_{44}-M_{55}=-2.05**
	Satt562	36,24		43,14		36,84	33,86			M_{11}-M_{22}=-6,90**	M_{22}-M_{33}=6,3**
A2	Satt020	36,62		41,06						NS	
	Satt308	37,93		36,53	44,10	42,17	37,22	33,96	34,31	M_{11}-M_{55}=3,97*	M_{22}-M_{55}=2,57*
	Satt156	39,10		42,53						M_{11}-M_{22}=-3,42**	
	Satt355	39,89		42,43	48,57	40,49				M_{11}-M_{22}=-2,54*	
A3	Satt562	39,73		45,72		41,15	37,47			M_{11}-M_{22}=-5,99**	M_{22}-M_{33}=4,57*
	Satt020	40,38		45,18						NS	
	Satt398	48,57		40,27		38,16	39,15	41,86		M_{22}-M_{33}=2,11**	M_{33}-M_{55}=-3,69**
	Satt229	33,60		39,64		37,84				NS	
	Satt156	37,17		39,45						M_{11}-M_{22}=-2,28*	
	Satt384	41,05	38,29	37,67						NS	
A4	Satt496	39,41		37,40						NS	
	Satt562	37,93		41,53		38,49	33,60			NS	
	Satt020	38,00		41,47						NS	
	Satt398	44,64		38,03		36,52	35,62	38,97		NS	
	Satt229	34,25		40,17		38,18				NS	
	Satt156	37,40		40,04						M_{11}-M_{22}=-2,64**	
A1-4	Satt355	38,08		38,54	45,18	38,63				NS	
	Satt562	38,00		43,22		38,92	34,25			M_{11}-M_{22}=-5,21**	M_{22}-M_{33}=4,30*
	Satt020	38,36		42,32						NS	
	Satt398	45,18		38,40		36,49	37,13	39,45		NS	

Marc, marcador molecular; A1 a A4, médias fenotípicas nos experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011); A1-4, médias fenotípicas nos quatro ambientes.

Tabela 5. Médias das classes genotípicas em locos microssatélites e contraste entre médias para o teor de óleo no Grupo II

	Marc	11	13	14	22	23	24	33	44	55	66	Contraste entre médias	
A1	Satt239	16,24			20,40			16,92	21,86	18,79		M_{22}-M_{33}=3,47** M_{33}-M_{55}=-1,86**	M_{33}-M_{44}=-4,93**
	Satt310	17,45			19,57							M_{11}-M_{22}=-2,12**	
	Satt335	17,52			19,95			19,88				M_{11}-M_{22}=-2,43*	M_{11}-M_{33}=-2,36**
	Satt384	17,53			19,38							$M1_{1}$-M_{22}=-1,84*	
	Satt408	20,33			19,30	18,87		16,83				M_{11}-M_{33}=3,49**	M_{22}-M_{33}=2,47**
	Satt419	16,24			17,75			15,25	18,79	21,69		NS	
	Satt570	19,32			18,55			17,16				M_{11}-M_{33}=2,15*	
A2	Satt147	20,30			18,71			20,79				M_{11}-M_{22}=1,59*	M_{22}-M_{33}=-2,09*
	Satt196	14,59			19,89			19,98	20,55			NS	
	Satt239	20,44			20,44			18,64	21,24	20,71		M_{33}-$_{44}$=-2,60**	M_{33}-M_{55}=-2,07**
	Satt286	14,59			18,41			19,88	20,72	21,21		M_{22}-M_{33}=-1,48* M_{33}-M_{55}=-1,33*	M_{22}-M_{55}=-2,80*
	Satt301	20,96			14,59			19,47	19,81			NS	
	Satt310	19,15			20,63							M_{11}-M_{22}=-1,47*	
	Satt384	18,68			20,92							M_{11}-M_{22}=-2,24**	
	Satt419	20,44			19,07			14,59	20,45	20,33		M_{22}-M_{44}=-1,38*	
	Satt567	21,19			19,59			18,31				M_{11}-M_{22}=1,60*	M_{11}-M_{33}=2,87*
	Satt469	14,59			19,90			20,44				NS	
	Satt373	21,54			21,79		17,51	19,89	21,99	18,60	20,25	M_{22}-M_{55}=3,19**	M_{55}-M_{66}=-1,65*
A3	Satt239	17,30			19,20			17,06	19,33	18,74		M_{22}-M_{33}=2,14**	M_{33}-M_{55}=-1,68**
	Satt286	21,58			16,37			18,22	18,60	19,26		M_{22}-M_{33}=-1,85**	M_{22}-M_{55}=-2,89*
	Satt270	20,71	18,62	17,77			16,33	19,55	17,62	20,08		M_{11}-M_{44}=3,09** M_{44}-M_{55}=-2,46**	M_{33}-M_{44}=1,93*
	Satt310	17,83			19,06							M_{11}-M_{22}=-1,23*	
	Satt384	17,46			19,26							M_{11}-M_{22}=-1,81**	
	Satt570	18,89			19,48			17,24				M_{11}-M_{33}=1,65**	M_{22}-M_{33}=2,23*
	Satt373	19,39			19,84		18,20	18,10	20,76	17,05	18,22	M_{22}-M_{55}=2,79**	M_{55}-M_{66}=-1,17

continuação

	Marc	11	13	14	22	23	24	33	44	55	66	Contraste entre médias	
	Satt239	19,09			21,09			17,92	20,61	20,44		M_{22}-M_{33}=3,17** M_{33}-M_{55}=-2,52**	M_{33}-M_{44}=-2,68**
	Satt301	21,04			17,35			19,03	19,31			M_{11}-M_{33}=2,01*	M_{11}-M_{44}=1,72*
	Satt310	18,91			20,47							M_{11}-M_{22}=-1,57*	
	Satt335	19,01			20,58			20,78				M_{11}-M_{22}=-1,57*	M_{11}-M_{33}=-1,77*
A4	Satt384	18,47			20,69							M_{11}-M_{22}=-2,22**	
	Satt567	21,01			19,44			17,83				M_{11}-M_{22}=1,57* M_{22}-M_{33}=1,61**	M_{11}-M_{33}=3,19**
	Satt570	20,21			19,64			18,61				M_{11}-M_{33}=1,60**	
	Satt373	20,26			21,96		20,14	18,77	20,82	18,22	20,08	M_{22}-M_{33}=3,19* M_{55}-M_{66}=-1,85**	M_{22}-M_{55}=3,74**
	Satt239	18,27			20,28			17,64	20,76	19,67		M_{22}-M_{33}=2,65** M_{33}-M_{55}=-2,03**	M_{33}-M_{44}=-3,12*
	Satt270	19,01	19,60	17,91			17,67	20,77	18,46	20,29		M_{33}-M_{44}=2,31*	M_{44}-M_{55}=-1,83**
	Satt310	18,33			19,93							M_{11}-M_{22}=-1,60**	
A1-4	Satt367	18,21			19,38							NS	
	Satt384	18,04			20,06							M_{11}-M_{22}=-2,03**	
	Satt567	20,00			18,94			17,90				M_{11}-M_{33}=2,1**	M_{22}-M_{33}=1,04*
	Satt570	19,65			19,68			17,97				M_{11}-M_{33}=1,68**	M_{22}-M_{33}=1,71*
	Satt373	19,83			21,06		18,76	18,96	20,74	17,83	19,21	M_{22}-M_{55}=3,23*	M_{55}-M_{66}=-1,38*

Marc, marcador molecular; A1 a A4, médias fenotípicas nos experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011); A1-4, médias fenotípicas nos quatro ambientes.

Tabela 6. Médias das classes genotípicas em locos microssatélites e contraste entre médias para o teor de proteína no Grupo II

	Marc	11	13	14	22	24	33	44	55	66	Contraste entre médias	
	Satt239	42,84			37,47		44,44	36,19	39,30		M_{22}-M_{33}=-6,97** M_{33}-M_{55}=5,14**	M_{33}-M_{44}=8,25**
	Satt270	41,03	39,36	43,40		44,06	36,47	41,95	38,95		M_{11}-M_{33}=4,56* M_{44}-M_{55}=3,00**	M_{33}-M_{44}=-5,48**
	Satt310	41,82			39,34						M_{11}-M_{22}=2,48*	
A1	Satt335	42,01			38,81		38,25				M_{11}-M_{33}=3,75**	
	Satt384	42,60			38,80						M_{11}-M_{22}=3,80**	
	Satt476	44,77			42,00		41,74	39,28	38,01		M_{11}-M_{33}=3,03* M_{11}-M_{55}=6,76**	M_{11}-M_{44}=5,49** M_{33}-M_{55}=3,73*
	Satt567	38,98			40,45		43,93				M_{11}-M_{33}=-4,95**	M_{22}-M_{33}=-3,48**
	Satt486	40,30			44,77						M_{11}-M_{22}=-4,47**	
	Satt147	37,92			40,45		36,29				M_{22}-M_{33}=4,16*	
	Satt239	36,18			37,45		41,99	35,11	36,38		M_{22}-M_{33}=-4,53** M_{33}-M_{55}=5,61**	M_{33}-M_{44}=6,87**
	Satt286	43,72			44,01		38,36	36,03	36,45		M_{22}-M_{33}=5,65**	M_{22}-M_{55}=7,55**
A2	Satt281	38,27			39,30		41,65	34,49			$M_{11\text{-}33}$=-3,38* M_{22}-M_{44}=4,81*	M_{11}-M_{44}=3,78** M_{33}-M_{44}=7,15**
	Satt384	40,62			36,56						M_{11}-M_{22}=4,06**	
	Satt567	36,23			38,41		42,51				M_{11}-M_{33}=-6,29**	M_{22}-M_{33}=-4,11**
	Satt373	34,83			34,35	41,16	40,43	35,09	40,80	37,54	M_{11}-M_{66}=-2,71** M_{22}-M_{55}=-6,45** M_{55}-M_{66}=3,26*	M_{22}-M_{33}=-6,08** M_{22}-M_{66}=-3,20**
	Satt239	42,87			39,11		45,05	39,34	39,98		M_{22}-M_{33}=-5,94** M_{33}-M_{55}=5,07**	M_{33}-M_{44}=5,71**
A3	Satt270	37,67	38,24	43,25		45,16	38,93	43,06	37,42		M_{11}-M_{44}=-5,39** M_{33}-M_{55}=1,51*	M_{33}-M_{44}=-4,13** M_{44}-M_{55}=5,65**
	Satt286	36,23			47,96		41,47	40,22	39,59		M_{22}-M_{33}=6,49**	M_{22}-M_{55}=8,37**
	Satt310	42,47			39,93						M_{11}-M_{22}=2,54*	

continuação

	Marc	11	13	14	22	24	33	44	55	66	Contraste entre médias	
	Satt384	43,24			39,63						M_{11}-M_{22}=3,61**	
A3	Satt476	44,69			42,95		43,07	38,51	40,02		M_{11}-M_{44}=6,18** M_{22}-M_{44}=4,44* M_{33}-M_{55}=3,05*	M_{11}-M_{55}=4,67** M_{33}-M_{44}=4,56**
	Satt567	39,90			41,21		44,37				M_{11}-M_{33}=-4,47*	
	Satt373	37,63			38,05	40,06	44,19	37,20	43,70	41,14	M_{22}-M_{33}=-6,14** M_{22}-M_{66}=-3,09**	M_{22}-M_{55}=-5,65** M_{55}-M_{66}=2,56*
	Satt239	40,95			36,84		43,35	37,09	38,41		M_{22}-M_{33}=-6,51** M_{33}-M_{55}=4,94**	M_{33}-M_{44}=6,26**
	Satt270	39,66	38,30	41,87		44,09	36,28	41,11	37,37		M_{33}-M_{44}=-4,83**	M_{44}-M_{55}=3,75**
	Satt310	41,05			38,38						M_{11}-M_{22}=2,66*	
A4	Satt384	42,01			37,75						M_{11}-M_{22}=4,26**	
	Satt567	38,02			39,59		43,46				M_{11}-M_{33}=-5,44**	M_{22}-M_{33}=-3,87**
	Satt486	39,55			43,43						M_{11}-M_{22}=-3,88**	
	Satt373	37,54			36,13	37,15	42,17	37,19	41,81	39,30	M_{22}-M_{33}=-6,04* M_{22}-M_{66}=-3,16*	M_{22}-M_{55}=-5,68** M_{55}-M_{66}=2,52*
	Satt239	40,71			37,72		43,70	36,93	38,52		M_{22}-M_{33}=-5,99** M_{33}-M_{55}=5,19**	M_{33}-M_{44}=6,77**
	Satt270	39,29	37,55	41,84		43,80	36,93	41,51	37,17		M_{33}-M_{44}=-4,58**	M_{44}-M_{55}=4,34**
	Satt310	41,20			38,74						M_{11}-M_{22}=2,45*	
	Satt384	42,12			38,18						M_{11}-M_{22}=3,93**	
A1-4	Satt476	43,50			41,56		41,30	38,29	38,46		M_{11}-M_{44}=5,21** M_{33}-M_{55}=2,85*	M_{11}-M_{55}=5,04** M_{33}-M_{44}=3,01*
	Satt567	38,28			39,91		43,57				M_{11}-M_{33}=-5,29**	M_{22}-M_{33}=-3,65**
	Satt486	39,84			43,50						M_{11}-M_{22}=-3,66**	
	Satt373	37,19			36,35	39,26	42,33	37,15	42,21	39,56	M_{22}-M_{33}=-5,98* M_{22}-M_{66}=-3,21*	M_{22}-M_{55}=-5,85** M_{55}-M_{66}=2,65*

Marc, marcador molecular; A1 a A4, médias fenotípicas nos experimentos de Viçosa (12/2009), Rio Branco (02/2010), São Gotardo (02/2010) e São Gotardo (10/2011); A1-4, médias fenotípicas nos quatro ambientes.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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**, v.129, p.387–393, 2003.

CHEN, O.; ZHANG, Z.; LIU, C.; XIN, D.; QIU, H.; SHAN, D.; SHAN, C.; HU, G. QTL analysis of major agronomic traits in soybean**. Agricultural Sciences in China**, v.6, n.4, p. 399-405, 2007.

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

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Biometria**. Viçosa: Editora UFV, 2006. 382p.

CSANÁDI, G.; VOLLMANN, J.; STIFT, G.; LELLEY, T. Seed quality QTL identified in a molecular map of early maturing soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.103, p.912-919, 2001.

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

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. A rapid DNA isolation procedure from small quantities of fresh leaf tissues. **Phytochem bull**, v.19, p.11-15, 1990.

FALCONER, D.S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1981. 279p.

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**, v.44, p.1218-1225, 2004.

FINOTO, E.L. **Variabilidade fenotípica dos teores de óleo e proteína de cultivares de soja em diferentes ambientes**. Viçosa, MG: UFV, 2008. 116p. Dissertação (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2008.

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 a prominent soybean population. **Theoretical and Applied Genetics**, v.109, p.552–561, 2004.

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

LI, W.; SUN, D.; DU, Y.; CHEN, Q.; ZHANG, Z.; QIU, L.; SUN, G. Quantitative trait loci underlying the development of seed composition in soybean (Glycine max L. Merr.). **Genome**, v.50, p.1067–1077, 2007.

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

MARQUEZ, M.C. **Adapabilidade, estabilidade e diversidade genética de cultivares de soja em três épocas de semeadura em Uberlândia – MG**. Viçosa, MG: UFV, 2010. 84p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, 2010.

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

ORF, J.H.; CHASE, K.; JARVIK, T.; MANSUR, L.M.; CREGAN, P.B.; ADLER, F.R.; LARK, K.G. Genetics of soybean agronomic traits: Comparision of three related recombinant inbred populations. **Crop Science**, v.39, n.6, p.1642-1651, 1999.

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**, v.45, p.2015-2022, 2005.

PIOVESAN, N.D. **Análises biométricas e moleculares visando o desenvolvimento de linhagens de soja com alto teor protéico e produtivas**. Viçosa, MG: UFV, 2008. 130p. Dissertação (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2008.

REINPRECHT, Y.; POYSA, V.W.; YU, K.; RAJCAN, I.; ABLETT, G.R.; PAULS, K.P. Seed and agronomic QTL in low linolenic acid, lipoxygenase free soybean germoplasm. **Genome**, v.49, p.1510-1527, 2006.

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

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

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S. Melhoramento de soja. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. 534p.

SHIBATA, M.; TAKAYAMA, K.; UJIIE, A.; YAMADA, T.; ABE, J.; KITAMURA, K. Genetic relationship between lipid content and linolenic acid concentration in soybean seeds. **Breeding Science**, v.58, p.361-366, 2008.

SOARES, T.C.B.; GOOD-GOD, P.I.V.; MIRANDA, F.D.; SOARES, Y.J.B.; SCHUSTER, I.; PIOVESAN, N.D.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. QTL mapping for protein content in soybean cultivated in two tropical enviroments. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.11, p.1533-1541, 2008.

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 Science**, v.41, p.493–509, 2001.

TAJUDDIN, T.; WATANABE, S.; YAMANAKA, N.; HARADA, K. Analysis of quantitative trait loci for protein and lipid contents in soybean seeds using recombinant inbred lines. **Breeding Science**, v.55, p.133-140, 2003.

WILCOX, J.R.; GUODONG, Z. Relationship between seed yield and seed protein in determinate and indeterminate soybean populations. **Crop Science**, v.37, p.361-364, 1997.

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

CAPÍTULO 5

MAPEAMENTO GENÉTICO DO FEIJOEIRO COMUM

RESUMO

O objetivo do presente trabalho foi obter um mapa genético para o feijoeiro comum com base em marcadores microssatélites (SSR) e polimorfismos de base única (SNP) recém desenvolvidos para o feijoeiro. Duzentos e oitenta e um locos SSR foram amplificados em amostras de DNA de 92 progênies F_5 derivadas do cruzamento entre Stampede x Red Hawk e 270 mostraram-se ligados. Pela análise de 10.798 marcadores SNP, utilizando a plataforma Illumina Infinium, um total de 7.181 marcadores SNP foi polimórfico nas progênies F_5 e 6.502 foram mapeados. Onze grupos de ligação (GL) foram formados pelo agrupamento de 6.772 marcadores, 6.502 SNP e 270 SSR, cobrindo a extensão de 1.146,51 cM. O número de marcadores por GL variou entre 214 (GL6) e 941 (GL11), enquanto a extensão dos mesmos variou entre 76,12 (GL6) e 128,86 cM (GL8). O tamanho médio dos GL foi de 104,23 cM e a distância média entre marcadores foi de 1,32 cM. O mapa genético para o feijoeiro comum posiciona SNP e SSR em regiões de intervalo nos mapas anteriores, que são em geral pouco saturados.

ABSTRACT

The aim of this study was to obtain a genetic map for common bean based on microsatellite markers (SSR) and single nucleotide polymorphisms (SNP) developed recently. Two hundred and eighty-one SSR loci were amplified from DNA of 92 F_5 progenies derived of Red Hawk x Stampede and 270 shown to be linked. Analysis by the Illumina Infinium system with 10798 SNP markers, a total of 7181 SNP markers were polymorphic and 6502 of them were mapped. Eleven linkage groups (LG) were formed by grouping of 6772 markers, 6502 SNP and 270 SSR, covering 1146.51 cM. The number of markers per LG ranged from 214 (LG 6) to 941 (LG 11), while the extension of them ranged from 76.12 (LG 6) to 128.86 cM (LG 8). The mean size of linkage groups was 104.23 cM and the mean distance between markers was 1.32 cM. The genetic map for common bean locates SNP and SSR on gap regions of previous maps, which are generally little saturated.

1. INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a principal fonte de proteína da dieta de populações de baixa renda em alguns países em desenvolvimento, além de ser uma fonte de ferro e zinco e conter vitaminas. É cultivado desde regiões tropicais da América Latina e África até regiões semi-áridas do México, EUA e Canadá, sendo o Brasil o maior produtor mundial (GRISI et al., 2007).

A espécie originou-se de duas linhagens evolucionárias, uma andina e outra mesoamericana, é um gênero diplóide e tem 2n=22 cromossomos. O genoma haplóide foi estimado em 650 Mb e exibe níveis baixos de duplicação e de seqüências repetidas, sendo a maioria dos genes cópia única e as famílias gênicas geralmente reduzidas (VALLEJOS et al., 1992; FREYRE et al., 1998; MCCLEAN et al., 2002).

Os primeiros mapas de ligação do feijoeiro comum tiveram um número reduzido de marcadores morfológicos e bioquímicos (BASSETT, 1991; VALLEJOS e CHASE, 1991). Com a técnica RFLP, surgiram os primeiros mapas baseados em marcadores de DNA (VALLEJOS et al., 1992; NODARI et al., 1993; ADAM-BLONDON et al., 1994; FREYRE et al., 1998). Em seguida, marcadores baseados em PCR permitiram a integração dos mapas iniciais (BLAIR et al. 2003; BLAIR et al., 2008; GRISI et al., 2007; HANAI et al., 2010; CORDOBA et al. 2010a; b). Estes mapas foram principalmente baseados em marcadores RFLP e RADP, que têm uma aplicabilidade muito restrita. Marcadores microssatélites foram mapeados nos mapas mais recentes, mas o número de marcadores mapeados é ainda relativamente baixo permanecendo regiões de intervalo.

Marcadores microssatélites, que são muito informativos por sua natureza multialélica e padrão de herança codominante, foram desenvolvidos para o feijoeiro comum principalmente a partir de bibliotecas genômicas enriquecidas de repetições microssatélites. Estes marcadores consistem na utilização de primers específicos que são complementares a seqüências que flanqueiam regiões de repetições particulares, apresentam alto grau de polimorfismo e têm alta reprodutibilidade (BUSO et al., 2006; VARSHNEY et al., 2005).

Apesar de mais informativos, os SSR são pouco abundantes em relação aos SNP, que consistem na detecção de polimorfismo resultante da variação de um único nucleotídeo. Os marcadores SNP podem ser alterações de uma

única base ou pequenas inserções e deleções, têm natureza bi-alélica e são a forma de polimorfismo mais comum. No feijoeiro comum, SNP foram descobertos pelo seqüenciamento de DNA genômico e a partir de sequências EST (GAITÁN-SOLÍS et al., 2008; HYTEN et al. (2010).

Pela acurácia e rapidez da genotipagem, que é automatizada, os SNP são marcadores ideais para o desenvolvimento de mapas genéticos. Por serem mais abundantes, o mapa genético pode ser mais saturado. Por outro lado, os marcadores SSR são também úteis, pela simplicidade da técnica que se baseia em PCR e pelo baixo custo operacional.

O objetivo do presente trabalho foi obter um mapa genético para o feijoeiro comum com base em marcadores microssatélites e polimorfismos de base única recém desenvolvidos para o desenvolvimento de um novo mapa genético de referência.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Amostras de DNA de 92 progênies F_5 derivadas do cruzamento entre Stampede e Red Hawk, cultivares geneticamente divergentes, foram utilizadas para desenvolver um mapa genético para o feijoeiro comum baseado em marcadores SSR e SNP.

Mil cento e cinqüenta e dois pares de primers microssatélites recém desenvolvidos pelo Soybean Genomics and Improvement Laboratory (SGIL, BARC - USDA) foram testados em 16 cultivares de feijoeiro comum, entre elas Stampede e Red Hawk, permitindo a seleção de primers polimórficos nos progenitores.

Duzentos e oitenta e um locos SSR foram amplificados em amostras de DNA das 92 progênies F_5. As reações de amplificação foram realizadas nas seguintes condições: 10 mM de Tris-HCl (pH=9) ; 50 mM de KCl; 1,5 mM de $MgCl_2$; 0,1% triton X-100; 0,15 μM de cada um dos desoxinucleotídeos; 0,1 μM de cada primer; uma unidade de Taq-polimerase e 40 ng de DNA, em um volume total de 10 µL. Para as reações de PCR foram utilizados termocicladores programados para uma etapa inicial de 2 min a 95°C, 40 ciclos de 45 s a 92ºC, 45 s a 58°C e 45 s a 68ºC, seguidos de uma etapa de 5 min a 72ºC. Os produtos amplificados foram separados por eletroforese em gel de agarose 3,5% previamente corados com brometo de etídio, utilizando tampão

TBE (SAMBROOK et al., 1989). Após a eletroforese, os géis foram fotografados sob luz ultravioleta.

Para a análise de SNP, foram usados dois chips de DNA, BARC_PV_BEANCHIP1 e BARC_PV_BEANCHIP2, que foram projetados pelo SGIL para a análise simultânea de 10.798 SNP pela plataforma Illumina Infinium^{TM}. O protocolo para a análise Illumina Infinium requereu três dias de análise. No primeiro dia, em algumas etapas o DNA genômico foi submetido à amplificação e incubado a 37°C por 20-24 horas. No segundo dia, por meio de uma série de etapas, as amostras de DNA amplificadas foram fragmentadas, desnaturadas e em seguida adicionadas aos chips, onde ocorreu a captura dos locos aos "beads". Por último, as amostras foram incubadas a 48°C por 16 horas para a etapa de extensão alelo específica dos oligonucleotídeos. No terceiro dia de análise, os chips foram preparados e lidos em um scanner de alta definição para a leitura dos genótipos. Após a leitura, o programa Genoma Studio (Illumina Inc., San Diego, CA) foi utilizado para a genotipagem automática dos SNP e para a edição dos dados. Os genótipos em cada loco foram visualmente inspecionados e editados.

A segregação individual dos marcadores foi testada pelo teste qui-quadrado ($\chi^2 \leq 15$). Os grupos de ligação (GL) foram estabelecidos pelo método de árvore mínima geradora de um mapa (*Minimum Spanning Tree of a Graph*) utilizando o programa MST_{MAP}. Foram especificados os seguintes parâmetros: a função de distância de Kosambi, p=0,00000001 e a função de verossimilhança (ML). No arquivo de dados, com dimensão de (m+1) x (n+1) em que m e n são os números de marcadores e indivíduos respectivamente, os genótipos foram especificados por A, B, X (heterozigoto) e U (dados perdidos). O arquivo de saída consistiu de uma lista de marcadores e suas respectivas posições nos GL.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Duzentos e oitenta e um locos SSR foram amplificados em amostras de DNA de 92 progênies F_5 derivadas do cruzamento entre as cultivares Stampede x Red Hawk e 270 deles mostraram-se ligados.

Pela análise de 10.798 SNP pela plataforma Illumina Infinium, um total de 7.181 marcadores SNP foi polimórfico nas progênies F_5 e 6.502 deles foram

mapeados em 11 grupos de ligação (GL). Com o auxílio do programa Illumina Genome Studio, foram excluídos os locos não informativos e os agrupamentos impróprios foram editados pela visualização gráfica simultânea dos genótipos em cada loco.

O mapa genético gerado pelo MST_{MAP} consistiu de um arquivo com a relação dos marcadores em cada grupo de ligação (GL) e suas respectivas posições (Anexo 1). Onze GL foram formados pelo agrupamento de 6.772 marcadores, 6.502 SNP e 270 SSR, cobrindo a extensão de 1.146,51 cM.

O número de marcadores por GL variou entre 214 (GL6) e 941 (GL11) e a extensão dos mesmos variou entre 76,12 (GL6) e 128,86 cM (GL8). O tamanho médio dos GL foi de 104, 23 cM e a distância média entre marcadores foi de 1,32 cM. Já o número de intervalos por GL variou entre 89 (GL2) e 286 (GL11) (Tabela 1). Foram observados 57 intervalos entre 2,5 e 5 cM, 19 entre 5 e 10 cM e 3 intervalos maiores que 10 cM, mas nenhum deles foi maior que 15 cM (Tabela 2).

O número de SNP nos GL variou entre 191 (GL7) e 928 (GL11), enquanto o número de SSR variou entre 12 (GL10) e 40 (GL3). Observando apenas os SSR no mapa, houve 188 intervalos e 199 posições distintas. Apenas 2 SSR (GL8 e GL10) tiveram distância maior que 23 cM em relação a outro SSR e outros 3 intervalos tiveram entre 20 e 23 cM. O número de intervalos definidos por SSR variou de 6 (GL10) a 30 (GL9) e, em média, um SSR foi posicionado a cada 3,36 cM (Tabela 3).

Ao todo, o mapa conteve 1.502 intervalos e 1.513 locos mapeados em posições distintas, e mostrou em média um loco a cada 0,8 cM. Entre 87 (GL7) e 781 (GL8) marcadores tiveram segregação idêntica a de outro marcador entre os GL e ao todo 5.259 marcadores coincidiram com pelo menos outro marcador, o que evidencia a qualidade dos dados de SSR e SNP já que os erros de genotipagem adicionam intervalos no mapa.

Muitos marcadores mostraram-se agrupados no mapa genético, regiões que provavelmente devem ser idênticas por ascendência. No mapa consenso da soja grande proporção dos SNP mapeados também foi agrupada (HYTEN et al., 2010). No entanto, os SNP dentro dos “clusters” mostraram diferentes freqüências alélicas em um grupo de 96 cultivares divergentes de soja, o que é esperado entre cultivares de feijoeiro.

Tabela 1. Características do mapa genético do feijoeiro comum

GL	Ext^{GL}	N^{marc}	SSR	SNP	M^{cos}	N^{pos}
1	97,11	752	19	733	650	102
2	116,19	468	16	452	378	90
3	117,31	591	40	551	433	158
4	106,33	740	24	716	595	145
5	92,53	705	27	678	587	118
6	76,12	214	22	192	111	103
7	99,62	217	26	191	87	130
8	128,86	881	33	848	781	100
9	105,36	485	38	447	360	125
10	106,67	778	12	766	623	155
11	100,41	941	13	928	654	287
Total	1146,51	6772	270	6502	5259	1513

GL, grupos de ligação; Ext^{GL}, extensão dos GL em cM; N^{marc}, número de marcadores; M^{cos}, número de marcadores que coincidiram no mapa e N^{pos}, número de posições distintas.

Para HYTEN et al. (2010), diferentes marcadores em uma mesma região aumentam a chance de diferentes SNP serem polimórficos em diferentes cruzamentos, o que garante que determinado número de SNP seja polimórfico em qualquer cruzamento, além de garantir poucas regiões com mais de 20 cM sem SNP polimórficos que reduziriam o poder de detecção de QTL nestas regiões.

Os GL apesar de conterem maior número de marcadores apresentaram em geral extensões menores quando comparados com mapas anteriores. Os GL1, 2, 3 e 6 foram menores que os respectivos GL nos mapas relatados por FREYRE et al. (1998); GRISI et al. (2007); CORDOBA et al. (2010 a) e HANAI et al. (2010), enquanto os GL restantes, exceto o GL4, foram menores que os GL correspondentes em pelo menos dois mapas anteriores. O GL4 foi também menor que o respectivo GL no mapa relatado por CORDOBA et al. (2010a). Em relação à distância genética total, os mapas obtidos por FREYRE et al. (1998) (1.226 cM) e HANAI et al. (2010) (1.259 cM) foram os que mais se aproximaram deste mapa genético (1.146,51 cM). Outros mapas, como aqueles relatados por YU et al. (2000) (1.720 cM), GRISI et al. (2007) (1.358

Tabela 2. Intervalos no mapa genético do feijoeiro comum

GL	>Int	Int>10	Int>5	Int>2,5	Int>1	Int<1	N^{int}
1	5,13	0	1	5	21	74	101
2	14,49	1	1	10	22	55	89
3	13,38	1	1	5	32	118	157
4	11,24	1	1	5	21	116	144
5	7,84	0	2	4	18	93	117
6	3,67	0	0	4	23	75	102
7	8,59	0	4	6	14	105	129
8	9,67	0	5	5	27	62	99
9	4,79	0	0	7	24	93	124
10	8,95	0	3	0	19	132	154
11	7,28	0	1	6	21	258	286
Total	-	3	19	57	242	1181	1502

GL, grupos de ligação; >Int, maior intervalo em cM; Int>10, intervalos maiores que 10 cM; Int>5, intervalos entre 5-10 cM; Int>2,5, intervalos entre 2,5-5 cM; Int>1, intervalos entre 1-2,5 cM; Int<1, intervalos menores que 1 cM e N^{int}, total de intervalos.

Tabela 3. Intervalos de marcadores microssatélites no mapa genético do feijoeiro comum

GL	>Int	Int>20	Int>15	Int>10	Int>5	Int>2,5	Int>1	Int<1	M^{cos}	N^{Int}
1	11,23	0	0	3	5	1	2	6	1	17
2	17,67	0	1	1	2	1	2	0	8	7
3	13,23	0	0	1	5	10	6	6	11	28
4	22,86	2	1	1	1	2	5	0	11	12
5	20,95	1	2	0	3	1	7	3	9	17
6	13,19	0	0	1	4	7	3	2	4	17
7	17,01	0	1	3	0	7	4	10	0	25
8	45,72	1	0	1	2	4	6	5	13	19
9	12,52	0	0	2	6	2	10	10	7	30
10	65,92	1	0	0	1	0	2	2	5	6
11	17,15	0	2	1	1	4	1	1	2	10
Total	-	5	7	14	30	39	48	45	71	188

GL, grupos de ligação; >Int, maior intervalo; Int>20, intervalos maiores que 20 cM; Int>15, intervalos entre 15-20 cM; Int>10, intervalos entre 10-15 cM; Int>5, intervalos entre 5-10 cM; Int>2,5, intervalos entre 2,5-5 cM; Int>1, intervalos entre 1-2,5 cM; Int<1, intervalos menores que 1 cM, M^{cos}, número de microssatélites que coincidiram no mapa e N^{int}, total de intervalos.

cM) e CORDOBA et al. (2010a,b) (1.397 cM, 1.575 cM) tiveram extensões maiores.

A menor extensão deste mapa pode ser resultado da maior acurácia na genotipagem de SNP pelo sistema Illumina Infinium, que tem reprodutibilidade de quase 100% e menos de 0,02% de inconsistências, como revelado pelos dados gerados pelo chip Human-1 BeadChip (STEEMERS e GUNDERSON, 2005). Para HYTEN et al. (2010), erros de genotipagem levam a expansão dos mapas genéticos por criar falsos eventos de recombinação que aumentam as distâncias. Outra explicação dos autores é que um número maior de marcadores pode eliminar intervalos nestes mapas e produzir estimativas mais acuradas das distâncias nessas regiões.

Em relação à quantidade de SSR mapeados, este mapa supera os anteriores entre os quais se destacam os mapas desenvolvidos por GRISI et al. (2007) e BLAIR et al. (2008) que localizaram 106 e 123 marcadores SSR, respectivamente.

A análise de 92 progênies F_5 e dos progenitores permitiu a criação de um mapa genético denso para o feijoeiro comum que posiciona SNP e SSR em regiões de intervalo nos mapas anteriores. O mapa proposto posiciona mais de 6.500 SNP e 270 novos SSR que são mais facilmente caracterizados em laboratório e têm baixo custo operacional comparados aos SNP. O mapa desenvolvido quando integrado a outros mapas será útil para criar um mapa consenso para o feijoeiro comum, que permitirá localizar pelo menos 6.000 marcadores deste estudo além de outros SSR, RFLP e RAPD mapeados anteriormente. A localização dos marcadores no mapa de referência auxiliará na montagem do genoma físico e ensaios GoldenGate poderão ser projetados com base na distribuição dos SNP para o mapeamento em escala de QTL para características agronômicas na espécie.

4. CONCLUSÕES

i. O mapa genético proposto posiciona SNP e SSR em regiões de intervalo dos mapas anteriores;

ii. Onze grupos de ligação foram formados pelo agrupamento de 6.772 marcadores, 6.502 SNP e 270 SSR, cobrindo a extensão de 1.146,51 cM;

iii. Este mapa contem o total de 1.502 intervalos e 1.513 posições distintas e mostrou em média um loco a cada 0,8 cM.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADAM-BLONDON, A.F.; SEVIGNAC, M.; DRON, M. A genetic map of common bean to localize specific resistance genes against anthracnose. **Genome**, v.37, p.915-924, 1994.

BASSETT, M.J. A revised linkage map of common bean. **Hortscience**, v.26, p.834-836, 1991.

BLAIR, M.W.; BUENDÍA, H.F.; GIRALDO, M.C.; MÉTAIS, I.; PELTIER, D. Characterization of AT-rich microsatellites in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) **Theoretical and Applied Genetics**, v.118, p.91–103, 2008.

BLAIR, M.W.; PEDRAZA, F.; BUENDIA, H.F.; GAITÁN-SOLÍS, E.; BEEBE, S.E. Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.107, p.1362–1374, 2003.

BUSO, G.S.C.; AMARAL, Z.P.S.; BRONDANI, R.P.V.; FERREIRA, M.E. Microsatellite markers for the common bean – Phaseolus vulgaris. **Molecular Ecology Notes**, v.6, p.252–254, 2006.

CÓRDOBA, J.M., CHAVARRO, C., SCHLUETER, J.A., JACKSON, S.A., BLAIR, M.W. Integration of physical and genetic maps of common bean through BAC-derived microsatellite markers. **BMC Genomics**, v.11, p.436-446, 2010a.

CÓRDOBA, J.M.; CHAVARRO, C.; ROJAS, F.; MUÑOZ, C.; BLAIR, M.W. Identification and Mapping of Simple Sequence Repeat Markers from Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) - Bacterial Artificial Chromosome and Sequences for Genome Characterization and Genetic-Physical Map Integration. **The plant genome**, v.3, n.3, p.154-165, 2010b.

FREYRE, R.; SKROCH, P.W.; GEFFROY, V.; ADAM-BLODON, A.F.; SHIRMOHAMADALI, A.; JOHNSON, W.C.; LACA, V.; NODARI, R.O.; PEREIRA, P.A.; TSAI, S.M.; TOHME, J.; DRON, M.; NIENHUIS, J.; VALLEJOS, C.E.; GEPTS, P. Towards an integrated linkage map of common bean. 4. Development of a core linkage map and alignment of RFLP maps. **Theoretical Applied Genetics**, v.97, p.847-856, 1998.

GAITÁN-SOLÍS, E.; CHOI, I.-Y.; QUIGLEY, C.; CREGAN, P.; TOHME, J. Single Nucleotide Polymorphisms in Common Bean: Their Discovery and Genotyping Using a Multiplex Detection System. **The Plant Genome**, v.1, n.2, p.125-134, 2008.

GRISI, M.C.M.; BLAIR, M.W.; GEPTS, P.; BRONDANI, C.; PEREIRA, P.A.A.; BRONDANI, R.P.V. Genetic Mapping of a new set of microsatellite markers in a reference common bean population BAT93 x Jalo EEP558. **Genetics and Molecular Research**, v.6, n.3, p.691-706, 2007.

HANAI, L.R.; SANTINI, L.; CAMARGO, L.E.A.; FUNGARO, M.H.P.; GEPTS, P.; TSAI, S.M.; VIEIRA, M.L.C. Extension of the core map of common bean with

EST-SSR, RGA, AFLP, and putative functional markers. **Molecular Breeding**, v.25, p.25-45, 2010.

HYTEN, D.L.; SONG, Q.; FICKUS, E.W.; QUIGLEY, C.V; LIM, J.; CHOI, I.; HWANG, E.; PASTOR-CORRALES, M.; CREGAN, P.B. High-throughput SNP discovery and assay development in common bean BMC. **Genomics**, v.11, p.475-483, 2010.

MCCLEAN, P.E.; LEE, R.K.; OTTO, C.; GEPTS, P.; BASSETT, M.J. Molecular and phenotypic mapping ofgenes controlling seed coat pattern and color in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) **Journal of Heredity**, v.93, p.148–152, 2002.

NODARI, R.O.; TSAIR, S.M.; GILBERTSO, L.; GEPTS, P. Towards an integrated linkage map of common bean II. Development of an RFLP-based linkage map. **Theoretical and Applied Genetics**, v.85, p.513-520, 1993.

SAMBROOK, J.; FRITSCH, E.F.; MANIATIS, T. **Molecular Cloning: A Laboratory Manual**. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989. 402p.

STEEMERS, F.J.; GUNDERSON, K.L. Illumina, Inc. **Pharmacogenomics**, v.6, n.7, p.777-782, 2005.

VARSHNEY, R.K.; GRANER, A.G.; SORRELS, E.M. Genic microsatellite markers in plants: features and applications. **Trends in Biotechnology**, v.23, n.1, p.48-65, 2005.

VALLEJOS, C.E.; CHASE, C.D. Linkage between isozyme markers and a locus affecting seed size in *Phaseolus vulgaris* L. **Theoretical and Applied Genetics**, v.81, p.413–419, 1991.

VALLEJOS, C.E.; SAKIYAMA, N.S.; CHASE, C.D. A molecular marker-based linkage map of *Phaseolus vulgaris* L. **Genetics**, v.131, p.733–740, 1992.

YU, K.; PARK, S.J.; POYSA, V.; GEPTS, P. Integration of simple sequence Repeat (SSR) markers into a molecular linkage Map of common bean (Phaseolus vulgaris). **The Journal of Heredity**, v.91, n.6, p.429-434, 2000.

Anexo 1: Mapa genético do feijoeiro comum baseado em marcadores SNP e SSR desenvolvidos pelo SGIL

GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P
SNP_1048	0,00	SNP_596	16,57	SNP_2324	18,04	SNP_4232	18,04	SNP_5115	18,92	SNP_2300	19,21	SNP_5072	19,21	SNP_3661	30,19	SNP_1946	31,06	SNP_5603	32,52
SNP_1049	0,00	SNP_594	16,86	SNP_2392	18,04	SNP_4602	18,04	SNP_5322	18,92	SNP_2312	19,21	SNP_5602	19,21	SNP_3663	30,19	SNP_3683	31,06	SNP_5814	32,52
SNP_1050	0,00	SNP_599	16,86	SNP_2830	18,04	SNP_4663	18,04	SNP_5440	18,92	SNP_2442	19,21	SNP_6111	19,21	SNP_5193	30,19	SNP_3849	31,06	SNP_6016	32,52
SNP_1051	0,00	SNP_600	16,86	SNP_2831	18,04	SNP_4664	18,04	SNP_5643	18,92	SNP_2443	19,21	SNP_6301	19,21	SNP_5604	30,19	SNP_3720	31,06	SNP_6211	32,52
SSR_0499	1,82	SNP_1450	17,45	SNP_2832	18,04	SNP_5092	18,04	SNP_5708	18,92	SNP_2444	19,21	SNP_6337	19,21	SNP_6091	30,19	SNP_2751	31,35	SNP_6422	32,52
SNP_472	3,64	SNP_1974	17,45	SNP_2833	18,04	SNP_5093	18,04	SNP_5790	18,92	SNP_3030	19,21	SNP_3844	19,40	SNP_6130	30,19	SNP_3679	31,35	SNP_6473	32,82
SSR_0648	3,64	SNP_1151	17,45	SNP_2834	18,04	SNP_5244	18,04	SNP_5792	18,92	SNP_3563	19,21	SNP_1887	23,71	SNP_5980	30,45	SNP_2243	31,35	SNP_834	33,11
SSR_0503	4,53	SNP_1954	17,45	SNP_2835	18,04	SNP_5542	18,04	SNP_5807	18,92	SNP_3564	19,21	SNP_5460	28,85	SNP_1836	30,77	SNP_2245	31,35	SNP_3684	33,11
SNP_2029	5,42	SNP_2424	17,45	SNP_3427	18,04	SNP_5875	18,04	SNP_6077	18,92	SNP_3565	19,21	SNP_3738	29,88	SNP_2299	30,77	SNP_2247	31,35	SNP_3807	33,11
SNP_1263	5,42	SNP_3084	17,45	SNP_3429	18,04	SNP_2421	18,04	SNP_6113	18,92	SNP_3628	19,21	SNP_824	29,89	SNP_3681	30,77	SNP_2248	31,35	SNP_4439	33,11
SNP_1265	5,42	SNP_3822	17,45	SNP_3430	18,04	SNP_2390	18,04	SNP_6231	18,92	SNP_3630	19,21	SNP_1072	29,89	SNP_5991	30,77	SNP_2752	31,35	SNP_5131	33,11
SSR_0581	5,42	SNP_6452	17,45	SNP_3924	18,04	SNP_2428	18,04	SNP_3055	18,92	SNP_3658	19,21	SNP_1771	29,89	SNP_6448	30,77	SNP_6314	31,35	SNP_5304	33,11
SSR_0852	5,42	SNP_2318	17,74	SNP_4119	18,04	SSR_0121	18,04	SNP_3682	18,92	SNP_3660	19,21	SNP_1772	29,89	SNP_3842	30,77	SNP_869	31,64	SNP_6280	33,11
SNP_1264	6,61	SNP_1449	18,04	SNP_4120	18,04	SSR_1099	18,04	SNP_5284	18,92	SNP_3835	19,21	SNP_1774	29,89	SNP_5064	30,77	SNP_875	31,64	SNP_3278	33,73
SNP_1510	6,61	SNP_1451	18,04	SNP_4310	18,04	SNP_2322	18,04	SNP_5285	18,92	SNP_3836	19,21	SNP_1883	29,89	SNP_5776	30,77	SNP_1599	31,64	SNP_5617	34,30
SNP_6442	6,61	SNP_1452	18,04	SNP_4311	18,04	SNP_3302	18,04	SSR_0383	18,92	SNP_3843	19,21	SNP_2055	29,89	SNP_1682	30,77	SNP_2118	31,64	SNP_6378	34,90
SNP_1509	6,61	SNP_1453	18,04	SNP_4342	18,04	SNP_5182	18,04	SNP_6338	19,21	SNP_3966	19,21	SNP_3737	29,89	SNP_2445	30,77	SNP_2305	31,64	SNP_6076	35,48
SNP_1508	6,61	SNP_1454	18,04	SNP_4343	18,04	SNP_3678	18,62	SNP_2264	19,21	SNP_3967	19,21	SNP_3740	29,89	SNP_3629	30,77	SNP_2306	31,64	SNP_6075	36,19
SSR_0759	7,41	SNP_1455	18,04	SNP_4344	18,04	SNP_3680	18,62	SNP_2296	19,21	SNP_4496	19,21	SNP_3790	29,89	SNP_3837	30,77	SNP_2669	31,64	SNP_5815	37,54
SNP_2798	7,50	SNP_1976	18,04	SNP_4680	18,04	SNP_2753	18,62	SNP_2297	19,21	SNP_4497	19,21	SNP_3868	29,89	SNP_5267	30,77	SNP_2671	31,64	SNP_3015	38,63
SNP_1613	8,69	SNP_1977	18,04	SNP_4681	18,04	SNP_868	18,92	SNP_2298	19,21	SNP_4506	19,21	SNP_4003	29,89	SNP_5377	30,77	SNP_3115	31,64	SNP_3881	38,80
SNP_1614	8,69	SNP_4527	18,04	SNP_4811	18,04	SNP_870	18,92	SNP_2301	19,21	SNP_4623	19,21	SNP_4067	29,89	SNP_5446	30,77	SNP_3775	31,64	SNP_1073	38,80
SNP_1615	8,98	SNP_5183	18,04	SNP_4823	18,04	SNP_871	18,92	SNP_2302	19,21	SNP_4671	19,21	SNP_4175	29,89	SNP_6023	30,77	SNP_4305	31,64	SNP_1074	38,80
SNP_1611	9,27	SNP_5283	18,04	SNP_4861	18,04	SNP_873	18,92	SNP_3397	19,21	SNP_4781	19,21	SNP_4540	29,89	SNP_6191	30,77	SNP_5171	31,64	SNP_1770	38,80
SNP_1612	9,27	SNP_1885	18,04	SNP_4862	18,04	SNP_2244	18,92	SNP_3398	19,21	SNP_4782	19,21	SNP_4542	29,89	SSR_0690	30,77	SNP_5255	31,64	SNP_1773	38,80
SNP_2658	9,27	SNP_1886	18,04	SNP_5593	18,04	SNP_6078	18,92	SNP_3480	19,21	SNP_4783	19,21	SNP_4620	29,89	SNP_1959	30,90	SNP_5644	31,64	SNP_1884	38,80
SNP_6339	9,27	SNP_1741	18,04	SNP_5594	18,04	SNP_874	18,92	SNP_3645	19,21	SNP_4808	19,21	SNP_5924	29,89	SNP_872	31,06	SNP_5728	31,64	SNP_2056	38,80
SNP_1610	9,27	SNP_2391	18,04	SNP_5993	18,04	SNP_1169	18,92	SNP_4285	19,21	SNP_4908	19,21	SNP_2071	29,89	SNP_1119	31,06	SNP_5808	31,64	SNP_2215	38,80
SNP_188	12,40	SNP_2853	18,04	SNP_4824	18,04	SNP_1172	18,92	SNP_4465	19,21	SNP_4909	19,21	SNP_2569	29,89	SNP_1170	31,06	SNP_6368	31,64	SNP_2400	38,80
SNP_189	12,40	SNP_2854	18,04	SNP_2141	18,04	SNP_1594	18,92	SNP_4466	19,21	SNP_4989	19,21	SNP_3348	29,89	SNP_1171	31,06	SNP_2546	31,64	SNP_2873	38,80
SNP_187	13,29	SNP_2855	18,04	SNP_4087	18,04	SNP_1958	18,92	SNP_4467	19,21	SNP_5062	19,21	SNP_3349	29,89	SNP_2544	31,06	SNP_6082	31,94	SNP_3045	38,80
SNP_185	13,29	SNP_2856	18,04	SNP_2419	18,04	SNP_2307	18,92	SNP_5176	19,21	SNP_5334	19,21	SNP_4224	29,89	SNP_2545	31,06	SNP_5379	31,94	SNP_3218	38,80
SNP_186	13,29	SNP_3785	18,04	SNP_2420	18,04	SNP_2441	18,92	SNP_5177	19,21	SNP_5378	19,21	SNP_4226	29,89	SNP_2670	31,06	SNP_5165	31,94	SNP_3219	38,80
SNP_1570	13,29	SNP_1147	18,04	SNP_2422	18,04	SNP_2673	18,92	SNP_5231	19,21	SNP_5445	19,21	SNP_4227	29,89	SNP_2672	31,06	SNP_1914	31,94	SNP_3220	38,80
SNP_1571	13,29	SNP_1148	18,04	SNP_2423	18,04	SNP_3092	18,92	SNP_5536	19,21	SNP_5468	19,21	SNP_5838	29,89	SNP_2945	31,06	SNP_3648	31,94	SNP_3221	38,80
SNP_1572	13,29	SNP_1149	18,04	SNP_2425	18,04	SNP_3116	18,92	SNP_6095	19,21	SNP_5686	19,21	SNP_5931	29,89	SNP_2946	31,06	SNP_5507	31,94	SNP_3739	38,80
SNP_1573	13,29	SNP_1150	18,04	SNP_2426	18,04	SNP_3381	18,92	SNP_6096	19,21	SNP_5795	19,21	SNP_6366	29,89	SNP_3488	31,06	SNP_1530	32,52	SNP_3791	38,80
SNP_719	13,87	SNP_1955	18,04	SNP_2427	18,04	SNP_3489	18,92	SNP_6109	19,21	SNP_5847	19,21	SNP_3613	29,89	SNP_3710	31,06	SNP_829	32,52	SNP_3882	38,80
SNP_1576	13,87	SNP_1956	18,04	SNP_3080	18,04	SNP_3711	18,92	SNP_6110	19,21	SNP_5848	19,21	SNP_714	29,89	SNP_3773	31,06	SNP_830	32,52	SNP_4006	38,80
SNP_1577	13,87	SNP_1957	18,04	SNP_3081	18,04	SNP_3719	18,92	SNP_6307	19,21	SNP_5918	19,21	SNP_2327	29,89	SNP_3857	31,06	SNP_832	32,52	SNP_4066	38,80
SNP_1728	15,69	SNP_2137	18,04	SNP_3082	18,04	SNP_3774	18,92	SNP_6429	19,21	SNP_5919	19,21	SNP_2998	29,89	SNP_4405	31,06	SNP_833	32,52	SNP_4173	38,80
SNP_1734	15,98	SNP_2138	18,04	SNP_3083	18,04	SNP_3792	18,92	SNP_6449	19,21	SNP_5936	19,21	SNP_2997	29,89	SNP_4407	31,06	SNP_1646	32,52	SNP_4174	38,80
SNP_597	15,98	SNP_2139	18,04	SNP_3085	18,04	SNP_3856	18,92	SNP_4712	19,21	SNP_6015	19,21	SNP_3016	29,89	SNP_4408	31,06	SNP_3280	32,52	SNP_4255	38,80
SNP_598	15,98	SNP_2140	18,04	SNP_3230	18,04	SNP_3858	18,92	SNP_2263	19,21	SNP_6022	19,21	SNP_3018	29,89	SNP_4967	31,06	SNP_3662	32,52	SNP_4346	38,80
SNP_1729	15,98	SNP_2142	18,04	SNP_3426	18,04	SNP_4303	18,92	SNP_1912	19,21	SNP_6081	19,21	SSR_0168	29,89	SNP_4968	31,06	SNP_3686	32,52	SNP_4347	38,80
SNP_1730	15,98	SNP_2143	18,04	SNP_3456	18,04	SNP_4304	18,92	SNP_3659	19,21	SNP_6123	19,21	SNP_2007	29,89	SNP_5001	31,06	SNP_3965	32,52	SNP_4483	38,80
SNP_1731	15,98	SNP_2319	18,04	SNP_3457	18,04	SNP_4422	18,92	SNP_5164	19,21	SNP_6132	19,21	SNP_5459	29,89	SNP_5023	31,06	SNP_5158	32,52	SNP_4484	38,80
SNP_1732	15,98	SNP_2320	18,04	SNP_3458	18,04	SNP_4500	18,92	SNP_1681	19,21	SNP_6167	19,21	SNP_831	30,19	SNP_5496	31,06	SNP_5192	32,52	SNP_4541	38,80
SNP_1733	15,98	SNP_2321	18,04	SNP_3823	18,04	SNP_5000	18,92	SNP_1911	19,21	SNP_6212	19,21	SNP_1647	30,19	SNP_5707	31,06	SNP_5230	32,52	SNP_4563	38,80
SNP_595	16,57	SNP_2323	18,04	SNP_4231	18,04	SNP_5022	18,92	SNP_1913	19,21	SNP_4462	19,21	SNP_3279	30,19	SNP_4771	31,06	SNP_5337	32,52	SNP_4619	38,80

GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P	GL 1	P	GL2	P	GL2	P	GL2	P	GL2	P
SNP_5138	38,80	SNP_5385	40,87	SNP_4236	67,29	SNP_370	76,19	SNP_361	78,55	SNP_3524	97,11	SNP_3530	0,00	SNP_4445	38,72	SNP_3670	39,90	SNP_2460	39,90
SNP_5364	38,80	SNP_1456	41,46	SNP_4237	67,29	SNP_371	76,19	SNP_41	78,55	SNP_3525	97,11	SNP_2590	0,54	SNP_5627	38,72	SNP_3671	39,90	SNP_2461	39,90
SNP_5669	38,80	SNP_2074	41,46	SSR_0081	67,29	SNP_372	76,19	SNP_326	78,55			SNP_3275	1,64	SNP_5775	38,72	SNP_3902	39,90	SNP_2603	39,90
SNP_5670	38,80	SNP_2075	41,46	SNP_500	68,79	SNP_373	76,19	SNP_331	78,55			SNP_2589	2,18	SNP_3339	38,72	SNP_3994	39,90	SNP_2604	39,90
SNP_5719	38,80	SNP_939	41,46	SNP_496	69,38	SNP_374	76,19	SNP_341	78,55			SNP_2553	2,94	SNP_2793	39,90	SNP_3995	39,90	SNP_2605	39,90
SNP_6035	38,80	SNP_1413	41,46	SNP_498	69,38	SNP_375	76,19	SNP_347	78,55			SNP_3274	3,27	SNP_4501	39,90	SNP_4075	39,90	SNP_2606	39,90
SNP_6350	38,80	SNP_2555	41,46	SNP_499	69,38	SNP_376	76,19	SNP_338	78,55			SNP_3273	3,59	SNP_2490	39,90	SNP_4259	39,90	SNP_3776	39,90
SNP_1532	38,80	SNP_932	42,35	SNP_495	69,38	SNP_377	76,19	SNP_40	78,55			SNP_2554	3,92	SNP_2795	39,90	SNP_4260	39,90	SNP_3777	39,90
SNP_1506	38,80	SNP_933	42,35	SNP_504	69,67	SNP_365	76,19	SNP_39	78,55			SNP_2552	4,25	SNP_3960	39,90	SNP_4261	39,90	SNP_4063	39,90
SNP_2328	38,80	SNP_934	42,35	SNP_501	70,26	SNP_366	76,19	SSR_0143	78,55			SNP_694	8,40	SNP_5608	39,90	SNP_4417	39,90	SNP_4064	39,90
SNP_2578	38,80	SNP_3903	42,35	SNP_502	70,26	SNP_367	76,19	SNP_38	78,84			SNP_696	9,92	SNP_1354	39,90	SNP_4418	39,90	SNP_5351	39,90
SNP_2579	38,80	SSR_0811	42,35	SNP_497	71,76	SNP_368	76,19	SNP_37	78,84			SNP_695	10,47	SNP_1355	39,90	SNP_6052	39,90	SNP_6265	39,90
SNP_3612	38,80	SNP_1013	44,81	SNP_616	71,76	SNP_369	76,19	SNP_36	78,84			SNP_2289	12,92	SNP_1720	39,90	SNP_1984	39,90	SNP_4667	39,90
SNP_3838	38,80	SNP_4011	45,39	SNP_617	71,76	SNP_362	76,78	SNP_34	79,73			SNP_2416	15,84	SNP_1721	39,90	SNP_1390	39,90	SNP_1135	39,90
SNP_3839	38,80	SNP_1909	45,39	SNP_618	71,76	SNP_363	76,78	SNP_35	79,73			SNP_2415	15,84	SNP_2491	39,90	SNP_1953	39,90	SNP_1136	39,90
SNP_3905	38,80	SNP_1910	45,39	SNP_619	71,76	SNP_364	76,78	SNP_32	80,02			SNP_823	16,42	SNP_3066	39,90	SNP_2993	39,90	SNP_1138	39,90
SNP_4223	38,80	SNP_4010	45,39	SNP_620	71,76	SNP_360	76,78	SNP_33	80,02			SNP_820	18,12	SNP_3364	39,90	SNP_731	39,90	SNP_1139	39,90
SNP_4225	38,80	SNP_6487	45,69	SNP_621	71,76	SNP_355	76,78	SNP_25	80,61			SNP_821	20,42	SNP_4345	39,90	SNP_732	39,90	SNP_1250	39,90
SNP_4228	38,80	SNP_754	45,69	SNP_622	71,76	SNP_357	76,78	SNP_26	80,61			SNP_822	23,30	SNP_4454	39,90	SNP_2841	39,90	SNP_2185	39,90
SNP_4403	38,80	SNP_755	45,69	SNP_623	71,76	SNP_359	76,78	SNP_27	80,61			SNP_994	23,30	SNP_4679	39,90	SNP_3117	39,90	SNP_2410	39,90
SNP_4404	38,80	SNP_2073	47,83	SNP_624	71,76	SNP_356	76,78	SNP_28	80,61			SNP_992	23,30	SNP_4727	39,90	SNP_3118	39,90	SNP_2910	39,90
SNP_5407	38,80	SNP_1842	49,97	SNP_625	71,76	SNP_358	76,78	SNP_29	80,61			SNP_993	23,30	SNP_4728	39,90	SNP_3589	39,90	SNP_3231	39,90
SNP_5408	38,80	SNP_1843	51,16	SNP_626	71,76	SNP_354	77,07	SNP_31	80,61			SNP_540	27,56	SNP_4746	39,90	SNP_3590	39,90	SNP_3465	39,90
SNP_6320	38,80	SNP_1844	51,16	SNP_627	71,76	SNP_349	77,07	SNP_30	80,61			SNP_1015	30,98	SNP_4747	39,90	SNP_6315	39,90	SNP_3685	39,90
SNP_713	38,80	SNP_1596	51,16	SNP_629	71,76	SNP_350	77,07	SNP_21	81,19			SNP_1016	31,09	SNP_4748	39,90	SNP_3170	39,90	SNP_3778	39,90
SNP_715	38,80	SNP_1597	51,16	SNP_630	71,76	SNP_351	77,07	SNP_22	81,19			SNP_1017	31,09	SNP_4830	39,90	SNP_3789	39,90	SNP_3832	39,90
SNP_716	38,80	SNP_6466	51,16	SNP_631	71,76	SNP_352	77,07	SNP_23	81,19			SNP_1018	31,09	SNP_4831	39,90	SNP_4910	39,90	SNP_3833	39,90
SNP_2999	38,80	SNP_6467	51,16	SNP_632	71,76	SNP_353	77,07	SNP_24	81,19			SNP_1256	31,65	SNP_4850	39,90	SNP_3787	39,90	SNP_3834	39,90
SNP_3000	38,80	SNP_6500	51,16	SNP_633	71,76	SNP_348	77,07	SNP_18	81,78			SNP_1257	31,65	SNP_4851	39,90	SNP_3788	39,90	SNP_4079	39,90
SNP_3001	38,80	SNP_425	51,16	SNP_634	72,65	SNP_344	77,07	SNP_19	81,78			SNP_1253	35,18	SNP_4896	39,90	SNP_2107	39,90	SNP_4219	39,90
SNP_3017	38,80	SNP_424	51,16	SNP_635	72,65	SNP_345	77,07	SNP_20	81,78			SNP_1255	35,18	SNP_4897	39,90	SNP_3964	39,90	SNP_4220	39,90
SNP_4158	38,80	SSR_0740	51,16	SNP_637	72,65	SNP_346	77,07	SNP_17	81,78			SSR_0282	35,18	SNP_5336	39,90	SNP_5625	39,90	SNP_4222	39,90
SNP_5576	38,80	SNP_423	51,75	SNP_638	72,65	SNP_343	77,07	SNP_16	81,78			SNP_1254	35,84	SNP_5652	39,90	SNP_5633	39,90	SNP_4317	39,90
SNP_5577	38,80	SNP_422	54,21	SNP_636	72,65	SNP_339	77,07	SSR_0526	84,58			SNP_1258	35,84	SNP_5938	39,90	SNP_3637	39,90	SNP_4318	39,90
SNP_6007	38,80	SNP_1078	54,80	SNP_639	72,94	SNP_340	77,07	SNP_47	89,48			SNP_1358	35,84	SNP_6208	39,90	SNP_4326	39,90	SNP_4666	39,90
SNP_6008	38,80	SNP_1079	54,80	SNP_640	72,94	SNP_342	77,07	SNP_46	91,62			SNP_1359	35,84	SNP_6471	39,90	SNP_859	39,90	SNP_4736	39,90
SNP_6009	38,80	SNP_1080	54,80	SNP_641	72,94	SNP_337	77,96	SNP_45	92,21			SNP_3529	36,50	SNP_3276	39,90	SNP_861	39,90	SNP_4737	39,90
SSR_0391	38,80	SNP_1081	54,80	SNP_642	72,94	SNP_335	77,96	SNP_44	92,21			SNP_6312	36,50	SNP_494	39,90	SNP_862	39,90	SNP_4738	39,90
SNP_5732	38,80	SNP_1077	55,69	SNP_644	72,94	SNP_330	77,96	SNP_42	92,50			SNP_1692	37,61	SNP_1985	39,90	SNP_863	39,90	SNP_4969	39,90
SNP_5925	38,80	SNP_1076	55,69	SNP_643	72,94	SNP_332	77,96	SNP_14	93,39			SNP_1698	37,61	SNP_1986	39,90	SNP_864	39,90	SNP_4970	39,90
SNP_6331	39,39	SSR_0655	57,51	SNP_645	73,53	SNP_333	77,96	SNP_15	93,39			SNP_1700	37,61	SNP_1987	39,90	SNP_865	39,90	SNP_5254	39,90
SSR_0805	39,39	SNP_901	59,97	SNP_646	73,53	SNP_334	77,96	SNP_49	93,98			SNP_3847	38,72	SNP_2212	39,90	SNP_860	39,90	SNP_5296	39,90
SNP_1632	40,28	SNP_761	62,44	SNP_647	73,53	SNP_336	77,96	SNP_43	93,98			SNP_4867	38,72	SNP_2470	39,90	SNP_734	39,90	SNP_5297	39,90
SNP_940	40,87	SNP_758	63,33	SNP_648	74,42	SNP_323	78,55	SNP_48	93,98			SNP_4868	38,72	SNP_2471	39,90	SNP_733	39,90	SNP_5352	39,90
SNP_1484	40,87	SNP_759	63,33	SNP_649	74,42	SNP_324	78,55	SNP_2133	93,98			SNP_6158	38,72	SNP_2964	39,90	SNP_6024	39,90	SNP_5353	39,90
SNP_1485	40,87	SNP_760	63,33	SNP_650	74,42	SNP_325	78,55	SNP_2132	93,98			SNP_2775	38,72	SNP_2965	39,90	SNP_6025	39,90	SNP_5354	39,90
SNP_1483	40,87	SNP_1652	65,47	SNP_382	75,01	SNP_327	78,55	SNP_2134	97,11			SNP_2776	38,72	SNP_2966	39,90	SNP_735	39,90	SNP_5626	39,90
SNP_1482	40,87	SNP_1653	65,47	SNP_381	75,30	SNP_328	78,55	SNP_2135	97,11			SNP_2891	38,72	SNP_3090	39,90	SNP_736	39,90	SNP_5659	39,90
SNP_1480	40,87	SNP_4250	67,29	SNP_378	76,19	SNP_329	78,55	SNP_3522	97,11			SNP_3010	38,72	SNP_3091	39,90	SNP_1133	39,90	SNP_5939	39,90
SNP_1481	40,87	SNP_4251	67,29	SNP_380	76,19	SNP_379	78,55	SNP_3523	97,11			SNP_3802	38,72	SNP_3500	39,90	SNP_1134	39,90	SNP_5954	39,90

GL2	P	GL2	P	GL2	P	GL2	P	GL2	P	GL2	P	GL3	P	GL3	P	GL3	P	GL3	P
SNP_6026	39,90	SNP_4599	39,90	SSR_0639	39,90	SNP_888	42,71	SNP_2294	70,21	SNP_2019	115,08	SNP_2409	0,00	SNP_3330	31,43	SNP_490	39,61	SNP_2960	39,61
SNP_6027	39,90	SNP_4879	39,90	SSR_0731	39,90	SNP_892	42,71	SNP_2295	70,76	SNP_2020	115,08	SNP_2549	0,00	SNP_1874	31,43	SNP_491	39,61	SNP_2961	39,61
SNP_6036	39,90	SNP_4921	39,90	SSR_0911	39,90	SNP_895	42,71	SNP_2794	71,30	SNP_2217	115,08	SNP_1601	1,31	SNP_1876	31,43	SNP_492	39,61	SNP_2962	39,61
SNP_6073	39,90	SNP_5113	39,90	SSR_0919	39,90	SNP_896	42,71	SNP_4661	71,84	SNP_2792	115,08	SNP_1600	1,64	SNP_3331	31,43	SNP_1197	39,61	SNP_3153	39,61
SNP_6157	39,90	SNP_5114	39,90	SSR_0962	39,90	SNP_1564	42,71	SNP_6363	72,39	SNP_3816	115,08	SNP_5749	3,07	SNP_1867	31,43	SNP_2984	39,61	SNP_3851	39,61
SNP_6175	39,90	SNP_5121	39,90	SNP_2021	39,90	SNP_1565	42,71	SNP_6443	72,93	SNP_3817	115,08	SSR_0092	4,17	SNP_1868	31,43	SNP_2985	39,61	SNP_3852	39,61
SNP_6233	39,90	SNP_5122	39,90	SNP_2022	39,90	SNP_1566	42,71	SNP_1122	74,46	SNP_1285	116,19	SSR_0095	4,84	SNP_1875	31,43	SNP_2986	39,61	SNP_4587	39,61
SNP_6242	39,90	SNP_5124	39,90	SNP_2025	39,90	SNP_1864	42,71	SNP_1325	75,99	SNP_1286	116,19	SNP_3634	4,95	SNP_3860	31,43	SNP_1195	39,61	SNP_5366	39,61
SNP_6264	39,90	SNP_5260	39,90	SNP_2106	39,90	SNP_889	42,71	SNP_1396	78,81	SNP_1699	116,19	SNP_3633	5,06	SNP_3861	31,43	SNP_1190	39,61	SNP_5567	39,61
SNP_6376	39,90	SNP_5261	39,90	SNP_2219	39,90	SNP_890	42,71	SNP_3024	79,35	SNP_2777	116,19	SNP_548	5,17	SNP_3862	31,43	SNP_1191	39,61	SNP_5568	39,61
SNP_2184	39,90	SNP_5262	39,90	SNP_2459	39,90	SNP_891	42,71	SNP_3303	79,89	SNP_3011	116,19	SSR_0379	8,21	SNP_5456	31,43	SNP_1193	39,61	SNP_6446	39,61
SNP_3464	39,90	SNP_5291	39,90	SNP_3723	39,90	SNP_879	42,71	SNP_3304	80,44	SNP_3405	116,19	SNP_3206	15,09	SNP_1270	32,30	SNP_1194	39,61	SNP_6447	39,61
SNP_2326	39,90	SNP_5292	39,90	SNP_3959	39,90	SNP_886	42,71	SNP_1395	80,98	SNP_3715	116,19	SNP_776	19,76	SNP_5286	32,85	SNP_1198	39,61	SNP_1291	39,61
SNP_1251	39,90	SNP_5293	39,90	SNP_4221	39,90	SNP_5654	42,71	SNP_1833	81,74	SNP_3716	116,19	SNP_1961	20,31	SNP_4135	32,96	SNP_1718	39,61	SNP_1326	39,61
SNP_2023	39,90	SNP_5310	39,90	SNP_4316	39,90	SNP_893	43,26	SNP_1834	82,07	SNP_3801	116,19	SNP_1960	21,43	SNP_4094	33,07	SNP_1719	39,61	SNP_1327	39,61
SNP_2024	39,90	SNP_5311	39,90	SNP_4668	39,90	SNP_894	43,26	SNP_1832	82,39	SNP_3845	116,19	SSR_0402	21,43	SNP_3347	33,18	SNP_2929	39,61	SNP_1328	39,61
SNP_2026	39,90	SNP_5651	39,90	SNP_4982	39,90	SNP_1869	44,97	SNP_1417	84,27	SNP_3846	116,19	SNP_2573	21,43	SNP_3244	33,29	SNP_2930	39,61	SNP_1330	39,61
SNP_2027	39,90	SNP_5704	39,90	SNP_5740	39,90	SNP_781	45,52	SSR_0752	84,81	SNP_5272	116,19	SNP_1667	21,54	SNP_3243	33,39	SNP_2931	39,61	SNP_1376	39,61
SNP_2028	39,90	SNP_5783	39,90	SNP_6102	39,90	SNP_782	46,07	SNP_1419	85,35			SNP_2429	23,23	SNP_3242	33,50	SNP_2932	39,61	SNP_1378	39,61
SNP_2325	39,90	SNP_5856	39,90	SNP_6184	39,90	SNP_790	46,07	SNP_1420	85,90			SNP_1229	25,53	SNP_2863	33,61	SNP_2933	39,61	SNP_1531	39,61
SNP_3021	39,90	SNP_5912	39,90	SNP_6260	39,90	SNP_791	46,07	SNP_1810	86,44			SNP_1230	25,53	SNP_2862	33,72	SNP_3579	39,61	SNP_1760	39,61
SNP_3022	39,90	SNP_5913	39,90	SNP_1802	40,49	SNP_788	46,62	SNP_1812	86,98			SSR_0123	25,53	SNP_2861	33,83	SNP_3580	39,61	SNP_1761	39,61
SNP_3023	39,90	SNP_6101	39,90	SNP_1804	40,49	SNP_789	46,62	SNP_3451	87,53			SNP_975	29,20	SNP_2860	33,94	SNP_3581	39,61	SNP_1762	39,61
SNP_3119	39,90	SNP_6219	39,90	SNP_1803	40,49	SNP_2526	46,62	SNP_3452	88,07			SNP_2342	29,20	SNP_2700	34,05	SNP_3582	39,61	SNP_1763	39,61
SNP_3120	39,90	SNP_6257	39,90	SNP_308	40,49	SNP_1334	46,62	SNP_3453	88,62			SNP_3293	29,20	SNP_2699	34,16	SNP_3583	39,61	SNP_1764	39,61
SNP_3121	39,90	SNP_6295	39,90	SNP_312	40,49	SNP_2662	46,73	SNP_1418	89,16			SNP_5390	29,20	SNP_2698	34,26	SNP_3848	39,61	SNP_2002	39,61
SNP_3171	39,90	SNP_4187	39,90	SNP_1800	40,49	SNP_2661	46,73	SSR_0077	89,85			SNP_3053	29,20	SNP_2697	34,37	SNP_3849	39,61	SNP_2196	39,61
SNP_3172	39,90	SNP_3122	39,90	SNP_1801	40,49	SNP_6498	46,73	SNP_902	90,68			SNP_3481	29,20	SNP_1905	34,48	SNP_3850	39,61	SNP_2197	39,61
SNP_3173	39,90	SNP_4660	39,90	SNP_1805	40,49	SNP_1317	47,84	SNP_1045	94,13			SNP_3482	29,20	SNP_1554	34,59	SNP_3979	39,61	SNP_2198	39,61
SNP_3174	39,90	SNP_1947	39,90	SNP_1806	40,49	SNP_1046	50,29	SNP_2720	108,62			SNP_3483	29,20	SNP_1553	34,70	SNP_3980	39,61	SNP_2200	39,61
SNP_3308	39,90	SNP_1950	39,90	SNP_1807	40,49	SNP_1047	50,29	SNP_1386	115,08			SNP_6428	30,31	SNP_1447	34,81	SNP_5715	39,61	SNP_2201	39,61
SNP_3309	39,90	SNP_2218	39,90	SNP_1891	40,49	SNP_2406	50,29	SNP_1387	115,08			SNP_601	30,31	SNP_1446	34,92	SNP_3154	39,61	SNP_2202	39,61
SNP_3310	39,90	SNP_2430	39,90	SNP_1892	40,49	SSR_0395	53,32	SNP_1388	115,08			SNP_602	30,31	SNP_1243	35,02	SNP_1329	39,61	SNP_2383	39,61
SNP_3441	39,90	SNP_2431	39,90	SNP_3420	40,49	SNP_6483	53,65	SNP_1389	115,08			SNP_6349	30,31	SNP_1128	35,13	SNP_4195	39,61	SNP_2384	39,61
SNP_3442	39,90	SNP_2432	39,90	SNP_303	41,61	SNP_473	53,98	SNP_1391	115,08			SNP_1511	30,31	SNP_1127	35,24	SNP_4583	39,61	SNP_2487	39,61
SNP_3443	39,90	SNP_2433	39,90	SNP_304	41,61	SNP_474	54,30	SNP_1392	115,08			SSR_0593	30,31	SNP_1126	35,35	SNP_4365	39,61	SNP_2495	39,61
SNP_3475	39,90	SNP_2434	39,90	SNP_305	41,61	SNP_903	54,63	SNP_1393	115,08			SNP_756	31,43	SNP_1125	35,46	SNP_5070	39,61	SNP_2496	39,61
SNP_3476	39,90	SNP_5123	39,90	SNP_306	41,61	SNP_904	54,95	SNP_1394	115,08			SNP_757	31,43	SNP_493	35,57	SNP_5889	39,61	SNP_2497	39,61
SNP_3721	39,90	SNP_5705	39,90	SNP_307	41,61	SNP_4812	55,28	SNP_1821	115,08			SNP_4883	31,43	SNP_489	35,68	SNP_4810	39,61	SNP_2512	39,61
SNP_3722	39,90	SNP_5658	39,90	SNP_3193	42,16	SNP_6482	55,61	SNP_1948	115,08			SNP_4884	31,43	SNP_488	35,79	SNP_5529	39,61	SNP_2513	39,61
SNP_3853	39,90	SNP_1137	39,90	SNP_4953	42,16	SSR_1061	55,82	SNP_1949	115,08			SNP_5343	31,43	SNP_487	35,89	SNP_2940	39,61	SNP_2514	39,61
SNP_3854	39,90	SNP_1252	39,90	SNP_3192	42,16	SSR_1141	58,29	SNP_1951	115,08			SNP_5457	31,43	SNP_486	36,00	SNP_4152	39,61	SNP_2515	39,61
SNP_3855	39,90	SNP_2105	39,90	SNP_878	42,71	SNP_1124	61,10	SNP_1952	115,08			SNP_6200	31,43	SNP_485	36,11	SNP_5723	39,61	SNP_2516	39,61
SNP_4037	39,90	SNP_856	39,90	SNP_880	42,71	SNP_1123	61,65	SNP_2012	115,08			SNP_6445	31,43	SNP_2897	36,22	SNP_5030	39,61	SNP_2517	39,61
SNP_4038	39,90	SNP_857	39,90	SNP_881	42,71	SNP_2292	64,08	SNP_2013	115,08			SNP_2291	31,43	SSR_0783	36,22	SNP_4634	39,61	SNP_2537	39,61
SNP_4185	39,90	SNP_858	39,90	SNP_882	42,71	SNP_6403	65,17	SNP_2014	115,08			SNP_2290	31,43	SSR_0906	36,33	SNP_2333	39,61	SNP_2538	39,61
SNP_4186	39,90	SSR_0183	39,90	SNP_883	42,71	SNP_6402	65,71	SNP_2015	115,08			SNP_4882	31,43	SNP_484	36,44	SNP_2334	39,61	SNP_2539	39,61
SNP_4197	39,90	SSR_0263	39,90	SNP_884	42,71	SSR_0613	67,15	SNP_2016	115,08			SNP_3974	31,43	SNP_4579	38,85	SNP_2957	39,61	SNP_2652	39,61
SNP_4198	39,90	SSR_0370	39,90	SNP_885	42,71	SNP_1098	68,58	SNP_2017	115,08			SNP_3975	31,43	SNP_2928	39,61	SNP_2958	39,61	SNP_2653	39,61
SNP_4598	39,90	SSR_0484	39,90	SNP_887	42,71	SNP_2293	69,67	SNP_2018	115,08			SNP_3329	31,43	SNP_1196	39,61	SNP_2959	39,61	SNP_2654	39,61

GL3	P	GL3	P	GL3	P	GL3	P	GL3	P	GL3	P	GL3	P	GL3	P	GL4	P	GL4	P
SNP_2865	39,61	SNP_4866	39,61	SNP_5753	39,61	SNP_3311	39,61	SNP_4725	39,61	SNP_3195	47,51	SNP_3285	69,43	SNP_393	87,43	SNP_2895	0,00	SNP_6457	46,49
SNP_2866	39,61	SNP_4873	39,61	SNP_5770	39,61	SNP_3312	39,61	SNP_4966	39,61	SNP_2179	47,61	SNP_783	69,43	SSR_1108	88,08	SNP_2894	0,98	SNP_6137	46,59
SNP_2867	39,61	SNP_4874	39,61	SNP_5787	39,61	SNP_3313	39,61	SNP_5040	39,61	SNP_2178	47,72	SNP_787	69,43	SNP_392	89,93	SNP_1936	2,83	SNP_5601	46,70
SNP_2948	39,61	SNP_4875	39,61	SNP_5798	39,61	SNP_3542	39,61	SNP_5226	39,61	SNP_1044	47,83	SNP_784	69,43	SNP_573	91,04	SNP_1938	3,81	SNP_4741	46,81
SNP_2949	39,61	SNP_4894	39,61	SNP_5804	39,61	SNP_3543	39,61	SNP_5245	39,61	SSR_0745	47,94	SNP_785	69,98	SNP_570	91,59	SNP_1935	4,36	SNP_4628	46,92
SNP_2950	39,61	SNP_4898	39,61	SNP_5826	39,61	SNP_3544	39,61	SNP_5318	39,61	SNP_1043	48,52	SNP_3359	69,98	SNP_571	91,59	SNP_1937	5,45	SNP_4329	47,03
SNP_3088	39,61	SNP_4899	39,61	SNP_5828	39,61	SNP_3545	39,61	SNP_5402	39,61	SNP_4895	48,52	SSR_0432	70,09	SNP_572	91,59	SSR_0907	7,54	SNP_4150	47,14
SNP_3089	39,61	SNP_4960	39,61	SNP_5829	39,61	SNP_4061	39,61	SNP_5597	39,61	SNP_5591	48,52	SNP_786	70,20	SNP_569	92,14	SNP_762	7,65	SNP_4149	47,25
SNP_3321	39,61	SNP_4965	39,61	SNP_5843	39,61	SNP_4083	39,61	SNP_5793	39,61	SNP_5592	48,52	SNP_2635	70,31	SNP_2067	92,25	SNP_763	7,76	SNP_4148	47,36
SNP_3322	39,61	SNP_5002	39,61	SNP_5851	39,61	SNP_4313	39,61	SNP_5799	39,61	SNP_6239	48,52	SNP_867	71,19	SNP_568	92,25	SNP_764	7,87	SNP_3831	47,46
SNP_3505	39,61	SNP_5003	39,61	SNP_5865	39,61	SNP_4606	39,61	SNP_5825	39,61	SNP_6240	48,52	SNP_2660	71,19	SNP_2065	92,25	SNP_765	7,97	SNP_3830	47,57
SNP_3506	39,61	SNP_5004	39,61	SNP_5940	39,61	SNP_4647	39,61	SNP_5846	39,61	SNP_4754	48,52	SNP_1512	71,19	SSR_0004	92,25	SNP_766	8,08	SNP_1972	47,68
SNP_3507	39,61	SNP_5018	39,61	SNP_5961	39,61	SNP_4648	39,61	SNP_5866	39,61	SNP_1591	48,52	SSR_0151	71,19	SNP_2066	92,36	SNP_767	8,19	SNP_1971	47,79
SNP_3650	39,61	SNP_5031	39,61	SNP_5962	39,61	SNP_4936	39,61	SNP_5914	39,61	SNP_1592	48,52	SSR_0264	71,19	SNP_1114	92,36	SNP_768	8,30	SNP_1691	47,90
SNP_3651	39,61	SNP_5039	39,61	SNP_5964	39,61	SNP_4994	39,61	SNP_5958	39,61	SNP_3926	48,52	SNP_2631	72,90	SNP_1115	92,36	SNP_769	8,41	SNP_1690	48,01
SNP_3652	39,61	SNP_5063	39,61	SNP_5970	39,61	SNP_5154	39,61	SNP_6174	39,61	SSR_0049	48,52	SNP_2632	72,90	SNP_1116	92,36	SNP_770	8,52	SNP_1689	48,12
SNP_3717	39,61	SNP_5116	39,61	SNP_5976	39,61	SNP_5253	39,61	SNP_6180	39,61	SSR_0368	48,52	SNP_2633	72,90	SNP_1113	92,46	SNP_771	8,63	SNP_1688	48,23
SNP_3718	39,61	SNP_5117	39,61	SNP_5987	39,61	SNP_5647	39,61	SNP_6274	39,61	SNP_1120	49,10	SNP_3139	74,58	SSR_0599	92,46	SNP_772	8,73	SNP_1687	48,33
SNP_3809	39,61	SNP_5172	39,61	SNP_6013	39,61	SNP_5767	39,61	SNP_3041	40,20	SNP_1384	50,76	SNP_3140	75,17	SSR_0754	92,46	SNP_773	8,84	SNP_1628	48,44
SNP_3810	39,61	SNP_5186	39,61	SNP_6059	39,61	SNP_1282	39,61	SNP_2452	40,31	SNP_1385	50,76	SNP_3141	75,17	SNP_1041	93,58	SNP_774	8,95	SNP_1627	48,55
SNP_3929	39,61	SNP_5202	39,61	SNP_6066	39,61	SNP_1283	39,61	SNP_2451	40,42	SNP_1231	50,76	SSR_0571	75,17	SNP_1471	95,26	SNP_775	9,06	SNP_1626	48,66
SNP_3930	39,61	SNP_5203	39,61	SNP_6072	39,61	SNP_1835	39,61	SNP_1723	40,52	SNP_1232	50,76	SNP_390	76,37	SNP_6463	95,26	SNP_2557	9,17	SNP_1625	48,77
SNP_3931	39,61	SNP_5204	39,61	SNP_6097	39,61	SNP_1906	39,61	SNP_3921	41,07	SNP_1234	50,76	SNP_388	76,93	SSR_1052	95,26	SNP_2558	9,28	SNP_1624	48,88
SNP_4095	39,61	SNP_5227	39,61	SNP_6098	39,61	SNP_1907	39,61	SNP_1725	41,62	SNP_2944	50,76	SNP_389	76,93	SNP_181	96,38	SNP_2559	9,39	SNP_1199	48,99
SNP_4096	39,61	SNP_5264	39,61	SNP_6151	39,61	SNP_1908	39,61	SNP_3920	42,16	SNP_1686	53,75	SNP_387	78,04	SNP_182	96,38	SNP_3098	9,50	SNP_1118	49,09
SNP_4140	39,61	SNP_5309	39,61	SNP_6161	39,61	SNP_2778	39,61	SNP_3867	42,27	SNP_6340	54,30	SNP_6495	78,04	SNP_183	96,38	SNP_4517	9,60	SNP_1780	50,41
SNP_4141	39,61	SNP_5374	39,61	SNP_6162	39,61	SNP_3236	39,61	SNP_3866	42,38	SNP_3779	54,84	SNP_386	78,04	SNP_184	96,38	SNP_4518	9,71	SNP_5769	50,51
SNP_4151	39,61	SNP_5375	39,61	SNP_6181	39,61	SNP_3566	39,61	SNP_3865	42,49	SNP_2934	55,38	SNP_383	78,59	SSR_0839	96,38	SNP_5622	9,82	SSR_0110	51,06
SNP_4196	39,61	SNP_5383	39,61	SNP_6215	39,61	SNP_4547	39,61	SNP_2447	42,60	SNP_1703	55,93	SNP_384	78,59	SNP_177	96,95	SNP_6347	9,93	SNP_1672	52,16
SNP_4267	39,61	SNP_5384	39,61	SNP_6263	39,61	SNP_4618	39,61	SNP_2446	42,70	SNP_1702	56,47	SNP_391	78,59	SNP_178	96,95	SNP_1361	10,48	SNP_1225	52,27
SNP_4268	39,61	SNP_5412	39,61	SNP_6272	39,61	SNP_4950	39,61	SNP_1724	42,81	SNP_1701	57,01	SNP_385	78,59	SNP_179	96,95	SNP_1360	10,59	SSR_0572	52,27
SNP_4379	39,61	SNP_5418	39,61	SNP_6273	39,61	SNP_5323	39,61	SNP_1182	43,57	SSR_0009	57,34	SNP_1742	79,14	SNP_180	96,95	SSR_0046	10,70	SNP_1673	52,37
SNP_4388	39,61	SNP_5419	39,61	SNP_6298	39,61	SNP_6042	39,61	SNP_2540	44,34	SNP_1685	58,43	SNP_1743	79,14	SSR_0332	97,51	SSR_0169	10,70	SNP_1674	52,48
SNP_4444	39,61	SNP_5433	39,61	SNP_6299	39,61	SNP_6444	39,61	SNP_3599	44,88	SNP_2469	59,86	SNP_566	79,69	SSR_0190	100,00	SNP_1362	11,46	SNP_1675	52,59
SNP_4578	39,61	SNP_5434	39,61	SNP_6362	39,61	SSR_0163	39,61	SNP_3032	44,99	SNP_6441	62,46	SSR_0624	80,26	SSR_0586	100,00	SNP_1365	12,01	SNP_2797	52,70
SNP_4592	39,61	SNP_5447	39,61	SNP_6406	39,61	SSR_0344	39,61	SNP_5499	45,54	SNP_4024	62,78	SNP_565	80,83	SNP_430	113,38	SNP_1364	12,12	SNP_3367	52,81
SNP_4593	39,61	SNP_5461	39,61	SNP_2003	39,61	SSR_0561	39,61	SSR_0963	45,65	SNP_2657	63,11	SNP_299	81,94	SNP_429	115,08	SNP_1363	12,23	SNP_2947	53,14
SNP_4594	39,61	SNP_5497	39,61	SNP_1781	39,61	SSR_0827	39,61	SNP_4142	45,76	SNP_1808	63,44	SNP_300	81,94	SNP_428	116,19	SNP_3125	12,77	SNP_1224	53,80
SNP_4610	39,61	SNP_5512	39,61	SNP_1782	39,61	SNP_1192	39,61	SNP_3756	45,87	SNP_1276	63,76	SNP_567	81,94	SNP_427	116,19	SNP_3124	12,88	SNP_1226	53,80
SNP_4635	39,61	SNP_5571	39,61	SNP_1888	39,61	SNP_2004	39,61	SNP_3541	45,98	SNP_900	64,09	SNP_301	83,06	SNP_426	117,31	SNP_3123	12,99	SNP_3411	53,80
SNP_4645	39,61	SNP_5572	39,61	SNP_1890	39,61	SNP_2199	39,61	SNP_3540	46,09	SSR_1124	64,42	SSR_0253	83,06	SNP_431	117,31	SNP_463	15,85	SNP_471	53,80
SNP_4646	39,61	SNP_5598	39,61	SNP_2583	39,61	SNP_2203	39,61	SNP_4143	46,09	SNP_1014	64,74	SNP_6318	83,17			SNP_462	17,16	SNP_3177	53,80
SNP_4662	39,61	SNP_5599	39,61	SNP_2634	39,61	SNP_2332	39,61	SNP_6283	46,64	SNP_659	65,31	SNP_297	83,17			SSR_0132	26,89	SNP_5955	53,80
SNP_4707	39,61	SNP_5630	39,61	SNP_2646	39,61	SNP_2582	39,61	SNP_6282	46,74	SSR_0113	65,31	SNP_298	83,17			SSR_0407	28,20	SNP_5469	53,80
SNP_4708	39,61	SNP_5636	39,61	SNP_2647	39,61	SNP_2637	39,61	SNP_6223	46,85	SSR_0182	65,31	SNP_6319	83,17			SNP_4629	32,53	SNP_470	53,80
SNP_4709	39,61	SNP_5645	39,61	SNP_2648	39,61	SNP_2645	39,61	SNP_6222	46,96	SSR_0965	65,31	SNP_3388	85,44			SNP_725	33,07	SNP_3412	53,80
SNP_4715	39,61	SNP_5663	39,61	SNP_2650	39,61	SNP_2649	39,61	SNP_5997	47,07	SNP_658	66,55	SNP_3389	85,44			SNP_724	33,62	SNP_468	53,91
SNP_4716	39,61	SNP_5722	39,61	SNP_3039	39,61	SNP_4364	39,61	SNP_5996	47,18	SSR_0536	66,55	SSR_0044	85,99			SNP_3252	44,86	SNP_469	53,91
SNP_4800	39,61	SNP_5724	39,61	SNP_3040	39,61	SNP_4380	39,61	SNP_3197	47,29	SNP_660	68,32	SSR_0134	85,99			SNP_1117	46,38	SNP_677	53,91
SNP_4825	39,61	SNP_5725	39,61	SNP_3251	39,61	SNP_4591	39,61	SNP_3196	47,40	SNP_3284	69,43	SSR_0427	85,99			SNP_6486	46,38	SNP_676	53,91

GL4	P	GL4	P	GL4	P	GL4	P	GL4	P	GL4	P	GL4	P	GL4	P	GL4	P	GL4	P
SNP_675	53,91	SNP_1585	57,79	SNP_4019	57,79	SNP_5738	57,79	SNP_1063	57,79	SNP_3212	57,79	SNP_4044	57,79	SNP_4609	57,79	SNP_5278	57,79	SNP_6045	57,79
SNP_837	54,46	SNP_1586	57,79	SNP_4020	57,79	SNP_5759	57,79	SNP_1064	57,79	SNP_3213	57,79	SNP_4045	57,79	SNP_4615	57,79	SNP_5279	57,79	SNP_6047	57,79
SNP_838	54,46	SNP_1587	57,79	SNP_4027	57,79	SNP_5833	57,79	SNP_1065	57,79	SNP_3225	57,79	SNP_4055	57,79	SNP_4616	57,79	SNP_5301	57,79	SNP_6065	57,79
SNP_1575	54,46	SNP_2180	57,79	SNP_4107	57,79	SNP_5834	57,79	SNP_1066	57,79	SNP_3338	57,79	SNP_4056	57,79	SNP_4631	57,79	SNP_5305	57,79	SNP_6112	57,79
SNP_2527	54,46	SNP_2417	57,79	SNP_4108	57,79	SNP_5858	57,79	SNP_1067	57,79	SNP_3344	57,79	SNP_4088	57,79	SNP_4638	57,79	SNP_5306	57,79	SNP_6140	57,79
SNP_2528	54,46	SNP_2418	57,79	SNP_4178	57,79	SNP_5859	57,79	SNP_1068	57,79	SNP_3345	57,79	SNP_4097	57,79	SNP_4657	57,79	SNP_5313	57,79	SNP_6143	57,79
SNP_2529	54,46	SNP_2564	57,79	SNP_4179	57,79	SNP_5860	57,79	SNP_1406	57,79	SNP_3346	57,79	SNP_4104	57,79	SNP_4658	57,79	SNP_5357	57,79	SNP_6148	57,79
SNP_2530	54,46	SNP_2566	57,79	SNP_4180	57,79	SNP_5888	57,79	SNP_1486	57,79	SNP_3365	57,79	SNP_4105	57,79	SNP_4659	57,79	SNP_5358	57,79	SNP_6163	57,79
SNP_3299	54,46	SNP_2567	57,79	SNP_4327	57,79	SNP_5896	57,79	SNP_1593	57,79	SNP_3366	57,79	SNP_4106	57,79	SNP_4695	57,79	SNP_5359	57,79	SNP_6277	57,79
SNP_3300	54,46	SNP_2568	57,79	SNP_4386	57,79	SNP_5989	57,79	SNP_1809	57,79	SNP_3372	57,79	SNP_4161	57,79	SNP_4696	57,79	SNP_5388	57,79	SNP_6286	57,79
SNP_5107	54,46	SNP_2638	57,79	SNP_4387	57,79	SNP_6053	57,79	SNP_1811	57,79	SNP_3417	57,79	SNP_4162	57,79	SNP_4701	57,79	SNP_5403	57,79	SNP_6288	57,79
SNP_5109	54,46	SNP_2639	57,79	SNP_4399	57,79	SNP_6094	57,79	SNP_1870	57,79	SNP_3418	57,79	SNP_4163	57,79	SNP_4717	57,79	SNP_5417	57,79	SNP_6296	57,79
SNP_6224	54,46	SNP_2640	57,79	SNP_4400	57,79	SNP_6099	57,79	SNP_1871	57,79	SNP_3419	57,79	SNP_4169	57,79	SNP_4784	57,79	SNP_5462	57,79	SNP_6404	57,79
SNP_6504	54,46	SNP_2641	57,79	SNP_4401	57,79	SNP_6100	57,79	SNP_1872	57,79	SNP_3421	57,79	SNP_4233	57,79	SNP_4785	57,79	SNP_5489	57,79	SNP_6414	57,79
SNP_4032	54,89	SNP_2692	57,79	SNP_4406	57,79	SNP_6170	57,79	SNP_2058	57,79	SNP_3422	57,79	SNP_4240	57,79	SNP_4814	57,79	SNP_5490	57,79	SNP_6415	57,79
SNP_1574	55,33	SNP_2693	57,79	SNP_4474	57,79	SNP_6176	57,79	SNP_2059	57,79	SNP_3491	57,79	SNP_4241	57,79	SNP_4826	57,79	SNP_5493	57,79	SNP_6481	57,79
SNP_5108	55,33	SNP_2696	57,79	SNP_4489	57,79	SNP_6266	57,79	SNP_2060	57,79	SNP_3492	57,79	SNP_4242	57,79	SNP_4829	57,79	SNP_5494	57,79	SNP_3014	57,79
SNP_780	55,33	SNP_3037	57,79	SNP_4490	57,79	SNP_6267	57,79	SNP_2064	57,79	SNP_3493	57,79	SNP_4262	57,79	SNP_4840	57,79	SNP_5495	57,79	SNP_5575	57,79
SSR_0900	55,98	SNP_3038	57,79	SNP_4491	57,79	SNP_6391	57,79	SNP_2177	57,79	SNP_3497	57,79	SNP_4263	57,79	SNP_4841	57,79	SNP_5526	57,79	SNP_5768	57,79
SNP_2599	57,08	SNP_3142	57,79	SNP_4649	57,79	SNP_6468	57,79	SNP_2242	57,79	SNP_3498	57,79	SNP_4269	57,79	SNP_4842	57,79	SNP_5533	57,79	SNP_3079	57,79
SNP_1241	57,08	SNP_3150	57,79	SNP_4697	57,79	SNP_1462	57,79	SNP_2246	57,79	SNP_3499	57,79	SNP_4270	57,79	SNP_4891	57,79	SNP_5573	57,79	SNP_2146	57,79
SNP_2597	57,08	SNP_3151	57,79	SNP_4698	57,79	SNP_1061	57,79	SNP_2265	57,79	SNP_3532	57,79	SNP_4271	57,79	SNP_4892	57,79	SNP_5574	57,79	SNP_2147	57,79
SNP_3002	57,08	SNP_3152	57,79	SNP_4699	57,79	SNP_1479	57,79	SNP_2266	57,79	SNP_3618	57,79	SNP_4272	57,79	SNP_4906	57,79	SNP_5580	57,79	SNP_2252	57,79
SNP_1240	57,19	SNP_3175	57,79	SNP_4758	57,79	SNP_4374	57,79	SNP_2267	57,79	SNP_3706	57,79	SNP_4367	57,79	SNP_4990	57,79	SNP_5581	57,79	SNP_2820	57,79
SNP_1670	57,19	SNP_3176	57,79	SNP_4759	57,79	SNP_3890	57,79	SNP_2268	57,79	SNP_3707	57,79	SNP_4368	57,79	SNP_4991	57,79	SNP_5662	57,79	SNP_2922	57,79
SNP_1671	57,19	SNP_3185	57,79	SNP_4760	57,79	SNP_3891	57,79	SNP_2269	57,79	SNP_3731	57,79	SNP_4372	57,79	SNP_4992	57,79	SNP_5688	57,79	SNP_3343	57,79
SNP_2145	57,19	SNP_3249	57,79	SNP_4779	57,79	SNP_6177	57,79	SNP_2618	57,79	SNP_3748	57,79	SNP_4373	57,79	SNP_4993	57,79	SNP_5718	57,79	SNP_4322	57,79
SNP_2908	57,19	SNP_3250	57,79	SNP_4780	57,79	SNP_6093	57,79	SNP_2619	57,79	SNP_3749	57,79	SNP_4389	57,79	SNP_4997	57,79	SNP_5766	57,79	SNP_4323	57,79
SNP_2909	57,19	SNP_3408	57,79	SNP_4852	57,79	SNP_5342	57,79	SNP_2826	57,79	SNP_3750	57,79	SNP_4390	57,79	SNP_4998	57,79	SNP_5777	57,79	SNP_4324	57,79
SNP_5467	57,19	SNP_3409	57,79	SNP_4853	57,79	SNP_3961	57,79	SNP_2827	57,79	SNP_3752	57,79	SNP_4391	57,79	SNP_4999	57,79	SNP_5778	57,79	SNP_4676	57,79
SNP_5613	57,19	SNP_3410	57,79	SNP_4854	57,79	SNP_2181	57,79	SNP_2828	57,79	SNP_3753	57,79	SNP_4450	57,79	SNP_5016	57,79	SNP_5779	57,79	SNP_5215	57,79
SNP_5809	57,19	SNP_3584	57,79	SNP_4919	57,79	SNP_3769	57,79	SNP_2829	57,79	SNP_3904	57,79	SNP_4451	57,79	SNP_5024	57,79	SNP_5813	57,79	SNP_6270	57,79
SNP_6165	57,19	SNP_3585	57,79	SNP_4920	57,79	SNP_3425	57,79	SNP_2879	57,79	SNP_3907	57,79	SNP_4460	57,79	SNP_5042	57,79	SNP_5857	57,79	SNP_6285	57,79
SNP_6236	57,19	SNP_3586	57,79	SNP_4926	57,79	SNP_1487	57,79	SNP_2880	57,79	SNP_3908	57,79	SNP_4469	57,79	SNP_5066	57,79	SNP_5867	57,79	SNP_2801	57,79
SNP_6324	57,19	SNP_3587	57,79	SNP_4929	57,79	SNP_4014	57,79	SNP_2881	57,79	SNP_3909	57,79	SNP_4470	57,79	SNP_5082	57,79	SNP_5882	57,79	SNP_2802	57,79
SNP_2598	57,19	SNP_3702	57,79	SNP_4935	57,79	SNP_3644	57,79	SNP_2893	57,79	SNP_3910	57,79	SNP_4471	57,79	SNP_5100	57,79	SNP_5895	57,79	SNP_3254	57,79
SNP_3592	57,79	SNP_3703	57,79	SNP_5007	57,79	SNP_6241	57,79	SNP_2917	57,79	SNP_3911	57,79	SNP_4488	57,79	SNP_5101	57,79	SNP_5903	57,79	SNP_3889	57,79
SNP_6124	57,79	SNP_3736	57,79	SNP_5098	57,79	SNP_5099	57,79	SNP_2918	57,79	SNP_3935	57,79	SNP_4528	57,79	SNP_5126	57,79	SNP_5905	57,79	SNP_4154	57,79
SNP_4473	57,79	SNP_3745	57,79	SNP_5112	57,79	SNP_3012	57,79	SNP_2919	57,79	SNP_3962	57,79	SNP_4529	57,79	SNP_5152	57,79	SNP_5906	57,79	SNP_4155	57,79
SNP_3588	57,79	SNP_3746	57,79	SNP_5187	57,79	SNP_4459	57,79	SNP_2994	57,79	SNP_3963	57,79	SNP_4530	57,79	SNP_5153	57,79	SNP_5915	57,79	SNP_5929	57,79
SNP_4860	57,79	SNP_3927	57,79	SNP_5188	57,79	SNP_4846	57,79	SNP_3013	57,79	SNP_3972	57,79	SNP_4561	57,79	SNP_5159	57,79	SNP_5920	57,79	SNP_6290	57,79
SNP_5068	57,79	SNP_3928	57,79	SNP_5302	57,79	SNP_2892	57,79	SNP_3075	57,79	SNP_3973	57,79	SNP_4562	57,79	SNP_5160	57,79	SNP_5922	57,79	SNP_1290	57,79
SNP_3701	57,79	SNP_3932	57,79	SNP_5372	57,79	SNP_3642	57,79	SNP_3076	57,79	SNP_3984	57,79	SNP_4582	57,79	SNP_5205	57,79	SNP_5941	57,79	SNP_3436	57,79
SNP_1458	57,79	SNP_3936	57,79	SNP_5523	57,79	SNP_5387	57,79	SNP_3077	57,79	SNP_3985	57,79	SNP_4586	57,79	SNP_5206	57,79	SNP_5942	57,79	SNP_3437	57,79
SNP_1459	57,79	SNP_3937	57,79	SNP_5528	57,79	SNP_5661	57,79	SNP_3078	57,79	SNP_3992	57,79	SNP_4588	57,79	SNP_5212	57,79	SNP_5990	57,79	SNP_3438	57,79
SNP_1460	57,79	SNP_3938	57,79	SNP_5565	57,79	SNP_5717	57,79	SNP_3087	57,79	SNP_3993	57,79	SNP_4589	57,79	SNP_5213	57,79	SNP_5995	57,79	SNP_4060	57,79
SNP_1461	57,79	SNP_4015	57,79	SNP_5570	57,79	SNP_5904	57,79	SNP_3108	57,79	SNP_4012	57,79	SNP_4596	57,79	SNP_5235	57,79	SNP_6028	57,79	SNP_1274	57,79
SNP_1463	57,79	SNP_4016	57,79	SNP_5579	57,79	SNP_5671	57,79	SNP_3109	57,79	SNP_4013	57,79	SNP_4597	57,79	SNP_5240	57,79	SNP_6030	57,79	SNP_1275	57,79
SNP_1583	57,79	SNP_4017	57,79	SNP_5609	57,79	SNP_667	57,79	SNP_3110	57,79	SNP_4030	57,79	SNP_4607	57,79	SNP_5241	57,79	SNP_6031	57,79	SNP_2475	57,79
SNP_1584	57,79	SNP_4018	57,79	SNP_5610	57,79	SNP_1062	57,79	SNP_3211	57,79	SNP_4031	57,79	SNP_4608	57,79	SNP_5247	57,79	SNP_6041	57,79	SNP_2476	57,79

GL4	P	GL4	P	GL4	P	GL5	P	GL5	P	GL5	P	GL5	P	GL5	P	GL5	P	GL5	P
SNP_3463	57,79	SNP_4809	57,79	SNP_441	76,51	SNP_5442	0,00	SNP_5144	39,92	SNP_2082	45,05	SNP_1967	45,61	SNP_2440	48,88	SNP_4144	48,88	SNP_5208	48,88
SNP_1273	57,79	SNP_4827	57,79	SNP_440	78,37	SNP_2541	0,33	SNP_5145	39,92	SNP_2083	45,05	SNP_1968	45,61	SNP_2584	48,88	SNP_4159	48,88	SNP_5209	48,88
SNP_2211	57,79	SNP_4843	57,79	SNP_436	81,14	SNP_5441	0,65	SNP_6308	39,92	SNP_1845	45,05	SNP_1969	45,61	SNP_2768	48,88	SNP_4160	48,88	SNP_5280	48,88
SNP_3704	57,79	SNP_4844	57,79	SSR_0226	82,12	SNP_2543	1,75	SNP_2233	39,92	SNP_1846	45,05	SNP_1970	45,61	SNP_2769	48,88	SNP_4170	48,88	SNP_5281	48,88
SNP_1039	57,79	SNP_4845	57,79	SNP_437	84,54	SNP_2542	4,13	SNP_2231	39,92	SNP_2084	45,05	SNP_2980	45,61	SNP_2786	48,88	SNP_4202	48,88	SNP_5282	48,88
SNP_1036	57,79	SNP_4847	57,79	SNP_439	85,52	SNP_1368	4,46	SNP_2232	40,48	SNP_2085	45,05	SNP_2981	45,61	SNP_2787	48,88	SNP_4203	48,88	SNP_5328	48,88
SNP_1037	57,79	SNP_4893	57,79	SNP_438	86,06	SNP_1372	5,11	SNP_3600	40,81	SNP_3795	45,05	SNP_2982	45,61	SNP_2791	48,88	SNP_4243	48,88	SNP_5331	48,88
SNP_1038	57,79	SNP_4925	57,79	SSR_0040	87,38	SNP_1373	5,11	SNP_2971	40,92	SNP_3796	45,05	SNP_3358	45,61	SNP_2809	48,88	SNP_4278	48,88	SNP_5332	48,88
SNP_1035	57,79	SNP_4947	57,79	SNP_2311	87,70	SNP_1366	5,67	SNP_2970	41,02	SNP_4818	45,05	SNP_5061	45,61	SNP_2810	48,88	SNP_4279	48,88	SNP_5333	48,88
SNP_1040	57,79	SNP_5013	57,79	SNP_6394	88,03	SNP_1367	5,67	SNP_2969	41,13	SNP_1726	45,05	SSR_0608	45,61	SNP_2811	48,88	SNP_4280	48,88	SNP_5363	48,88
SNP_3266	57,79	SNP_5151	57,79	SNP_1996	88,90	SNP_1369	6,79	SNP_2968	41,24	SNP_3155	45,05	SNP_1608	46,27	SNP_2812	48,88	SNP_4283	48,88	SNP_5373	48,88
SNP_1637	57,79	SNP_5356	57,79	SNP_1997	89,23	SNP_1370	6,79	SNP_2967	41,35	SNP_1727	45,05	SNP_6392	47,80	SNP_2813	48,88	SNP_4284	48,88	SNP_5389	48,88
SNP_2148	57,79	SNP_5485	57,79	SNP_1998	90,33	SNP_1371	6,79	SNP_1522	41,46	SNP_2396	45,05	SNP_876	48,88	SNP_2842	48,88	SNP_4306	48,88	SNP_5400	48,88
SNP_2837	57,79	SNP_5498	57,79	SNP_2450	90,99	SSR_0684	6,79	SNP_1521	41,57	SNP_2397	45,05	SNP_1331	48,88	SNP_2885	48,88	SNP_4307	48,88	SNP_5401	48,88
SNP_2838	57,79	SNP_5509	57,79	SNP_295	95,03	SNP_1242	9,02	SNP_1519	42,72	SNP_2398	45,05	SNP_1332	48,88	SNP_2906	48,88	SNP_4331	48,88	SNP_5410	48,88
SNP_2149	57,79	SNP_5646	57,79	SNP_296	95,03	SNP_6460	9,02	SNP_1520	42,72	SNP_2399	45,05	SNP_1333	48,88	SNP_2977	48,88	SNP_4332	48,88	SNP_5411	48,88
SNP_1636	57,79	SNP_5733	57,79	SNP_294	95,14	SNP_1933	10,46	SNP_1932	42,72	SNP_3156	45,05	SNP_1457	48,88	SNP_2978	48,88	SNP_4351	48,88	SNP_5450	48,88
SNP_1638	57,79	SNP_5810	57,79	SNP_293	96,24	SNP_1934	11,55	SNP_1962	42,72	SNP_4040	45,05	SNP_1602	48,88	SNP_2979	48,88	SNP_4352	48,88	SNP_5511	48,88
SNP_1639	57,79	SNP_5840	57,79	SNP_291	96,80	SNP_3147	14,77	SNP_1964	42,72	SNP_4330	45,05	SNP_1603	48,88	SNP_2991	48,88	SNP_4423	48,88	SNP_5517	48,88
SNP_5097	57,79	SNP_5921	57,79	SNP_292	96,80	SNP_1776	16,96	SNP_1965	42,72	SNP_4564	45,05	SNP_1607	48,88	SNP_2992	48,88	SNP_4468	48,88	SNP_5537	48,88
SNP_176	57,79	SNP_5930	57,79	SNP_290	100,04	SNP_1775	17,73	SNP_1931	42,72	SNP_4565	45,05	SNP_1609	48,88	SNP_2995	48,88	SNP_4577	48,88	SNP_5538	48,88
SNP_175	57,79	SNP_6029	57,79	SNP_2923	100,59	SNP_2730	18,70	SNP_1518	42,72	SNP_5133	45,05	SNP_1668	48,88	SNP_2996	48,88	SNP_4665	48,88	SNP_5539	48,88
SSR_0144	57,79	SNP_6149	57,79	SNP_1057	101,25	SNP_447	19,68	SNP_1259	43,29	SNP_2168	45,05	SNP_1669	48,88	SNP_3046	48,88	SNP_4673	48,88	SNP_5648	48,88
SSR_0290	57,79	SNP_6178	57,79	SNP_1058	101,25	SNP_2729	20,66	SNP_1260	43,29	SNP_2169	45,05	SNP_1794	48,88	SNP_3096	48,88	SNP_4674	48,88	SNP_5721	48,88
SSR_0462	57,79	SNP_174	58,38	SNP_1055	101,80	SNP_446	23,87	SNP_1261	43,29	SNP_2170	45,05	SNP_1795	48,88	SNP_3097	48,88	SNP_4677	48,88	SNP_5747	48,88
SSR_0527	57,79	SNP_173	59,27	SNP_1056	101,80	SSR_0167	26,69	SNP_1262	43,29	SNP_5415	45,05	SNP_1797	48,88	SNP_3111	48,88	SNP_4688	48,88	SNP_5772	48,88
SSR_0580	57,79	SSR_0510	59,27	SNP_1053	101,80	SNP_3214	31,10	SNP_1407	43,29	SNP_2008	45,05	SNP_1798	48,88	SNP_3165	48,88	SNP_4689	48,88	SNP_5836	48,88
SSR_0591	57,79	SNP_172	59,82	SNP_1052	101,80	SNP_1633	31,66	SNP_1408	43,29	SNP_2009	45,05	SNP_1799	48,88	SNP_3166	48,88	SNP_4710	48,88	SNP_5837	48,88
SSR_0672	57,79	SNP_5737	60,93	SSR_0441	101,80	SNP_1634	31,66	SNP_1963	43,29	SNP_4008	45,05	SNP_1863	48,88	SNP_3167	48,88	SNP_4711	48,88	SNP_5844	48,88
SSR_0743	57,79	SSR_0058	60,93	SNP_1059	102,36	SNP_1635	31,66	SNP_4036	43,29	SNP_4057	45,05	SNP_1865	48,88	SNP_3168	48,88	SNP_4749	48,88	SNP_5845	48,88
SSR_0749	57,79	SSR_0333	60,93	SNP_1054	102,91	SSR_0158	32,20	SSR_0154	43,29	SNP_4058	45,05	SNP_1866	48,88	SNP_3169	48,88	SNP_4773	48,88	SNP_5850	48,88
SSR_1142	57,79	SNP_5239	60,93	SNP_1060	102,91	SNP_1704	34,21	SSR_0647	43,29	SNP_4059	45,05	SNP_1880	48,88	SNP_3277	48,88	SNP_4774	48,88	SNP_6064	48,88
SNP_2694	57,79	SNP_6332	61,48	SNP_4720	103,46	SNP_3178	34,21	SNP_1105	43,83	SNP_4382	45,05	SNP_2090	48,88	SNP_3286	48,88	SNP_4820	48,88	SNP_6067	48,88
SNP_2695	57,79	SNP_1897	61,80	SNP_4721	103,46	SNP_3179	34,21	SNP_1106	44,39	SNP_4433	45,05	SNP_2091	48,88	SNP_3287	48,88	SNP_4863	48,88	SNP_6086	48,88
SNP_2836	57,79	SNP_6333	62,13	SNP_4722	104,01	SNP_3180	34,21	SNP_1019	44,39	SNP_4434	45,05	SNP_2092	48,88	SNP_3292	48,88	SNP_4869	48,88	SNP_6115	48,88
SNP_2920	57,79	SNP_6364	62,68	SNP_2706	104,56	SNP_2688	34,76	SNP_1020	44,39	SNP_5056	45,05	SNP_2093	48,88	SNP_3395	48,88	SNP_4870	48,88	SNP_6186	48,88
SNP_3107	57,79	SNP_2330	65,13	SNP_2707	105,67	SNP_2160	34,76	SNP_1021	44,39	SNP_5057	45,05	SNP_2094	48,88	SNP_3406	48,88	SNP_4932	48,88	SNP_6187	48,88
SNP_3184	57,79	SNP_5075	65,23	SNP_2708	105,67	SNP_2162	35,64	SNP_1022	44,39	SNP_5058	45,05	SNP_2261	48,88	SNP_3512	48,88	SNP_4955	48,88	SNP_6192	48,88
SNP_3407	57,79	SNP_5076	65,34	SNP_2956	106,22	SNP_2161	35,96	SNP_1023	44,50	SNP_5084	45,05	SNP_2262	48,88	SNP_3513	48,88	SNP_4956	48,88	SNP_6196	48,88
SNP_3428	57,79	SNP_5077	65,45	SNP_2116	106,33	SNP_1448	37,08	SNP_1024	44,50	SNP_5229	45,05	SNP_2304	48,88	SNP_3514	48,88	SNP_4983	48,88	SNP_6201	48,88
SNP_3619	57,79	SNP_2331	66,00			SNP_2904	38,23	SNP_1025	44,50	SNP_5884	45,05	SNP_2363	48,88	SNP_3516	48,88	SNP_5025	48,88	SNP_6232	48,88
SNP_3643	57,79	SNP_2329	66,87			SSR_0653	38,23	SNP_1026	44,50	SNP_5945	45,05	SNP_2364	48,88	SNP_3517	48,88	SNP_5026	48,88	SNP_6248	48,88
SNP_4168	57,79	SNP_1563	67,75			SNP_1524	39,38	SNP_1027	45,05	SNP_6001	45,05	SNP_2365	48,88	SNP_3797	48,88	SNP_5027	48,88	SNP_6268	48,88
SNP_4181	57,79	SNP_1561	68,62			SNP_1525	39,38	SNP_1028	45,05	SNP_6371	45,05	SNP_2367	48,88	SNP_3798	48,88	SNP_5037	48,88	SNP_6300	48,88
SNP_4288	57,79	SNP_1562	68,95			SNP_1526	39,38	SNP_1029	45,05	SNP_4733	45,05	SNP_2368	48,88	SNP_3800	48,88	SNP_5038	48,88	SNP_6305	48,88
SNP_4289	57,79	SNP_2386	70,39			SNP_1527	39,38	SNP_1030	45,05	SSR_0585	45,05	SNP_2369	48,88	SNP_3821	48,88	SNP_5132	48,88	SNP_6306	48,88
SNP_4290	57,79	SNP_2385	70,71			SNP_1528	39,38	SNP_1031	45,05	SNP_5228	45,05	SNP_2370	48,88	SNP_3825	48,88	SNP_5137	48,88	SNP_6399	48,88
SNP_4574	57,79	SNP_444	73,13			SNP_1529	39,38	SNP_1032	45,05	SNP_6002	45,05	SNP_2371	48,88	SNP_3826	48,88	SNP_5142	48,88	SNP_6400	48,88
SNP_4650	57,79	SNP_443	74,44			SNP_2234	39,92	SNP_1033	45,05	SNP_877	45,61	SNP_2411	48,88	SNP_3827	48,88	SNP_5180	48,88	SNP_6503	48,88
SNP_4702	57,79	SNP_442	75,20			SNP_5143	39,92	SNP_1034	45,05	SNP_1645	45,61	SNP_2412	48,88	SNP_3895	48,88	SNP_5190	48,88	SNP_2585	48,88

GL5	P	GL5	P	GL5	P	GL5	P	GL5	P	GL5	P	GL5	P	GL5	P	GL6	P	GL6	P
SNP_2362	48,88	SNP_3062	48,88	SNP_5335	48,88	SSR_0252	48,88	SNP_6395	49,66	SNP_1902	50,87	SNP_98	69,50	SNP_82	85,77	SNP_4775	0,00	SNP_5360	0,56
SNP_3059	48,88	SNP_3317	48,88	SNP_5416	48,88	SSR_0382	48,88	SNP_3503	49,66	SNP_3334	50,87	SNP_97	69,61	SNP_81	85,88	SNP_1380	0,56	SNP_5476	0,56
SNP_4477	48,88	SNP_3318	48,88	SNP_5429	48,88	SSR_0412	48,88	SNP_5628	49,66	SNP_3333	50,87	SNP_99	70,16	SNP_80	85,99	SNP_1382	0,56	SNP_6107	0,56
SNP_4486	48,88	SNP_3363	48,88	SNP_5546	48,88	SSR_0508	48,88	SNP_5629	49,66	SSR_0108	50,87	SNP_100	70,70	SNP_79	86,10	SNP_1383	0,56	SNP_6216	0,56
SNP_5011	48,88	SNP_3654	48,88	SNP_5640	48,88	SSR_0606	48,88	SNP_5965	49,66	SNP_1269	52,60	SNP_101	71,03	SNP_707	92,53	SNP_1765	0,56	SNP_6343	0,56
SNP_4980	48,88	SNP_3655	48,88	SNP_5642	48,88	SSR_0614	48,88	SNP_6179	49,66	SSR_0659	52,60	SNP_105	71,91			SNP_1999	0,56	SNP_6380	0,56
SNP_5435	48,88	SNP_3656	48,88	SNP_5653	48,88	SSR_0673	48,88	SNP_6396	49,66	SSR_0806	52,60	SNP_109	72,23			SNP_2000	0,56	SNP_2659	0,56
SNP_3896	48,88	SNP_3657	48,88	SNP_5672	48,88	SSR_0682	48,88	SNP_2574	50,21	SNP_1696	53,36	SNP_108	72,56			SNP_2001	0,56	SNP_3664	0,56
SNP_4690	48,88	SNP_3818	48,88	SNP_5673	48,88	SNP_2260	48,88	SNP_2575	50,21	SNP_1697	53,36	SNP_107	72,88			SNP_2087	0,56	SNP_4188	0,56
SNP_2905	48,88	SNP_3900	48,88	SNP_5709	48,88	SNP_2366	48,88	SNP_2576	50,21	SNP_1693	53,36	SNP_106	73,21			SNP_2088	0,56	SNP_1557	0,56
SNP_4495	48,88	SNP_3901	48,88	SNP_5742	48,88	SNP_2762	48,88	SNP_5324	50,31	SNP_1694	53,36	SNP_104	73,54			SNP_2089	0,56	SSR_0434	0,56
SNP_1881	48,88	SNP_4062	48,88	SNP_5863	48,88	SNP_2771	48,88	SNP_5325	50,31	SNP_1340	53,91	SNP_102	73,86			SNP_2275	0,56	SNP_1381	0,56
SNP_3061	48,88	SNP_4402	48,88	SNP_5869	48,88	SNP_3291	48,88	SNP_2348	50,87	SSR_1151	53,91	SNP_103	74,19			SNP_2276	0,56	SNP_3886	0,56
SNP_4421	48,88	SNP_4420	48,88	SNP_5870	48,88	SNP_3396	48,88	SNP_2349	50,87	SNP_3990	54,56	SNP_110	75,06			SNP_2308	0,56	SNP_5392	0,56
SNP_2404	48,88	SNP_4426	48,88	SNP_5871	48,88	SNP_3631	48,88	SNP_2350	50,87	SNP_3991	54,56	SNP_111	75,39			SNP_2309	0,56	SNP_2489	0,66
SNP_2303	48,88	SNP_4427	48,88	SNP_5959	48,88	SNP_4637	48,88	SNP_3578	50,87	SNP_5788	54,56	SNP_112	75,93			SNP_2455	0,56	SNP_2890	0,66
SNP_5641	48,88	SNP_4428	48,88	SNP_6010	48,88	SNP_4750	48,88	SNP_2617	50,87	SNP_5789	54,56	SNP_113	76,26			SNP_2467	0,56	SNP_3376	0,66
SNP_5516	48,88	SNP_4478	48,88	SNP_6011	48,88	SNP_4772	48,88	SNP_2405	50,87	SNP_5699	54,56	SNP_50	77,02			SNP_2818	0,56	SNP_4581	0,66
SNP_3239	48,88	SNP_4479	48,88	SNP_6037	48,88	SNP_5189	48,88	SNP_1898	50,87	SNP_1942	54,56	SNP_51	77,35			SNP_2819	0,56	SNP_5248	0,66
SNP_929	48,88	SNP_4480	48,88	SNP_6074	48,88	SNP_5191	48,88	SNP_1903	50,87	SNP_1156	54,56	SNP_114	77,67			SNP_2974	0,56	SNP_6491	0,66
SNP_930	48,88	SNP_4481	48,88	SNP_6122	48,88	SNP_5320	48,88	SNP_1904	50,87	SNP_5147	54,56	SNP_115	78,00			SNP_2975	0,56	SNP_3253	1,21
SNP_1271	48,88	SNP_4482	48,88	SNP_6195	48,88	SNP_5409	48,88	SNP_2571	50,87	SNP_1153	54,56	SNP_116	78,32			SNP_2976	0,56	SNP_1680	1,21
SNP_1272	48,88	SNP_4487	48,88	SNP_6210	48,88	SNP_5549	48,88	SNP_3869	50,87	SNP_1154	54,56	SNP_57	78,87			SNP_3267	0,56	SNP_4595	1,21
SNP_1796	48,88	SNP_4493	48,88	SNP_6213	48,88	SNP_5657	48,88	SNP_3870	50,87	SNP_1155	54,56	SNP_56	78,98			SNP_3268	0,56	SNP_1757	2,09
SNP_2182	48,88	SNP_4494	48,88	SNP_6251	48,88	SNP_5830	48,88	SNP_4612	50,87	SNP_5146	54,56	SNP_55	79,09			SNP_3332	0,56	SNP_6252	5,30
SNP_2183	48,88	SNP_4600	48,88	SNP_6269	48,88	SNP_5835	48,88	SNP_4613	50,87	SNP_1152	55,11	SNP_54	79,19			SNP_3404	0,56	SSR_0299	5,84
SNP_2401	48,88	SNP_4601	48,88	SNP_6271	48,88	SNP_6032	48,88	SNP_4614	50,87	SNP_844	55,11	SNP_53	79,30			SNP_3477	0,56	SNP_1379	6,17
SNP_2402	48,88	SNP_4724	48,88	SNP_6311	48,88	SNP_6033	48,88	SNP_1268	50,87	SNP_6389	55,11	SNP_52	79,41			SNP_3609	0,56	SNP_2381	7,61
SNP_2403	48,88	SNP_4726	48,88	SNP_6323	48,88	SNP_6346	48,88	SNP_2040	50,87	SNP_6390	55,11	SNP_59	79,96			SNP_3610	0,56	SNP_2382	8,15
SNP_2667	48,88	SNP_4803	48,88	SNP_6374	48,88	SNP_3504	49,55	SNP_2041	50,87	SNP_836	55,77	SNP_58	80,07			SNP_3611	0,56	SNP_2380	8,26
SNP_2668	48,88	SNP_4821	48,88	SNP_6375	48,88	SNP_4656	49,66	SNP_2249	50,87	SSR_0315	55,77	SNP_60	80,64			SNP_3638	0,56	SNP_2379	8,37
SNP_2689	48,88	SNP_4822	48,88	SNP_6386	48,88	SNP_5583	49,66	SNP_2257	50,87	SSR_0281	56,91	SNP_61	80,64			SNP_3639	0,56	SNP_2154	9,46
SNP_2690	48,88	SNP_4871	48,88	SNP_6387	48,88	SNP_4550	49,66	SNP_2258	50,87	SSR_0141	57,53	SNP_62	80,64			SNP_3806	0,56	SSR_0858	9,79
SNP_2691	48,88	SNP_4872	48,88	SNP_6405	48,88	SNP_1228	49,66	SNP_2341	50,87	SSR_0533	59,47	SNP_63	80,64			SNP_3828	0,56	SNP_3336	10,33
SNP_2761	48,88	SNP_4878	48,88	SNP_6431	48,88	SNP_3350	49,66	SNP_2551	50,87	SNP_2408	59,58	SSR_0934	80,64			SNP_3829	0,56	SNP_1069	11,44
SNP_2763	48,88	SNP_4902	48,88	SNP_6432	48,88	SNP_4498	49,66	SNP_3056	50,87	SSR_0532	59,69	SNP_64	81,22			SNP_3887	0,56	SNP_1070	11,55
SNP_2764	48,88	SNP_4979	48,88	SNP_6453	48,88	SNP_4551	49,66	SNP_3057	50,87	SNP_83	67,53	SNP_65	81,22			SNP_3939	0,56	SNP_1071	11,66
SNP_2770	48,88	SNP_5009	48,88	SNP_6455	48,88	SNP_4654	49,66	SNP_3058	50,87	SNP_84	67,53	SNP_66	81,77			SNP_4109	0,56	SNP_3335	11,77
SNP_2772	48,88	SNP_5010	48,88	SNP_6456	48,88	SNP_4655	49,66	SNP_3233	50,87	SNP_85	67,53	SNP_67	81,77			SNP_4429	0,56	SNP_3337	11,88
SNP_2773	48,88	SNP_5012	48,88	SNP_6480	48,88	SNP_4682	49,66	SNP_4081	50,87	SNP_86	67,53	SNP_68	81,77			SNP_4430	0,56	SSR_0646	12,54
SNP_2774	48,88	SNP_5136	48,88	SNP_3362	48,88	SNP_4683	49,66	SNP_4339	50,87	SNP_87	67,53	SNP_69	81,77			SNP_4617	0,56	SNP_1237	12,65
SNP_2779	48,88	SNP_5155	48,88	SNP_5406	48,88	SNP_4684	49,66	SNP_4340	50,87	SNP_88	67,53	SNP_70	81,77			SNP_4624	0,56	SNP_1239	12,65
SNP_2780	48,88	SNP_5156	48,88	SNP_6358	48,88	SNP_5486	49,66	SNP_4341	50,87	SNP_89	67,53	SNP_71	82,32			SNP_4687	0,56	SNP_3548	12,65
SNP_2781	48,88	SNP_5168	48,88	SNP_926	48,88	SNP_5487	49,66	SNP_4786	50,87	SNP_90	67,53	SNP_72	82,32			SNP_4745	0,56	SNP_6454	14,38
SNP_2839	48,88	SNP_5169	48,88	SNP_927	48,88	SNP_5611	49,66	SNP_4787	50,87	SNP_91	67,85	SNP_73	82,88			SNP_4942	0,56	SNP_1238	14,38
SNP_2840	48,88	SNP_5170	48,88	SNP_928	48,88	SNP_5612	49,66	SNP_4788	50,87	SNP_94	68,40	SNP_74	83,44			SNP_4943	0,56	SNP_1236	14,38
SNP_2875	48,88	SNP_5265	48,88	SNP_931	48,88	SNP_5966	49,66	SNP_4789	50,87	SNP_96	68,51	SNP_76	83,76			SNP_5036	0,56	SNP_997	16,08
SNP_2876	48,88	SNP_5266	48,88	SNP_2239	48,88	SNP_6154	49,66	SNP_1899	50,87	SNP_95	68,62	SNP_77	83,87			SNP_5194	0,56	SNP_996	16,63
SNP_2987	48,88	SNP_5270	48,88	SNP_2240	48,88	SNP_6243	49,66	SNP_1900	50,87	SNP_93	68,73	SNP_75	83,98			SNP_5195	0,56	SNP_998	16,63
SNP_3060	48,88	SNP_5271	48,88	SSR_0140	48,88	SNP_6244	49,66	SNP_1901	50,87	SNP_92	68,84	SNP_78	85,66			SNP_5327	0,56	SNP_999	16,63

GL6	P	GL6	P	GL6	P	GL7	P	GL7	P	GL7	P	GL7	P	GL7	P	GL8	P	GL8	P
SNP_1000	16,63	SNP_1787	43,19	SNP_3	65,45	SSR_0836	0,00	SSR_0634	48,45	SNP_5273	51,35	SNP_6470	57,80	SNP_319	72,81	SNP_704	0,00	SNP_2883	34,29
SNP_2547	16,63	SNP_1786	43,30	SNP_2	67,89	SNP_1737	2,25	SNP_898	48,59	SNP_5294	51,35	SSR_0306	57,80	SSR_0170	72,81	SNP_698	0,11	SNP_2884	34,29
SNP_2548	16,63	SNP_1785	43,41	SNP_1	68,00	SNP_1736	2,26	SSR_0028	48,70	SNP_5660	51,35	SNP_235	58,08	SNP_320	73,75	SNP_700	0,22	SNP_1516	34,29
SSR_0198	16,63	SNP_1783	43,52	SNP_5	71,67	SNP_1735	2,73	SNP_2287	48,87	SNP_5902	51,35	SNP_236	58,08	SNP_322	73,75	SNP_706	0,54	SNP_1517	34,29
SSR_0712	16,63	SNP_1791	44,07	SNP_2288	71,67	SNP_1740	2,73	SSR_1143	48,97	SNP_3328	51,36	SNP_237	58,08	SNP_321	73,90	SNP_697	1,09	SNP_2882	34,29
SNP_726	17,74	SNP_1789	44,62	SSR_0276	71,67	SNP_1739	3,19	SNP_2006	49,13	SNP_4524	51,41	SNP_238	58,08	SNP_6492	79,84	SNP_699	1,64	SNP_2389	35,40
SNP_727	17,74	SNP_1784	44,73	SNP_688	74,38	SNP_1738	3,20	SNP_1246	49,29	SNP_6475	51,48	SNP_241	58,47	SNP_12	88,43	SNP_701	3,33	SNP_2387	35,95
SNP_728	18,29	SNP_1790	44,83	SNP_689	74,38	SNP_243	5,00	SNP_897	49,43	SNP_4409	51,52	SNP_240	59,16	SNP_13	88,43	SNP_702	3,33	SNP_2388	36,50
SNP_729	18,29	SNP_280	45,38	SNP_691	74,38	SNP_244	6,64	SNP_1245	49,81	SNP_5256	51,53	SSR_0205	59,97	SNP_394	88,43	SNP_703	3,33	SNP_1831	37,05
SNP_730	18,29	SNP_279	45,70	SNP_693	74,38	SNP_245	8,23	SNP_1244	49,90	SNP_2896	51,54	SNP_1877	60,41	SNP_7	88,43	SNP_705	3,33	SSR_0171	37,05
SNP_6410	18,85	SNP_289	47,14	SNP_690	74,96	SNP_246	8,73	SNP_4778	50,14	SNP_5475	51,54	SNP_242	60,49	SNP_6373	88,43	SSR_0142	5,56	SNP_6370	37,61
SSR_0856	18,85	SNP_288	47,47	SSR_0260	74,96	SNP_247	8,74	SNP_3700	50,58	SNP_2755	51,68	SNP_239	60,58	SNP_10	89,33	SNP_915	10,56	SNP_753	38,72
SNP_1559	20,10	SNP_287	47,79	SSR_0542	74,96	SNP_248	10,87	SNP_2278	50,62	SNP_2756	51,68	SNP_1879	60,73	SNP_11	89,33	SNP_916	10,56	SNP_3385	39,27
SNP_3431	20,10	SNP_286	51,16	SNP_692	76,12	SNP_249	10,87	SNP_2279	50,62	SNP_4212	51,68	SNP_1878	61,09	SSR_0146	89,82	SNP_917	12,25	SNP_3386	39,27
SNP_6092	22,11	SSR_0560	52,03			SSR_1040	12,87	SNP_3814	50,62	SNP_4244	51,68	SNP_3562	61,09	SNP_6	90,78	SSR_0678	16,33	SNP_3387	39,27
SNP_1084	22,22	SNP_282	53,13			SNP_1894	14,34	SSR_0798	50,67	SNP_2214	51,68	SNP_1308	62,02	SNP_8	96,02	SNP_6354	16,91	SNP_3433	39,82
SNP_6484	23,31	SNP_285	53,24			SNP_1895	14,34	SNP_1678	50,68	SSR_0371	51,70	SNP_1309	62,02	SNP_9	99,62	SNP_6353	16,91	SNP_3434	39,82
SNP_1083	23,64	SNP_284	53,34			SNP_1893	14,34	SNP_2586	50,70	SNP_722	51,84	SNP_1310	62,02			SNP_585	18,09	SNP_2175	39,82
SNP_6209	25,65	SNP_283	53,45			SNP_586	22,67	SNP_2587	50,70	SSR_0118	52,01	SNP_1311	62,02			SNP_313	18,20	SNP_2176	39,82
SNP_1983	25,98	SNP_281	53,56			SSR_0347	26,63	SNP_4735	50,70	SNP_721	52,02	SNP_1307	62,31			SNP_311	18,20	SNP_6388	39,82
SNP_6188	26,09	SNP_914	54,66			SNP_520	29,52	SNP_6379	51,04	SNP_720	52,02	SNP_1658	62,58			SNP_310	18,20	SNP_2238	40,48
SNP_2454	26,20	SNP_913	54,66			SNP_521	30,13	SNP_2255	51,04	SNP_1281	52,02	SNP_1659	62,58			SNP_309	18,75	SNP_2079	41,02
SSR_0817	27,64	SNP_233	55,75			SSR_0859	30,13	SNP_2256	51,04	SSR_1064	52,02	SNP_1657	62,58			SSR_0202	19,29	SNP_1104	41,68
SSR_0674	28,18	SNP_234	55,75			SNP_581	33,57	SNP_4246	51,04	SNP_1677	52,22	SNP_1655	62,58			SSR_0241	21,12	SNP_1100	42,23
SNP_546	29,71	SNP_230	55,75			SNP_580	34,07	SNP_723	51,04	SNP_1280	52,22	SNP_1656	62,98			SNP_1129	23,76	SNP_1101	42,23
SNP_545	30,03	SNP_232	55,75			SNP_579	34,07	SSR_1136	51,04	SNP_1676	52,22	SNP_1660	62,98			SNP_855	23,87	SNP_1102	42,23
SNP_544	30,36	SSR_0350	56,31			SNP_3591	34,86	SNP_4245	51,05	SNP_2277	52,22	SNP_1661	62,98			SNP_1130	26,25	SNP_1103	42,23
SNP_543	30,68	SSR_0353	56,31			SNP_2070	36,67	SNP_5535	51,15	SNP_2280	52,22	SNP_1662	62,98			SNP_2072	26,80	SNP_2435	42,23
SNP_542	31,01	SNP_225	57,45			SNP_1109	37,73	SNP_1356	51,18	SNP_1679	52,23	SNP_1663	62,98			SNP_2465	27,34	SNP_2436	42,23
SSR_0082	31,77	SNP_226	57,45			SNP_1110	37,73	SNP_2754	51,18	SNP_6070	52,28	SNP_1664	62,98			SNP_2466	27,45	SNP_2437	42,23
SNP_564	32,31	SNP_227	57,45			SNP_866	38,02	SNP_1930	51,33	SNP_4734	52,31	SSR_0335	63,06			SNP_2602	28,32	SNP_2757	42,23
SNP_550	32,86	SSR_1098	57,45			SNP_6365	38,23	SNP_2588	51,34	SNP_3198	52,35	SNP_718	63,96			SNP_2601	28,32	SNP_2758	42,23
SNP_549	33,40	SSR_1130	57,45			SNP_6413	38,23	SNP_2254	51,35	SNP_3815	52,35	SNP_656	65,89			SNP_740	30,01	SNP_6397	42,23
SNP_547	33,94	SNP_228	58,01			SNP_3755	40,50	SNP_2310	51,35	SNP_1140	53,20	SNP_717	66,10			SSR_0574	30,01	SNP_1099	42,23
SNP_541	34,49	SNP_229	58,01			SNP_2130	40,80	SNP_2510	51,35	SNP_2533	53,37	SSR_0214	66,10			SNP_2117	30,56	SNP_3604	42,23
SNP_551	35,47	SNP_231	58,01			SNP_2131	40,80	SNP_4335	51,35	SNP_2532	53,44	SSR_1110	66,39			SNP_737	32,00	SNP_3605	42,23
SNP_553	37,76	SNP_2915	58,01			SNP_2701	43,71	SNP_5543	51,35	SNP_1442	53,78	SNP_653	67,43			SNP_738	32,59	SNP_3635	42,79
SNP_552	38,30	SNP_6049	58,01			SNP_941	43,78	SNP_6381	51,35	SNP_1475	54,01	SNP_654	67,43			SNP_739	32,59	SNP_1940	42,79
SSR_0651	38,84	SNP_6464	58,01			SNP_1107	43,82	SNP_525	51,35	SNP_1474	54,12	SNP_651	67,92			SNP_741	32,59	SNP_1941	42,79
SNP_554	39,60	SNP_6465	58,01			SNP_2921	43,91	SNP_2511	51,35	SNP_2759	54,12	SNP_593	67,92			SNP_6458	32,59	SNP_3636	42,79
SNP_555	39,93	SSR_0126	58,01			SSR_0853	45,19	SNP_3327	51,35	SNP_2766	54,12	SNP_652	67,92			SSR_0197	32,59	SSR_0980	42,79
SNP_556	40,26	SNP_2912	58,58			SNP_991	45,70	SNP_3484	51,35	SNP_3307	54,12	SNP_655	67,92			SNP_742	32,59	SNP_4917	43,34
SNP_557	40,58	SNP_2913	58,58			SNP_990	45,72	SNP_3485	51,35	SNP_2767	54,14	SSR_1078	70,00			SNP_6220	32,59	SSR_0932	43,90
SNP_558	40,91	SNP_2911	59,13			SNP_1082	46,05	SNP_3486	51,35	SNP_3547	54,14	SSR_0543	70,07			SNP_6459	32,59	SNP_3064	44,45
SNP_559	41,24	SNP_2914	59,13			SSR_0823	46,53	SNP_3724	51,35	SNP_6204	54,14	SNP_1826	70,52			SNP_3297	33,19	SNP_3065	44,45
SNP_560	41,56	SNP_1465	60,24			SNP_1300	46,64	SNP_3725	51,35	SNP_2158	54,21	SNP_314	71,52			SNP_3298	33,19	SNP_1620	45,58
SNP_561	41,89	SNP_1464	60,79			SNP_1299	46,90	SNP_3726	51,35	SNP_2159	54,30	SNP_315	72,02			SNP_6372	33,19	SNP_1621	45,58
SNP_562	42,21	SNP_4	61,34			SSR_0338	47,76	SNP_4039	51,35	SNP_4308	54,77	SNP_316	72,23			SNP_1695	33,74	SNP_1622	45,58
SNP_563	42,54	SSR_0490	61,34			SNP_6412	48,21	SNP_4176	51,35	SSR_0719	54,92	SNP_317	72,81			SNP_1423	33,74	SNP_2983	45,58
SNP_1788	43,08	SSR_1107	63,57			SSR_0681	48,29	SNP_4177	51,35	SNP_899	57,80	SNP_318	72,81			SNP_1424	34,29	SNP_3027	45,58

GL8	P	GL8	P	GL8	P	GL8	P	GL8	P	GL8	P	GL8	P	GL8	P	GL8	P	GL8	P
SNP_3028	45,58	SNP_3114	46,13	SNP_3042	46,68	SNP_5841	46,68	SNP_1582	47,67	SNP_2943	47,67	SNP_3735	47,67	SNP_4448	47,67	SNP_5045	47,67	SNP_5665	47,67
SNP_3029	45,58	SNP_6502	46,13	SNP_3044	46,68	SNP_5947	46,68	SNP_1604	47,67	SNP_3019	47,67	SNP_3754	47,67	SNP_4449	47,67	SNP_5053	47,67	SNP_5677	47,67
SNP_3538	45,58	SSR_0193	46,13	SNP_3353	46,68	SNP_6489	46,68	SNP_1605	47,67	SNP_3020	47,67	SNP_3878	47,67	SNP_4457	47,67	SNP_5078	47,67	SNP_5682	47,67
SNP_1623	45,58	SSR_0204	46,13	SNP_2284	46,68	SNP_2036	47,01	SNP_1606	47,67	SNP_3051	47,67	SNP_3879	47,67	SNP_4461	47,67	SNP_5079	47,67	SNP_5701	47,67
SNP_827	45,58	SNP_2760	46,13	SNP_2286	46,68	SNP_4009	47,57	SNP_1915	47,67	SNP_3052	47,67	SNP_3892	47,67	SNP_4464	47,67	SNP_5106	47,67	SNP_5706	47,67
SNP_1816	45,58	SNP_5299	46,13	SNP_2351	46,68	SNP_1778	47,67	SNP_1916	47,67	SNP_3093	47,67	SNP_3893	47,67	SNP_4512	47,67	SNP_5134	47,67	SNP_5750	47,67
SNP_1817	45,58	SNP_1422	46,68	SNP_2352	46,68	SNP_1779	47,67	SNP_1917	47,67	SNP_3094	47,67	SNP_3894	47,67	SNP_4537	47,67	SNP_5135	47,67	SNP_5763	47,67
SNP_1818	45,58	SNP_1943	46,68	SNP_2353	46,68	SNP_2057	47,67	SNP_1918	47,67	SNP_3095	47,67	SNP_3914	47,67	SNP_4538	47,67	SNP_5140	47,67	SNP_5764	47,67
SNP_1819	45,58	SNP_3145	46,68	SNP_2488	46,68	SNP_3606	47,67	SNP_1919	47,67	SNP_3100	47,67	SNP_3915	47,67	SNP_4539	47,67	SNP_5141	47,67	SNP_5780	47,67
SNP_825	45,58	SNP_3146	46,68	SNP_2572	46,68	SNP_3607	47,67	SNP_1921	47,67	SNP_3101	47,67	SNP_3916	47,67	SNP_4552	47,67	SNP_5148	47,67	SNP_5784	47,67
SNP_1188	45,58	SNP_3326	46,68	SNP_3323	46,68	SNP_3615	47,67	SNP_2153	47,67	SNP_3102	47,67	SNP_3925	47,67	SNP_4553	47,67	SNP_5198	47,67	SNP_5794	47,67
SNP_1189	45,58	SNP_1108	46,68	SNP_3324	46,68	SNP_5943	47,67	SNP_2192	47,67	SNP_3103	47,67	SNP_3945	47,67	SNP_4554	47,67	SNP_5199	47,67	SNP_5802	47,67
SNP_1813	45,58	SNP_1944	46,68	SNP_3325	46,68	SNP_4100	47,67	SNP_2193	47,67	SNP_3104	47,67	SNP_3946	47,67	SNP_4559	47,67	SNP_5200	47,67	SNP_5803	47,67
SNP_1989	45,58	SNP_1945	46,68	SNP_3531	46,68	SNP_4463	47,67	SNP_2194	47,67	SNP_3105	47,67	SNP_3957	47,67	SNP_4560	47,67	SNP_5224	47,67	SNP_5805	47,67
SNP_1990	45,58	SNP_2035	46,68	SNP_3533	46,68	SNP_4082	47,67	SNP_2195	47,67	SNP_3106	47,67	SNP_3958	47,67	SNP_4575	47,67	SNP_5233	47,67	SNP_5806	47,67
SNP_1992	45,58	SNP_2037	46,68	SNP_3675	46,68	SNP_5700	47,67	SNP_2209	47,67	SNP_3129	47,67	SNP_3968	47,67	SNP_4576	47,67	SNP_5234	47,67	SNP_5820	47,67
SNP_1993	45,58	SNP_2038	46,68	SNP_3676	46,68	SNP_5774	47,67	SNP_2210	47,67	SNP_3130	47,67	SNP_3969	47,67	SNP_4590	47,67	SNP_5236	47,67	SNP_5821	47,67
SNP_1994	45,58	SNP_2039	46,68	SNP_3677	46,68	SNP_3351	47,67	SNP_2220	47,67	SNP_3131	47,67	SNP_3970	47,67	SNP_4605	47,67	SNP_5237	47,67	SNP_5822	47,67
SNP_1995	45,58	SNP_2119	46,68	SNP_3981	46,68	SNP_5054	47,67	SNP_2221	47,67	SNP_3138	47,67	SNP_3977	47,67	SNP_4621	47,67	SNP_5238	47,67	SNP_5864	47,67
SNP_3194	45,58	SNP_2120	46,68	SNP_4051	46,68	SNP_5998	47,67	SNP_2222	47,67	SNP_3240	47,67	SNP_3996	47,67	SNP_4622	47,67	SNP_5251	47,67	SNP_5887	47,67
SNP_826	45,58	SNP_2136	46,68	SNP_4052	46,68	SNP_6121	47,67	SNP_2223	47,67	SNP_3241	47,67	SNP_3997	47,67	SNP_4640	47,67	SNP_5314	47,67	SNP_5897	47,67
SNP_1820	45,58	SNP_2886	46,68	SNP_4053	46,68	SNP_6159	47,67	SNP_2224	47,67	SNP_3269	47,67	SNP_4028	47,67	SNP_4652	47,67	SNP_5330	47,67	SNP_5898	47,67
SNP_1991	45,58	SNP_2887	46,68	SNP_4325	46,68	SNP_1920	47,67	SNP_2335	47,67	SNP_3305	47,67	SNP_4050	47,67	SNP_4703	47,67	SNP_5339	47,67	SNP_5928	47,67
SNP_1185	46,13	SNP_3043	46,68	SNP_4472	46,68	SNP_2733	47,67	SNP_2336	47,67	SNP_3306	47,67	SNP_4085	47,67	SNP_4704	47,67	SNP_5368	47,67	SNP_5932	47,67
SNP_1186	46,13	SNP_3546	46,68	SNP_4505	46,68	SNP_2663	47,67	SNP_2477	47,67	SNP_3352	47,67	SNP_4086	47,67	SNP_4763	47,67	SNP_5376	47,67	SNP_5933	47,67
SNP_1187	46,13	SNP_3871	46,68	SNP_4567	46,68	SNP_2685	47,67	SNP_2478	47,67	SNP_3354	47,67	SNP_4091	47,67	SNP_4764	47,67	SNP_5380	47,67	SNP_5934	47,67
SNP_1545	46,13	SNP_3873	46,68	SNP_4922	46,68	SNP_5471	47,67	SNP_2479	47,67	SNP_3355	47,67	SNP_4092	47,67	SNP_4765	47,67	SNP_5414	47,67	SNP_5935	47,67
SNP_1546	46,13	SNP_4041	46,68	SNP_5257	46,68	SNP_3449	47,67	SNP_2521	47,67	SNP_3360	47,67	SNP_4093	47,67	SNP_4767	47,67	SNP_5425	47,67	SNP_5951	47,67
SNP_1547	46,13	SNP_4042	46,68	SNP_5361	46,68	SNP_3470	47,67	SNP_2522	47,67	SNP_3361	47,67	SNP_4098	47,67	SNP_4768	47,67	SNP_5438	47,67	SNP_5952	47,67
SNP_1548	46,13	SNP_4312	46,68	SNP_5362	46,68	SNP_2121	47,67	SNP_2523	47,67	SNP_3416	47,67	SNP_4099	47,67	SNP_4769	47,67	SNP_5472	47,67	SNP_5953	47,67
SNP_1549	46,13	SNP_4521	46,68	SNP_5404	46,68	SNP_3567	47,67	SNP_2591	47,67	SNP_3423	47,67	SNP_4125	47,67	SNP_4793	47,67	SNP_5473	47,67	SNP_5981	47,67
SNP_1922	46,13	SNP_4555	46,68	SNP_6068	46,68	SNP_2208	47,67	SNP_2593	47,67	SNP_3424	47,67	SNP_4126	47,67	SNP_4794	47,67	SNP_5474	47,67	SNP_5982	47,67
SNP_1923	46,13	SNP_4625	46,68	SNP_6436	46,68	SNP_2592	47,67	SNP_2621	47,67	SNP_3496	47,67	SNP_4218	47,67	SNP_4802	47,67	SNP_5477	47,67	SNP_5983	47,67
SNP_1924	46,13	SNP_4626	46,68	SNP_6017	46,68	SNP_2849	47,67	SNP_2636	47,67	SNP_3519	47,67	SNP_4234	47,67	SNP_4900	47,67	SNP_5488	47,67	SNP_6003	47,67
SNP_1925	46,13	SNP_4627	46,68	SNP_2796	46,68	SNP_3487	47,67	SNP_2656	47,67	SNP_3534	47,67	SNP_4235	47,67	SNP_4901	47,67	SNP_5491	47,67	SNP_6014	47,67
SNP_1926	46,13	SNP_4801	46,68	SNP_6230	46,68	SNP_3620	47,67	SNP_2664	47,67	SNP_3535	47,67	SNP_4265	47,67	SNP_4903	47,67	SNP_5492	47,67	SNP_6018	47,67
SNP_1927	46,13	SNP_4951	46,68	SNP_538	46,68	SNP_3971	47,67	SNP_2682	47,67	SNP_3536	47,67	SNP_4266	47,67	SNP_4904	47,67	SNP_5510	47,67	SNP_6046	47,67
SNP_1928	46,13	SNP_4952	46,68	SNP_535	46,68	SNP_4573	47,67	SNP_2684	47,67	SNP_3537	47,67	SNP_4286	47,67	SNP_4905	47,67	SNP_5532	47,67	SNP_6056	47,67
SNP_1929	46,13	SNP_5246	46,68	SNP_536	46,68	SNP_4639	47,67	SNP_2731	47,67	SNP_3568	47,67	SNP_4287	47,67	SNP_4907	47,67	SNP_5541	47,67	SNP_6057	47,67
SNP_4755	46,13	SNP_5258	46,68	SNP_537	46,68	SNP_5386	47,67	SNP_2732	47,67	SNP_3572	47,67	SNP_4291	47,67	SNP_4964	47,67	SNP_5582	47,67	SNP_6079	47,67
SNP_4756	46,13	SNP_5259	46,68	SNP_539	46,68	SNP_302	47,67	SNP_2734	47,67	SNP_3621	47,67	SNP_4292	47,67	SNP_4971	47,67	SNP_5585	47,67	SNP_6080	47,67
SNP_4757	46,13	SNP_5839	46,68	SNP_3205	46,68	SNP_1075	47,67	SNP_2735	47,67	SNP_3649	47,67	SNP_4293	47,67	SNP_4972	47,67	SNP_5586	47,67	SNP_6084	47,67
SNP_5298	46,13	SNP_5842	46,68	SNP_4981	46,68	SNP_1111	47,67	SNP_2848	47,67	SNP_3653	47,67	SNP_4302	47,67	SNP_4984	47,67	SNP_5589	47,67	SNP_6103	47,67
SNP_5300	46,13	SNP_5927	46,68	SSR_0060	46,68	SNP_1112	47,67	SNP_2850	47,67	SNP_3705	47,67	SNP_4328	47,67	SNP_5014	47,67	SNP_5590	47,67	SNP_6104	47,67
SNP_1544	46,13	SNP_5946	46,68	SSR_0577	46,68	SNP_1183	47,67	SNP_2851	47,67	SNP_3712	47,67	SNP_4366	47,67	SNP_5015	47,67	SNP_5615	47,67	SNP_6114	47,67
SNP_3226	46,13	SNP_6136	46,68	SSR_0779	46,68	SNP_1184	47,67	SNP_2852	47,67	SNP_3713	47,67	SNP_4369	47,67	SNP_5017	47,67	SNP_5620	47,67	SNP_6119	47,67
SNP_3227	46,13	SNP_6326	46,68	SSR_1036	46,68	SNP_1578	47,67	SNP_2857	47,67	SNP_3714	47,67	SNP_4370	47,67	SNP_5033	47,67	SNP_5621	47,67	SNP_6120	47,67
SNP_3228	46,13	SNP_4043	46,68	SNP_2285	46,68	SNP_1579	47,67	SNP_2858	47,67	SNP_3732	47,67	SNP_4371	47,67	SNP_5034	47,67	SNP_5655	47,67	SNP_6133	47,67
SNP_4700	46,13	SNP_3515	46,68	SNP_3872	46,68	SNP_1580	47,67	SNP_2859	47,67	SNP_3733	47,67	SNP_4383	47,67	SNP_5035	47,67	SNP_5656	47,67	SNP_6138	47,67
SNP_1421	46,13	SNP_5338	46,68	SNP_5214	46,68	SNP_1581	47,67	SNP_2942	47,67	SNP_3734	47,67	SNP_4447	47,67	SNP_5041	47,67	SNP_5664	47,67	SNP_6142	47,67

GL8	P	GL8	P	GL8	P	GL8	P	GL8	P	GL8	P	GL9	P	GL9	P	GL9	P	GL9	P
SNP_6152	47,67	SNP_2665	47,67	SNP_2710	47,67	SNP_1975	47,67	SSR_0425	50,44	SNP_1839	73,31	SNP_1748	0,00	SNP_6276	0,59	SNP_259	2,07	SNP_464	12,23
SNP_6160	47,67	SNP_2666	47,67	SNP_2747	47,67	SNP_2110	47,67	SNP_1287	51,03	SNP_1840	73,85	SNP_1750	0,00	SNP_5861	0,59	SNP_260	2,07	SNP_465	12,23
SNP_6164	47,67	SNP_2702	47,67	SNP_2748	47,67	SNP_2337	47,67	SNP_1288	51,03	SNP_1841	74,39	SNP_1751	0,00	SNP_2010	0,59	SNP_261	2,07	SNP_466	12,23
SNP_6182	47,67	SNP_2703	47,67	SNP_2821	47,67	SNP_2561	47,67	SNP_1289	51,03	SNP_591	84,06	SNP_3622	0,00	SNP_2171	0,59	SNP_263	2,07	SNP_3263	12,23
SNP_6218	47,67	SNP_2704	47,67	SNP_2822	47,67	SNP_2563	47,67	SNP_3888	51,03	SNP_590	85,37	SNP_3623	0,00	SNP_2172	0,59	SNP_264	2,07	SNP_1007	12,23
SNP_6247	47,67	SNP_2705	47,67	SNP_2823	47,67	SNP_2683	47,67	SSR_0797	51,03	SNP_592	86,67	SNP_3624	0,00	SNP_3601	0,59	SNP_265	2,07	SNP_3264	12,23
SNP_6249	47,67	SNP_2843	47,67	SNP_3072	47,67	SNP_3518	47,67	SNP_1630	51,63	SNP_589	88,96	SNP_3625	0,00	SNP_3602	0,59	SNP_266	2,07	SNP_3265	12,23
SNP_6278	47,67	SNP_2844	47,67	SNP_3073	47,67	SNP_3880	47,67	SNP_1629	51,63	SNP_588	89,72	SNP_3626	0,00	SNP_3603	0,59	SNP_278	2,07	SNP_4336	12,23
SNP_6302	47,67	SNP_3340	47,67	SNP_3074	47,67	SNP_3976	47,67	SNP_6462	51,63	SNP_587	90,48	SNP_4828	0,00	SNP_3646	0,59	SSR_0122	2,07	SNP_4338	12,23
SNP_6304	47,67	SNP_3341	47,67	SNP_3126	47,67	SNP_4210	47,67	SNP_1631	51,63	SNP_432	93,34	SNP_5047	0,00	SNP_3647	0,59	SNP_262	2,07	SNP_4337	12,23
SNP_6310	47,67	SNP_3342	47,67	SNP_3127	47,67	SNP_4215	47,67	SNP_2765	51,63	SNP_434	94,10	SNP_5831	0,00	SNP_3803	0,59	SNP_269	2,07	SSR_0689	12,23
SNP_6321	47,67	SNP_3473	47,67	SNP_3128	47,67	SNP_4651	47,67	SNP_2674	51,63	SNP_433	94,86	SNP_5355	0,59	SNP_3804	0,59	SNP_271	2,37	SNP_1006	13,12
SNP_6341	47,67	SNP_3474	47,67	SNP_3444	47,67	SNP_5044	47,67	SNP_1939	51,63	SNP_435	96,18	SNP_1753	0,59	SNP_3805	0,59	SNP_272	2,37	SNP_1005	13,12
SNP_6342	47,67	SNP_3693	47,67	SNP_3445	47,67	SNP_5347	47,67	SNP_2675	51,63	SSR_1011	105,18	SNP_1747	0,59	SNP_3859	0,59	SNP_273	2,37	SNP_1003	13,71
SNP_6355	47,67	SNP_3897	47,67	SNP_3446	47,67	SNP_5367	47,67	SNP_2676	51,63	SNP_708	114,18	SNP_1666	0,59	SNP_3875	0,59	SNP_274	2,37	SNP_1004	13,71
SNP_6361	47,67	SNP_3898	47,67	SNP_3447	47,67	SNP_5470	47,67	SNP_6398	51,63	SNP_709	115,49	SNP_1744	0,59	SNP_3876	0,59	SNP_275	2,37	SNP_1002	13,71
SNP_6401	47,67	SNP_4133	47,67	SNP_3448	47,67	SNP_5690	47,67	SNP_2114	51,63	SNP_710	116,03	SNP_1745	0,59	SNP_3877	0,59	SNP_276	2,37	SNP_1001	14,90
SNP_6416	47,67	SNP_4134	47,67	SNP_3450	47,67	SNP_5771	47,67	SNP_2115	51,63	SNP_711	118,45	SNP_1746	0,59	SNP_4089	0,59	SNP_277	2,37	SNP_2464	15,20
SNP_6423	47,67	SNP_4455	47,67	SNP_3471	47,67	SNP_5773	47,67	SSR_0130	51,63	SNP_712	119,54	SNP_1749	0,59	SNP_4110	0,59	SNP_6494	2,37	SNP_614	15,20
SNP_6433	47,67	SNP_4456	47,67	SNP_3472	47,67	SNP_5812	47,67	SNP_5508	51,63	SNP_1094	126,64	SNP_1752	0,59	SNP_4111	0,59	SSR_0026	2,95	SNP_2462	15,20
SNP_6469	47,67	SNP_5201	47,67	SNP_3665	47,67	SNP_5948	47,67	SNP_531	53,40	SNP_1093	127,75	SNP_1754	0,59	SNP_4633	0,59	SNP_6450	4,77	SNP_2531	15,20
SNP_6472	47,67	SNP_5295	47,67	SNP_3666	47,67	SNP_6019	47,67	SNP_530	53,40	SNP_1091	128,31	SNP_1665	0,59	SNP_4796	0,59	SNP_4239	4,77	SNP_6134	15,20
SNP_6506	47,67	SNP_5631	47,67	SNP_3667	47,67	SNP_6071	47,67	SNP_1882	53,40	SNP_1090	128,86	SNP_2448	0,59	SNP_4995	0,59	SNP_448	5,36	SNP_6135	15,20
SNP_615	47,67	SNP_5632	47,67	SNP_4029	47,67	SNP_6085	47,67	SNP_527	53,40	SNP_1097	128,86	SNP_2449	0,59	SNP_4996	0,59	SNP_1008	5,95	SNP_2463	15,20
SNP_628	47,67	SNP_5731	47,67	SNP_4112	47,67	SNP_6183	47,67	SNP_529	53,40	SNP_1096	128,86	SNP_3373	0,59	SNP_5069	0,59	SNP_1009	5,95	SNP_613	15,78
SNP_1173	47,67	SNP_5827	47,67	SNP_4113	47,67	SNP_6246	47,67	SNP_526	53,40	SNP_1089	128,86	SNP_3375	0,59	SNP_5221	0,59	SNP_1011	5,95	SNP_612	17,60
SNP_1174	47,67	SNP_6150	47,67	SNP_4114	47,67	SNP_6327	47,67	SSR_0570	53,40	SNP_1092	128,86	SNP_3413	0,59	SNP_5222	0,59	SNP_1010	5,95	SNP_1896	18,19
SNP_1175	47,67	SNP_6214	47,67	SNP_4115	47,67	SNP_5746	48,54	SNP_528	53,96	SNP_1095	128,86	SNP_3414	0,59	SNP_5223	0,59	SNP_1012	5,95	SNP_1468	18,19
SNP_1176	47,67	SNP_6294	47,67	SNP_4213	47,67	SNP_1398	49,30	SNP_995	54,29	SNP_3999	128,86	SNP_3415	0,59	SNP_5303	0,59	SNP_4127	5,95	SNP_1466	18,48
SNP_1177	47,67	SNP_6505	47,67	SNP_4214	47,67	SNP_1708	49,86	SSR_0296	55,16	SNP_4000	128,86	SNP_3632	0,59	SNP_5618	0,59	SSR_0589	5,95	SNP_1467	18,48
SNP_1178	47,67	SNP_1266	47,67	SNP_4309	47,67	SNP_1709	49,86	SNP_1397	57,03	SNP_4001	128,86	SNP_5448	0,59	SNP_5619	0,59	SSR_1081	6,54	SNP_1469	18,48
SNP_1179	47,67	SNP_1267	47,67	SNP_5430	47,67	SNP_1815	49,86	SNP_6382	58,15			SNP_5449	0,59	SNP_5744	0,59	SNP_449	7,73	SNP_1470	18,48
SNP_1180	47,67	SNP_1792	47,67	SNP_5431	47,67	SNP_2213	49,86	SNP_6383	58,25			SNP_6309	0,59	SNP_5862	0,59	SNP_450	7,73	SNP_3669	18,48
SNP_1181	47,67	SNP_1793	47,67	SNP_5432	47,67	SNP_2270	49,86	SNP_1523	58,36			SNP_6313	0,59	SNP_5909	0,59	SNP_451	7,73	SNP_663	18,48
SNP_1414	47,67	SNP_2108	47,67	SNP_5693	47,67	SNP_2271	49,86	SNP_6437	59,46			SNP_6478	0,59	SNP_5910	0,59	SNP_452	8,32	SNP_661	19,07
SNP_1415	47,67	SNP_2122	47,67	SNP_5694	47,67	SNP_2274	49,86	SSR_1132	59,46			SNP_3374	0,59	SNP_6020	0,59	SNP_453	8,32	SNP_662	19,07
SNP_1430	47,67	SNP_2123	47,67	SNP_5695	47,67	SNP_2938	49,86	SNP_2714	62,06			SNP_2241	0,59	SNP_6258	0,59	SNP_454	8,32	SNP_664	19,07
SNP_1431	47,67	SNP_2124	47,67	SNP_5885	47,67	SNP_2939	49,86	SNP_2715	62,61			SNP_2103	0,59	SNP_6259	0,59	SNP_455	8,32	SNP_665	19,07
SNP_1432	47,67	SNP_2125	47,67	SNP_5886	47,67	SNP_2941	49,86	SNP_4076	62,72			SNP_3466	0,59	SNP_1445	0,59	SNP_456	8,32	SNP_666	19,07
SNP_1433	47,67	SNP_2126	47,67	SSR_0013	47,67	SNP_3478	49,86	SNP_4077	62,72			SNP_3467	0,59	SSR_0729	0,59	SNP_457	8,32	SNP_852	19,66
SNP_1712	47,67	SNP_2127	47,67	SSR_0068	47,67	SNP_3479	49,86	SNP_5207	62,72			SNP_3469	0,59	SSR_0748	0,59	SNP_458	8,32	SNP_854	19,66
SNP_1713	47,67	SNP_2393	47,67	SSR_0133	47,67	SNP_4065	49,86	SNP_2713	62,72			SNP_4122	0,59	SNP_4632	0,59	SNP_459	8,32	SNP_848	19,66
SNP_1714	47,67	SNP_2394	47,67	SSR_0233	47,67	SNP_4669	49,86	SNP_3099	66,30			SNP_4123	0,59	SNP_6039	0,59	SNP_460	8,61	SNP_849	19,66
SNP_1715	47,67	SNP_2395	47,67	SSR_0460	47,67	SNP_2272	49,86	SNP_4068	66,30			SNP_4124	0,59	SNP_6155	0,59	SNP_461	8,61	SNP_850	19,66
SNP_1716	47,67	SNP_2560	47,67	SSR_0537	47,67	SNP_1710	49,86	SNP_678	67,61			SNP_4571	0,59	SNP_6297	0,59	SNP_686	10,75	SNP_6488	21,17
SNP_1717	47,67	SNP_2562	47,67	SSR_0687	47,67	SNP_1711	49,86	SNP_679	68,49			SNP_4572	0,59	SNP_6408	0,59	SNP_467	11,04	SNP_5008	22,36
SNP_2186	47,67	SNP_2628	47,67	SSR_0820	47,67	SSR_0104	49,86	SNP_1598	70,58			SNP_4836	0,59	SSR_0438	1,78	SNP_687	11,04	SNP_853	23,25
SNP_2187	47,67	SNP_2629	47,67	SSR_0822	47,67	SNP_1814	49,86	SNP_680	70,90			SNP_4837	0,59	SNP_267	2,07	SNP_2907	11,04	SSR_0270	24,76
SNP_2407	47,67	SNP_2630	47,67	SSR_0997	47,67	SNP_2273	49,86	SNP_1838	72,21			SNP_2104	0,59	SNP_270	2,07	SNP_6061	11,04	SSR_1103	24,76
SNP_2565	47,67	SNP_2709	47,67	SNP_1416	47,67	SNP_2868	50,44	SNP_1837	73,31			SNP_3468	0,59	SNP_268	2,07	SNP_6062	11,04	SNP_2581	25,95

GL9	P	GL9	P	GL9	P	GL9	P	GL9	P	GL9	P	GL10	P	GL10	P	GL10	P	GL10	P
SNP_2580	25,95	SSR_0373	42,79	SNP_406	58,66	SNP_533	68,51	SNP_217	76,81	SNP_960	84,81	SNP_1558	0,00	SNP_2206	6,23	SNP_6289	8,15	SNP_3948	8,15
SNP_1827	28,41	SNP_843	43,68	SNP_408	58,66	SSR_0663	68,51	SNP_218	76,81	SNP_961	84,81	SNP_1472	0,55	SNP_2207	6,23	SNP_6417	8,15	SNP_4557	8,15
SNP_1828	28,41	SNP_1973	43,68	SNP_407	58,66	SSR_0680	69,40	SNP_219	76,81	SNP_962	84,81	SNP_1473	0,55	SNP_2453	6,34	SNP_5739	8,15	SNP_4558	8,15
SNP_1829	28,41	SSR_0066	43,68	SNP_403	59,24	SSR_0583	69,99	SNP_220	76,81	SNP_964	84,81	SNP_1560	0,55	SNP_3461	6,34	SNP_3270	8,15	SNP_4644	8,15
SNP_1830	28,41	SSR_0491	43,68	SNP_2235	59,24	SNP_480	70,88	SSR_0767	76,81	SNP_965	84,81	SSR_0784	1,11	SNP_3462	6,34	SNP_1374	8,15	SNP_4729	8,15
SNP_2086	28,41	SNP_839	43,97	SNP_2237	59,24	SNP_481	70,88	SSR_1117	76,81	SNP_966	84,81	SNP_4838	2,25	SNP_3575	6,34	SNP_1551	8,15	SNP_4730	8,15
SNP_828	29,00	SNP_840	43,97	SNP_4507	59,24	SNP_482	70,88	SSR_1137	76,81	SNP_967	84,81	SNP_2609	2,80	SNP_4362	6,34	SNP_2686	8,15	SNP_4740	8,15
SNP_835	29,00	SNP_841	43,97	SNP_1341	59,24	SNP_483	70,88	SNP_221	78,00	SNP_414	85,40	SNP_2610	2,80	SSR_0266	6,34	SNP_2687	8,15	SNP_4857	8,15
SNP_922	30,82	SNP_842	43,97	SNP_2236	59,24	SNP_478	70,88	SNP_223	78,29	SNP_415	86,28	SNP_2612	2,80	SNP_3229	6,89	SNP_3181	8,15	SNP_4858	8,15
SNP_923	30,82	SNP_3319	44,27	SNP_1320	59,24	SNP_479	70,88	SNP_222	78,29	SNP_416	86,28	SNP_2613	2,80	SNP_2719	7,44	SNP_3207	8,15	SNP_4949	8,15
SNP_924	30,82	SNP_3320	44,27	SNP_1319	59,24	SSR_0217	70,88	SNP_190	78,29	SSR_0654	87,78	SNP_2614	2,80	SNP_6352	7,44	SNP_3208	8,15	SNP_5218	8,15
SNP_925	30,82	SNP_3824	44,27	SNP_1321	59,24	SNP_477	72,07	SNP_224	78,29	SSR_0302	87,79	SNP_2615	2,80	SNP_1555	7,44	SNP_3209	8,15	SNP_5219	8,15
SNP_918	30,82	SNP_395	44,56	SNP_5676	59,24	SNP_2916	73,27	SNP_191	79,80	SNP_417	88,37	SNP_2616	2,80	SNP_1556	7,44	SNP_3210	8,15	SNP_5439	8,15
SNP_919	30,82	SNP_396	44,56	SNP_1318	59,29	SNP_2620	73,27	SNP_192	79,80	SNP_418	88,37	SNP_2611	2,80	SNP_4452	7,44	SNP_3598	8,15	SNP_5479	8,15
SNP_920	30,82	SSR_0584	44,71	SSR_0554	59,66	SNP_3036	73,56	SNP_194	80,09	SNP_419	89,26	SNP_1755	3,91	SNP_4453	7,44	SNP_3743	8,15	SNP_5519	8,15
SNP_921	30,82	SNP_397	44,85	SNP_1211	60,13	SNP_2313	73,56	SNP_196	80,09	SNP_420	89,26	SNP_1756	3,91	SNP_777	7,44	SNP_4394	8,15	SNP_5520	8,15
SNP_749	31,11	SNP_398	44,85	SNP_5745	60,13	SNP_2314	73,56	SNP_197	80,09	SNP_421	89,26	SNP_2824	3,91	SNP_2607	7,44	SNP_4395	8,15	SNP_5521	8,15
SNP_750	31,11	SNP_399	45,14	SNP_1208	60,42	SNP_2315	74,12	SNP_199	80,68	SNP_1859	90,46	SNP_2825	3,91	SNP_2608	7,44	SNP_4510	8,15	SNP_5760	8,15
SSR_0792	31,11	SNP_400	45,14	SNP_1209	60,42	SNP_2316	74,73	SNP_200	80,68	SNP_255	94,98	SNP_1513	4,46	SNP_6435	7,44	SNP_4511	8,15	SNP_5761	8,15
SNP_745	32,31	SNP_401	45,14	SNP_1210	60,42	SNP_2317	74,73	SNP_198	80,68	SNP_256	95,57	SNP_1514	4,46	SNP_778	7,55	SNP_5139	8,15	SNP_5762	8,15
SNP_746	32,31	SNP_2524	45,43	SNP_1588	60,42	SNP_1212	74,73	SNP_201	81,27	SSR_0131	95,57	SNP_1515	4,46	SNP_779	7,55	SNP_5616	8,15	SNP_5816	8,15
SNP_747	32,31	SNP_2525	45,43	SNP_2782	60,42	SNP_1213	74,73	SNP_944	81,85	SNP_257	96,15	SNP_1654	4,46	SNP_2069	8,15	SNP_5710	8,15	SNP_5817	8,15
SNP_748	32,31	SNP_2468	45,43	SNP_1222	60,42	SNP_1214	74,73	SNP_970	81,85	SNP_258	96,15	SNP_1966	4,46	SNP_2068	8,15	SNP_5711	8,15	SNP_5967	8,15
SNP_743	32,31	SNP_2063	46,63	SNP_1223	60,42	SNP_1215	74,73	SNP_973	81,85	SNP_250	99,28	SNP_6434	4,46	SNP_2472	8,15	SNP_6012	8,15	SNP_5999	8,15
SNP_744	32,31	SSR_0788	46,63	SNP_1589	60,42	SNP_1216	74,73	SNP_2518	81,85	SNP_6360	99,28	SNP_3182	4,46	SNP_2600	8,15	SNP_3744	8,15	SNP_6228	8,15
SNP_752	32,31	SNP_938	47,22	SNP_1590	60,42	SNP_1217	74,73	SNP_2519	81,85	SNP_6359	99,28	SNP_3183	4,46	SNP_1322	8,15	SNP_3951	8,15	SNP_6261	8,15
SNP_751	32,89	SNP_935	47,80	SNP_1219	60,42	SNP_1218	74,73	SNP_2520	81,85	SNP_251	99,47	SNP_1507	4,46	SNP_1323	8,15	SNP_3952	8,15	SSR_0582	8,15
SNP_577	33,48	SNP_6476	47,80	SNP_524	61,31	SNP_5522	74,73	SNP_943	82,44	SNP_252	99,51	SNP_2080	4,57	SNP_1324	8,15	SNP_4435	8,15	SSR_0897	8,15
SNP_576	34,07	SNP_6477	47,80	SNP_1220	61,31	SNP_3047	74,73	SNP_945	82,44	SNP_253	99,86	SNP_2081	4,57	SNP_1550	8,15	SNP_4678	8,15	SSR_0983	8,15
SNP_574	34,36	SNP_412	48,10	SNP_1221	61,31	SNP_3048	74,73	SNP_946	82,44	SNP_254	99,86	SNP_2903	4,57	SNP_1552	8,15	SNP_3282	8,15	SNP_4739	8,15
SNP_575	34,36	SNP_413	48,10	SNP_522	61,60	SNP_3049	74,73	SNP_954	82,44	SNP_681	102,99	SNP_4025	4,57	SNP_1683	8,15	SNP_1121	8,15	SNP_4948	8,15
SNP_1357	34,95	SSR_0061	48,39	SNP_523	61,60	SNP_3050	74,73	SNP_959	82,44	SNP_683	103,58	SNP_4026	4,57	SNP_1684	8,15	SNP_2163	8,15	SNP_5220	8,15
SNP_3394	34,95	SNP_936	48,98	SSR_0209	62,02	SNP_193	74,73	SNP_963	82,44	SNP_682	103,58	SNP_4207	4,57	SNP_3199	8,15	SNP_3159	8,15	SNP_5854	8,15
SNP_847	37,74	SNP_937	48,98	SNP_607	64,68	SNP_195	74,73	SNP_968	82,44	SNP_684	104,47	SNP_4208	4,57	SNP_3200	8,15	SNP_3160	8,15	SNP_5855	8,15
SNP_1227	37,74	SNP_1277	48,98	SNP_2259	65,57	SNP_202	74,73	SNP_969	82,44	SNP_685	105,36	SNP_4209	4,57	SNP_3215	8,15	SNP_3161	8,15	SNP_5994	8,15
SNP_846	37,74	SNP_1278	48,98	SNP_609	65,57	SSR_0605	74,73	SNP_971	82,44			SNP_5365	4,57	SNP_3216	8,15	SNP_3162	8,15	SNP_6000	8,15
SNP_845	38,03	SNP_1279	48,98	SNP_610	65,57	SNP_203	75,03	SNP_972	82,44			SNP_6336	4,57	SNP_3217	8,15	SNP_3163	8,15	SNP_3729	8,78
SSR_0179	38,03	SSR_0657	48,98	SNP_3143	65,57	SNP_204	75,61	SNP_974	82,44			SNP_6496	4,57	SNP_3245	8,15	SNP_3164	8,15	SNP_5345	8,78
SNP_1595	38,92	SNP_2577	52,99	SNP_3144	65,57	SNP_206	75,61	SNP_947	82,44			SNP_6497	4,57	SNP_3271	8,15	SNP_3223	8,15	SNP_3617	9,00
SNP_1777	38,92	SNP_3708	57,78	SNP_605	65,57	SNP_207	75,61	SNP_948	82,44			SNP_2499	5,68	SNP_3272	8,15	SNP_3224	8,15	SNP_4962	9,00
SNP_3917	38,92	SNP_411	57,78	SNP_606	65,57	SNP_205	75,61	SNP_949	82,44			SNP_2501	5,68	SNP_3672	8,15	SNP_3281	8,15	SNP_4004	9,00
SNP_3918	38,92	SNP_410	57,78	SNP_608	65,57	SNP_208	76,81	SNP_942	82,73			SNP_2503	5,68	SNP_3673	8,15	SNP_3283	8,15	SNP_5043	9,00
SNP_3919	38,92	SNP_2191	57,78	SNP_603	66,15	SNP_209	76,81	SNP_950	83,93			SNP_6058	5,68	SNP_3674	8,15	SNP_3593	8,15	SNP_3933	9,00
SSR_0506	39,81	SSR_0080	57,78	SNP_604	66,15	SNP_210	76,81	SNP_951	83,93			SNP_1233	5,68	SNP_3780	8,15	SNP_3594	8,15	SNP_4963	9,00
SSR_0014	39,81	SSR_0773	57,78	SNP_611	67,04	SNP_211	76,81	SNP_952	83,93			SNP_2500	5,68	SNP_4424	8,15	SNP_3595	8,15	SNP_5818	9,00
SSR_0664	41,32	SNP_3709	57,78	SNP_1568	67,33	SNP_212	76,81	SNP_953	83,93			SNP_2502	5,68	SNP_4425	8,15	SNP_3596	8,15	SNP_5243	9,00
SNP_2096	42,21	SNP_409	58,36	SNP_1569	67,33	SNP_213	76,81	SNP_955	83,93			SNP_1235	5,68	SNP_4536	8,15	SNP_3597	8,15	SNP_4354	9,00
SNP_2095	42,21	SNP_402	58,52	SNP_1567	67,33	SNP_214	76,81	SNP_956	84,52			SNP_6063	5,68	SNP_5393	8,15	SNP_3819	8,15	SNP_445	9,00
SNP_2005	42,79	SNP_404	58,66	SNP_534	67,92	SNP_215	76,81	SNP_958	84,52			SNP_2204	6,23	SNP_5501	8,15	SNP_3820	8,15	SNP_851	9,00
SSR_0289	42,79	SNP_405	58,66	SNP_532	68,51	SNP_216	76,81	SNP_957	84,52			SNP_2205	6,23	SNP_5502	8,15	SNP_3947	8,15	SNP_1409	9,00

GL10	P	GL10	P	GL10	P	GL10	P	GL10	P	GL10	P	GL10	P	GL10	P	GL10	P	GL10	P	GL10	P
SNP_1410	9,00	SNP_3258	9,00	SNP_4121	9,00	SNP_4653	9,00	SNP_5179	9,00	SNP_5729	9,00	SNP_6237	9,00	SNP_5908	9,00	SNP_1249	10,74	SNP_3863	16,97	SNP_980	33,60
SNP_1889	9,00	SNP_3259	9,00	SNP_4137	9,00	SNP_4672	9,00	SNP_5232	9,00	SNP_5751	9,00	SNP_6238	9,00	SNP_5977	9,00	SNP_1825	10,74	SNP_1405	17,29	SNP_981	33,93
SNP_2031	9,00	SNP_3368	9,00	SNP_4138	9,00	SNP_4691	9,00	SNP_5315	9,00	SNP_5752	9,00	SNP_6255	9,00	SNP_5988	9,00	SNP_2097	10,74	SNP_1404	17,62	SNP_982	34,26
SNP_2032	9,00	SNP_3369	9,00	SNP_4139	9,00	SNP_4723	9,00	SNP_5317	9,00	SNP_5755	9,00	SNP_6256	9,00	SNP_6034	9,00	SNP_2098	10,74	SNP_1403	17,94	SNP_983	34,58
SNP_2033	9,00	SNP_3370	9,00	SNP_4156	9,00	SNP_4766	9,00	SNP_5319	9,00	SNP_5756	9,00	SNP_6275	9,00	SNP_6054	9,00	SNP_2535	10,74	SNP_2165	18,82	SNP_984	34,91
SNP_2034	9,00	SNP_3371	9,00	SNP_4164	9,00	SNP_4790	9,00	SNP_5321	9,00	SNP_5758	9,00	SNP_6291	9,00	SNP_6090	9,00	SNP_2536	10,74	SNP_812	19,91	SNP_988	37,36
SNP_2504	9,00	SNP_3390	9,00	SNP_4166	9,00	SNP_4792	9,00	SNP_5326	9,00	SNP_5786	9,00	SNP_6316	9,00	SNP_6118	9,00	SNP_4385	10,74	SNP_814	20,02	SNP_989	37,90
SNP_2505	9,00	SNP_3391	9,00	SNP_4167	9,00	SNP_4815	9,00	SNP_5346	9,00	SNP_5796	9,00	SNP_6317	9,00	SNP_6129	9,00	SNP_4441	10,74	SNP_815	20,13	SNP_4813	39,20
SNP_2506	9,00	SNP_3393	9,00	SNP_4192	9,00	SNP_4816	9,00	SNP_5348	9,00	SNP_5797	9,00	SNP_6322	9,00	SNP_6169	9,00	SNP_4442	10,74	SNP_2164	20,24	SNP_3136	40,51
SNP_2507	9,00	SNP_3432	9,00	SNP_4193	9,00	SNP_4817	9,00	SNP_5395	9,00	SNP_5800	9,00	SNP_6351	9,00	SNP_6185	9,00	SNP_4443	10,74	SNP_813	20,35	SNP_6328	40,84
SNP_2508	9,00	SNP_3539	9,00	SNP_4199	9,00	SNP_4819	9,00	SNP_5396	9,00	SNP_5801	9,00	SNP_6377	9,00	SNP_6190	9,00	SNP_4545	10,74	SNP_5307	20,46	SNP_3135	41,38
SNP_2509	9,00	SNP_3573	9,00	SNP_4200	9,00	SNP_4832	9,00	SNP_5420	9,00	SNP_5832	9,00	SNP_6384	9,00	SNP_6217	9,00	SNP_4546	10,74	SNP_810	21,01	SNP_3137	42,47
SNP_2534	9,00	SNP_3574	9,00	SNP_4201	9,00	SNP_4848	9,00	SNP_5421	9,00	SNP_5849	9,00	SNP_6425	9,00	SNP_6254	9,00	SNP_4675	10,74	SNP_797	21,56	SNP_3134	43,99
SNP_2594	9,00	SNP_3616	9,00	SNP_4211	9,00	SNP_4849	9,00	SNP_5422	9,00	SNP_5852	9,00	SNP_6426	9,00	SNP_6287	9,00	SNP_5712	10,74	SNP_798	21,66	SNP_3133	44,31
SNP_2595	9,00	SNP_3640	9,00	SNP_4281	9,00	SNP_4876	9,00	SNP_5428	9,00	SNP_5853	9,00	SNP_3782	9,00	SNP_6330	9,00	SNP_5713	10,74	SNP_801	21,77	SNP_3132	44,64
SNP_2596	9,00	SNP_3641	9,00	SNP_4282	9,00	SNP_4877	9,00	SNP_5454	9,00	SNP_5868	9,00	SNP_5423	9,00	SNP_6348	9,00	SNP_1823	10,74	SNP_799	21,88	SNP_1851	44,97
SNP_2623	9,00	SNP_3727	9,00	SNP_4299	9,00	SNP_4888	9,00	SNP_5458	9,00	SNP_5872	9,00	SNP_5453	9,00	SNP_6424	9,00	SNP_1822	10,74	SNP_803	21,99	SNP_1850	45,29
SNP_2677	9,00	SNP_3728	9,00	SNP_4300	9,00	SNP_4911	9,00	SNP_5463	9,00	SNP_5873	9,00	SNP_5150	9,00	SNP_4165	9,11	SNP_1824	10,74	SNP_802	22,10	SNP_1847	46,17
SNP_2678	9,00	SNP_3730	9,00	SNP_4301	9,00	SNP_4927	9,00	SNP_5482	9,00	SNP_5890	9,00	SNP_6146	9,00	SNP_5883	9,65	SNP_2216	10,74	SNP_804	22,21	SNP_1848	46,49
SNP_2679	9,00	SNP_3741	9,00	SNP_4314	9,00	SNP_4928	9,00	SNP_5483	9,00	SNP_5891	9,00	SNP_3668	9,00	SNP_5252	10,19	SNP_3086	10,74	SNP_807	22,32	SNP_1849	46,82
SNP_2744	9,00	SNP_3751	9,00	SNP_4315	9,00	SNP_4930	9,00	SNP_5484	9,00	SNP_5893	9,00	SNP_3188	9,00	SNP_6055	10,19	SNP_4731	10,74	SNP_805	22,42	SNP_1852	47,15
SNP_2745	9,00	SNP_3770	9,00	SNP_4319	9,00	SNP_4937	9,00	SNP_5504	9,00	SNP_5894	9,00	SSR_0017	9,00	SNP_6229	10,74	SNP_4732	10,74	SNP_809	22,53	SNP_513	48,58
SNP_2746	9,00	SNP_3771	9,00	SNP_4353	9,00	SNP_4938	9,00	SNP_5513	9,00	SNP_5907	9,00	SSR_1045	9,00	SNP_3577	10,74	SSR_0943	10,74	SNP_808	22,64	SNP_505	49,46
SNP_2749	9,00	SNP_3772	9,00	SNP_4355	9,00	SNP_4939	9,00	SNP_5514	9,00	SNP_5985	9,00	SSR_1096	9,00	SNP_4525	10,74	SSR_0975	10,74	SNP_793	23,19	SNP_518	49,79
SNP_2750	9,00	SNP_3781	9,00	SNP_4359	9,00	SNP_4940	9,00	SNP_5518	9,00	SNP_5986	9,00	SNP_1411	9,00	SNP_2438	10,74	SNP_2099	10,74	SNP_794	23,30	SNP_506	50,11
SNP_2783	9,00	SNP_3793	9,00	SNP_4360	9,00	SNP_4941	9,00	SNP_5524	9,00	SNP_5992	9,00	SNP_1412	9,00	SNP_2439	10,74	SNP_4171	10,85	SNP_795	23,41	SNP_507	50,99
SNP_2784	9,00	SNP_3794	9,00	SNP_4361	9,00	SNP_4961	9,00	SNP_5525	9,00	SNP_6006	9,00	SNP_3392	9,00	SNP_2570	10,74	SSR_0159	11,43	SNP_796	23,52	SNP_508	51,31
SNP_2785	9,00	SNP_3799	9,00	SNP_4381	9,00	SNP_4973	9,00	SNP_5527	9,00	SNP_6038	9,00	SNP_3783	9,00	SNP_3294	10,74	SNP_657	12,01	SNP_792	24,07	SNP_509	52,19
SNP_2788	9,00	SNP_3808	9,00	SNP_4396	9,00	SNP_5020	9,00	SNP_5534	9,00	SNP_6040	9,00	SNP_3784	9,00	SNP_3295	10,74	SNP_2473	12,58	SNP_816	24,18	SNP_510	53,07
SNP_2789	9,00	SNP_3912	9,00	SNP_4397	9,00	SNP_5021	9,00	SNP_5540	9,00	SNP_6043	9,00	SNP_4136	9,00	SNP_3296	10,74	SNP_4084	12,58	SNP_817	24,28	SNP_512	54,04
SNP_2790	9,00	SNP_3913	9,00	SNP_4416	9,00	SNP_5059	9,00	SNP_5560	9,00	SNP_6048	9,00	SNP_4157	9,00	SNP_3383	10,74	SNP_2474	12,58	SNP_818	24,39	SNP_511	54,37
SNP_2803	9,00	SNP_3934	9,00	SNP_4431	9,00	SNP_5073	9,00	SNP_5561	9,00	SNP_6050	9,00	SNP_4320	9,00	SNP_3384	10,74	SNP_3112	13,12	SNP_819	24,50	SNP_514	55,25
SNP_2804	9,00	SNP_3940	9,00	SNP_4432	9,00	SNP_5074	9,00	SNP_5564	9,00	SNP_6105	9,00	SNP_4398	9,00	SNP_3576	10,74	SNP_6490	14,25	SNP_6344	25,05	SNP_515	55,57
SNP_2805	9,00	SNP_3941	9,00	SNP_4458	9,00	SNP_5080	9,00	SNP_5606	9,00	SNP_6106	9,00	SNP_4580	9,00	SNP_3874	10,74	SNP_2973	14,36	SNP_2480	25,16	SNP_516	56,33
SNP_3003	9,00	SNP_3942	9,00	SNP_4492	9,00	SNP_5081	9,00	SNP_5607	9,00	SNP_6125	9,00	SNP_4791	9,00	SNP_4172	10,74	SNP_1443	14,36	SNP_806	25,27	SNP_517	56,88
SNP_3004	9,00	SNP_3943	9,00	SNP_4499	9,00	SNP_5083	9,00	SNP_5638	9,00	SNP_6128	9,00	SNP_4931	9,00	SNP_4526	10,74	SNP_1444	14,36	SNP_811	25,38	SNP_519	57,42
SNP_3005	9,00	SNP_3944	9,00	SNP_4502	9,00	SNP_5085	9,00	SNP_5639	9,00	SNP_6139	9,00	SNP_5103	9,00	SNP_4918	10,74	SNP_2155	14,36	SNP_800	25,49	SNP_1437	58,51
SNP_3006	9,00	SNP_3949	9,00	SNP_4503	9,00	SNP_5086	9,00	SNP_5649	9,00	SNP_6156	9,00	SNP_5181	9,00	SNP_5157	10,74	SNP_2972	14,36	SNP_2486	26,58	SNP_1441	60,17
SNP_3031	9,00	SNP_3950	9,00	SNP_4504	9,00	SNP_5087	9,00	SNP_5650	9,00	SNP_6168	9,00	SNP_5242	9,00	SNP_5381	10,74	SNP_3113	14,36	SNP_2484	26,91	SNP_155	60,93
SNP_3186	9,00	SNP_4002	9,00	SNP_4509	9,00	SNP_5088	9,00	SNP_5666	9,00	SNP_6171	9,00	SNP_5263	9,00	SNP_1248	10,74	SNP_4568	14,36	SNP_2483	27,23	SNP_154	61,47
SNP_3187	9,00	SNP_4005	9,00	SNP_4522	9,00	SNP_5089	9,00	SNP_5667	9,00	SNP_6193	9,00	SNP_5329	9,00	SNP_3007	10,74	SNP_1425	14,36	SNP_2482	27,56	SNP_1434	62,23
SNP_3189	9,00	SNP_4046	9,00	SNP_4523	9,00	SNP_5102	9,00	SNP_5675	9,00	SNP_6194	9,00	SNP_5397	9,00	SNP_3008	10,74	SNP_1426	14,36	SNP_2481	27,88	SNP_1435	62,99
SNP_3190	9,00	SNP_4047	9,00	SNP_4549	9,00	SNP_5110	9,00	SNP_5680	9,00	SNP_6197	9,00	SNP_5427	9,00	SNP_3067	10,74	SNP_1427	14,36	SNP_2485	28,76	SNP_1436	63,75
SNP_3191	9,00	SNP_4048	9,00	SNP_4556	9,00	SNP_5118	9,00	SNP_5683	9,00	SNP_6198	9,00	SNP_5455	9,00	SNP_3068	10,74	SNP_1429	14,36	SNP_985	29,64	SNP_1438	64,52
SNP_3246	9,00	SNP_4049	9,00	SNP_4611	9,00	SNP_5119	9,00	SNP_5684	9,00	SNP_6199	9,00	SNP_5466	9,00	SNP_3069	10,74	SNP_1428	14,36	SNP_986	29,96	SNP_1439	65,28
SNP_3247	9,00	SNP_4080	9,00	SNP_4630	9,00	SNP_5120	9,00	SNP_5689	9,00	SNP_6205	9,00	SNP_5505	9,00	SNP_3070	10,74	SNP_6284	15,34	SNP_987	30,29	SNP_1440	66,04
SNP_3248	9,00	SNP_4090	9,00	SNP_4636	9,00	SNP_5127	9,00	SNP_5691	9,00	SNP_6206	9,00	SNP_5668	9,00	SNP_4294	10,74	SNP_4533	15,66	SNP_976	32,30	SNP_129	66,80
SNP_3255	9,00	SNP_4116	9,00	SNP_4641	9,00	SNP_5130	9,00	SNP_5692	9,00	SNP_6225	9,00	SNP_5730	9,00	SNP_3071	10,74	SNP_4532	15,99	SNP_977	32,63	SNP_131	68,65
SNP_3256	9,00	SNP_4117	9,00	SNP_4642	9,00	SNP_5149	9,00	SNP_5696	9,00	SNP_6234	9,00	SNP_5748	9,00	SNP_4384	10,74	SNP_4531	16,31	SNP_978	32,95	SNP_135	68,98
SNP_3257	9,00	SNP_4118	9,00	SNP_4643	9,00	SNP_5178	9,00	SNP_5720	9,00	SNP_6235	9,00	SNP_5757	9,00	SNP_1247	10,74	SNP_3864	16,64	SNP_979	33,28	SNP_136	69,31

GL10	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P
SNP_132	69,63	SNP_3553	0,00	SSR_0826	46,94	SNP_5125	50,81	SNP_3982	50,81	SNP_5587	50,81	SNP_3520	50,81	SNP_4348	50,81	SNP_4934	50,81	SNP_5553	50,81
SNP_137	70,51	SNP_3552	0,00	SNP_3742	47,49	SNP_4976	50,81	SNP_3983	50,81	SNP_5588	50,81	SNP_3521	50,81	SNP_4349	50,81	SNP_4957	50,81	SNP_5555	50,81
SNP_138	70,83	SNP_123	0,00	SNP_3356	48,04	SNP_5674	50,81	SNP_3986	50,81	SNP_5614	50,81	SNP_3526	50,81	SNP_4350	50,81	SNP_4958	50,81	SNP_5556	50,81
SNP_139	71,71	SNP_124	4,13	SNP_3357	48,04	SNP_3923	50,81	SNP_3987	50,81	SNP_5623	50,81	SNP_3527	50,81	SNP_4378	50,81	SNP_4959	50,81	SNP_5563	50,81
SNP_140	72,47	SNP_125	5,25	SNP_1316	48,37	SNP_4078	50,81	SNP_3988	50,81	SNP_5624	50,81	SNP_3528	50,81	SNP_4413	50,81	SNP_4974	50,81	SNP_5569	50,81
SNP_141	72,47	SNP_126	5,25	SNP_1314	48,37	SNP_1860	50,81	SNP_4007	50,81	SNP_5735	50,81	SNP_3549	50,81	SNP_4414	50,81	SNP_4975	50,81	SNP_5578	50,81
SNP_142	72,47	SNP_127	5,25	SNP_1313	48,37	SNP_1861	50,81	SNP_4021	50,81	SNP_5736	50,81	SNP_3550	50,81	SNP_4415	50,81	SNP_4985	50,81	SNP_5584	50,81
SNP_144	73,02	SNP_128	6,48	SNP_1315	48,37	SNP_1862	50,81	SNP_4074	50,81	SNP_5984	50,81	SNP_3551	50,81	SNP_4440	50,81	SNP_4986	50,81	SNP_5595	50,81
SNP_143	73,02	SNP_117	7,60	SNP_6430	49,49	SNP_2100	50,81	SNP_4153	50,81	SNP_6083	50,81	SNP_3554	50,81	SNP_4446	50,81	SNP_5028	50,81	SNP_5637	50,81
SNP_145	73,02	SNP_118	8,25	SNP_911	49,82	SNP_2101	50,81	SNP_4194	50,81	SNP_6116	50,81	SNP_3555	50,81	SNP_4475	50,81	SNP_5029	50,81	SNP_5681	50,81
SNP_146	73,02	SNP_6393	8,25	SNP_1312	49,82	SNP_2102	50,81	SNP_4204	50,81	SNP_6172	50,81	SNP_3556	50,81	SNP_4476	50,81	SNP_5032	50,81	SNP_5687	50,81
SNP_147	73,02	SNP_119	8,25	SNP_910	49,82	SNP_2225	50,81	SNP_4205	50,81	SNP_6173	50,81	SNP_3557	50,81	SNP_4485	50,81	SNP_5055	50,81	SNP_5698	50,81
SNP_148	73,78	SNP_120	8,25	SNP_907	49,82	SNP_2228	50,81	SNP_4206	50,81	SNP_6303	50,81	SNP_3614	50,81	SNP_4519	50,81	SNP_5065	50,81	SNP_5702	50,81
SNP_149	74,87	SNP_121	9,13	SNP_668	49,82	SNP_2229	50,81	SNP_4216	50,81	SNP_5444	50,81	SNP_3747	50,81	SNP_4520	50,81	SNP_5129	50,81	SNP_5703	50,81
SNP_150	75,54	SNP_122	10,22	SNP_905	49,82	SNP_2230	50,81	SNP_4217	50,81	SNP_5091	50,81	SNP_3883	50,81	SNP_4534	50,81	SNP_5161	50,81	SNP_5716	50,81
SNP_153	76,08	SNP_6427	11,66	SNP_908	49,82	SNP_2253	50,81	SNP_4229	50,81	SNP_5960	50,81	SNP_3884	50,81	SNP_4535	50,81	SNP_5162	50,81	SNP_5726	50,81
SNP_152	76,41	SNP_2174	11,99	SNP_909	49,82	SNP_2281	50,81	SNP_4238	50,81	SNP_4035	50,81	SNP_3885	50,81	SNP_4543	50,81	SNP_5163	50,81	SNP_5727	50,81
SNP_151	76,73	SNP_2173	12,31	SNP_912	49,82	SNP_2282	50,81	SNP_4256	50,81	SNP_4070	50,81	SNP_3922	50,81	SNP_4544	50,81	SNP_5166	50,81	SNP_5741	50,81
SSR_0905	77,34	SNP_1722	14,18	SNP_669	49,82	SNP_2283	50,81	SNP_4258	50,81	SNP_2226	50,81	SNP_3954	50,81	SNP_4548	50,81	SNP_5167	50,81	SNP_5743	50,81
SNP_130	84,24	SNP_476	14,73	SNP_671	49,82	SNP_2413	50,81	SNP_4321	50,81	SNP_1042	50,81	SNP_3955	50,81	SNP_4584	50,81	SNP_5184	50,81	SNP_5765	50,81
SNP_133	93,19	SNP_475	15,60	SNP_672	49,82	SNP_2414	50,81	SNP_4333	50,81	SNP_1758	50,81	SNP_3956	50,81	SNP_4585	50,81	SNP_5185	50,81	SNP_5811	50,81
SNP_134	93,73	SNP_168	20,30	SNP_584	49,82	SNP_2622	50,81	SNP_4334	50,81	SNP_1759	50,81	SNP_3978	50,81	SNP_4603	50,81	SNP_5210	50,81	SNP_5823	50,81
SNP_578	95,38	SNP_170	21,39	SNP_582	49,82	SNP_2624	50,81	SNP_4356	50,81	SNP_1873	50,81	SNP_3998	50,81	SNP_4604	50,81	SNP_5211	50,81	SNP_5824	50,81
SNP_1085	95,93	SNP_169	25,92	SNP_583	49,82	SNP_2625	50,81	SNP_4363	50,81	SNP_2061	50,81	SNP_4022	50,81	SNP_4670	50,81	SNP_5216	50,81	SNP_5876	50,81
SNP_1086	104,03	SNP_171	27,23	SNP_673	49,82	SNP_2651	50,81	SNP_4392	50,81	SNP_2144	50,81	SNP_4023	50,81	SNP_4686	50,81	SNP_5217	50,81	SNP_5878	50,81
SNP_1087	104,35	SSR_0829	28,10	SNP_674	49,82	SNP_2799	50,81	SNP_4393	50,81	SNP_2498	50,81	SNP_4033	50,81	SNP_4694	50,81	SNP_5249	50,81	SNP_5879	50,81
SNP_1088	105,24	SNP_156	35,38	SNP_1978	49,82	SNP_2800	50,81	SNP_4508	50,81	SNP_2626	50,81	SNP_4034	50,81	SNP_4705	50,81	SNP_5250	50,81	SNP_5892	50,81
SNP_2927	106,67	SNP_157	35,38	SNP_1979	49,82	SNP_2888	50,81	SNP_4566	50,81	SNP_2627	50,81	SNP_4054	50,81	SNP_4706	50,81	SNP_5269	50,81	SNP_5899	50,81
		SNP_158	35,38	SNP_1980	49,82	SNP_2889	50,81	SNP_4714	50,81	SNP_2642	50,81	SNP_4069	50,81	SNP_4742	50,81	SNP_5275	50,81	SNP_5911	50,81
		SNP_159	35,38	SNP_1981	49,82	SNP_2898	50,81	SNP_4770	50,81	SNP_2643	50,81	SNP_4071	50,81	SNP_4743	50,81	SNP_5276	50,81	SNP_5916	50,81
		SNP_160	35,38	SNP_1982	49,82	SNP_2899	50,81	SNP_4776	50,81	SNP_2716	50,81	SNP_4072	50,81	SNP_4744	50,81	SNP_5289	50,81	SNP_5917	50,81
		SNP_161	35,38	SNP_2556	49,82	SNP_2900	50,81	SNP_4807	50,81	SNP_2717	50,81	SNP_4073	50,81	SNP_4751	50,81	SNP_5308	50,81	SNP_5923	50,81
		SNP_162	35,93	SNP_5094	49,82	SNP_2901	50,81	SNP_4833	50,81	SNP_2874	50,81	SNP_4103	50,81	SNP_4752	50,81	SNP_5316	50,81	SNP_5937	50,81
		SNP_163	35,93	SNP_5095	49,82	SNP_2902	50,81	SNP_4834	50,81	SNP_3009	50,81	SNP_4131	50,81	SNP_4753	50,81	SNP_5369	50,81	SNP_5944	50,81
		SNP_164	35,93	SNP_5096	49,82	SNP_2988	50,81	SNP_4839	50,81	SNP_3033	50,81	SNP_4132	50,81	SNP_4761	50,81	SNP_5370	50,81	SNP_5963	50,81
		SNP_165	37,04	SNP_1302	49,82	SNP_2989	50,81	SNP_5048	50,81	SNP_3034	50,81	SNP_4145	50,81	SNP_4762	50,81	SNP_5391	50,81	SNP_5971	50,81
		SNP_166	37,59	SNP_1303	49,82	SNP_2990	50,81	SNP_5049	50,81	SNP_3035	50,81	SNP_4146	50,81	SNP_4777	50,81	SNP_5394	50,81	SNP_5974	50,81
		SNP_167	37,59	SNP_1305	49,82	SNP_3148	50,81	SNP_5071	50,81	SNP_3201	50,81	SNP_4147	50,81	SNP_4804	50,81	SNP_5399	50,81	SNP_5975	50,81
		SNP_2250	38,71	SNP_1306	49,82	SNP_3149	50,81	SNP_5175	50,81	SNP_3203	50,81	SNP_4184	50,81	SNP_4805	50,81	SNP_5424	50,81	SNP_5978	50,81
		SNP_2251	38,71	SNP_2550	49,82	SNP_3157	50,81	SNP_5196	50,81	SNP_3204	50,81	SNP_4252	50,81	SNP_4806	50,81	SNP_5436	50,81	SNP_6004	50,81
		SSR_0898	42,06	SNP_3627	49,82	SNP_3158	50,81	SNP_5197	50,81	SNP_3222	50,81	SNP_4253	50,81	SNP_4835	50,81	SNP_5437	50,81	SNP_6060	50,81
		SNP_1988	45,28	SNP_3687	49,82	SNP_3234	50,81	SNP_5274	50,81	SNP_3382	50,81	SNP_4254	50,81	SNP_4855	50,81	SNP_5478	50,81	SNP_6069	50,81
		SNP_2806	45,28	SNP_3688	49,82	SNP_3235	50,81	SNP_5340	50,81	SNP_3435	50,81	SNP_4264	50,81	SNP_4859	50,81	SNP_5480	50,81	SNP_6087	50,81
		SNP_2807	45,28	SNP_4795	49,82	SNP_3314	50,81	SNP_5341	50,81	SNP_3439	50,81	SNP_4273	50,81	SNP_4864	50,81	SNP_5481	50,81	SNP_6088	50,81
		SNP_2808	45,28	SNP_6262	49,82	SNP_3315	50,81	SNP_5405	50,81	SNP_3440	50,81	SNP_4274	50,81	SNP_4865	50,81	SNP_5515	50,81	SNP_6127	50,81
		SNP_6493	45,28	SNP_1304	49,82	SNP_3316	50,81	SNP_5443	50,81	SNP_3459	50,81	SNP_4275	50,81	SNP_4889	50,81	SNP_5530	50,81	SNP_6131	50,81
		SNP_5046	46,39	SNP_670	49,82	SNP_3399	50,81	SNP_5451	50,81	SNP_3460	50,81	SNP_4276	50,81	SNP_4912	50,81	SNP_5531	50,81	SNP_6141	50,81
		SNP_503	46,94	SNP_906	49,82	SNP_3400	50,81	SNP_5452	50,81	SNP_3508	50,81	SNP_4277	50,81	SNP_4923	50,81	SNP_5547	50,81	SNP_6145	50,81
		SNP_2167	46,94	SNP_2963	49,82	SNP_3558	50,81	SNP_5550	50,81	SNP_3509	50,81	SNP_4295	50,81	SNP_4924	50,81	SNP_5548	50,81	SNP_6153	50,81
		SNP_2166	46,94	SNP_6293	50,71	SNP_3559	50,81	SNP_5551	50,81	SNP_3510	50,81	SNP_4296	50,81	SNP_4933	50,81	SNP_5552	50,81	SNP_6202	50,81

GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P	GL11	P
SNP_6203	50,81	SNP_6345	50,81	SNP_2869	51,47	SNP_3812	56,90	SNP_5350	62,34	SNP_4230	66,90	SNP_1767	70,81	SNP_1495	74,18	SSR_0816	74,51	SNP_1539	91,21
SNP_6221	50,81	SNP_3764	50,81	SNP_2870	51,58	SNP_3813	57,01	SNP_5413	62,44	SNP_5268	66,90	SNP_1768	70,92	SNP_1496	74,18	SSR_0953	75,60	SNP_1540	91,21
SNP_6226	50,81	SNP_3768	50,81	SNP_2871	51,68	SNP_3840	57,12	SNP_5464	62,55	SNP_5277	66,90	SNP_1769	71,03	SNP_1497	74,18	SNP_5019	77,27	SNP_1541	91,21
SNP_6227	50,81	SNP_5500	50,81	SNP_2872	51,79	SNP_3841	57,23	SNP_5465	62,66	SNP_5290	66,90	SNP_1853	71,14	SNP_1498	74,18	SNP_1163	77,82	SNP_1542	91,21
SNP_6250	50,81	SNP_4257	50,81	SNP_2877	51,90	SNP_3906	57,34	SNP_5506	62,77	SNP_5398	66,90	SNP_1854	71,25	SNP_1499	74,18	SNP_1164	77,82	SNP_1543	91,21
SNP_6279	50,81	SNP_4357	50,81	SNP_2878	52,01	SNP_3953	57,44	SNP_5544	62,88	SNP_5426	66,90	SNP_1855	71,36	SNP_1500	74,18	SNP_2011	77,82	SNP_2188	91,21
SNP_6292	50,81	SNP_4358	50,81	SNP_2951	52,12	SNP_4189	57,55	SNP_5545	62,99	SNP_5554	66,90	SNP_1856	71,47	SNP_1501	74,18	SNP_1159	77,82	SNP_2189	91,21
SNP_6329	50,81	SNP_4693	50,81	SNP_2952	52,23	SNP_4190	57,66	SNP_5557	63,10	SNP_5635	66,90	SNP_1857	71,58	SNP_1502	74,18	SNP_1160	77,82	SNP_2376	91,21
SNP_6357	50,81	SNP_1301	50,81	SNP_2953	52,34	SNP_4191	57,77	SNP_5559	63,21	SNP_5697	66,90	SNP_1858	71,68	SNP_1503	74,18	SNP_1162	77,82	SNP_2845	91,21
SNP_6367	50,81	SNP_2458	50,81	SNP_2954	52,44	SNP_4297	57,88	SNP_5566	63,31	SNP_5714	66,90	SNP_2076	71,79	SNP_1504	74,18	SNP_1157	78,37	SNP_2846	91,21
SNP_6407	50,81	SSR_0029	50,81	SNP_2955	52,55	SNP_4298	57,99	SNP_5596	63,42	SNP_5819	66,90	SNP_2077	71,90	SNP_1505	74,18	SNP_1168	78,48	SNP_2847	91,21
SNP_6409	50,81	SSR_0452	50,81	SNP_3054	52,66	SNP_4375	58,10	SNP_5600	63,53	SNP_6044	66,90	SNP_2078	72,01	SNP_1619	74,18	SNP_1141	78,48	SNP_6356	91,21
SNP_6421	50,81	SSR_0851	50,81	SNP_3063	52,77	SNP_4377	58,21	SNP_5678	63,64	SNP_6325	66,90	SNP_2109	72,12	SNP_2043	74,18	SNP_1142	78,48	SNP_2190	91,21
SNP_6440	50,81	SNP_2227	50,81	SNP_3232	52,88	SNP_4419	58,31	SNP_5679	63,75	SNP_6369	66,90	SNP_2111	72,23	SNP_2047	74,18	SNP_1145	78,48	SNP_3025	91,21
SNP_6461	50,81	SNP_2644	50,81	SNP_3237	52,99	SNP_4436	58,42	SNP_5685	63,86	SNP_6411	66,90	SNP_2112	72,34	SNP_2048	74,18	SNP_1146	78,48	SNP_3026	91,21
SNP_6501	50,81	SNP_3202	50,81	SNP_3238	53,10	SNP_4437	58,53	SNP_5791	63,97	SNP_4376	67,01	SNP_2113	72,44	SNP_2354	74,18	SNP_1158	78,48	SSR_0008	92,74
SNP_2062	50,81	SNP_3511	50,81	SNP_3288	53,21	SNP_4438	58,64	SNP_5880	64,08	SNP_4890	67,12	SNP_2150	72,55	SNP_2355	74,18	SNP_1161	78,48	SNP_3260	92,74
SNP_2457	50,81	SNP_3694	50,81	SNP_3289	53,31	SNP_4513	58,75	SNP_5900	64,18	SNP_5382	67,23	SNP_2151	72,66	SNP_2359	74,18	SNP_1165	78,48	SNP_1375	93,83
SNP_2680	50,81	SNP_4685	50,81	SNP_3290	53,42	SNP_4514	58,86	SNP_5901	64,29	SNP_5881	67,34	SNP_2152	72,77	SNP_2360	74,18	SNP_1166	78,48	SNP_1377	93,83
SNP_2681	50,81	SNP_4713	50,81	SNP_3301	53,53	SNP_4515	58,97	SNP_5950	64,40	SNP_5956	67,44	SNP_2340	72,88	SNP_2361	74,18	SNP_1167	78,48	SNP_1705	93,83
SNP_2711	50,81	SNP_4856	50,81	SNP_3377	53,64	SNP_4516	59,08	SNP_5957	64,51	SNP_6051	67,55	SNP_2343	72,99	SNP_2721	74,18	SNP_1143	78,48	SNP_1706	93,83
SNP_2712	50,81	SNP_4954	50,81	SNP_3378	53,75	SNP_4569	59,18	SNP_5968	64,62	SSR_0327	67,66	SNP_2344	73,10	SNP_2722	74,18	SNP_1144	79,03	SNP_1707	93,83
SNP_3757	50,81	SNP_4987	50,81	SNP_3379	53,86	SNP_4570	59,29	SNP_5969	64,73	SNP_1200	67,77	SNP_2345	73,21	SNP_2723	74,18	SNP_2456	81,91	SNP_4128	93,83
SNP_3758	50,81	SNP_4988	50,81	SNP_3380	53,97	SNP_4692	59,40	SNP_5972	64,84	SNP_1201	67,88	SNP_2346	73,31	SNP_2726	74,18	SNP_4101	82,46	SNP_4129	93,83
SNP_3759	50,81	SNP_5173	50,81	SNP_3401	54,08	SNP_4718	59,51	SNP_5973	64,94	SNP_1202	67,99	SNP_2347	73,42	SNP_2727	74,18	SNP_4102	82,46	SNP_4130	93,83
SNP_3760	50,81	SNP_5174	50,81	SNP_3402	54,18	SNP_4719	59,62	SNP_6117	65,05	SNP_1203	68,10	SNP_2736	73,53	SNP_2924	74,18	SNP_3899	82,46	SNP_4249	93,83
SNP_3761	50,81	SNP_5562	50,81	SNP_3403	54,29	SNP_4885	59,73	SNP_6166	65,16	SNP_1204	68,21	SNP_2737	73,64	SNP_2925	74,18	SNP_2030	83,33	SNP_2494	94,16
SNP_3762	50,81	SNP_5605	50,81	SNP_3454	54,40	SNP_4886	59,84	SNP_6207	65,27	SNP_1205	68,31	SNP_2738	73,75	SNP_2926	74,18	SNP_2156	83,88	SNP_2492	94,27
SNP_3763	50,81	SNP_5634	50,81	SNP_3455	54,51	SNP_4887	59,94	SNP_6334	65,38	SNP_1206	68,42	SNP_2739	73,86	SNP_4182	74,18	SNP_2157	83,88	SNP_3261	94,27
SNP_3765	50,81	SNP_5734	50,81	SNP_3494	54,62	SNP_4913	60,05	SNP_6419	65,49	SNP_1207	68,53	SNP_1400	74,18	SNP_4183	74,18	SNP_1536	85,33	SNP_2338	95,38
SNP_3766	50,81	SNP_5785	50,81	SNP_3495	54,73	SNP_4914	60,16	SNP_6420	65,60	SNP_1292	68,64	SNP_1401	74,18	SNP_1616	74,18	SNP_1537	85,33	SNP_2493	95,49
SNP_3767	50,81	SNP_5874	50,81	SNP_3501	54,84	SNP_4915	60,27	SNP_6438	65,71	SNP_1293	68,75	SNP_1402	74,18	SNP_1617	74,18	SNP_3989	85,33	SNP_2339	96,04
SNP_4247	50,81	SNP_5877	50,81	SNP_3502	54,94	SNP_4916	60,38	SNP_6439	65,81	SNP_1294	68,86	SNP_2042	74,18	SNP_1618	74,18	SNP_5344	85,33	SSR_0464	96,14
SNP_4248	50,81	SNP_5926	50,81	SNP_3560	55,05	SNP_4977	60,49	SNP_6451	65,92	SNP_1295	68,97	SNP_2044	74,18	SNP_1399	74,18	SNP_1533	85,33	SNP_2655	96,25
SNP_4410	50,81	SNP_5949	50,81	SNP_3561	55,16	SNP_4978	60,60	SNP_6474	66,03	SNP_1296	69,08	SNP_2045	74,18	SNP_1490	74,18	SNP_1534	85,44	SNP_2935	97,35
SNP_4411	50,81	SNP_5979	50,81	SNP_3569	55,27	SNP_5005	60,71	SNP_6479	66,14	SNP_1297	69,18	SNP_2046	74,18	SNP_2052	74,18	SNP_1535	85,44	SNP_2937	98,78
SNP_4412	50,81	SNP_6005	50,81	SNP_3570	55,38	SNP_5006	60,81	SNP_6485	66,25	SNP_1298	69,29	SNP_2050	74,18	SNP_2725	74,18	SNP_1132	86,10	SNP_2936	99,11
SNP_4797	50,81	SNP_6089	50,81	SNP_3571	55,49	SNP_5050	60,92	SNP_2740	66,58	SNP_1342	69,40	SNP_2051	74,18	SNP_2728	74,18	SNP_1131	86,97	SNP_2743	99,44
SNP_4798	50,81	SNP_6108	50,81	SNP_3608	55,60	SNP_5051	61,03	SNP_5781	66,90	SNP_1343	69,51	SNP_2053	74,18	SNP_3262	74,51	SNP_1336	89,36	SNP_2742	99,76
SNP_4799	50,81	SNP_6144	50,81	SNP_3689	55,71	SNP_5052	61,14	SNP_5782	66,90	SNP_1344	69,62	SNP_2054	74,18	SNP_1640	74,51	SNP_1337	89,47	SSR_0956	100,09
SNP_4880	50,81	SNP_6147	50,81	SNP_3690	55,81	SNP_5060	61,25	SNP_6335	66,90	SNP_1345	69,73	SNP_2049	74,18	SNP_1641	74,51	SNP_1338	89,57	SNP_2741	100,41
SNP_4881	50,81	SNP_6189	50,81	SNP_3691	55,92	SNP_5067	61,36	SNP_5754	66,90	SNP_1346	69,84	SNP_2356	74,18	SNP_1642	74,51	SNP_2378	90,12		
SNP_4944	50,81	SNP_6245	50,81	SNP_3692	56,03	SNP_5090	61,47	SNP_5371	66,90	SNP_1347	69,94	SNP_2357	74,18	SNP_1644	74,51	SNP_2377	90,23		
SNP_4945	50,81	SNP_6253	50,81	SNP_3695	56,14	SNP_5104	61,58	SNP_5503	66,90	SNP_1348	70,05	SNP_2358	74,18	SNP_1649	74,51	SNP_2375	90,34		
SNP_4946	50,81	SNP_6385	50,81	SNP_3696	56,25	SNP_5105	61,68	SNP_5558	66,90	SNP_1349	70,16	SNP_1488	74,18	SNP_1650	74,51	SNP_2373	90,45		
SNP_5287	50,81	SNP_2814	50,92	SNP_3697	56,36	SNP_5111	61,79	SNP_6418	66,90	SNP_1350	70,27	SNP_1489	74,18	SNP_1651	74,51	SNP_2372	90,56		
SNP_5288	50,81	SNP_2815	51,03	SNP_3698	56,47	SNP_5128	61,90	SNP_2724	66,90	SNP_1351	70,38	SNP_1491	74,18	SNP_1648	74,51	SNP_1339	90,67		
SNP_6021	50,81	SNP_2816	51,14	SNP_3699	56,58	SNP_5225	62,01	SSR_0153	66,90	SNP_1352	70,49	SNP_1492	74,18	SNP_1643	74,51	SNP_1335	90,78		
SNP_6126	50,81	SNP_2817	51,25	SNP_3786	56,68	SNP_5312	62,12	SNP_1284	66,90	SNP_1353	70,60	SNP_1493	74,18	SNP_2128	74,51	SNP_2374	90,88		
SNP_6281	50,81	SNP_2864	51,36	SNP_3811	56,79	SNP_5349	62,23	SNP_2718	66,90	SNP_1766	70,71	SNP_1494	74,18	SNP_2129	74,51	SNP_1538	91,21		

GL, grupos de ligação; P, posição em cM. A direita, marcadores SNP e SSR desenvolvidos pelo SGIL; A esquerda, respectivas posições nos grupos de ligação.