

Divergência genética em linhagens de soja visando a produção de biodiesel no Estado do Tocantins

¹ Elaine Cristina Alves Martins Oliveira, ² Waldesse Pirage de Oliveira Junior, ² Jaqueline das Dores Dias Oliveira, ² Nataly Seribeli Furmigare, ² Joenes Mucci Peluzio

¹ Universidade Federal do Tocantins, *Campus* de Gurupi, Rua Badejós, Lote 7, Chácaras 69/72, Zona Rural, CEP 77402-970, Gurupi, TO, Brasil. E-mail: biocris@mail.uft.edu.br

² Universidade Federal do Tocantins, *Campus* de Palmas, Avenida NS 15, 109 Norte, CEP 77001-090, Palmas, TO, Brasil. E-mails: waldessejunior@mail.uft.edu.br, jaquelinedias@mail.uft.edu.br, joenesp@mail.uft.edu.br, nfirmigare@yahoo.com.br

Resumo: A soja exerce um papel relevante como fonte de matéria prima na produção de biodiesel, sendo então relevantes os programas de melhoramento dessa cultura que visem identificar genótipos com maior percentual de óleo. O trabalho teve como objetivo estudar a diversidade genética de linhagens de soja desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético da Universidade Federal do Tocantins, visando à produção de biodiesel no estado. Foram avaliados seis caracteres agrônômicos: altura da planta (AP), altura do primeiro legume (APL), número de legumes por planta (NLP), número de grãos por planta (NGP), o peso de cem grãos (P100G) e percentual de óleo (% óleo). Foi realizada análise multivariada pelo método de Tocher e UPGMA. Na análise molecular foram utilizados seis *primers* RAPD e a similaridade entre as linhagens foi calculada pelo coeficiente de Jaccard. Para a determinação do percentual de lipídios, foi aplicado o método de Bligh & Dyer (1959). A caracterização molecular e fenotípica foi eficiente em estimar a divergência genética entre as linhagens. O caráter de mais intensa contribuição para a divergência genética, com base no fenótipo das plantas, foi o peso de cem grãos (55,4%), seguido pelo número de grãos por planta (21,7%). As linhagens 26-8, 46-18 e 56-1, são promissoras para a produção de biodiesel.

Palavras Chave: Análise Multivariada, Lipídios, RAPD.

Genetic diversity in soy lineages for biodiesel production in the state of Tocantins

Abstract: The soybean plays a relevant role in the production of biodiesel, being therefore relevant the programs of breeding of that culture that aim to identify genotypes with greater percentage of oil. The work aimed to study the genetic diversity of soybean lines developed by the breeding program of the Federal University of Tocantins, seeking the production of biodiesel in the state. Was evaluate six agronomic traits, namely plant height (PH), first vegetable height (APV), number pods per plant (NPP), number of grains per plant (NGP), the weight of hundred grains (P100G) and oil percentagel (% oil). Multivariate analysis was performed by UPGMA and Tocher. In molecular analysis, six RAPD primers were used and the similarity between lineage was calculated by the Jaccard coefficient. For the determination of lipids, we applied the method of Bligh & Dyer (1959). The molecular and phenotypic characterization were efficient in estimating genetic diversity between lineage. The more stronger character contribution to genetic divergence, based on the phenotype of the plants is the weight of one hundred grains (55.4%), followed by the number of seeds per plant (21.7%). The lineages 26-8, 46-18 and 56-1 are promising for biodiesel production and can be used in breeding programs for the biodiesel production.

Keywords: Multivariate Analysis, Lipids, RAPD.

Introdução

A cultura da soja (*Glycine max*) representa uma das principais fontes de proteína e óleo vegetal, sendo considerada uma das oleaginosas mais estratégicas do mundo. Seu grão, farelo e óleo são *commodities* hoje utilizadas para a produção de diversos produtos (Silva et al., 2016).

Segundo a United States Department of Agriculture [USDA] (2018), a safra mundial de soja 2017/18 será de 346,9 milhões de toneladas de grãos, resultado esse correspondente a 4,4 milhões de toneladas abaixo da safra 2016/17. Porém, mesmo com estimativa de produção inferior a safra passada, na safra atual o consumo mundial foi projetado em 343,2 milhões de toneladas, o que corresponde a um volume recorde segundo o Departamento de Agronegócio da Federação das Indústrias do Estado de São Paulo [Deagro/FIESP] (2018).

Com a busca de matéria-prima para produção de biocombustíveis, o óleo de soja volta a ganhar importância nos programas de melhoramento. Para a produção do biodiesel, faz-se necessário o uso de genótipos com alto teor de óleo, que podem ser identificados através de estudos de divergência genética por meio de técnicas multivariadas, que permite unificar as informações, desta forma cada genótipo será representado por um único valor referente às suas características analisadas (Val et al., 2014).

Dentre os métodos multivariados, o método de otimização de Tocher, da distância de Mahalanobis fundamentada na dissimilaridade, são bastante utilizados na cultura da soja para estimar a divergência genética entre cultivares (Cantelli et al., 2016, Lima, Peluzio, 2015, Peluzio et al., 2014 & Rigon et al., 2012).

O potencial de uso dos marcadores moleculares no melhoramento de plantas é bastante amplo, destacando-se a identificação de genótipos, quantificação da variabilidade genética e estudos de diversidade e distância genética. Na avaliação da divergência genética, destacam-se os marcadores moleculares, pois, quando comparados com outros tipos de marcadores, apresentam maior número de locos polimórficos, o que permite a distinção entre acessos, mesmo com morfologia similar (Moulin et al., 2012).

A técnica do tipo RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) é baseada na amplificação de regiões discretas do genoma por PCR, utilizando *primers* curtos de sequência arbitrária (Williams et al., 1990). Tais marcadores são rotineiramente utilizados em estudos ecológicos, evolutivos, taxonômicos, filogenéticos e genéticos em ciência de plantas (Agarwal et al., 2008).

A avaliação dos caracteres agronômicos juntamente com o uso dos marcadores moleculares, em especial os do tipo RAPD, revelam resultados importantes, por isso são muito utilizados em estudos de variabilidade genética de diversas culturas (Fonseca et al., 2017, Valera-Montero et al., 2016 & Pires et al., 2015). Adicionalmente, acreditamos que este seja um trabalho pioneiro no estudo da diversidade genética molecular em soja, aliada aos caracteres morfológicos, no estado do Tocantins.

Diante do exposto, o objetivo do presente trabalho foi estudar a diversidade genética em linhagens pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal do Tocantins [UFT], utilizando marcadores moleculares e características fenotípicas de importância agronômica, visando identificar combinações genéticas superiores com foco na produção de biodiesel para o Estado do Tocantins.

Material e métodos

Local e condições experimentais

O Experimento foi realizado na UFT, na Estação Experimental do *Campus* Universitário de Palmas, localizado na latitude 10°45' S, longitude 47°14' W a 220 m de altitude. O clima na região, de acordo com a classificação climática de Köppen, é do tipo Aw, tropical úmido com estação de seca bem definida, o que contribui para as altas temperaturas da região. A média anual da evapotranspiração potencial é de 1.500 mm, apresentando temperatura média anual de 27,5 °C e precipitação média anual de 1600 segundo o Instituto Nacional de Meteorologia do Brasil [INMET] (2018).

A semeadura foi realizada em solo do tipo Latossolo Vermelho-Amarelo distrófico, em 30 de julho de 2016.

Durante a condução dos ensaios experimentais (julho a dezembro de 2016) a média de precipitação teve mínima de 0 mm em julho e máxima de 168,8 mm em novembro, já a média de temperatura apresentou mínima de 26,3 °C em dezembro e máxima de 31,5 °C em outubro. Os dados foram registrados pelo Laboratório de Meteorologia e Climatologia da UFT, *Campus* Universitário de Palmas (INMET & UFT, 2016).

O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, com 14 tratamentos e três repetições. Os tratamentos foram representados por 14 linhagens pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da UFT, obtidas após cruzamento entre cultivares comerciais (BR\EMGOPA 314 X A7002) e sucessivos ciclos de autofecundação nas progênes, até a geração F7 (homozigose), , quais sejam elas: 26-7 e 26-8; 45-2; 46-2, 46-3, 46-5, 46-15, 45-16, 46-18, 46-24, 46-27 e 46-28; 56-1 e 56-2.

A parcela experimental foi composta por quatro fileiras de 5,0 m de comprimento, espaçadas por 0,45 m. Na colheita, foram desprezados 0,50 m da extremidade de cada fileira central. A área útil da parcela foi representada pelas duas fileiras centrais.

O preparo do solo foi realizado através de aração e gradagem niveladora convencional, seguida da abertura de sulcos. A adubação de pré-plantio foi realizada manualmente, utilizando 400 kg ha⁻¹ da formulação 5-25-15 no sulco de semeadura. No momento do plantio foi realizado o tratamento das sementes com fungicida, seguido de inoculação das sementes através do uso de inoculante comercial contendo bactérias fixadoras de nitrogênio do gênero *Bradyrhizobium japonicum*. O controle de pragas, doenças, plantas daninhas e irrigação suplementar com aspersores tipo canhão, foram realizados à medida que se fizeram necessários.

Avaliação de caracteres agronômicos

Com base na área útil da parcela, foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos:

a) altura de planta: obtida medindo-se a distância entre o nível do solo até o ápice do caule em 10 plantas; b) inserção do primeiro legume: determinada pela distância entre o nível do solo e a inserção do primeiro legume no caule em 10 plantas; c) número de legumes por planta: foi determinado na colheita contando-se, ao

acaso, o número de legumes por plantas em 10 plantas; d) número de grãos por planta: determinado na colheita contando-se, ao acaso, o número de grãos das vagens colhidas em 10 plantas; e) massa de 100 grãos: após a medida dos grãos, foi efetuada a contagem de três amostras de 100 grãos, sendo as amostras pesadas em balança de precisão com duas casas decimais. A massa de 100 grãos foi determinada pela média das três amostras.

Extração da fração lipídica

Nas duas fileiras centrais de cada parcela, foram colhidas 50 vagens, que foram trilhadas manualmente, sendo os grãos separados e acondicionados em um único saco de papel, identificados por linhagem e transportados para o Laboratório de Pesquisa Agropecuária-LPA do Curso de Engenharia de Alimentos da Universidade Federal do Tocantins-Campus de Palmas, onde foi realizada a secagem e a moagem. Em seguida, foi determinado o teor de óleo dos grãos (%) pelo Método de Bligh e Dyer (1959).

Extração de DNA e análise molecular

Foram utilizadas folhas jovens das 14 linhagens de soja para a extração de DNA a partir do Kit de Extração Thermo FermentasGeneJET™ Plant Genomic DNA Purification Mini Kit, segundo orientações do fabricante.

O DNA foi quantificado em espectrofotômetro (*NanoDrop* ND-1000 UV-Vis. Spectrophotometer, *NanoDrop* Technologies) e absorbância de 260nm. A qualidade do DNA foi analisada por eletroforese em gel de agarose 1,5% a 100 volts por cerca de 2 horas. Foram feitas diluições das amostras em TE+RNase de modo que cada uma estivesse com 20ng µ/L de DNA. As alíquotas foram armazenadas a -20 °C para posterior utilização.

As reações de PCR-RAPD foram desenvolvidas com os reagentes nas seguintes concentrações: 10pmoles de *primer*, 0,2mM de dNTPs, 2U de Taq DNA Polimerase (LGC Biotecnologia), Tampão da Taq (50mM KCl, 10mM Tris-HCl pH 8,3), 20ng de DNA, 1,5mM de MgCl₂ e água destilada ultrapura para completar o volume de 20µL. As amplificações foram realizadas em termociclador a 95 °C por 3 min., 5 ciclos de 94 °C por 40s, 37 °C por 1 min. e 72 °C por 2 min; seguidos de 35 ciclos de 94° por 40s, 40 °C por 1 min. e 72 °C por 2 min. Por fim, foi feita uma extensão de 72 °C por 5 min.

Foram testados 6 *primers*, destes, 5 foram considerados informativos. Para certificar as distâncias genéticas (aos pares) para as 14 linhagens utilizadas, os fragmentos amplificados por PCR-RAPD foram analisados como dados binários, adotando-se o valor 1 para a presença e 0 para a ausência. A partir desses dados foi obtida uma matriz do coeficiente de Jaccard, realizando-se uma análise de agrupamento pelo método hierárquico aglomerativo UPGMA.

Para as características agronômicas, foi aplicado o método de agrupamento de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2), como medida de dissimilaridade. Utilizou-se, também, o critério de Singh (1981), para quantificar a contribuição relativa dessas características na divergência genética.

As médias dos tratamentos foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de significância, sendo as análises estatísticas realizadas utilizando-se o programa Computacional Genes (Cruz, 2016).

Resultados e discussão

Os resultados demonstraram que houve diferenças significativas entre as médias das linhagens para todos os caracteres, ao nível de 5% de significância pelo teste F, demonstrando heterogeneidade entre as linhagens.

O coeficiente de variação oscilou de 2,9 a 28,2%. Para a característica altura de planta (Tabela 1), a linhagem 26-8 apresentou a maior altura (115,6 cm), seguida pelas linhagens 46-18 e 45-2 com 76,0 e 75,3 cm, respectivamente, que não se diferiram estatisticamente entre si. As linhagens 26-8 e 56-1 apresentaram maior altura da inserção do primeiro legume (APL). Por outro lado, as linhagens 46-16, 46-5, 46-24 e 46-3, além de apresentarem baixa altura da inserção do primeiro legume (APL) também tiveram plantas mais baixas. Segundo Almeida et al., (2011), a seleção de plantas muito altas (> 80 cm) e com baixa altura do primeiro legume (<10 cm) poderá acarretar em perdas na colheita mecanizada. Para a maioria das condições das lavouras de soja, a altura mais satisfatória está em torno de 15,0 cm, embora colhedoras mais modernas possam efetuar boa colheita com plantas

apresentando primeiro legume a 10,0 cm (Rocha et al., 2012).

Quanto ao número de legumes por planta (NLP), a linhagem 56-1 apresentou 200,2 legumes, o que a diferenciou estatisticamente das demais. Dentre as linhagens com menor número de legumes, citam-se 46-5 com 29,4 legumes, 46-18 com 20 legumes e 46-16 com 19,6 legumes. Peluzio et al., (2010) encontraram correlação positiva entre número de legumes por planta e produtividade, enfatizando que este é um caráter importante para o rendimento final de grãos, por fazer parte do grupo dos componentes da produção.

As linhagens apresentaram para o número de grãos por planta (NGP) similaridade de comportamento em relação ao NVP. Assim, as que obtiveram maior NGP foram 56-1 com 440,4, seguidas da linhagem 56-2 com 209,5.

A variável com maior estratificação foi o peso de cem grãos (P100G) (Tabela 1), o qual dividiu as linhagens em seis grupos. A linhagem 26-7 destacou-se em relação às demais, com 28,1g, seguida da 56-2 (24,8g), 56-1 (24,6g) e 26-8 (24,4g) que pertenceram ao mesmo grupo de Scott-Knott. O menor peso de grãos foi observado na linhagem 46-24 (15,9g). Ressalta-se que a característica peso de cem grãos apresenta como benefício a economia de sementes no momento do plantio por parte do produtor, além de maior velocidade no processo de germinação e emergência (Souza, 2006).

Quanto ao teor de óleo nas sementes, as linhagens formaram dois grupos, com média de 21% e de 19%. No primeiro grupo, com maior teor de óleo, foram agrupadas as linhagens 46-2 (22,5%), 46-18 (21,1%), 26-8 (21,1%), 46-15 (20,7%), 46-27 (20,4%) e 56-2 (20,2%).

Faria et al., (2018), avaliando cultivares de soja no Tocantins, encontraram teores de óleo variando entre 20,7 e 26,7%. No estudo de Sales et al., (2013), os cultivares estudados apresentaram média de teor de óleo de 23,8%, 21,5% e 19,4%. Rodrigues et al., (2015), trabalharam com dois grupos de grãos de soja, onde o primeiro grupo consistiu de 29 genótipos com alto teor proteico e o segundo grupo consistiu de 22 genótipos com alto teor de óleo. Nesse último grupo, o teor de óleo mínimo foi de 17,28% e o teor máximo correspondente a 23,01%.

Tabela 1. Médias de seis caracteres avaliados em 14 linhagens de soja, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal do Tocantins. Palmas – TO, 2016.

Linhagens	A P	A P L	N L P	N G P	P100G	% ÓLEO
26-7	51,3 c	7,3 d	54,6 b	86,2 d	28,1 a	19,5 b
26-8	115,6 a	15,3 a	75,2 b	133,4 c	24,4 b	21,1 a
45-2	75,3 b	7,0 d	46,1 c	90,2 d	17,5 d	18,4 b
46-2	53,0 c	9,6 c	73,6 b	123,7 c	19,0 c	22,5 a
46-3	40,6 d	8,3 d	77,6 b	145,1 c	18,9 c	18,5 b
46-5	44,3 d	8,6 d	29,4 c	50,1 d	16,2 e	18,5 b
46-15	55,0 c	8,3 d	36,1 c	62,9 d	18,9 c	20,7 a
46-16	43,0 d	7,0 d	19,6 c	38,2 d	14,9 f	17,9 b
46-18	76,0 b	10,0 c	20,1 c	36,1 d	19,7 c	21,1 a
46-24	43,0 d	8,6 d	69,4 b	124,3 c	15,9 e	19,7 b
46-27	56,6 c	8,0 d	54,2 b	108,4 c	16,9 e	20,4 a
46-28	41,3 d	9,0 c	54,7 b	123,1 c	18,3 d	19,9 b
56-1	64,6 c	12,3 b	200,2 a	440,4 a	24,6 b	19,6 b
56-2	46,0 d	10,6 c	97,1 b	209,5 b	24,8 b	20,2 a
MÉDIA	57,5	9,3	117,3	126,5	19,9	19,9
CV (%)	13,9	12,8	24,9	28,2	2,5	5,5

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna constituem grupo estatisticamente homogêneo, a 5 % de significância pelo teste de Scott-Knott.. AP: Altura de Planta (cm); APL: Altura do primeiro legume (cm); NLP: número de legumes por planta; NGP: número de grãos por planta; P100G: peso de cem grãos (gramas) e % óleo: percentual de óleo produzido.

As características com maiores contribuições relativas para a divergência genética, segundo o método de Singh (1981), foram o peso de cem grãos (55,4%), o número de

grãos por planta (21,7%) e o número de legumes por planta (11%) (Tabela 2), devendo ser priorizados na escolha de progenitores em programas de melhoramento.

Tabela 2. Contribuição relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética de 14 linhagens de soja pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal do Tocantins, pelo método proposto por SINGH (1981), em ordem decrescente de importância.

VARIÁVEL	VALOR EM %
P100G	55,4
N G P	21,7
N L P	11
A P	8
% ÓLEO	2,5
A P L	1,4

O método de otimização de Tocher, baseado na matriz de Mahalanobis, separou as 14 linhagens em quatro grupos (Tabela 3). No grupo I ficaram as linhagens 46-3, 46-28, 46-27, 46-15, 45-2, 46-5, 46-24, 46-2, 46-16 e 46-18, indicando que os possíveis cruzamentos dessas cultivares entre si, diminuem a possibilidade de obtenção de genótipos superiores. No grupo II, as linhagens 56-1 e 56-2; no grupo III, a linhagem

26-7 e no grupo IV, a linhagem 26-8.

A utilização de marcadores RAPD, como representado na (Figura 1), revelou a existência de uma série de amplicons específicos para os diferentes genótipos, o que confirma os resultados obtidos pelo agrupamento de Tocher (Tabela 3) de que há a presença de variabilidade genética entre linhagens.

Figura 1. Perfil eletroforético de linhagens de soja pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal do Tocantins (representadas pelos números de 1 a 14) usando o *primer* A7.

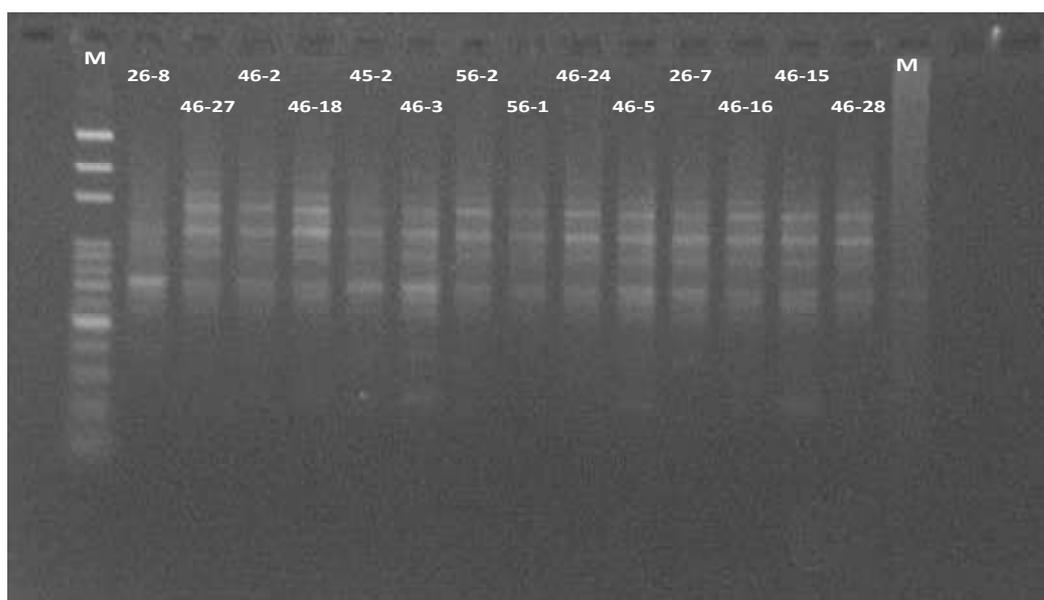


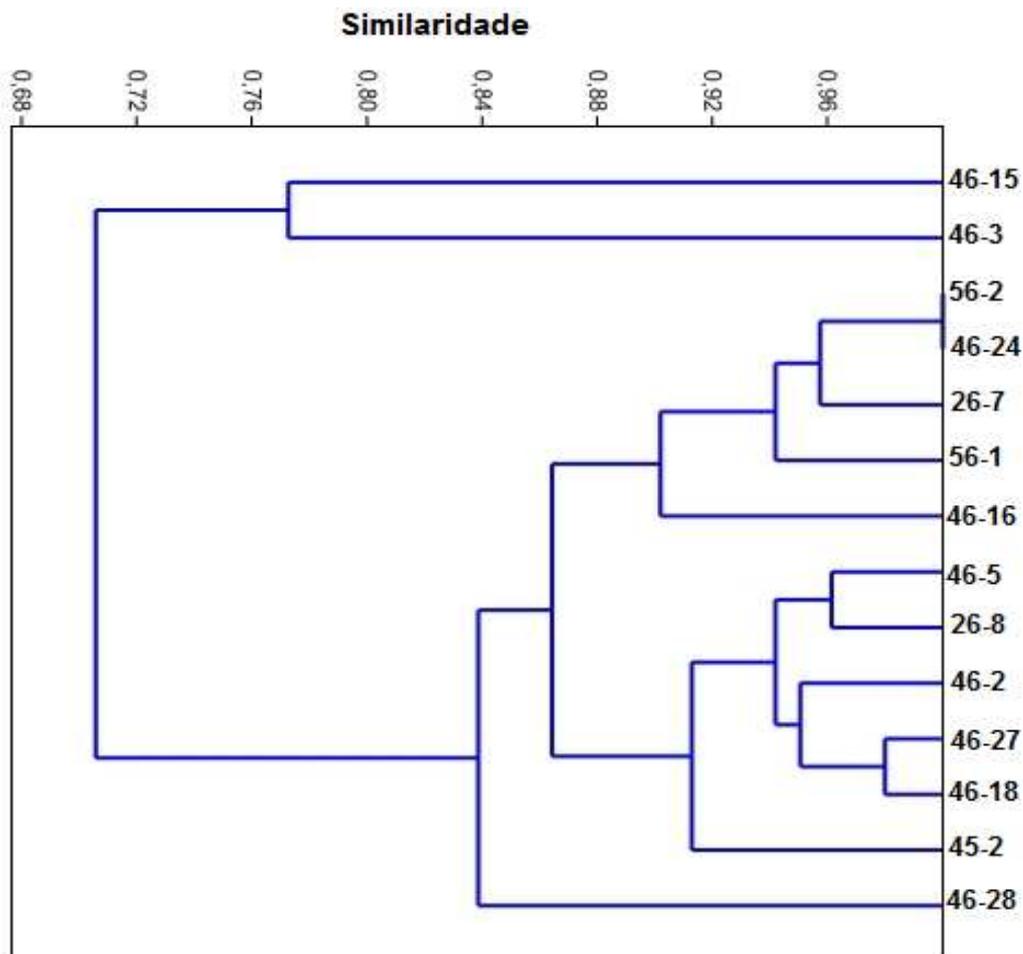
Tabela 3. Agrupamentos revelados pelo método de Tocher, a partir da matriz de dissimilaridade da distância generalizada de Mahalanobis em 14 linhagens de soja pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal do Tocantins.

GRUPOS	LINHAGENS
I	46-3, 46-28, 46-27, 46-15, 45-2, 46-5, 46-24, 46-2, 46-16, 46-18
II	56-1, 56-2
III	26-7
IV	26-8

Utilizando a matriz de Jaccard (Figura 2), identificou-se como mais distantes as linhagens 46-15 e 46-28, já as linhagens 56-2 e 46-24 foram consideradas 100% similares. Foi obtido um dendrograma pelo método UPGMA e o corte a

84% de distância resultou na formação de quatro grupos principais (Figura 2), sendo: grupo (I) 46-15; grupo (II) 46-3; grupo (III) 56-2, 46-24, 26-7, 56-1, 46-16, 46-5, 26-8, 46-2, 46-27, 46-18, 45-2 e grupo (IV) ; 46-28.

Figura 2. Dendrograma da caracterização molecular obtida pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard de 14 linhagens de soja pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal do Tocantins.



Pode-se afirmar que há alta similaridade, acima de 70%, entre as 14 linhagens. Essa alta similaridade genética, analisada através dos marcadores RAPD, pode ser explicada pelo fato de haver a presença de, ao menos, um dos progenitores em comum na genealogia das linhagens.

Quando comparados os grupos formados pelos métodos UPGMA e Tocher, observa-se que houve concordância total quanto ao número de grupos formados, mas parcial quanto à composição dos grupos. Neste último caso, algumas linhagens aparecem no mesmo grupo em ambos os métodos (46-27; 45-2; 46-5; 46-24; 46,2; 46-16; 46;18), enquanto outras que aparecem isoladas no Tocher (26-7 e 26-8), pertencem ao mesmo grupo pelo método UPGMA.

Um aspecto que dificulta a ocorrência de associação entre dados fenotípicos e moleculares é o fato da variação detectada pelos marcadores moleculares ser não adaptativa e, portanto, não sujeita a seleção, ao contrário dos caracteres agrônômicos que são sujeitos tanto à seleção natural quanto artificial, além de sofrerem grande influência ambiental (Vieira et al., 2005).

Ainda assim, o uso conjunto dessas duas técnicas tem se mostrado eficiente. Chioratto et al., (2007) ao caracterizarem a diversidade existente entre 220 acessos de feijão concluíram que descritores agromorfológicos e marcadores moleculares devem ser utilizados juntos em estudos de diversidade, contribuindo para a confiabilidade dos resultados e correta compreensão da relação entre os acessos. Fonseca et al., (2017) utilizando marcadores RAPD no maracujazeiro, concluíram que os descritores morfoagronômicos e os marcadores moleculares são úteis e complementares para a caracterização e a diferenciação das cultivares.

As linhagens reunidas em grupos mais distantes dão um indicativo de serem dissimilares, podendo ser consideradas como promissoras em cruzamentos direcionados. Contudo, apesar da divergência, deve-se sempre associar média elevada e variabilidade para os caracteres avaliados (Martins et al., 2012).

Neste sentido, as linhagens 26-8, 46-15, 56-1, 56-2, são promissoras para a produção de biodiesel, uma vez que foram dissimilares para os dados fenotípicos (Tabela 3), apresentam divergência molecular (Figura 2) e possuem

médias favoráveis para as características agrônômicas (Tabela 1), incluindo o teor de óleo nos grãos. Assim, o cruzamento entre estas linhagens poderia resultar em um maior número de recombinantes desejáveis nas gerações segregantes.

Conclusões

De acordo com a caracterização molecular e fenotípica, há divergência genética entre as linhagens de soja em estudo;

O caráter que mais contribui para a divergência genética, com base no fenótipo das plantas, é o peso de cem grãos (55,4%), seguido pelo número de grãos por planta (21,7%);

Visto o maior teor de óleo, as linhagens 26-8, 46-15, 56-1 e 56-2, são promissoras para a produção de biodiesel, podendo ser utilizadas em fases seguintes do programa de melhoramento genético da Universidade Federal do Tocantins.

Referências

- Agarwal, M., Shrivastava, N., & Padh, H. (2008). Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences. *Plant Cell Reports*, 27, 617–631.
- Almeida, R.D., Peluzio, J.M & Afférrri, F.S. (2011). Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. *Revista Ciência Agrônômica*, 42 (1), 108-115.
- Bligh, E.G., Dyer, & W.J., Can. J. (1959). *Canadian Journal of Biochemistry and Physiology*, 1959, 37 (8), 911-917, <https://doi.org/10.1139/o59-099>
- Cantelli, D.A.V., Hamawaki, O.T, Rocha, M.R, Nogueira, A.P.O., Hamawaki, R.L., Sousa, L.B., & Hamawaki, C.D.L. (2016). Analysis of the genetic divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. *Genetics and Molecular Research*, 15 (4).
- Chiorato, A. F., Carbonell, S. A. M., Benchimol, L. L., Chiavegato, M. B., Dias, L. A. S., & Colombo, C. A. (2007). Genetic diversity in common bean

accessions evaluated by means of morpho-agronomical and RAPD data. *Scientia Agricola*, Piracicaba, 64 (3), 256-262.

Cruz, C.D. (2016). Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum*, 38 (4), 547-552. Doi: 10.4025/actasciagr. v38i4.32629

Departamento de Agronegócio da Federação das Indústrias do Estado de São Paulo. (2018). *Safra Mundial de Soja 2017/18 - 10º Levantamento do USDA*. Recuperado de <http://www.fiesp.com.br/indices-pesquisas-e-publicacoes>

Faria, L.A., Peluzio, J.M., Santos, W.F., Souza, C.M., Colombo, G.A., & Afférrri, F.S. (2018). Oil and protein content in the grain of soybean cultivars at different sowing seasons. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, Recife, 13 (2).

Fonseca, K. G., Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V., Barth, M., & Feldberg, N. P. (2017). Morphoagronomic and molecular characterization of ornamental passion fruit cultivars. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 52 (10), 849-860.

Instituto Nacional de Meteorologia (2016). Recuperado em 10 setembro, 2016, de <http://www.inmet.gov.br>

Instituto Nacional de Meteorologia (2018). Recuperado em 20 junho, 2018, de <http://www.inmet.gov.br>

Lima, M.D., & Peluzio, J.M. (2015). Dissimilaridade genética em cultivares de soja com enfoque no perfil de ácidos graxos visando produzir bicompostível. *Agrária*, 10 (2), 256-261.

Martins, E.C.A., Peluzio, J.M., Coimbra, R. R., & Oliveira Jr., W. P. (2012). Variabilidade fenotípica e divergência genética em clones de batata doce no estado do Tocantins. *Revista Ciência Agronômica*, 43 (4), 691-697.

Moulin, M. M., Rodrigues, R., Gonçalves, L. S. A., Sudré, C. P., & Gonzaga, M. P. (2012). A comparison of RAPD and ISSR markers reveals genetic diversity among sweet potato landraces

(*Ipomoea batatas* (L.) Lam). *Acta Scientiarum Agronomy*, 34, 139-147.

Peluzio, J. M., Afférrri, F., Monteiro, F. J. F., Melo, A. V., & Pimenta, R. S. (2010). Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em várzea irrigada no Tocantins. *Revista Ciência Agronômica*, 41, 427-434.

Peluzio, J. M., Lopes, L. A., Carvalho, E. V., Afférrri, F. S., & Dotto, M. A. (2014). Características agronômicas e divergência genética de cultivares de soja para percentagem de óleo nas sementes. *Revista Ciências Agrárias*, 57 (1), 1-8.

Pires, M. V. V.; Faleiro, F. G.; Silva, J. C. S.; Melo, J. T., & Peixoto, J. R. (2015). Características Morfológicas e Variabilidade Genética de Araticum Utilizando Marcadores RAPD e Microsatélites. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 37 (1), 149-158.

Rigon, J. P. G., Capuani, S., Neto, J. F. B., Rosa, G. M., Wastowski, A. D., & Rigon, C. A. G. (2012). Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. *Revista Ceres*, Viçosa, 59 (2), 233-240.

Rocha, R. S., Silva, J. A. L., Neves, J. A., Sediyaama, T., & Teixeira, R. C. (2012). Desempenho agronômico de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. *Revista Ciência Agronômica*, 43 (1), 154-162.

Rodrigues, J. I. S., Arruda, K. M. A., Cruz, C. D., Piovesan, N. D., Barros, E.G., & Moreira, M.A. (2015). Divergência em QTLs e variância genética para teores de proteína e óleo em soja. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, 50 (11), 1042-1053.

Silva, M. S. et al., (2016). Cadeia de produção agroindustrial do biodiesel na Bahia: caracterização e diagnóstico do elo agropecuário. *Revista Educação, Tecnologia e Cultura*, 14.

Singh, D. (1981). The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The*

Indian Journal of Genetic and Plant Breeding, 41, 237-245.

Souza, E. L. (2006). *Qualidade de sementes de soja comercializadas pela cooperativa agroindustrial COPAGRIL no Paraná* (34f). Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Pelotas. Pelotas, RS, Brasil.

Sales, P.V.G., Peluzio, J. M., Afféri, F. S., Silva, M. C. C., & Sales, V.H.G. (2013) Variabilidade da posição das vagens quanto ao teor de óleo em grãos de soja. *Revista Ciências Agrárias*, 56 (3), 274-277.

United States Department of Agriculture. (2018). Soybeans. Data & Analysis. Disponível em <https://www.fas.usda.gov/commodities/soybeans> Acesso em julho/2018.

Universidade Federal do Tocantins. (2016). *Laboratório de Meteorologia e Climatologia*. Palmas, TO: UFT.

Val, B. H. P., Ferreira Jr., J. A., Bizari, E. H., Di Mauro, A. O., & Trevisoli, S.H.U. (2014). Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. *Ciência & Tecnologia Jaboticabal*, 6 (1), 72-83.

Valera-Montero, L.L., Munoz-Rodriguez, P.J., Silos-Espino, H. & Flores-Benitez, S. (2016). Genetic diversity of guava (*Psidium guajava* L.) from Central Mexico revealed by morphological and RAPD markers. *Phyton*, Buenos Aires, 85 (2), 176-183 .

Vieira, E. A., Carvalho, F. I. F., Oliveira, A. C., Benin, G., Zimmer, P. D., Silva, J. A. G., Martins, A. F., Bertan, E., Silva, G. O., & Schmidt, D. A. M. (2005). Comparação entre medidas de distância genealógica, morfológica e molecular em aveia em experimentos com e sem a aplicação de fungicida. *Bragantia*, Campinas, 64 (1), 51-60.

Williams, J.G., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A., & Tingey, S.V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers, *Nucleic Acids Research*, 18 (22), 6531–6535.

Recebido em: 24/04/2018

Aceito em: 01/04/2019