Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"

Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras

Philip Traldi Wysmierski

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre em Ciências. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2010

Philip Traldi Wysmierski
Engenheiro Agrônomo

Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras

Orientador:
Prof. Dr. **NATAL ANTONIO VELLO**

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre em Ciências. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2010

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Wysmierski, Philip Traldi
Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras / Philip Traldi Wysmierski. - - Piracicaba, 2010.
99 p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2010.
Bibliografia.

1. Coeficiente de parentesco 2. Diversidade genética 3. Marcador molecular 4. Variedades vegetais 5. Vulnerabilidade I. Título

CDD 633.34
W994c

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

DEDICO

A minha esposa, Maryana, que sempre me incentivou, a ponto de se mudar para uma terra desconhecida (Piracicaba) e começar uma nova vida. Por todo carinho, amor, cuidados e principalmente paciência, durante todos aqueles dias em que eu só tinha olhos para meu trabalho.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo.

A CAPES pela concessão da bolsa de estudos

À Universidade de São Paulo e Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” pela inestimável oportunidade de aprendizado e pelo excelente ambiente de trabalho.

Ao prof. Dr. Natal Antonio Vello, pela orientação, ensinamentos, incentivo, paciência e amizade.

A minha esposa e amor da minha vida, Maryana, simplesmente por existir.

A todos os Docentes do Departamento de Genética e Melhoramento de Plantas da ESALQ, pelos ensinamentos e inspirações.

Aos funcionários e amigos do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas: Sr. Antônio Roberto Cogo, Biólogo Claudinei Antonio Didoné e Engº Agrº Mestre Marcos Custódio Nekatschalow, pela convivência, ensinamentos e auxílio.

Aos amigos de laboratório, Inocêncio Oliveira, Flávia Amorim, Marcelo Marques, Dr.ª Regina Priolli, Aliandra Medeiros e Dr. Paulo Fernando Vieira pela ajuda e principalmente pela amizade.

Aos meus pais, Márcia e Michael, minha irmã, Vanessa, minha sogra, Zuleika, e toda minha família, pelo amor, carinho e incentivo durante minha vida.

Às secretárias do programa, Léia e Neusa, pela atenção e auxílio nos momentos de dúvida.

Aos professores da Universidade Estadual de Londrina, em especial Dr. Deonisio Destro, Dr. Josué Maldonado Ferreira e Dr.ª Luzia Doretto Paccola-Meirelles por me colocarem nos caminhos da genética e melhoramento de plantas.

“Raramente a verdade é pura, e nunca é simples.”

Oscar Wilde

“Aquele que fala sem um ouvido atento é mudo.”

Stephen King

“Alguma coisa escapa ao naufrágio das ilusões.”

Machado de Assis

SUMÁRIO

RESUMO 11
ABSTRACT 13
1 INTRODUÇÃO 15
2 DESENVOLVIMENTO 17
2.1 Revisão de Literatura 17
2.1.1 Origem e breve histórico da soja 17
2.1.2 Coeficiente de parentesco 18
2.1.3 Base genética da soja 21
2.1.4 Marcadores moleculares 25
2.1.5 Ampliação da base genética 27
2.2 Material e métodos 29
2.3 Resultados e discussão 33
2.3.1 Genealogias 33
2.3.2 Contribuição genética relativa geral 34
2.3.3 Origem dos ancestrais 36
2.3.4 Análise dos períodos 36
2.3.5 Contribuição genética relativa dos ancestrais das cultivares públicas e privadas 40
2.3.6 Características dos ancestrais 42
2.3.7 Comparação com a base genética da soja de outros países 46
2.3.8 Comparação dos resultados com dados de marcadores moleculares 47
3 CONCLUSÕES 49
REFERÊNCIAS 51
BIBLIOGRAFIA CONSULTADA 57
ANEXOS 63

RESUMO

Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras

A soja é uma oleaginosa com grande destaque na economia mundial. O Brasil é o segundo maior produtor de soja, após os EUA, ressaltando a importância desta cultura para o país. Para que haja progresso genético nesta cultura, é necessário que haja diversidade genética e uma das maneiras de se estimar a diversidade genética de um grupo é através do conceito de base genética, que pode ser definida como o número de ancestrais e a contribuição genética relativa (CGR) de cada um deles para cada cultivar. A CGR pode ser estimada através do coeficiente de parentesco entre os ancestrais e as cultivares. Estudos anteriores concluíram que a base genética da soja era bastante estreita, sendo que apenas quatro ancestrais contribuíam com 48,16% da base genética. O objetivo geral deste estudo foi avaliar as genealogias de 444 cultivares brasileiras de soja para estimar sua base genética atual. Além disso, as cultivares foram divididas de acordo com seu período de lançamento (anterior a 1971, 1971-1980, 1981-1990, 1991-2000 e 2001-2009) ou de acordo com sua origem (pública ou privada) e foi estimada a base genética de cada grupo. Os resultados foram comparados com dados de marcadores moleculares de outros trabalhos. Foram encontrados 60 ancestrais para estas 444 cultivares, sendo que os quatro principais ancestrais (CNS, S-100, Nanking e Tokyo) contribuem com 55,26% e que apenas 14 ancestrais contribuem com mais de 1,00% individualmente para a base genética. Assim, estes 14 ancestrais representam 92,41% da base genética brasileira. Estes dados revelam que a base genética atual da soja brasileira continua bastante estreita, sendo muito similar à base genética da soja dos EUA, com a qual compartilha seis dos principais ancestrais. Na análise dos períodos, foi verificado que houve um aumento no número de ancestrais com o passar do tempo, mas os quatro principais ancestrais foram os mesmos em todos os períodos e sua contribuição ficou mais concentrada, passando de 46,60% no período anterior a 1971 para 57,59% no período 2001-2009, indicando um estreitamento da base genética. Além disso, os novos ancestrais incorporados ao longo do tempo apresentam contribuições muito baixas, sendo que em muitos casos foram incorporados apenas para introduzirem algumas características qualitativas. As 301 cultivares públicas possuem 58 ancestrais e CGRs bastante similares ao conjunto total. As cultivares privadas possuem 37 ancestrais, um número menor que o do conjunto total, provavelmente devido ao menor número de cultivares privadas analisadas (112), mas sua base genética é bastante similar ao do conjunto total. Portanto, conclui-se que (a) a base genética da soja é bastante estreita, apesar da incorporação de novos ancestrais; (b) com o passar do tempo houve um estreitamento da base genética, com aumento na CGR dos principais ancestrais; (c) não há diferença na CGR dos principais ancestrais entre as cultivares públicas e privadas e (d) os resultados deste trabalho concordam com alguns dados de marcadores moleculares, mas diferem de outros.

Palavras-chave: Base genética; *Glycine max*; Coeficiente de parentesco; Vulnerabilidade genética

ABSTRACT

Genetic contribution of soybean ancestors to Brazilian soybean cultivars

Soybean is a very important oilseed in the world economy. Brazil is the second largest producer, behind the USA, highlighting the importance of this crop for the country. Genetic diversity is needed for genetic progress, and one manner of estimating the genetic diversity of a group is through the concept of a genetic base, which can be defined as the number of ancestors and their relative genetic contribution (RGC) to each cultivar. The RGC can be estimated through the coefficient of parentage between the ancestors and the cultivars. Previous studies had determined that the genetic base of Brazilian soybean was very narrow, with only four ancestors representing 48.16% of the genetic base. The general objective of this work was to evaluate the pedigree of 444 Brazilian soybean cultivars to estimate their genetic base. The cultivars were also divided according to their release dates (before 1971, 1971-1980, 1981-1990, 1991-2000 e 2001-2009) or according to their origin (public or private) and the genetic base for each group was also estimated. The results were compared to data from similar studies involving molecular markers. A total of 60 ancestors contribute to these 444 cultivars. The four main ancestors (CNS, S-100, Nanking and Tokyo) contribute with 55.26% of the genetic base and only 14 ancestors contribute with more than 1.00% individually to the genetic base. Therefore, these 14 ancestors represent 92.41% of the genetic base of Brazilian soybean. These results indicate that the genetic base of Brazilian soybean is very narrow, and it is also very similar to the genetic base of soybean in the USA, with which it shares six of its main ancestors. The analysis of the release dates indicates that there has been an increase of ancestors over time, but the four main ancestors were the same over all periods, and their cumulative RGC went from 46.60% (before 1971) to 57.59% (2001-2009), indicating a narrowing of the genetic base. The new ancestors incorporated over time presented very low contributions, and in many cases were only used to incorporate specific qualitative characteristics. The 301 public cultivars had 58 ancestors and their RGC was very similar to the total number of cultivars. The private cultivars had only 37 ancestors, which may have been caused by the lower number of cultivars analyzed (112), but the RGC of the main ancestors was also very similar to the general genetic base. Therefore, we conclude that (a) the current genetic base of Brazilian soybean remains narrow, in spite of the incorporation of new ancestors; (b) the genetic base has become more narrow over time, with an increase in the RGC of the main ancestors; (c) there is no difference in the RGC of the main ancestors between public and private cultivars and (d) the results of this study are supported by molecular marker data from some works, but differs from others.

Keywords: Genetic base; *Glycine max*; Coefficient of Parentage; Genetic vulnerability

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma oleaginosa com grande destaque na economia mundial. A produção mundial de soja para a safra de 2007/2008, foi de 220,9 milhões de toneladas, com área cultivada de 90,8 milhões de hectares. Estima-se que o complexo agroindustrial da soja movimente US$ 215 bilhões/ano no mundo, sendo US$ 30 bilhões no Brasil (ESTADOS UNIDOS, 2010a; EMBRAPA, 2008).

O Brasil é o segundo maior produtor de soja, com área cultivada na safra de 2009/2010 de mais de 23 milhões de hectares (49,28% da área total brasileira de grãos) e produção de mais de 68 milhões de toneladas (46,78% da produção total de grãos). Isso representa um crescimento de 7,4% na área e de 20,2% na produção, em relação ao ano anterior. A produtividade de grãos média do Brasil foi de 2941 kg/ha (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB, 2010).

A principal utilidade da soja é fornecer óleo e farelo, sendo estes os produtos derivados da soja mais produzidos, comercializados e utilizados (SMITH; HUYSER, 1987). Como o farelo de soja é rico em proteína, o mesmo é o principal fornecedor de proteína nas rações para animais. O óleo de soja é um dos óleos vegetais mais produzidos no mundo e sua demanda deverá aumentar no futuro próximo devido ao aumento do uso de combustíveis renováveis, como o biodiesel.

Observando-se a importância estratégica da soja, é preciso melhorar as características que são importantes para a produção comercial desta planta, como produtividade de grãos, resistência a pragas, maturidade, resistência ao acamamento, altura da planta, tamanho e qualidade dos grãos, teor e qualidade de óleo e proteína, resistência à deiscência e resistência a deficiências e toxidez minerais (FEHR, 1987).

O melhoramento genético de soja é uma das ferramentas disponíveis para aprimorar as características importantes das cultivares. No entanto, o uso de poucos genitores no início dos programas de melhoramento, tanto brasileiro como americano, levou a um estreitamento da base genética, trazendo consigo riscos como, por exemplo, patamares de produtividade e suscetibilidade a doenças.

Há várias décadas a uniformidade genética das culturas preocupa os melhoristas. Os ganhos genéticos em soja vieram acompanhados de uma perda considerável da variabilidade genética originalmente disponível, levando ao estreitamento da base genética. Hiromoto e Vello

(1986) realizaram o primeiro estudo sobre a base genética de 74 cultivares de soja recomendadas para o Brasil. Calcularam a contribuição genética relativa (CGR) de cada ancestral para as cultivares analisadas e descobriram que apenas 11 ancestrais representavam 89% do germoplasma brasileiro, realçando a necessidade da ampliação da base genética brasileira.

A base genética de uma espécie também possui outro uso importante. Ao se determinar a base genética de uma cultura pode-se realizar um "screening" para um determinado caráter nos genótipos ancestrais a fim de descobrir quais descendentes têm maior probabilidade de possuir alelos favoráveis. Este método é extremamente vantajoso em casos onde a avaliação do caráter em questão é difícil ou possui um alto custo, já que possibilita avaliar um menor número de linhagens (ancestrais) permitindo selecionar um menor número de candidatos entre as cultivares elites. Este tipo de "screening" já foi aplicado com sucesso na base genética da América do Norte (EUA e Canadá) para tolerância ao ozônio, diversidade de locos microssatélites, transporte de elétrons nos cloroplastos, composição das sementes, resistência a herbicidas, resistência à radiação ultravioleta, resistência à síndrome da morte súbita e tolerância à salinidade (CARTER et al., 2004).

Assim, o objetivo geral deste trabalho foi estimar a CGR dos ancestrais para 444 cultivares atuais de soja através do coeficiente de parentesco de Malécot e verificar se houve alguma mudança significativa na base genética das cultivares brasileiras de soja no período de anterior a 1971 até 2009. Além disso, também foram considerados os seguintes objetivos específicos: (a) estimar a CGR dos ancestrais das cultivares liberadas em diferentes períodos, para quantificar a evolução da base genética; (b) estimar a CGR dos ancestrais de cultivares de soja de origens pública e privada e verificar se há diferença na base genética destes dois grupos; (c) comparar os resultados com dados de marcadores moleculares e (d) verificar quais as características contribuídas pelos ancestrais às cultivares.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão de literatura

2.1.1 Origem e breve histórico da soja

Acredita-se que a soja cultivada (*Glycine max* (L.) Merrill) originou-se da soja anual selvagem (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.) e que sua provável data de domesticação tenha sido entre 1.700 e 1.000 a.C. na China, mas algumas evidências apontam para uma época mais remota. Existem vários estudos sobre a origem e centro de diversidade da soja (ver revisão de Chung e Singh, 2008), mas não há um consenso universal. Muitos estudos científicos, além das evidências lingüísticas, históricas e geográficas, apontam para a domesticação da soja na região Leste do Norte da China, ao longo do vale do rio Amarelo, sendo este considerado o centro primário de diversidade. Já a região da Manchúria, no Nordeste da China e perto da Coréia do Norte, é considerada o centro secundário de diversidade (CHUNG; SINGH, 2008; HYMOWITZ, 2004).

Os países asiáticos vizinhos à China (Japão, Indonésia, Vietnã, Malásia, região do Himalaia, Mianmar, Nepal, Índia, Laos e Camboja) são considerados o centro secundário (HYMOWITZ, 2004) ou terciário de diversidade (CHUNG; SINGH, 2008), dependendo do autor.

A disseminação da soja do Oriente para o Ocidente ocorreu através de navegadores e missionários. O primeiro registro oficial de cultivo da soja na Europa é em 1739, em um jardim de Paris, na França e depois em 1790 no Jardim Botânico de Kew, na Inglaterra, mas apenas como curiosidade botânica, sem apresentar importância comercial (HYMOWITZ, 2004).

A soja foi trazida para os Estados Unidos da América (EUA) em 1765 e reintroduzida várias vezes desde então. Esta cultura foi originalmente utilizada para cultivo forrageiro, adquirindo importância neste ramo a partir de 1880. A soja destinada para produção de grãos foi aumentando gradativamente de importância e foi somente em 1941 que a área destinada à produção de grãos superou a área destinada à forragem (CHUNG; SINGH, 2008; MIYASAKA; MEDINA, 1981).

No Brasil, a cultura da soja foi introduzida inicialmente por Gustavo D’utra, em 1882, no estado da Bahia. Em 1908, imigrantes japoneses trouxeram consigo variedades de soja do Japão para o Estado de São Paulo. No entanto, seria no Rio Grande do Sul onde a soja obteria maior

êxito a partir da década de 1960, após sua introdução em 1901, devido à semelhança de latitude com a região sul dos EUA, de onde era proveniente a maior parte do material genético disponível no país (EMBRAPA, 2004; MIYASAKA; MEDINA, 1981).

Na década de 1970, a soja começou a se expandir, sendo cultivada mais ao norte, em latitudes inferiores a 20º, abrangendo os estados de Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Goiás, Minas Gerais, Distrito Federal, Bahia e Maranhão. Um dos avanços imprescindíveis para esta expansão foi o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas a estas regiões, através da incorporação de genes que atrasam o florescimento sob fotoperíodo indutor, ou seja, cultivares com período juvenil longo (CAMPELO; KIIHL; ALMEIDA, 1999).

Nas décadas seguintes, a cultura da soja se consolidou como principal lavoura do agronegócio brasileiro, sendo que o melhoramento genético desempenhou um papel crucial nesta cultura, permitindo ganhos na produtividade e também na superação de vários obstáculos que surgiram, como a doença mancha olho-de-rã. Toledo et al. (1990) relataram que, de 1981 a 1986, o ganho genético de produtividade de grãos da soja no estado do Paraná foi de 1,8%, para genótipos de maturação precoce e de 1,3% para genótipos de maturação tardia. Assim, estes e outros esforços levaram o Brasil a ocupar a posição de 2º maior produtor mundial de soja, com uma produção de 68 milhões de toneladas na safra 2009/2010 (CONAB, 2010).

2.1.2 Coeficiente de parentesco

O melhoramento de plantas tem sido essencial para atender às demandas globais por alimentos, energia e fibras. No entanto, o aumento da população humana somado à limitada área de cultivo impõe demanda cada vez maior no melhoramento de plantas, no sentido de aumentar a produtividade de grãos. O progresso depende, em parte, da diversidade genética da cultura, e não há medida universalmente aceita de diversidade genética agronômica (GIZLICE; CARTER; BURTON, 1993b). Por isso, os melhoristas desenvolveram o conceito de base genética, para comparar, de maneira relativa, diferentes programas de melhoramento (ZHOU et al., 2000).

Base genética pode ser definida como todas as linhagens genéticas que contribuíram para o desenvolvimento de cultivares e a contribuição genética relativa de cada uma (CUI; CARTER; BURTON, 2000a). Estas linhagens genéticas são os ancestrais. A quantificação da base genética, ou seja, o cálculo das contribuições proporcionais dos ancestrais para a base, tem sido feito

principalmente por meio da análise das genealogias das cultivares, através do coeficiente de parentesco de Malecót (ZHOU et al., 2000).

O coeficiente de parentesco (f) é um parâmetro apropriado para se estimar divergência genética entre duas cultivares. O coeficiente de parentesco pode ser definido como a probabilidade de dois indivíduos (no caso, cultivares) apresentarem alelos idênticos por descendência em locos homólogos. Quando f = 0, não há parentesco e quando f = 1 indica parentesco máximo, ou seja, as duas cultivares ou indivíduos possuem o mesmo background genético. Assim, quanto maior o coeficiente, maior o parentesco entre duas cultivares (VELLO; HIROMOTO; AZEVEDO FILHO, 1988).

Manjarrez-Sandoval et al. (1997) demonstraram que o coeficiente de parentesco é uma boa medida para prever variância genética. Eles estudaram cinco populações de soja nas quais utilizaram coeficientes de parentesco para prever a variância genética da produtividade de grãos, obtendo um coeficiente de correlação significativo e alto, porém negativo (r = -0,81) concluindo que quanto maior o coeficiente de parentesco, menor a variabilidade disponível para realizar seleção. Verificaram que quando o coeficiente de parentesco era maior que 0,27 a variância genética da produtividade de grãos era nula.

Quando se estima o coeficiente de parentesco em soja, geralmente são feitas duas suposições: i) que os ancestrais não são aparentados e ii) que as cultivares derivadas de cruzamentos biparentais obtém metade de seu material genético de cada genitor, apesar da seleção realizada nas gerações filiais.

A primeira suposição é apoiada por um estudo realizado por Gizlice, Carter e Burton (1993a), no qual investigaram a relação genética entre 14 ancestrais, representando 70% da base genética da soja americana. Os pesquisadores usaram análise multivariada para reunir as dez características quantitativas analisadas em quatro componentes principais, sendo estes componentes utilizados para encontrar as estimativas de similaridade entre os ancestrais. Os autores compararam os coeficientes de parentesco calculados de duas maneiras: supondo ausência de parentesco entre ancestrais e depois usando as estimativas de similaridade para simular parentesco. A correlação entre os dois métodos foi elevada e positiva (r = 0,92), indicando que o impacto das estimativas de similaridade foi muito pequeno.

Além disso, ainda no estudo realizado por Gizlice, Carter e Burton (1993a), os ancestrais analisados apresentaram ampla variação genética para as características e diferiram, no mínimo,

em quatro das dez características. Isto indica que, apesar do pequeno número de ancestrais, eles apresentam considerável diversidade genética. Apesar de este trabalho envolver os ancestrais da soja dos Estados Unidos, estes resultados podem ser extrapolados, em parte, para o cenário brasileiro devido à relação existente entre a base genética dos dois países, como será visto adiante.

A segunda suposição foi abordada por um trabalho de St. Martin (1982), já que a pressão de seleção que as cultivares sofrem pode alterar a proporção de material genético vindo de cada genitor. Foi utilizado um modelo genético no qual, durante a meiose das plantas F_1, ocorre um quiasma em cada braço do par de cromossomos homólogos. Neste modelo, 88% das linhagens de soja derivadas de um cruzamento biparental apresentavam entre 40% e 60% de material genético vindo de um genitor e que, mesmo com intensa seleção, é improvável que uma linhagem com 70% dos genes de apenas um genitor seja selecionada. Além disso, este modelo não leva em consideração a recombinação que ocorre durante as gerações subseqüentes, o que diminuiria ainda mais as chances de ocorrerem diferenças maiores. Portanto, a suposição de que as cultivares herdam metade do genoma de cada genitor é muito satisfatória.

Vello, Hiromoto e Azevedo Filho (1988) estimaram 2346 coeficientes de parentesco (f) entre 69 cultivares de soja recomendadas para o Brasil na safra 1983/1984, sendo que os valores encontrados variaram de zero a um, onde o valor zero representa ausência de parentesco e o valor unitário indica cultivares com a mesma origem genética. Dentre as 2346 combinações possíveis, oito pares de cultivares tiveram f = 1 e 106 pares de cultivares f = 0. O coeficiente de parentesco médio variou de 0,0443 (cultivar Ivorá) a 0,2272 (cultivar Hardee) e a média geral dos coeficientes de parentesco foi de 0,1641. Observaram que o programa de melhoramento de soja brasileiro apresentava um tamanho de população efetivo (N_e) entre 11 e 15 indivíduos.

Miranda (2005) realizou um estudo mais recente onde estimou 104196 coeficientes de parentesco entre 457 cultivares adaptadas ao ambiente brasileiro. Neste estudo foram identificados 981 pares de cultivares com f = 0, e 186 pares com f = 1. O restante dos coeficientes calculados apresentaram valores entre zero e um. O menor coeficiente de parentesco médio encontrado corresponde aos pares da cultivar IAC-1 (f médio = 0,01), o maior coeficiente de parentesco médio encontrado corresponde aos pares da cultivar UFV-1 (f médio = 0,28) e a média geral encontrada foi de 0,1781, valor este muito próximo do valor 0,1641 encontrado por Vello, Hiromoto e Azevedo Filho (1988), indicando uma aproximação de parentesco entre as cultivares.

A partir dos dados de coeficientes de parentesco, Miranda (2005) estimou o N_e entre 13 e 16. Quando comparado com os valores N_e = 11 ou 15 obtidos por Vello, Hiromoto e Azevedo Filho (1988) verifica-se que o tamanho efetivo populacional da soja no Brasil mudou muito pouco nos últimos anos, provavelmente devido à pequena incorporação de novos ancestrais na base genética brasileira.

Em trabalho mais recente, Miranda et al. (2007) escolheram, dentre as 457 cultivares analisadas anteriormente, um subconjunto de 90 caracterizadas por serem cultivares elites de maior importância econômica. Os autores encontraram um coeficiente de parentesco médio de 0,2124, sendo este valor maior que 0,1641 relatado por Vello, Hiromoto e Azevedo Filho (1988) e 0,1781 relatado por Miranda (2005), indicando que estas cultivares elites apresentam menor diversidade que o conjunto total de cultivares disponíveis. Além disso, foi calculado um N_e entre 11 e 13, sendo considerado um valor baixo e similar aos encontrados pelos outros autores.

2.1.3 Base genética da soja

2.1.3.1 Brasil

A base genética da soja brasileira foi caracterizada inicialmente por Hiromoto e Vello (1986), que examinaram 74 cultivares de soja recomendadas para o Brasil no ano agrícola de 1983/1984 e encontraram as genealogias para 69 delas. Observaram que estas cultivares eram derivadas de apenas 26 ancestrais, sendo que quatro ancestrais contribuíram com aproximadamente 50% da base genética, apenas nove contribuíram com aproximadamente 80% da base genética e 11 contribuíram com 89% da base genética. Estes dados, aliados aos dados de coeficiente de parentesco, indicaram que a soja, até aquela data no Brasil, possuía uma base muito estreita.

Além disso, foi visto que o germoplasma brasileiro inicialmente foi formado a partir de linhagens que foram introduzidas dos EUA, sendo que seis dos 11 principais ancestrais brasileiros estavam entre os principais ancestrais do germoplasma norte-americano. No entanto, a falta de coincidência total entre os ancestrais sugere que os melhoristas brasileiros também incluíram novos genótipos e realizaram novas combinações. Com relação à origem dos ancestrais, verificou-se que dez ancestrais (38,46%) eram originados da China, cinco ancestrais (19,23%) vieram do Japão, quatro ancestrais (15,38%) vieram da Coréia, dois ancestrais (7,69%) vieram dos EUA, dois ancestrais (7,69%) corresponderam a cultivares brasileiras antigas de origem desconhecida,

um (3,85%) veio das Filipinas e não se conhece a origem de dois ancestrais (HIROMOTO; VELLO, 1986).

2.1.3.2 EUA

Os germoplasmas de soja brasileiro e americano possuem origens próximas, sendo o primeiro derivado em parte do segundo. Isto pode ser observado no estudo feito por Delannay, Rodgers e Palmer (1983), que examinaram as genealogias de 158 cultivares norte-americanas e canadenses e encontraram apenas 50 ancestrais. Eles calcularam a base genética das cultivares, separando-as de acordo com o ano de lançamento em quatro épocas distintas (período total de 1951 a 1981). Os pesquisadores concluíram que o número de linhagens ancestrais aumentou com o tempo; que o germoplasma do Norte dos EUA tinha mais ancestrais que o do Sul; e que alguns poucos ancestrais apresentaram contribuições crescentes com o tempo.

Esta última conclusão foi de especial importância, pois indica que apesar da incorporação de novos ancestrais gradativamente no tempo, estes apresentaram importância marginal e que a presença de poucos ancestrais importantes representava a maior parte da base genética. Por exemplo, durante o período mais recente (1971 a 1981) mais de 50% do germoplasma do Norte era composto por quatro ancestrais, e mais de 80% era representado por dez ancestrais. Já no Sul, dois ancestrais representavam mais de 50% do germoplasma, enquanto sete representavam mais de 80% (DELANNAY; RODGERS; PALMER, 1983).

Resultados semelhantes foram encontrados por Gizlice, Carter e Burton (1994) quando estudaram 258 cultivares de soja oriundas do setor público dos EUA liberadas entre 1947 e 1988 e encontraram 80 ancestrais. A contribuição dos ancestrais foi desigual, variando de 0,00001% a 12,1539%, sendo que mais de 50% do germoplasma foi derivado de seis ancestrais e apenas 14 ancestrais contribuíram com mais de 80% do germoplasma. Os últimos 28 ancestrais contribuíram coletivamente com apenas 1,00% do germoplasma.

Além disso, para verificar quais mudanças ocorreram com o tempo, estes autores compararam a contribuição das 258 cultivares do período total de mais de 40 anos com as 107 cultivares liberadas entre 1979 e 1988. Obtiveram uma correlação quase perfeita (r = 0,97), indicando que não houve mudanças significativas na base genética ao longo de 40 anos de melhoramento (GIZLICE; CARTER; BURTON, 1993a e 1994).

Em estudo similar, Sneller (1994) analisou 122 cultivares de soja norte-americanas, tanto públicas quanto privadas e encontrou um coeficiente de parentesco médio geral de 0,173. O coeficiente de parentesco médio das cultivares públicas foi de 0,156 e das cultivares privadas foi de 0,188. Estes dados, aliado à análise de ancestrais e análise de clusters indicaram que havia pequena separação genética entre cultivares públicas e privadas, correspondente ao ancestral PI 257435 que contribuiu somente para a base genética de uma cultivar de origem privada.

Recentemente, Mikel et al. (2010) estimaram a diversidade genética de 1883 cultivares de soja dos EUA através do coeficiente de parentesco (f), e encontraram um coeficiente de parentesco médio de 0,11 (diversidade genética = 1 – f = 0,89). Quando compararam o coeficiente de parentesco entre o grupo de cultivares de origem pública e o de origem privada encontraram valores iguais (f médio = 0,11), indicando que ambos os grupos compartilham de uma base genética de igual tamanho.

2.1.3.3 China

Quando se compara as bases genéticas das cultivares de soja brasileiras e norte-americanas com a base genética da soja chinesa é possível observar uma grande diferença. Cui, Carter e Burton (2000a) estudaram a base genética de cultivares chinesas liberadas entre 1923 e 1995, sendo ao todo analisadas 651 cultivares; o estudo encontrou que 339 ancestrais representavam 90% da base genética total, não sendo possível aferir com precisão os 10% restantes devido a falhas nas genealogias; a contribuição genética relativa individual de cada ancestral variou de quase nula até 6,6%.

No germoplasma chinês, 35 ancestrais contribuíram com 50% da base genética e 190 contribuíram com 80%. Comparando-se estes valores com os encontrados por Hiromoto e Vello (1986) verifica-se que são, aproximadamente, nove vezes maior para 50% da base genética, 21 vezes maior para 80% da base genética e 30 vezes maior para 90% da base genética. É interessante notar que a China possui a maior base genética da soja e também é considerada o centro de origem e domesticação da soja.

No estudo de Cui, Carter e Burton (2000a), o período analisado foi subdividido em seis épocas e ficou claro que a base genética da China aumentou ao longo do tempo, sendo que novos ancestrais foram incorporados e ancestrais mais antigos diminuíram de importância. Além disso,

na medida em que a base genética foi sendo expandida, também houve uma distribuição mais uniforme da contribuição dos ancestrais, levando ao aumento do número médio de ancestrais por cultivar com o passar do tempo.

Na China, ao contrário do que ocorreu nos Estados Unidos, os ancestrais mais antigos foram perdendo importância, na medida em que novos ancestrais foram sendo incorporados. Por exemplo, na primeira época analisada, os dez principais ancestrais representavam mais de 70% da base genética, enquanto na última época analisada, este valor caiu para 25% (CUI; CARTER; BURTON, 2000a).

2.1.3.4 Japão

Outro estudo envolvendo base genética da soja foi realizado por Zhou et al. (2000) através da caracterização da base genética das cultivares japonesas. Eles analisaram as genealogias de 86 cultivares japonesas liberadas entre 1950 e 1988 e conseguiram identificar 74 ancestrais, representando 85% da base genética das cultivares (sendo que os outros 15% não foram identificados devido a registros incompletos de genealogias). O ancestral mais expressivo contribuiu com 6% da base genética. Descobriram que 18 ancestrais representam 50% da base genética e que 53 ancestrais representam 80% da base genética. Estes valores indicam uma base genética mais ampla que a brasileira, mas menor que a chinesa. Eles dividiram o período estudado em quatro épocas e observaram que novas cultivares eram liberadas toda década e que a base genética das cultivares de soja expandiu-se com o tempo. Isto foi exemplificado pela contribuição relativamente extensa de cultivares únicas por década. No primeiro período, 15% dos ancestrais contribuíram exclusivamente para aquele período. Nos outros períodos, os valores foram 12%, 18% e 27%, respectivamente. Além disso, a razão número de ancestrais por número de cultivares permaneceu relativamente constante durante os diferentes períodos (ZHOU et al., 2000).

Como foi visto, a tendência de incorporar novos ancestrais ao longo do tempo nos programas de melhoramento japoneses difere do que ocorreu nos Estados Unidos e no Brasil, onde a base genética não sofreu aumento significativo com o passar do tempo.

A base genética do Japão é, em grande parte, independente das bases genéticas da China e dos Estados Unidos. Os ancestrais japoneses respondem por 6% e 3% da base genética dos germoplasmas norte-americano e chinês, respectivamente. O estudo de Hiromoto e Vello (1986)

mostrou que 15,36% da base genética tinha origem no Japão (CUI; CARTER; BURTON, 2000a; ZHOU et al., 2000).

2.1.3.5 Índia

Bharadwaj et al. (2002) também utilizaram o coeficiente de parentesco para qualificar e quantificar a base genética de 66 cultivares públicas de soja da Índia. Eles verificaram que estas cultivares apresentavam 76 ancestrais, sendo que apenas dez deles contribuíam com 72,67% da base genética e o coeficiente de parentesco médio foi de 0,050. Além disso, com o passar do tempo, houve um decréscimo do número médio de ancestrais por cultivar e um aumento da contribuição dos cinco ancestrais mais importantes por período, indicando que a base genética da soja na Índia também é estreita, mas em menor grau relativamente ao Brasil e Estados Unidos.

A Tabela 1 compara a base genética e o coeficiente de parentesco médio dos cinco países discutidos anteriormente. Observa-se que a China é o país que apresenta maior base genética, maior número de ancestrais e menor coeficiente de parentesco médio, seguida pelo Japão, Índia, EUA e o Brasil por último. Estes dados destacam a estreiteza da base genética brasileira e indicam a necessidade de sua ampliação.

2.1.4 Marcadores moleculares

Estudos com marcadores moleculares podem complementar as informações obtidas com coeficientes de parentesco no estudo da base genética da soja. Priolli et al. (2002) estudaram os alelos de 12 locos microssatélites em 186 cultivares de soja brasileiras e encontraram uma média de 5,3 alelos por loco. Estes marcadores permitiram separar 184 das 186 cultivares. Os dois pares de cultivares que não puderam ser distinguidos eram bastante aparentados. Os dados obtidos permitiram agrupar as cultivares em um dendrograma construído através do método UPGMA e permitiu identificar o ancestral em comum dos *clusters* para 90% das cultivares. No entanto, houve discrepância de cerca de 10% entre o dendrograma e as genealogias das cultivares.

Em outro estudo, Priolli et al. (2004) utilizaram os mesmos 12 marcadores microssatélites para estudar a diversidade genética de 154 cultivares brasileiras de soja entre seis programas de melhoramento e cinco períodos. Chegaram à conclusão de que há maior diversidade dentro dos programas de melhoramento do que entre eles. Além disso, relataram que não houve diferenças

significativas entre os períodos analisados. Esta última conclusão indica que a diversidade genética da soja no Brasil permaneceu constante durante os 20 anos analisados pelo trabalho (de 1979 a 1999), apesar da mudança de objetivos dos programas de melhoramento ao longo do tempo e da incorporação de novos genótipos.

Yamanaka et al. (2007) estudaram a relação entre 194 cultivares chinesas, 59 japonesas e 19 brasileiras usando 12 marcadores microssatélites e descobriram que os germoplasmas chinês e japonês são distantes, mas não independentes. O germoplasma brasileiro estudado era mais distante do chinês e japonês do que estes eram entre si. Assim, cultivares elites chinesas e japonesas podem ser fontes para ampliar a base genética das cultivares brasileiras.

Dados de marcadores moleculares e de coeficiente de parentesco em soja podem estar correlacionados ou não. Keim et al. (1992) compararam medidas de coeficiente de parentesco com dados de similaridade genética obtidos por RFLP entre linhagens ancestrais e cultivares modernas e encontraram correlação moderada (r = 0,54). No entanto, quando foram analisadas somente as cultivares modernas, a correlação encontrada foi maior (r = 0,73). Kisha et al. (1998) encontraram um valor de correlação similar (r = 0,61). No estudo realizado por Manjarrez-Sandoval et al. (1997), a similaridade genética obtida por RFLP e dados de coeficientes de parentesco apresentaram correlação significativa e elevada (r = 0,91). Abdelnoor, Barros e Moreira (1995), usando marcadores RAPD, também relataram boa correlação, embora não tenham quantificado seu valor. Priolli et al. (2010) relataram uma correlação significativa, mas baixa (r = 0,31) entre dados de similaridade genética baseados em marcadores SSR e baseados em coeficiente de parentesco.

No entanto, no estudo realizado por Helms et al. (1997) não foi encontrada correlação significativa entre dados de marcadores RAPD e coeficiente de parentesco. Bonato et al. (2006), também não encontraram correlação significativa entre estes dois parâmetros. A discrepância entre estas duas medidas de diversidade pode ser resultado de registros genealógicos errôneos (KIEM et al., 1992), contribuição desigual dos genitores para as progênies (KISHA et al., 1998; BONATO et al., 2006) e pelo fato de que estas duas medidas são baseadas em diferentes tipos de informações: o coeficiente de parentesco é uma medida matemática de probabilidade, enquanto os marcadores moleculares detectam similaridades diretamente no DNA. Assim, estão sujeitos a diferentes tipos de erro (BONATO et al., 2006).

2.1.5 Ampliação da base genética

Devido à estreita base genética da soja em países com elevada participação na produção mundial, como Brasil e Estados Unidos, algumas medidas têm sido propostas para ampliá-la. A base desta ampliação é a diversidade genética, sendo que pode ser explorada através de quatro conjuntos gênicos. O primeiro, o conjunto gênico primário é constituído por espécies que se cruzam facilmente e produzem descendentes férteis, no caso *G. max* e *G. soja*. Isto inclui cultivares elites, cultivares obsoletas, ancestrais, cultivares primitivas e acessos de *G. soja* (CHUNG; SINGH, 2008).

O segundo conjunto gênico é definido por espécies que hibridizam com dificuldade com a espécie cultivada. Na soja ainda não foi identificada nenhuma espécie pertencente a este conjunto (CHUNG; SINGH, 2008; CARTER et al., 2004).

O terceiro conjunto gênico inclui espécies que cruzam com muita dificuldade com a soja e cujos híbridos são inférteis ou inviáveis, e são necessárias técnicas radicais (como resgate de embrião) para possibilitar a transferência de alelos. Nesta categoria estão incluídas potencialmente três espécies perenes do gênero *Glycine*, (*G. tomentella*, *G. argyrea* e *G. canescens*) cujas tentativas de hibridação com soja foram bem-sucedidas. No entanto, os híbridos F_1 obtidos eram estéreis e apenas um estudo conseguiu passar da fase anfidiplóide (CHUNG; SINGH, 2008).

Existe um novo conjunto gênico recentemente proposto, o quaternário, que engloba as espécies de soja perene e que é caracterizado por ser extremamente difícil cruzar com *G. max* porque os embriões formados são abortados. Este conjunto pode ser explorado através de técnicas de transformação genética e clonagem de genes. Além disso, por meio das técnicas de transformação de plantas, qualquer espécie pode potencialmente fazer parte do conjunto gênico quaternário e contribuir com genes para a soja, sendo limitado apenas pela tecnologia e pela vontade da sociedade (CHUNG; SINGH, 2008; CARTER et al., 2004).

Apesar deste grande potencial genético disponível muito pouco dele tem sido aproveitado. Até o momento, os melhoristas de soja têm utilizado apenas os recursos do conjunto gênico primário e de forma pouca intensiva, devido às dificuldades anteriormente expostas. Mais de 170000 acessos de *G. max* são mantidos em bancos de germoplasma ao redor do mundo e estima-se que entre 20000 e 45000 são únicos, mas apenas um pequeno número destes genótipos contribuíram para as cultivares atuais, como representado pela base genética da soja dos países envolvidos. Além disso, *G. soja* foi utilizada em programas de melhoramento apenas para

produzir algumas cultivares para uso específico (mercado de natto japonês, alimento à base de soja fermentada) e as espécies perenes de soja ainda não foram utilizadas (CARTER et al., 2004).

Vários estudos mostram o potencial existente para a ampliação da base genética. É possível utilizar cultivares elites pouco relacionadas geneticamente como meio de ampliar a base genética. Por exemplo, o estudo de Yamanaka et al. (2007), discutido anteriormente, mostra que os germoplasmas chinês e japonês são distantes, mas não independentes e que o germoplasma brasileiro é mais distante do chinês e japonês do que estes eram entre si. Assim, cultivares elites chinesas e japonesas podem ser fontes para aumentar a diversidade de cultivares brasileiras, tendo a vantagem de serem facilmente incorporadas em programas de melhoramento e já apresentarem boas características agronômicas.

Outra fonte que pode ser utilizada para ampliar a base genética da soja são as introduções de plantas (PIs). Alguns estudos com marcadores moleculares já estabeleceram que PIs apresentam maior diversidade genética que cultivares elites (KEIM et al., 1992). No entanto, estas PIs geralmente não apresentam boas características agronômicas, como acamamento e baixa produtividade. Sneller, Miles e Hoyt (1997) estudaram 31 PIs utilizando marcadores RFLP e verificaram que diversidade genética e valor agronômico eram características independentes, portanto aconselham realizar uma seleção das linhagens que apresentam as melhores características agronômicas anterior a utilizá-las em programas de melhoramento. Recomendação semelhante foi feita por Vello, Fehr e Bahrenfus (1984).

Narvel et al. (2000) estudaram 40 PIs que foram selecionadas para alta produtividade e 39 cultivares elites. Eles verificaram que existia mais diversidade genética entre as 40 PIs do que entre as 39 cultivares elites, indicando que é possível selecionar PIs para características agronômicas e ainda manter sua diversidade genética. Assim, estas PIs são fontes de possíveis novos alelos favoráveis para a soja. Kisha et al. (1998) também sugeriram utilizar PIs para ampliar a base genética da soja, indicando que podem ser fontes de alelos exclusivos.

O uso de *G. soja* pode ser fonte para ampliar a base genética. Atualmente, os acessos de *G. soja* apresentam mais diversidade de marcadores moleculares do que *G. max*, mas não de características agronômicas e morfológicas (CARTER et al., 2004). Por exemplo, foram analisados 196 acessos de *G. soja* de várias regiões da China e 200 cultivares primitivas de soja por meio de marcadores microssatélites. Foi observado que *G. soja* apresentou, em média, 17,8 alelos por loco e sua diversidade genética média foi de 0,857, enquanto as cultivares primitivas

apresentaram 13,7 alelos por loco e diversidade genética de 0,727. Isto indica que *G. soja* possui mais diversidade genética que a espécie cultivada (WEN et al., 2009).

Além de ampliar a base genética, os acessos de *G. soja* podem ser fontes de alelos agronomicamente importantes para programas de melhoramento. Existem vários estudos relatando alelos benéficos encontrados em acessos de *G. soja* (ver revisão de CARTER et al., 2004). Concibido et al. (2003) encontraram um QTL para produtividade de grãos analisando 265 plantas da geração RC_2 oriundas do cruzamento de uma linhagem de soja (HS-1) e a PI 407305 (*G. soja*). O QTL oriundo da PI 407305 conferia um aumento de 9,4% na produtividade. Também testaram o efeito deste QTL no "background" genético de seis cultivares elites e observaram que ele conferia em diversos ambientes um aumento de 9% e 5% na produtividade de grãos em dois "backgrounds" genéticos. Isto demonstra o potencial para programas de melhoramento que a diversidade existente em *G. soja* possui.

Outra opção que é uma fonte potencial para expandir a base genética da soja e fornecer novos alelos é o conjunto gênico terciário. No entanto, a diversidade genética é mais difícil de ser explorada, devido aos problemas envolvidos na hibridação e deverá ser importante apenas a longo prazo. Um único estudo conseguiu passar do estágio anfidiplóide e produzir linhagens férteis. Nele foram produzidas linhagens monossômicas de adição exótica ("monosomic alien addition lines", MAAL, sigla em inglês) ou simplesmente linhas de adição monossômica, derivadas do cruzamento entre uma cultivar (Altona) e um acesso de *G. tomentella* (PI 483218). Estas linhagens possuem 2n = 40 cromossomos da soja e um cromossomo de *G. tomentella*. Foi verificado que a adição de um cromossomo a mais de *G. tomentella* modificou drasticamente algumas características morfológicas, como hábito de florescimento, fertilidade das sementes, altura das plantas, número de sementes por vagem e planta, produtividade de grãos, cor de vagem e sementes e grau de pubescência (SINGH; KOLLIPARA; HYMOWITZ, 1998).

2.2 Material e métodos

Este trabalho foi realizado no Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas do Departamento de Genética da ESALQ/USP, Piracicaba – SP e estudou a base genética de 444 cultivares de soja recomendadas, atualmente ou no passado, para cultivo no Brasil, sendo denominadas aqui de cultivares brasileiras de soja, apesar de nem todas terem sido produzidas em programas de melhoramento nacionais (Ex: Bragg, cultivar norte-americana).

Estão incluídas entre as 444 cultivares, 14 cultivares transgênicas. As genealogias das cultivares foram obtidas do trabalho de Miranda (2005), da literatura existente (vide bibliografia consultada), de “folders” de cultivares e de informações de melhoristas e podem ser encontradas na Tabela 2. Foram incluídas apenas cultivares com genealogias completas disponíveis. As Tabelas 3 e 4 apresentam as genealogias de cultivares e linhagens auxiliares, que aparecem nas genealogias das 444 cultivares principais.

No final deste trabalho, após as referências, está a bibliografia consultada que consiste na relação de trabalhos consultados para obtenção das genealogias mas que não foram diretamente citados no texto.

As genealogias das Tabelas 2, 3 e 4 seguem os seguintes critérios: cruzamentos dentro de parênteses foram realizados primeiro, seguidos por cruzamentos dentro de colchetes, cruzamentos dentro de chaves e cruzamentos fora de qualquer símbolo. Quando necessário, o número de cruzamentos com o mesmo genitor era representado por um número entre parênteses após o nome do genitor recorrente. Assim, o número de retrocruzamentos é sempre um a menos que o número designado entre parênteses (Figura 2).

As genealogias foram examinadas para encontrar todos os ancestrais das cultivares. Os ancestrais são definidos aqui como os últimos genitores na árvore genealógica de uma cultivar, além dos quais não se dispõe de informações genealógicas. Cultivares que se originaram diretamente por seleção dos ancestrais foram utilizadas como sinônimos de ancestrais, para facilitar o entendimento, quando possível. Por exemplo, CNS (Clemson Non-Shattering) foi originada por seleção de Clemson, mas como CNS é muito mais conhecida que Clemson, foi considerada como ancestral. Outro exemplo é o caso de Dunfield, ancestral selecionado a partir da PI 36846.

A contribuição genética de um ancestral para uma cultivar moderna corresponde à proporção teórica de genes vindos deste ancestral, considerando-se que a cada cruzamento a progênie recebe proporções iguais do genoma dos dois genitores (50% de cada) (St. MARTIN, 1982). O coeficiente de parentesco entre os ancestrais e as cultivares modernas foi utilizado para estimar esta contribuição genética.

A contribuição genética de um ancestral para uma cultivar somente será igual ao coeficiente de parentesco quando este ancestral não apresentar parentesco com qualquer outro

ancestral que aparece na genealogia da cultivar. Portanto, neste trabalho foram consideradas as seguintes suposições:

a) todos os ancestrais são independentes, ou seja, apresentam coeficiente de parentesco nulo (f = 0,00);

b) a cada cruzamento, 50% dos genes vêm de cada genitor;

c) os genitores, cultivares e linhagens são homozigóticos e homogêneos;

d) o coeficiente de parentesco entre uma planta mutante e o genótipo original foi considerado como sendo 1,00;

e) O coeficiente de parentesco entre plantas selecionadas e suas cultivares de origem (exceto se oriundos de cruzamentos naturais) foram consideradas como sendo 1,00.

Os coeficientes de parentesco foram calculados com o auxílio do programa Microsoft Excel®. A equação utilizada para se calcular o coeficiente de parentesco foi obtida de Falconer e Mackay (1996):

$$f_{X,Y} = \frac{1}{4} (f_{AC} + f_{AD} + f_{BC} + f_{BD}) \quad (1)$$

onde:

f: coeficiente de parentesco entre dois indivíduos;

X: indivíduo 1;

Y: indivíduo 2;

A e B: genitores de X;

C e D: genitores de Y;

A contribuição genética relativa de um ancestral para todas as cultivares foi calculada como a média aritmética de todos os coeficientes de parentesco entre um ancestral e todas as cultivares. Os ancestrais foram classificados em ordem decrescente da magnitude de sua contribuição genética relativa (CGR) e o somatório de suas contribuições genéticas relativas sucessivas representa a contribuição genética relativa acumulada (CGA).

A origem geográfica dos ancestrais também foi pesquisada em dados da literatura (DELANNAY; RODGERS; PALMER, 1983; HIROMOTO; VELLO, 1986; ESTADOS UNIDOS, 2010) e registrada. Os centros de origem primária foram considerados como sendo os países Asiáticos (China, Japão, Coréia do Norte e do Sul, Índia e Filipinas) (CHUNG; SINGH, 2008). Quando não havia informações disponíveis sobre a origem primária do ancestral foi utilizada a origem secundária, ou seja, o primeiro país onde foi feito o registro da cultivar. Todos os locais encontrados, exceto os mencionados acima, foram considerados origens secundárias. Quando não havia informação sobre a origem do ancestral, a origem foi considerada desconhecida.

Para avaliar a evolução da base genética, as cultivares foram agrupadas de acordo com o período de lançamento: anterior a 1971, de 1971 a 1980, de 1981 a 1990, de 1991 a 2000, de 2001 a 2009. Os ancestrais presentes em cada período foram tabulados e foi calculada a CGR dentro de cada período, de modo análogo ao calculado para o período total.

Além disso, também foi realizado o cálculo do número médio de ancestrais por cultivar. Para tanto, calculou-se a média aritmética do número de ancestrais presentes na genealogia de todas as 444 cultivares analisadas. O mesmo cálculo foi realizado para os diferentes períodos, considerando cultivares apenas do período em questão e também para os conjuntos de cultivares público e privado.

Também foi realizado o cálculo da razão entre o número de ancestrais e o número de cultivares, tanto para o conjunto total como para os diferentes períodos, bem como para os conjuntos público e privado de cultivares.

As cultivares também foram subdivididas, de acordo com sua origem, em dois conjuntos: cultivares originadas de instituições públicas brasileiras (conjunto público), como EMBRAPA, IAC e UFV, entre outras; e instituições privadas (conjunto privado), como FT Pesquisa e Sementes, Coodetec, Monsanto e Fundação MT entre outras. Cultivares originadas de programas de melhoramento estrangeiro e introduzidas no Brasil foram excluídas desta análise. A base genética destes dois conjuntos foi estimada, de acordo com o procedimento descrito anteriormente, e foram comparadas entre si e com o conjunto geral.

Os resultados foram comparados com o trabalho de Hiromoto e Vello (1986) para avaliar a evolução da base genética da soja nas últimas décadas e com trabalhos envolvendo o uso de marcadores moleculares na avaliação da similaridade genética da soja, principalmente no âmbito

brasileiro, como os trabalhos de Abdelnoor, Barros e Moreira (1995), Priolli et al. (2002), Priolli et al. (2004) e Bonato et al. (2006).

2.3 Resultados e discussão

2.3.1 Genealogias

Das 444 cultivares analisadas, 301 têm origem em instituições públicas brasileiras, 112 em instituições privadas, 29 foram desenvolvidas nos EUA e três são de origem desconhecida. Para fins de comparação no Ministério da Agricultura estão registradas 772 cultivares de soja, sendo que 313 são de origem pública, 452 de origem privada e sete de origem estrangeira (BRASIL, 2010). A maior parte das cultivares neste trabalho é de origem pública porque a genealogia destas é, de modo geral, mais acessível.

As genealogias de algumas cultivares merecem atenção. A cultivar FT-Cristalina originou-se de cruzamento natural entre UFV-1 e um genitor desconhecido. Hiromoto e Vello (1986) relataram que, através da similaridade entre os genitores, a genealogia mais provável da FT-Cristalina é Davis x UFV-1, sendo esta a genealogia mantida neste trabalho. FT-Cristalina é uma cultivar importante, estando presente na genealogia de outras 62 cultivares analizadas. Os autores anteriores também relataram que a cultivar BR-9 (Savana), originada do bulk LoB 74-2, possui a provável genealogia Davis x (Hill x PI 240664), que também foi a utilizada neste trabalho.

Dados de marcadores moleculares não apóiam a genealogia tradicional da cultivar Lincoln, e isso pode advir de dois motivos: (i) a genealogia anotada está incorreta; (ii) a genealogia está correta, mas os ancestrais mantidos em bancos de germoplasma não correspondem aos verdadeiros ancestrais de Lincoln (LORENZEN et al., 1995). Neste trabalho, foi adotado o critério da genealogia convencional de Lincoln, apesar de não ser apoiada por marcadores moleculares. Além disso, Lincoln contribui apenas para outras 28 cultivares, de maneira que se pode considerar que ela não afeta sobremaneira a estimativa da base genética.

2.3.2 Contribuição genética relativa geral

A Tabela 5 apresenta os ancestrais encontrados e a CGR de cada um. Foram encontrados 60 ancestrais no total. O principal ancestral encontrado foi o CNS, contribuindo sozinho com quase 1/5 (19,19%) da base genética. Em seguida aparecem, respectivamente, S-100 (14,78%), Nanking (11,73%) e Tokyo (9,57%). Somente estes quatro principais ancestrais contribuem cumulativamente com 55,26% da base genética.

Dos 60 ancestrais encontrados, apenas 14 apresentavam contribuição acima de 1,00% para a base genética, sendo que a CGA destes 14 ancestrais é de 92,41%. Assim, os demais 46 ancestrais que apresentam CGR menor que 1,00%, contribuem cumulativamente com apenas 7,59% para a base genética.

Estes resultados mostram que as cultivares analisadas apresentam uma base genética bastante estreita, sendo ela similar à base genética dos EUA, mas bem menor quando comparada com as da China e do Japão. Esta estreita base genética trás o risco de vulnerabilidade genética contra novas doenças.

Verifica-se que houve um aumento no número de ancestrais comparativamente aos resultados obtidos por Hiromoto e Vello (1986), passando-se de 26 para 60 ancestrais. No entanto, quantitativamente, houve uma redução na base genética da soja. Por exemplo, os quatro principais ancestrais encontrados por Hiromoto e Vello (1986) representavam 48,16% da base genética, enquanto que neste estudo as mesmas quatro cultivares representam 55,26%, ou seja, um aumento de 7,10%.

Comparando ancestrais que contribuíram com mais de 1,00% da base genética, foram encontrados 15 ancestrais correspondendo a 96,21% da base genética em Hiromoto e Vello (1986) e 14 ancestrais correspondendo a 92,41% nesta pesquisa. Assim, na medida em que houve um aumento da contribuição relativa dos quatro principais ancestrais, houve uma redução menor na contribuição total dos ancestrais que contribuem com mais de 1,00% da base genética.

A relação entre ancestrais e cultivares foi de 0,14 (Tabela 6), ou seja, existem 7,40 cultivares de soja para cada ancestral na base genética. Este valor é duas vezes menor que o encontrado para a base genética da soja dos EUA (0,31) (DELANNAY; RODGERS; PALMER, 1983; GIZLICE; CARTER; BURTON, 1994), mais de três vezes menor que o valor da base

genética chinesa (0,52) (CUI; CARTER; BURTON, 2000a) e mais de seis vezes menor que o valor encontrado para a base genética japonesa (0,85) (ZHOU et al., 2000).

Um dado interessante é que o número médio de ancestrais nas genealogias das cultivares foi de 10,52, variando de dois até 23 ancestrais (Tabela 6 e Figura 1). Este valor é bastante elevado quando comparado com a base genética chinesa (3,79) e a japonesa (3,20). O valor elevado encontrado se deve, em parte, ao grande número de ancestrais com baixa contribuição. Por exemplo, quando se considera apenas os ancestrais que contribuíram com mais de 5% para a constituição de uma cultivar, o número médio de ancestrais cai para 7,11 (variando de dois a 11) (Figura 1). E quando se considera apenas os ancestrais com mais de 10,00% de contribuição, o número médio cai para 4,08 (variando de dois a sete) (Figura 1).

A freqüência com que cada ancestral está presente nas genealogias das diferentes cultivares também demonstra como a base genética é estreita. O principal ancestral, CNS, está presente nas genealogias de 435 cultivares (97,97% das cultivares), seguido por S-100, presente em 403 (90,77%) cultivares, Nanking em 389 (87,61%) cultivares e Tokyo em 423 (95,27%) cultivares. Em contraste, existem ancestrais que contribuem apenas para uma cultivar, como por exemplo os ancestrais PI 90763 e PI 86490.

Um caso interessante é o do ancestral GTS-40-3-2. Embora ele contribua com apenas 0,02% da base genética (está na 56ª posição entre os ancestrais, em ordem de CGR), ele está presente na genealogia de 14 cultivares. Isto ocorre, pois este ancestral é a fonte utilizada para introduzir o gene *CP4 EPSPS* de resistência ao herbicida glifosato nas 14 cultivares transgênicas analisadas, assim, ele contribui apenas com uma baixa parcela de seu genoma, devido à sua participação em retrocruzamentos sucessivos; teoricamente, ele contribui apenas com o gene *CP4 EPSPS*, sem se considerar a possibilidade de outros de seus genes permanecerem durante as gerações de retrocruzamentos, mesmo com seleção a favor do genitor recorrente. Esta freqüência é um valor bastante subestimado da contribuição do ancestral GTS-40-3-2 para a totalidade das cultivares brasileiras, devido ao baixo número de cultivares transgênicas analisadas. Para fins de comparação, existem 284 cultivares transgênicas registradas atualmente (BRASIL, 2010). No entanto, estes dados indicam que o surgimento de novas cultivares transgênicas não deverá alterar significativamente a base genética da soja, devido ao uso de retrocruzamentos para incorporação dos novos genes.

O cruzamento CNS x S-100 originou a cultivar Lee e a linhagem D49-2491, uma linhagem irmã de Lee e ancestral de Bragg. Lee e Bragg estão presentes nas genealogias respectivamente de 118 (ou 23,65%) e 135 (ou 27,05%) das cultivares principais e auxiliares. Assim, CNS e S-100 possuem uma grande contribuição para a base genética, em grande parte devido ao uso de Bragg e Lee e seus descendentes nos cruzamentos iniciais da soja brasileira.

2.3.3 Origem dos ancestrais

Verifica-se que 24 (40,00%) dos ancestrais provêm da China, 16 (26,67%) do Japão, três (5,00%) do Brasil, três (5,00%) da Coréia do Norte, dois (3,33%) da Coréia do Sul, um (1,67%) da Índia, um (1,67%) das Filipinas, um (1,67%) da Nigéria, um (1,67%) do Peru, três (3,33%) dos EUA, um (1,67%) da África do Sul e quatro (6,67%) de origem desconhecida (Tabela 5). A maioria dos ancestrais (78,33%) tem origem na Ásia e, principalmente, na China, considerada o centro de origem ou centro primário de diversidade da soja.

Considerou-se que os ancestrais encontrados neste trabalho não apresentavam parentesco (f = 0) entre si. No entanto, ancestrais com origens geográficas semelhantes podem, na realidade, apresentar certo grau de parentesco. Assim, os coeficientes de parentesco encontrados provavelmente subestimam o número de locos que são idênticos por descendência e, consequentemente, a base genética real deve ser mais estreita do que a estimada (MIKEL et al., 2010; HIROMOTO; VELLO, 1986). Por exemplo, ancestrais com as mesmas origens geográficas, como os originados no Nordeste da China, podem apresentar um grau de parentesco significativo.

2.3.4 Análise dos períodos

Para observar a evolução da base genética das cultivares brasileiras de soja, as cultivares foram separadas de acordo com seus períodos de lançamento, totalizando cinco períodos: anterior a 1971, de 1971 a 1980, de 1981 a 1990, de 1991 a 2000 e de 2001 a 2009.

2.3.4.1 Anterior a 1971

No primeiro período (anterior a 1971), havia um baixo número de cultivares (apenas 17) (Tabela 7), já que esse período foi caracterizado pela expansão inicial da soja, com cultivo restrito à região Sul do país. Assim, a maior parte das cultivares era de origem norte-americana, como Bragg, Hill, Hood, Davis e Hardee, originadas do Sul dos EUA e que possuíam adaptação às condições brasileiras. Também havia algumas cultivares nacionais, como Santa Rosa, Industrial e Paraná, mas também derivadas do cruzamento ou seleção em linhagens norte-americanas (KASTER; QUEIROZ; TERESAWA, 1981).

Neste período, verifica-se que há 17 cultivares e 18 ancestrais e que a razão ancestrais/cultivares é de 1,06, um valor elevado, quando comparado aos outros períodos (Tabela 6). Em termos relativos, este foi o período com base genética mais ampla, devido à alta razão entre ancestrais e cultivares. O valor mínimo de número médio de ancestrais por cultivar (4,72) provavelmente é devido ao baixo número de cruzamentos entre cultivares.

Também, pode-se observar que os quatro principais ancestrais deste período são os mesmos que o do período total e de todos os outros períodos: CNS, Tokyo, Nanking e S-100, embora haja alteração de posição entre S-100, Tokyo e Nanking nos diferentes períodos. Mas a contribuição destes quatro ancestrais mais importantes (46,60%) é menor quando comparada com o período total (55,27%) e também com todos os outros períodos (Tabelas 8 a 11). Todos os ancestrais, exceto Bilomi 3, apresentam contribuição maior que 1,00% e todos, exceto Mogiana, possuem origem asiática (Tabela 7). Neste período houve apenas um ancestral exclusivo (não encontrado em nenhum outro período), Aliança Preta (PI285089), considerada como sendo de origem brasileira.

2.3.4.2 1971 a 1980

Este período coincide com o crescimento e consolidação da soja como principal cultura do agronegócio brasileiro, com grande expansão de área e grande aumento na produtividade de grãos (BONETTI, 1981). Isto se reflete no aumento do número de cultivares (47 cultivares neste período) combinado com um aumento no número de ancestrais (de 19 para 26), mas em proporções diferentes, resultando em um decréscimo na razão de ancestrais por cultivares (0,55)

(Tabela 6). Além disso, os quatro principais ancestrais (CNS, Nanking, S-100 e Tokyo) apresentam um grande aumento na sua CGA, passando de 46,79% para 54,13%, com crescimento principalmente de CNS, que passa de 13,89% para 18,65% (Tabela 8).

Nove novos ancestrais foram incorporados neste período (Tabela 12), mas sua contribuição total foi de apenas 5,45% da base genética, sendo que a maioria deles (7) contribuiu individualmente com menos de 1,00% e os outros dois contribuíram com 1,06%. Este período apresentou apenas um ancestral exclusivo, Chosen, de origem desconhecida.

Neste período, a maior parte da produção ainda estava concentrada na região Sul, mas a expansão para a região Centro-Oeste já havia se iniciado (BONETTI, 1981). A maior barreira para a expansão da soja para regiões de baixa latitude são as limitações de porte e, consequentemente, produtividade de grãos, pois em regiões de baixa latitude o período vegetativo da soja é encurtado, devido à indução fotoperiódica do florescimento (a soja é uma planta de dias curtos) (CAMPELO; KIIHL; ALMEIDA, 1999). A incorporação de genes de período juvenil longo permitiu o cultivo da soja em regiões de baixa latitude e estes genes vieram do ancestral PI 240664 (Bilomi 3), originado das Filipinas. Isto pode ser observado pelo aumento da contribuição deste ancestral, passando de 0,69% no período anterior para 4,25% neste período.

2.3.4.3 1981 a 1990

Neste período houve um grande crescimento no número de cultivares liberadas, totalizando 112, originadas de 41 ancestrais. Novamente, o ritmo de crescimento do número de cultivares foi superior ao ritmo de incorporação de novos ancestrais, diminuindo ainda mais a razão ancestrais por cultivares (0,37) (Tabela 6).

A contribuição cumulativa dos quatro principais ancestrais (CNS, Nanking, S-100 e Tokyo) foi de 52,54%, revelando uma leve expansão da base genética quando se compara este valor com o do período anterior (54,13%). Também houve um aumento no número médio de ancestrais por cultivar, passando de 6,68 do período anterior para 9,11 no atual.

Há 16 novos ancestrais neste período, sendo que contribuem coletivamente com apenas 3,66% da base genética e, individualmente, com menos de 1,00% cada um. Além disso, há 3 ancestrais exclusivos neste período Asomusume, PI 230979 e V-148. Dois destes (Asomusume e PI 230979) apresentam alelos de resistência à podridão de *Phytophthora* (Tabela 13), sendo que

provavelmente só serviram como fontes de resistência a esta doença. PI 230979 contribui apenas para Ocepar-6 e Asomusume contribui apenas para Tiarajú.

2.3.4.4 1991 a 2000

Este período apresentou o maior número de cultivares, dentre as analisadas neste trabalho. Foram 152 cultivares e 40 ancestrais. Como houve um aumento no número de cultivares, mas o número de ancestrais foi igual ao do período anterior, isso causou uma queda na razão número de ancestrais/cultivares, atingindo seu menor valor (0,26). Há apenas um ancestral exclusivo deste período, PI 157440 (Kin-du), originário da Coréia do Sul, que possui o alelo *ti*, que confere ausência de inibidor de tripsina Kunitz. Este ancestral contribui apenas para a cultivar BRS 155.

A contribuição genética acumulada dos quatro principais ancestrais do período (CNS, S-100, Nanking e Tokyo) voltou a crescer, atingindo 56,80% e superando os valores encontrados em todos os períodos anteriores a este. Além disso, apenas 14 ancestrais contribuíram com mais de 1,00% para a base genética, sendo que os outros 26 ancestrais contribuíram cumulativamente com apenas 5,56% (Tabela 10).

Este período apresentou apenas seis ancestrais novos, os quais apresentaram uma contribuição muito pequena de 0,71%. Entre estes está a PI 88788, fonte de resistência a algumas raças do nematóide do cisto da soja (Tabela 13), sendo que a maior parte das cultivares dos EUA apresenta resistência ao nematóide do cisto da soja derivada deste ancestral (YUE; ARELLI; SLEPER, 2001). A PI 159925 também se encontra entre os novos ancestrais e é caracterizada por ser fonte do alelo *j* de período juvenil longo, sendo outra fonte além da PI 240664.

Também houve um aumento no número médio de ancestrais neste período, passando a ser uma média de 11,27 ancestrais por cultivar (Tabela 6). Observa-se que o ancestral CNS está presente em 100% das genealogias das cultivares deste período, sendo este o único período em que se atinge este valor máximo.

2.3.4.5 2001 a 2009

Neste período, o número de cultivares liberadas (116) foi menor que no período anterior (152), mas há um aumento no número de ancestrais, passando para 52. Isso eleva a razão

ancestrais/cultivares para 0,45. No entanto, observando-se os quatro ancestrais mais importantes (CNS, S-100, Nanking e Tokyo), verifica-se que sua CGA atinge o maior valor entre todos os períodos (57,59%). Além disso, apenas 13 ancestrais contribuem individualmente com mais de 1,00% da base genética. O ancestral CNS representa mais de 1/5 da base genética das cultivares liberadas neste período (20,71%) e S-100 também atinge um valor elevado (16,84%) (Tabela 11).

Observa-se que as cultivares deste período apresentam, em média, 13,20 ancestrais. Foram incorporados 11 novos ancestrais, sendo que contribuem coletivamente com apenas 1,31% da base genética, indicando que foram incorporados para corrigir problemas pontuais ou incorporar genes específicos através de retrocruzamentos, ou para uso específico. Alguns exemplos incluem (a) GTS-40-3-2, a linhagem que foi utilizada para incorporar o gene *CP4 EPSPS* que confere resistência ao glifosato; (b) PI 90763, com resistência ao nematóide do cisto; (c) Kyushu 111, uma linhagem tripla nula para lipoxigenases, incorporada em cultivares destinadas a consumo humano.

Ressalta-se que no período 2001 a 2009, os ancestrais Kanro e Mukden tiveram contribuições tão baixas que foram consideradas nulas.

2.3.5 Contribuição genética relativa dos ancestrais das cultivares públicas e privadas

Na Tabela 14 são apresentados os ancestrais que contribuíram para as 301 cultivares públicas, que abrangem o período de 1965 a 2009. Elas apresentam 58 ancestrais, quase o mesmo número considerando todas as 444 cultivares. Os ancestrais ausentes são PI 346304 e PI 230979, que contribuem apenas para cultivares privadas. A PI 346304 apresenta resistência ao CCMV (Cowpea chlorotic mottle vírus) e a PI 230979 apresenta resistência à podridão de *Phytophthora* raças 1 a 4.

Verifica-se que os quatro principais ancestrais das cultivares públicas são os mesmos que os do conjunto total, ou seja, CNS, S-100, Nanking e Tokyo, nesta ordem. As CGRs destes ancestrais para as cultivares públicas são muito similares às do conjunto total, sendo a maior diferença observada de 0,87 pontos percentuais, no ancestral Tokyo (9,57% no conjunto total e 8,69% para as cultivares públicas).

A CGA dos quatro principais ancestrais das cultivares públicas foi de 53,90%, um valor menor, mas similar ao encontrado no conjunto total (55,26%), mostrando que estas cultivares também apresentam base genética estreita.

Continuando com a análise, 14 ancestrais das cultivares públicas contribuíram com mais de 1,00% para a base genética, representando coletivamente 91,99% dela, também muito similar aos valores da Tabela 5. A maioria dos ancestrais originou-se na Ásia (44 ancestrais) incluindo China, Japão, Coréia do Norte e Coréia do Sul, mas havia ancestrais do Brasil (três), dos EUA (dois), das Filipinas (um), da Nigéria (um), da África do Sul (um), do Peru (um), do Canadá (um) e quatro com origens desconhecidas.

Comparando-se os ancestrais comuns do conjunto total de cultivares e do conjunto de cultivares públicas, apenas três ancestrais tiveram diferenças maiores que 0,50% entre suas CGRs: Tokyo, PI 54610 e Bilomi 3 (PI 240664). Além disso, apenas sete ancestrais tiveram alteração de classificação maior do que cinco posições. A maior variação na posição foi constatada no ancestal Manchu, que passou da posição 24, no cômputo geral, para a 37ª, considerando apenas cultivares públicas. Isto demonstra que este ancestral apresenta uma importância relativa maior para as cultivares de origem privada.

O conjunto privado, com 112 cultivares, abrangendo o período de 1973 a 2004, apresentou 37 ancestrais (Tabela 15), um número significativamente menor quando comparado com o conjunto total e o conjunto público. Também se observa que os quatro ancestrais com maior CGR neste grupo são os mesmos que o do conjunto total e do conjunto público (CNS, S-100, Nanking e Tokyo) e que a CGA deles foi de 57,25%, um pouco maior que o valor do conjunto geral (55,26%).

Neste grupo, a maioria dos ancestrais também tem origem na Ásia (30 ancestrais), incluindo China, Índia, Japão, Coréia do Norte e Coréia do Sul, mas também de outras regiões: Brasil (dois), EUA (um) e África do Sul (um).

Também se observa que 13 ancestrais contribuem, individualmente, com mais de 1,00% da base genética e que a CGA destes 13 ancestrais é de 93,12%, maior que a contribuição dos 14 ancestrais com mais de 1,00% do conjunto total (92,31%), mostrando uma base genética parecida, mas um pouco mais estreita.

Considerando os ancestrais comuns, houve diferença maior que 0,50% entre a CGR dos ancestrais do conjunto total e do conjunto privado em sete casos, sendo as maiores diferenças as observadas no ancestral Arksoy, com 1,33% (passou de 4,30% no conjunto geral para 5,63% no conjunto privado) e do ancestral Nanking, com 1,09% (passou de 11,73% no conjunto geral para 12,82% no conjunto privado). Houve 12 alterações de classificação com variação superior a cinco

posições. As maiores alterações ocorreram na PI 346304 (passando da 40ª posição no conjunto geral para a 21ª posição no conjunto privado) e na PI 230979 (passando da 46ª posição no conjunto geral para a 27ª posição no conjunto privado). Estas grandes diferenças de 19 posições ocorrem, porque estes ancestrais contribuem exclusivamente para as cultivares privadas, diluindo sua CGR.

2.3.6 Características dos ancestrais

A Tabela 13 mostra as características de alguns ancestrais. O ancestral que mais contribuiu para a base genética, CNS, apresenta alelos para resistência a várias doenças, como podridão de *Phytophthora* e pústula bacteriana. S-100 também apresenta resistência à raça 1 de *Phytophthora sojae*. Já o ancestral Tokyo apresenta resistência ao vírus do mosaico da soja, mas é suscetível à raça 1 de *Phytophthora sojae*. Roanoke (antecedente de Nanking) e PI 54610 são resistentes à mancha olho-de-rã. O ancestral Arksoy (7ª posição) possui resistência a 13 raças de *Phytophthora sojae*. Deve-se destacar que os principais ancestrais detalhados (os sete mais importantes, neste caso) possuem características complementares e resistências a muitas doenças importantes, contribuindo para o sucesso da soja no Brasil.

Além de Arksoy, os ancestrais PI 171442 (20ª posição), FC 31745 (22ª posição), Shinanomejiro (36ª posição), PI 230979 (46ª posição), Shih-Shih (47ª posição) e Mukden (60ª posição) apresentam resistência a muitas raças de *Phytophthora sojae*, englobando coletivamente as raças 1 a 11, 13 a 18, 21, 22 e 25. No entanto, como fica evidente, as contribuições variam. Assim, a PI 171442 está presente na genealogia de 34 cultivares, enquanto Mukden (o único ancestral com resistência à raça 25) só contribui para a cultivar IAC 16.

A linhagem Bilomi 3 (PI 240664) está na 10ª posição entre os ancestrais, de acordo com a CGR, contribuindo com 3,02% da base genética. Este ancestral foi de fundamental importância para a evolução da soja no Brasil, pois foi a primeira fonte de alelos para período juvenil longo que possibilitaram a expansão da soja para a região Central e Norte do Brasil (CAMPELO; KIIHL; ALMEIDA, 1999). Esta importância pode ser observada na freqüência deste ancestral, presente na genealogia de 101 cultivares (22,75%) e em todos os cinco períodos analisados. Já a PI 159925, outra fonte do alelo *j* de período juvenil longo, contribui bem menos (48ª posição, 0,04% CGR) e está presente na genealogia de apenas cinco das cultivares analisadas (BRSMG

250 e 251, BRSGO Amaralina, BRS Tambaqui e BRS Marina), todas liberadas nos dois períodos mais recentes (1991 a 2000 e 2001 a 2009).

Outra fonte de alelos de período juvenil longo é a linhagem IAC 73-2736, que é uma mutação de Hardee (CAMPELO; KIIHL; ALMEIDA, 1999). Esta fonte está presente nas genealogias de 21 das cultivares analisadas, como por exemplo BR-10, BR-11, BR-27 e BR-28, sendo a segunda fonte mais abundante, sendo superada apenas pela PI 240664. A cultivar Paranagoiana é uma mutação da cultivar Paraná e é considerada outra fonte de alelos do período juvenil longo (CAMPELO; KIIHL; ALMEIDA, 1999), estando presente nas genealogias de nove cultivares.

A literatura indica que o ancestral PI 274454 (18ª posição) apresenta resistência a insetos. Por exemplo, Lara et al. (1999) mostrou que a PI 274454 é resistente à *Diabrotica speciosa* e *Cerotoma* sp., quando avaliada em testes de não-preferência. Esta linhagem está presente nas genealogias de 32 cultivares (7,19%), inclusive IAC-100, uma cultivar considerada moderadamente resistente a insetos. Outro ancestral resistente a insetos é a PI 229358 (27ª posição), presente nas genealogias de dez cultivares (2,25%), inclusive IAC-100 e IAC-17 (LARA et al., 1999; LOURENÇÃO et al., 1997).

A PI 227687 (45ª posição) também é resistente a insetos que atacam a soja, incluindo *Pseudoplusia includens* (lagarta falsa-medideira da soja) (ROSE; SPARKS; SMITH, 1989). Este ancestral, também conhecido como Miyako White, contribui apenas para IAC 24 e IAC 25, portanto, ainda é uma fonte pouco explorada de resistência. A linhagem PI 171451, também indicada como resistente a insetos, não foi encontrada nas genealogias das cultivares abordadas neste trabalho.

A PI 437654 (23ª posição) apresenta dois alelos para resistência ao nematóide do cisto da soja, *rgh1* e *Rgh4*, além de outros quatro QTLs; por isso, apresenta resistência a quase todas as raças do nematóide do cisto da soja (NCS) (raças 1, 2, 3, 5 e 14), mas possui muitas características indesejáveis, como deiscência de vagens, acamamento e baixa produtividade (WU et al., 2009; BRUCKER et al., 2005). Este ancestral contribui para 20 cultivares, entre eles Hartwig e BRSGO Chapadões.

O alelo *rgh1* é o principal gene que confere resistência ao NCS e ele também está presente no ancestral Peking (25ª posição), assim como também estão presentes os alelos *rhg2*, *rhg3*, e *Rhg4*. Este ancestral contribui para 47 cultivares, inclusive Hartwig e BRSGO Chapadões.

A PI 88788 (49ª posição) também apresenta resistência ao NCS, estando presente o alelo *rgh1* e um outro QTL. Dados de Brucker et al. (2005) indicam que PI 88788 e PI 437654 apresentam alelos de resistência ao NCS diferentes, próximos ou no próprio loco *rgh1*. A PI 88788 é a principal fonte de resistência ao NCS de cultivares dos EUA, no entanto, ela só contribui para seis cultivares neste trabalho, entre elas BRSMG 250 e 251 e FMT Matrinxã. Assim, esta diferença funcional entre alelos é importante para programas de melhoramento, pois dependendo da raça presente, um ou outro alelo teria maior eficiência no controle da doença.

O ancestral PI 90763 (59ª posição) também apresenta resistência ao NCS (raças 1 a 3 e 5), mas só está presente na cultivar BRS Piraíba. Outras fontes de resistência ao NCS não foram encontradas na base genética das cultivares analisadas, como a PI 209332, PI 89772 e PI 404198A (WU et al., 2009), sendo possíveis fontes não-exploradas de variabilidade.

Na 26ª posição está a PI 80837, que possui algumas características interessantes. Primeiro, ela apresenta resistência à *Cercospora kikuchii*, agente causador da mancha púrpura de sementes e do crestamento foliar de *Cercospora*, condicionada por um gene dominante, mapeado no grupo de ligação molecular G. Este ancestral é uma das duas fontes existentes que foram parcialmente caracterizadas para resistência a essa doença, a outra sendo a cultivar SJ.2 (JACKSON; FENN; CHEN, 2006). Além disso, este ancestral apresenta resistência à *Phomopsis* spp., um complexo de patógenos que causa seca da haste e da vagem na soja. Esta resistência é controlada por um gene dominante. Os genes que controlam estas doenças não estão ligados (JACKSON; FENN; CHEN, 2005).

A PI 80837 também possui o alelo *Pd1* para pubescência densa. Esta característica pode ampliar a refletividade da superfície foliar, podendo levar a uma redução na transpiração (PALMER et al., 2004). Além disso, também reduz a disseminação do vírus do mosaico da soja em campo (REN et al., 2000). Este ancestral contribui para três cultivares (RS 7, Fundacep 38 e BRS Torena).

Na 40ª posição está o ancestral PI 346304, que apresenta resistência ao CCMV (Cowpea chlorotic mottle vírus), uma virose que afeta a soja nos EUA, mas que tem pouca importância no Brasil (GOODRICK; KUHN; BOERMA, 1991).

O ancestral Kyushu 111 (43ª posição), como dito anteriormente, é um genótipo triplo nulo para as três lipoxigenases da soja e está presente apenas nas genealogias das cultivares UFVTN 101, 102, 103, 104 e 105, sendo que estas cultivares foram desenvolvidas para serem utilizadas

como soja-hortaliça. Uma das características essenciais deste tipo de soja é a ausência de lipoxigenases, pois estas causam a oxidação dos ácidos graxos presentes na semente, levando a um sabor desagradável (CHARLO et al., 2008). Já a PI 86023 (50ª posição), conhecida como Goyou Kurakake, apresenta apenas o alelo *lx2*, que confere ausência da lipoxigenase-2 e também está presente na genealogia das cultivares mencionadas no parágrafo anterior. O ancestral Ichigowase (58ª posição), também conhecido como I-Higo-Wase, apresenta o alelo *lx3*, para ausência de lipoxigenase-3, e está presente nas genealogias das cultivares anteriores, exceto UFVTN105.

O principal inibidor de tripsina da soja é o inibidor Kunitz e é considerado um fator antinutricional que precisa ser inativado por tratamento térmico (LUSAS, 2004). A PI 157440 (44ª posição) apresenta o alelo *ti* que confere o fenótipo de ausência de inibidor de tripsina Kunitz. Este fenótipo trás algumas vantagens, como por exemplo o uso de grãos de soja não-tratados termicamente diretamente na ração de animais, com conseqüente economia de energia (CHARLO et al., 2008). Este ancestral contribui apenas para a cultivar BRS 155.

O ancestral Shih-Shih (47ª posição) é uma cultivar originada do Japão, cultivada tanto como hortaliça como para grãos. No Taiwan, onde teve grande sucesso na década de 1950, é conhecida como Shih-Shih, mas no Japão seu nome é Jikkoku (LIN; CHENG, 2010). Ele contribui apenas para duas cultivares: BRS 217 (Flora) e BRSMS Bacuri.

A PI 86490 (51ª posição) contribui apenas para a cultivar BRS 216, que foi desenvolvida para produção de “natto” (alimento fermentado japonês). Uma das características do “natto” é o uso de soja com grãos pequenos, e a PI 86023 possui esta característica importante (3,5 g/100 sementes) (ESTADOS UNIDOS, 2010).

O pulgão da soja (*Aphis glycines*) é uma praga originária da Ásia que foi recentemente introduzida nos EUA, no ano de 2000, e vem causando prejuízos significativos. Em um estudo recente, foram avaliadas 1425 cultivares norte-americanas, além de 106 cultivares asiáticas e 11 isolinhas de Clark, mas nenhum destes genótipos apresentou resistência. As únicas fontes de resistência encontradas até o momento foram nos ancestrais da soja americana Dowling, Jackson (resistência do tipo antibiose) e PI 71506 (resistência do tipo antixenose) (HILL; LI; HARTMAN, 2004). Uma desta três fontes está presente entre os ancestrais da soja brasileira, a PI 71506 (52ª posição), mas que contribui apenas para a cultivar Fepagro 31.

No Brasil, não há relatos de pulgões infestando a soja (ALMEIDA, 2008), mas é possível que este afídeo seja introduzido no Brasil no futuro. Além dos danos diretos que causa, ele também é vetor de viroses, como o mosaico comum da soja. No entanto, o ancestral PI 71506 também possui baixa germinação em condições de altas temperaturas (SMITH et al., 2008), sugerindo cautela ao se utilizar este genótipo como fonte para resistência.

Como comentado em outra seção, a linhagem GTS 40-3-2 (56ª posição) foi a fonte do gene *CP4 EPSPS*, conferindo resistência ao herbicida glifosato. Ela é derivada da cultivar A5403 (PARROTT; CLEMENTE, 2004).

2.3.7 Comparação com a base genética da soja de outros países

No item 2.1.3 já foi realizada uma comparação entre a base genética da soja do Brasil de 1986 com a de diversos países e os novos dados mostram que não houve grande alteração. A base genética brasileira de soja continua sendo uma das mais estreitas quando comparada com os estudos disponíveis sobre base genética de outros países, sendo que ela se aproxima mais da base dos EUA. Quando se compara a base genética destes dois países, observa-se que 26 ancestrais encontrados neste trabalho também são ancestrais da base genética da soja norte-americana. Já dos 14 principais ancestrais do Brasil, 11 são encontrados na base genética americana, sendo que seis deles também estão entre os principais ancestrais dos EUA (os que contribuem com mais de 1,00%). De grande destaque são CNS, Richland e S-100, todos com mais de 5,00% de contribuição individual para a base genética da soja dos EUA (GIZLICE; CARTER; BURTON, 1994).

Além disso, os cinco principais ancestrais encontrados neste trabalho (CNS, S-100, Nanking, Tokyo e PI 54610), que contribuem com 63,84% da base genética da soja brasileira, são exatamente os mesmos cinco ancestrais mais importantes da base genética do Sul dos EUA, embora a ordem de importância no Sul dos EUA seja CNS, S-100, Tokyo, PI 54610 e Nanking. Lá eles contribuem com 2/3 da base genética dessa região. Assim como outros trabalhos já haviam indicado (HIROMOTO; VELLO, 1986; MIYASAKA; MEDINA, 1981) estes dados mostram que o germoplasma brasileiro de soja foi derivado de cultivares e linhagens do Sul dos EUA, sendo que ambos apresentam mais de 60% da base genética em comum.

Em comparação com a base genética chinesa, tem-se nove ancestrais em comum entre os 339 relatados: CNS, S-100, Dunfield, Mandarin, Manchu, Peking, nº 171, Richland e Mukden. A maioria destes ancestrais contribui para a base genética chinesa através das cultivares Williams e Clark 63, mas nenhum desses ancestrais apresenta grande contribuição para a base genética chinesa (CUI; CARTER; BURTON, 2000a).

Em relação à base genética do Japão, apenas cinco ancestrais são compartilhados com a base genética brasileira, de um total de 74 ancestrais, sendo eles: CNS, S-100, Tokyo, PI 54610 e Mandarin (Ottawa). Mas nenhum destes ancestrais apresentou contribuição acima de 1,00% para a base genética japonesa.

2.3.8 Comparação dos resultados com dados de marcadores moleculares

Abdelnoor, Barros e Moreira (1995) utilizaram marcadores RAPD para avaliar a diversidade genética de 38 cultivares brasileiras de soja e calcularam a distância genética entre os pares de cultivares com base na presença ou ausência de bandas de DNA. Eles encontraram uma distância genética média de 17,40% (variação de 14,20% a 20,50%) e distâncias genéticas individuais variando de zero a 31%. Estes dados também apontam para uma base genética bastante estreita. Os dados dos marcadores moleculares estão, de modo geral, coerentes com as genealogias das cultivares. Por exemplo, as distâncias entre as cultivares Paraná, Paranagoiana, Ocepar-8 e Ocepar-9-SS variaram de zero a 2%, refletindo o fato de que as três últimas cultivares foram selecionadas da cultivar Paraná.

Bonato et al. (2006) analisaram 317 cultivares de soja, liberadas entre 1962 e 1998, e estimaram sua similaridade genética utilizando-se marcadores AFLP, com seis combinações de primers, gerando 78 bandas polimórficas. Encontraram uma alta similaridade genética entre as cultivares sendo que o coeficiente de similaridade médio das cultivares foi de 0,61 (variando de 0,17 a 0,97), ou seja, estes dados também mostram que as cultivares brasileiras de soja possuem base genética estreita. No entanto, como mencionado anteriormente, estes autores não encontraram correlação significativa entre dados de coeficiente de parentesco e de marcadores RAPD.

Mas, quando estes autores subdividiram as cultivares em três períodos diferentes de lançamento, verificaram que a média dos coeficientes de similaridade permaneceu praticamente

constante ao longo do tempo. Estes dados diferem dos encontrados neste trabalho, que indicam um estreitamento da base genética da soja ao longo do tempo.

Priolli et al. (2002) utilizaram 12 marcadores microssatélites para estimar a similaridade genética de 186 cultivares brasileiras de soja e encontraram um valor médio de similaridade de 0,36, um valor menor que o relatado por Bonato et al. (2006).

Priolli et al. (2004) analisaram 184 cultivares brasileiras de soja com 12 marcadores microssatélites para determinar o efeito do melhoramento sobre a diversidade genética destas cultivares, separando-as em cinco períodos de lançamento (período total de 1979 até 1999). Eles não encontraram diferenças significativas entre os períodos e concluíram que a diversidade genética da soja foi mantida ao longo do tempo, contrastando com os resultados encontrados aqui, onde há uma redução da base genética, com concentração da contribuição dos quatro principais ancestrais.

Vieira et al. (2009) analisaram 53 cultivares de soja com 53 marcadores microssatélites polimórficos e encontraram um coeficiente de similaridade médio de 0,53 e concluíram que é possível detectar significativa variabilidade no germoplasma brasileiro, mesmo entre cultivares elite.

Como foi evidenciado pelos dados genealógicos, a base genética da soja é estreita, estando bastante concentrada em apenas 14 ancestrais, que representam mais de 90% da base genética, sendo que quatro ancestrais representam mais de 50% da base genética. No entanto, a soja vem apresentando ganhos genéticos para produtividade de grãos e outras características ao longo dos últimos 50 anos, mesmo com uma estreita base genética (BONATO et al., 2006). Parece que a incorporação de novos ancestrais está ligada à solução de problemas pontuais na medida em que surgem, como resistência a insetos e doenças e a incorporação de características especiais, como soja para consumo humano. Exemplos claros foram vistos na seção 2.3.6, onde foram relatadas as características de vários ancestrais.

3 CONCLUSÕES

a) A base genética das 444 cultivares brasileiras de soja é bastante estreita, pois apesar de ser constituída por 60 ancestrais, apenas quatro deles (CNS, S-100, Nanking e Tokyo) representam 55,26% da base genética e apenas 14 contribuem com mais de 1,00% individualmente para a base genética.
b) A análise dos períodos revelou que a base genética da soja sofreu uma redução com o passar do tempo, sendo que os quatro principais ancestrais (CNS, S-100, Nanking e Tokyo) foram os mesmos em todos os períodos, embora alterando posições entre si. A CGA destes ancestrais passou de 46,60% (período anterior a 1971) para 57,59% (período 2001 a 2009).
c) Com o passar do tempo, mais ancestrais foram incorporados à base genética da soja, passando de 18 ancestrais (período anterior a 1971) para 52 ancestrais (período 2001 a 2009), mas os ancestrais novos apresentam baixa CGR.
d) As bases genéticas das cultivares públicas e privadas são bastante similares. Os principais ancestrais, tanto das cultivares públicas quanto das privadas apresentam CGR similar à da base genética do conjunto total. O número de ancestrais no conjunto de cultivares públicas é maior que o das cultivares privadas.

REFERÊNCIAS

ABDELNOOR, R.V.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Determination of genetic diversity within Brazilian soybean germplasm using random amplified polymorphic DNA techniques and comparative analysis with pedigree data. **Brazilian Journal of Genetics,** Ribeirão Preto, v. 18, n. 2, p. 265-273, abr. 1995.

ALMEIDA, A.M.R. Viroses da soja no Brasil: sintomas, etiologia e controle. **Documentos [da] EMBRAPA Soja,** Londrina, n. 306, p. 1-61, set. 2008.

BHARADWAJ, C.H.; SATYAVATHI, C.T.; TIWARI, S.P.; KARMAKAR, P.G. Genetic base of soybean (*Glycine max*) varieties released in Índia as revealed by coefficient of parentage. **Indian Journal of Agricultural Sciences,** Delhi, v. 72, n. 8, p. 467-469, Aug. 2002.

BONETTI, L.P. Distribuição da soja no mundo. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (Ed.) **A soja no Brasil**. Campinas: ITAL, 1981, p. 1-6.

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,** Ribeirão Preto, v. 29, n. 4, p. 692-704, Oct. 2006.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. 2010. **CultivarWeb.** Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/proton/cultivarweb/cultivares_registradas.php?txt_ordem=&postado=1&acao=pesquisar&first=S>. Acesso em: 24 set. 2010.

BRUCKER, E.; CARLSON, S.; WRIGHT, E.; NIBLACK, T.; DIERS, B. *Rhg1* alleles from soybean PI 437654 and PI 88788 respond differentially to isolates of *Heterodera glycines* in the greenhouse. **Theoretical and Applied Genetics,** New York, v. 111, n. 1, p. 44-49, June 2005.

CAMPELO, G.J. de A.; KIIHL, R.A. de S.; ALMEIDA, L.A. de. Características agronômicas e morfológicas das cultivares de soja desenvolvidas para as regiões de baixas latitudes. In: QUEIRÓZ, M. A. de; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro.** (on line). Versão 1.0. Petrolina-PE: EMBRAPA Semi-Árido/Brasília-DF: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, nov. 1999. Disponível em: <http://www.cpatsa.EMBRAPA.br>. Acesso em: 7 out. 2010.

CARTER, T.E. Jr.; NELSON, R.L.; SNELLER, C.H.; CUI, Z. Genetic diversity in soybean. In: BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. (Ed.). **Soybeans:** improvement, production and uses. 4th ed. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science Society of America and Soil Science Society of America, 2004. 1144 p.

CHARLO, H.C. de O.; CASTOLDI, R.; VARGAS, P.F.; BRAZ, L.T.; MENDONÇA, J.L. de. Desempenho de genótipos de soja-hortaliça de ciclo precoce [*Glycine max* (L.) Merrill] em diferentes densidades. **Ciência e Agrotecnologia,** Lavras, v. 32, n. 2, p. 630-634, mar./abr. 2008.

CHUNG,G.; SINGH,R.J. Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach. **Critical Reviews in Plant Sciences,** Boca Raton, v.27, n. 5, p.295-341, Sept. 2008.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira:** grãos, nono levantamento, junho/2009. Brasília: CONAB, 2010, 45 p. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/8graos_6.5.10.pdf> Acesso em: 24 set. 2010.

CONCIBIDO, V.C.; VALLEE, B.L.; MCLAIRD, P.; PINEDA, N.; MEYER, J.; HUMMEL, L.; YANG, J.; WU, K.; DELANNAY, X. Introgression of a quantitative trait locus for yield from *Glycine soja* into commercial soybean cultivars. **Theoretical and Applied Genetics,** New York, v. 106, n. 4, p. 575-582, Feb. 2003.

CUI, Z.; CARTER, T.E. Jr.; BURTON, J.W. Genetic base of 651 Chinese soybean cultivars released during 1923 to 1995. **Crop Science,** Madison, v. 40, n. 5, p. 1470-1481, Sept. 2000a.

_____ Genetic diversity patterns in chinese soybean cultivars based on coefficient of parentage. **Crop Science,** Madison, v. 40, n. 6, p.1780-1793, Nov. 2000b.

DELANNAY, X.; RODGERS, D.M.; PALMER, R.G. Relative genetic contributions among ancestral lines to North American soybean cultivars. **Crop Science,** Madison, v. 23, n. 5, p.944-949, Sept.-Oct. 1983.

EMBRAPA SOJA. 2008. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Centro Nacional de Pesquisa de Soja. **Soja em números (safra 2006/2007).** Disponível em: <http://www.cnpso.EMBRAPA.br/index.php?op_page=294&cod_pai=17>. Acesso em: 28 jul. 2009.

_____. 2004. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Centro Nacional de Pesquisa de Soja. **Tecnologias de produção de soja região central do Brasil 2004:** a soja no Brasil. Disponível em: <http://www.cnpso.EMBRAPA.br/producaosoja/SojanoBrasil.htm>. Acesso em: 24 set. 2010.

ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **Supply and use:** soybeans, soybean meal, and soybean oil, U.S., major foreign exporters, importers, and world, 2005/06-2008/09. Disponível em: <http://usda.mannlib.cornell.edu>. Acesso em: 7 out. 2010a.

_____. **Germplasm resources information network - GRIN**. Disponível em: <http://www.ars-grin.gov/cgi-bin/npgs/html/crop.pl?51> Acesso em: 8 set. 2010b.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics.** 4th ed. Essex: Longman, 1996. 464 p.

FEHR, W.R. Breeding methods for cultivar development. In: WILCOX, J.R. (Ed.). **Soybeans:** improvement, production and uses. 2nd ed. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science Society of America and Soil Science Society of America, 1987. p. 249-294.

GIZLICE, Z.; CARTER, T.E.; BURTON, J.W. Genetic diversity in North American soybean: I. multivariate analysis of founding stock and relation to coefficient of parentage. **Crop Science,** Madison, v. 33, n. 3, p. 614-620, May-June 1993a.

GIZLICE, Z.; CARTER, 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,** Madison, v. 33, n. 3, p. 620-626, May-June 1993b.

GIZLICE, Z.; CARTER, T.E.; BURTON, J.W. Genetic base for North American public soybean cultivars released between 1947 and 1988. **Crop Science,** Madison, v. 34, n. 5, p. 1143-1151, Sept.-Oct. 1994.

GOODRICK, B.J.; KUHN, C.W.; BOERMA, H.R. Inheritance of nonnecrotic resistance to cowpea chlorotic mottle virus in soybean. **Journal of Heredity,** Washington, D.C., v. 82, n. 6, p. 512-514, nov. 1991.

HELMS, T.; ORF, J.; VALLAD, G.; McCLEAN, P. Genetic variance, coefficient of parentage, and genetic distance of six soybean populations. **Theoretical and Applied Genetics,** New York, v. 94, n. 1, p. 20-26, Jan. 1997.

HILL, C.B.; LI, Y.; HARTMAN, G.L. Resistance to the soybean aphid in soybean germplasm. **Crop Science,** Madison, v. 44, n. 1, p. 98-106, Jan. 2004.

HIROMOTO, D.M.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética,** Ribeirão Preto, v. 9, n. 2, p.295-306, 1986.

HYMOWITZ, T. Speciation and cytogenetics. In: BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. (Ed.). **Soybeans:** improvement, production and uses. 4th ed. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science Society of America and Soil Science Society of America, 2004. chap. 4, p. 97-136.

JACKSON, E.W.; FENN, P.; CHEN, P. Inheritance of resistance to Phomopsis seed decay in soybean PI 80837 and MO/PSD-0259 (PI 562694). **Crop Science,** Madison, v. 45, n. 6, p. 2400-2404, Nov. 2005.

JACKSON, E.W.; FENN, P.; CHEN, P. Inheritance of resistance to purple seed stain caused by *Cercospora kikuchii* in PI 80837 soybean. **Crop Science,** Madison, v. 46, n. 3, p. 1462-1466, May 2006.

KASTER, M.; QUEIROZ, E.F.; TERESAWA, F. Introdução da soja nas principais regiões agrícolas. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (Ed.) **A soja no Brasil**. Campinas: ITAL, 1981. p. 22-24.

KEIM, P.; BEAVIS, W.; SCHUPP, J.; FREESTONE, R. Evaluation of soybean RFLP marker diversity in adapted germplasm. **Theoretical and Applied Genetics,** New York, v. 85, n. 2-3, p. 205-212, Nov. 1992.

KISHA, T.J.; DIERS, B.W.; HOYT, J.M.; SNELLER, C.H. Genetic diversity among soybean plant introductions and North American germplasm. **Crop Science,** Madison, v. 38, n. 6, p. 1669-1680, Nov.-Dec. 1998.

LARA, F.M.; ELIAS, J.M.; BALDIN, E.L.L.; BARBOSA, J.C. Preferência alimentar de *Diabrotica speciosa* (Germ.) e *Cerotoma* sp. por genótipos de soja. **Scientia Agrícola,** Piracicaba, v. 56, n. 4, p. 947-951, out. dec. 1999.

LIN, F.H.; CHENG, S.T. **Vegetable soybean development for export to Japan**: a historical and technical perspective. Disponível em: < http://www.avrdc.org/pdf/soybean/soybean%20development.pdf>. Acesso em: 28 set. 2010.

LORENZEN, L.L.; BOUTIN, S.; YOUNG, N.; SPECHT, J.E.; SHOEMAKER, R.C. Soybean pedigree analysis during map-based molecular markers. I: Tracking RFLP markers in cultivars. **Crop Science,** Madison, v. 35, n. 5, p. 1326-1336, Sept.-Oct. 1995.

LOURENÇÃO, A.L.; MIRANDA, M.A.C.; PEREIRA, J.C.V.N.A.; AMBROSANO, G.M.B. Resistência de soja a insetos: X. Comportamento de cultivares e linhagens em relação a percevejos e desfolhadores. **Anais da Sociedade Entomológica do Brasil,** Londrina, v. 26, n. 3, p. 543-550, dez. 1997.

LUSAS, E.W. Soybean processing and utilization. In: BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. (Ed.). **Soybeans:** improvement, production and uses. 4th ed. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science Society of America and Soil Science Society of America, 2004. chap. 20, p. 949-1045.

MANJARREZ-SANDOVAL, P.; CARTER Jr, T.E.; WEBB, D.M.; BURTON, J.W. RFLP genetic similarity estimates and coefficient of parentage as genetic variance predictors for soybean yield. **Crop Science,** Madison, v. 37, n. 3, p. 698-703, May-June 1997.

MIKEL, M.A.; DIERS, B.W.; NELSON, R.A.; SMITH, H.H. Genetic diversity and agronomic improvement of North American soybean germplasm. **Crop Science,** Madison, v. 50, n. 4, p. 1219-1229, July-Aug. 2010.

MIRANDA, Z.de F.S. **Base genética de cultivares de soja no Brasil.** 2005. 70p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2005.

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

MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (Ed.). **A soja no Brasil**. Campinas: ITAL, 1981. 1062 p.

NARVEL, J.M.; FEHR, W.R.; CHU, W.C.; GRANT, D.; SHOEMAKER, R.C. Simple sequence repeat diversity among soybean plant introductions and elite genotypes. **Crop Science,** Madison, v. 40, n. 5, p. 1452-1458, Sept. 2000.

PALMER, R.G.; PFEIFFER, T.W.; BUSS, G.R.; KILEN, T.C. Qualitative genetics. In: BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. (Ed.). **Soybeans:** improvement, production and uses. 4th ed. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science Society of America and Soil Science Society of America, 2004. chap. 5, p. 137-233.

PARROTT, W.A.; CLEMENTE, T.E. Transgenic soybean. In: BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. (Ed.). **Soybeans:** improvement, production and uses. 4th ed. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science Society of America and Soil Science Society of America, 2004. chap. 7, p. 137-233.

PRIOLLI, R.H.G.; MENDES-JÚNIOR, C.T.; ARANTES, N.E.; CONTEL, E.P.B. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology,** Ribeirão Preto, v. 25, n.2, p. 185-193, Abr. 2002.

PRIOLLI, R.H.G.; MENDES-JÚNIOR, 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,** Brasília, v. 39, n. 10, p. 967-975, out. 2004.

PRIOLLI, R.H.G.; PINHEIRO, J.B.; ZUCCHI, M.I.; BAJAY, M.M.; VELLO, N.A. Genetic diversity among Brazilian soybean cultivars base don SSR loci and pedigree data. **Brazilian Archives of Biology and Technology,** Curitiba, v. 53, n. 3, p. 519-531, May-June 2010.

REN, Q.; PFEIFFER, T.W.; GHABRIAL, S.A. Relationship between soybean pubescence density and soybean mosaic virus field spread. **Euphytica,** Wageningen, v. 111, n. 3, p. 191-198, Feb. 2000.

ROSE, R.L.; SPARKS, T.C.; SMITH, C.M. The influence of resistant soybean (PI 227687) foliage and coumestrol on the metabolism of xenobiotics by the soybean looper, *Pseudoplusia includens* (Walker). **Pesticide, Biochemistry and Physiology,** New York, v. 34, n. 1, p. 17-26, May 1989.

SINGH, R.J.; KOLLIPARA, K.P.; HYMOWITZ, T. Monosomic alien addition lines derived from *Glycine max* (L.) Merr. and *G. tomentella* Hayata: production, characterization, and breeding behavior. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 6, p. 1483–1489, Nov.-Dec. 1998.

SMITH, K.J., HUYSER, W. World distribution and significance of soybean. In: WILCOX, J.R. (Ed.). **Soybeans:** improvement, production and uses. 2nd ed. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science Society of America and Soil Science Society of America, 1987. chap. 1, p. 1-13.

SMITH, J.R.; MENGISTU, A.; NELSON, R.L.; PARIS, R.L. Identification of soybean accessions with high germinability in high-temperature environments. **Crop Science,** Madison, v. 48, n. 6, p. 2279-2288, Dec. 2008.

SNELLER, C.H. Pedigree analysis of elite soybean lines. **Crop Science,** Madison, v. 34, n. 6, p. 1515-1522, Nov.-Dec. 1994.

SNELLER, C.H.; MILES, J.W.; HOYT, J.M. Agronomic performance of soybean plant introductions and their genetic similarity to elite lines. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 5, p. 1595-1601, Sept.-Oct. 1997.

ST. MARTIN, S.K. Effective population size for the soybean improvement program in maturity groups 00 to IV. **Crop Science,** Madison, v. 22, n. 1, p. 151-152, Jan.-Feb. 1982.

TOLEDO, J.F.F.; ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R.A.S.; MENOSSO, O.G. Ganho genético em soja no Estado do Paraná, via melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 25, n. 1, p. 89-94, jan. 1990.

VELLO, N.A.; FEHR, W.R.; BAHRENFUS, J.B. Genetic variability and agronomic performance of soybean populations developed from plant introductions **Crop Science,** Madison, v. 24, n. 3, p. 511-514, May-June 1984.

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,** Ribeirão Preto, v. 11, n. 3, p. 679-697, jul. 1988.

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

WEN, Z.; DING, Y.; ZHAO, T.; GAI, J. Genetic diversity and peculiarity of annual wild soybean (*G. soja* Sieb. et Zucc.) from various eco-regions in China. **Theoretical and Applied Genetics,** New York, v.119, n. 2, p.371-381, July 2009.

WU, X.; BLAKE, S.; SLEPER, D.A.; SHANNON, G.J.; CREGAN, P.; NGUYEN, H.T. QTL, additive and epistatic effects for SCN resistance in PI 437654. **Theoretical and Applied Genetics,** New York, v. 118, n. 6, p. 1093-1105, Apr. 2009.

YAMANAKA, N.; SATO, H.; YANG, Z.; XU, D.H.; CATELLI, L.L.; BINNECK, E.; ARIAS, C.A.A.; ABDELNOOR, R.V.; NEPOMUCENO, A.L. Genetic relationships between Chinese, Japanese, and Brazilian soybean gene pools revealed by simple sequence repeat (SSR) markers. **Genetics and Molecular Biology,** Ribeirão Preto, v. 30, n.1, p. 85-88, Jan. 2007.

YUE, P.; ARELLI, P.R.; SLEPER, D.A. Molecular characterization of resistance to *Heterodera glycines* in soybean PI 438489B. **Theoretical and Applied Genetics,** New York, v. 102, n. 6-7, p. 921-928, May 2001.

ZHOU, X.; CARTER, T.E. Jr.; CUI, Z.; MIYAZAKI, S.; BURTON, J.W. Genetic base of Japanese soybean cultivars released during 1950 to 1988. **Crop Science,** Madison, v. 40, n. 6, p. 1794-1802, Nov. 2000.

BIBLIOGRAFIA CONSULTADA

ALMEIDA, F. A. de; WETZEL, C.T.; ÁVILA, A.F.D. **Impacto das cultivares de soja da EMBRAPA e rentabilidade dos investimentos em melhoramento.** Brasília: EMBRAPA Comunicação para Transferência de Tecnologia, 1999. 54 p. Texto para discussão.

APASSUL. **Cultivares/Descrição**. Disponível em: <http://www.apassul.com.br/index.php?menu=cultivares>. Acesso em: 8 set. 2010.

ARIAS, C.A.A.; YORINORI, J.T.; TOLEDO, J.F.F. de; KIIHL, R.A.de S. Inheritance of resistance of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] to races 4 and 15 of frogeye leaf spot fungus (*Cercospora sojina* Hara). **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 19, n. 2, p. 295-304, 1996.

BERNARD, R.L.; CREMEENS, C.R. Registration of Union soybean. **Crop Science**, Madison, v. 22, n. 3, p. 688, May 1982.

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

BOQUET, D.; WILLIAMS, C.; BIRCHFIELD, W. Inheritance of resistance to the Wartelle race of root-knot nematode in soybeans. **Crop Science,** Madison, v. 16, n. 6, p. 783-785, Nov./Dec. 1976.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – MAPA. **CultivarWeb.** Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/proton/cultivarweb/cultivares_registradas.php?txt_ordem=&postado=1&acao=pesquisar&first=S>. Acesso em: 9 set. 2010.

BUSS, G.R.; CAMPER, H.M. Jr.; ROANE, C.W. Registration of 'Hutchenson' soybean. **Crop Science,** Madison, v. 28, n. 6, p. 1024-1025, Nov./Dec.1988.

CAIRO, C.A.; STEIN, J.; DELGADO, L.; BORTOLOTTI, S.; GUELMAN, S.A.; ORTIZ, J.P.A.; MORANDI, E.N. Tagging the juvenile locus in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] with molecular markers. **Euphytica,** Wageningen, v. 124, n. 3, p. 387-395, Apr. 2002.

CAMPELO, G.J. de A.; ALMEIDA, L.A. de; KIIHL, R.A. de A.; MONTALVAN, R. Cultivar de soja BRS Aroeira. **Comunicado técnico [da] EMBRAPA Meio-Norte,** Teresina, v. 135, p. 1-2, 2002.

CAMPELO, G.J. de A.; MIRANDA, M.A.C.; KIIHL, R.A. de S.; ALMEIDA, L.A. de; KLEPKER, D. Cultivar de soja BRS MA Juçara. **Comunicado técnico [da] EMBRAPA Meio-Norte,** Teresina, v. 131, p. 1-2, 2002.

CARNIELLI, A.; SONEGO, O.R.; NASCIMENTO, J.R. de. Contribuição ao estudo da resistência de genótipos de soja ao nematóide *Meloidogyne javanica*. In: REUNIÃO DE NEMATOLOGIA, 7, 1983, Brasília. **Anais...** Piracicaba: Sociedade Brasileira de Nematologia, 1983. p. 129-135.

CHUEIRE, L.M. de O.; HUNGRIA, M. N_2-fixation ability of Brazilian soybean cultivars with *Sinorhizobium xinjiangensis*. **Plant and Soil,** Dordrecht, v. 196, n. 1, p. 1-5, Sept. 1997.

CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 1999, Londrina. **Anais...** Londrina: EMBRAPA Soja, 1999. 533 p.

CREGAN, P.B.; HARTWIG, E.E. Characterization of flowering response to photoperiod in diverse soybean genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 24, n. 4, p.659-662, July 1984.

DUARTE, J.B.; ROLIM, R.B.; OLIVEIRA, P.M.F. de; SOUZA, J.R. de. Adaptabilidade e estabilidade de rendimentos de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill), nas condições de Goiás e Distrito Federal. **Anais da Escola de Agronomia e Veterinária**, Goiânia, v. 24, n. 1, p. 90-109, 1994.

EL-HUSNY, J.C.; ANDRADE, E.B. de; SOUZA, F.R.S. de; SILVEIRA FILHO, A.; ALMEIDA, L.A. de; KLEPKER, D.; MEYER, M.C. Recomendação de cultivares de soja para a microrregião de Paragominas, Pará. **Comunicado técnico [da] EMBRAPA Amazônia Oriental,** Belém, v. 82, p. 1-6, 2003.

EL-HUSNY, J.C.; SILVEIRA FILHO, A.; ANDRADE, E.B. de; CARVALHO, E.J.M.; BENCHIMOL, R.L.; VELOSO, C.A.C.; CORREA, J.R.V.; SOUZA, F.R.S. de. Soja BRS Candeia: Comportamento e recomendação para plantio nas microrregiões de Paragominas e Santarém, PA. **Comunicado técnico [da] EMBRAPA Amazônia Oriental,** Belém, v. 182, p. 1-5, 2006.

EMBRAPA. **Segurança alimentar.** Disponível em: <http://www22.sede.EMBRAPA.br/publicacoes/balsoc1999/seguranca.htm>. Acesso em: 9 set. 2010.

_____, SECRETARIA DE GESTÃO ESTRATÉGICA. **Relatório de gestão EMBRAPA – 2003.** Brasília: EMBRAPA-SGE, 2004. 113 p. Relatório.

EMBRAPA SOJA. Resultados de pesquisa da EMBRAPA Soja 1998. **Comunicado técnico [da] EMBRAPA Soja,** Londrina, v. 125, p. 1-247, 1999.

_____. **Recomendações técnicas para a cultura da soja na região central do brasil 2000/2001.** Londrina: EMBRAPA Soja,Fundação MT, 2000. 245 p.

GILLEN, A.M.; SHELTON, G.W. **Uniform soybean testes:** Southern States 2006. Stoneville: USDA-ARS, 2006. 200 p.

HA, B.K.; BENNETT, J.B.; HUSSEY, R.S.; FINNERTY, S.L.; BOERMA, H.R. Pedigree analysis of a major QTL conditioning soybean resistance to Southern root-knot nematode. **Crop Science,** Madison, v. 44, n. 3, p. 758-763, May/Jun. 2004.

HARTWIG, E.E. Registration of Tracey soybeans. **Crop Science,** Madison, v. 14, n. 5, p. 777, Sept./Oct. 1974.

HARTWIG, E.E.; EPPS, J.M. Registration of Bedford soybeans. **Science,** Madison, v. 18, n. 6, p. 915, Nov./Dec. 1978.

HARTWIG, E.E.; YOUNG, L.D. Registration of 'Cordell' soybean. **Crop Science**, Madison, v. 30, n. 1, p.231, Jan. 1990.

HARTWIG, E.E.; BARRENTINE, W.L.; EDWARDS, J. Jr. Registration of Tracey-M soybeans. **Crop Science,** Madison, v. 20, n. 6, p. 825, Nov./Dec. 1980.

HARTWIG, E.E.; HINSON, K.; SCOTT, A. Registration of 'Padre' soybean. **Crop Science**, Madison, v. 28, n. 6, p. 1025, Nov. 1988.

HARTWIG, E.E.; MUSEN, H.L.; MAXWELL, J.D. Registration of Govan soybeans. **Crop Science,** Madison, v. 18, n. 5, p. 914, Sept./Oct. 1978.

INSTITUTO AGRONÔMICO DE CAMPINAS – IAC. **Cultivares.** Disponível em: <http://www.iac.sp.gov.br/Cultivares/Relatorios/listagens/lCultivaresCultura.asp?Tarefa=Soja>. Acesso em: 9 set. 2010.

ITO, M.F.; MIRANDA, M.A.C. de; DUDIENAS, C.; PEREIRA, J.C.V.N.A.; BULISANI, E.A. Incidência de *Cercospora sojina* Hara em cultivares de soja. **Bragantia,** Campinas, v. 44, n. 1, p. 223-227, 1985.

KIIHL, R.A.S de. Melhoramento genético da soja no Brasil. In: MOLESTINA, C.J. (Ed.). **Dialogo XXI:** manejo del cultivo,control de plagas y enfermidades de la soja. Montevidéo: IICA/BID/PROCISUR, 1986. p. 73-76.

KITAMURA, K.; DAVIES, C.S.; KAIZUMA, N.; NIELSEN, N.C. Genetic analysis of a null-allele for lipoxygenase-3 in soybean seeds. **Crop Science,** Madison, v. 23, n. 5, p. 924-927, Sept. 1983.

LOURENÇÃO, A.L.; COSTA, A.S.; MIRANDA, M.A.C. de. Resistência de campo ao vírus da queima-do-broto em genótipos de soja resistentes a insetos. **Bragantia,** Campinas, v. 48, n. 2, p. 209-214, 1989.

LOURENÇÃO, A.L.; MIRANDA, M.A.C.; PEREIRA, J.C.V.N.A.; AMBROSANO, G.M.B. Resistência de soja a insetos: X. Comportamento de cultivares e linhagens em relação a percevejos e desfolhadores. **Anais da Sociedade Entomológica do Brasil,** Jaboticabal, v. 26, n. 3, p. 543-550, dez. 1997.

MENOSSO, O.G.; COSTA, J.A.; ANGHINONI, I.; BOHNENH. Tolerância de genótipos de soja ao alumínio em solução. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 35, n. 11, p. 2157-2166, nov. 2000.

MIRANDA, G.V.; SEDIYAMA, C.S.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D. Genetic diverstiy among elite soybean cultivars with narrowgenetic base. **Crop Breeding and Applied Biotechnology,** Londrina, v. 1, n. 2, p. 115-123, 2001.

MIRANDA, M.A.C. de; MASCARENHAS, H.A.A.; PEREIRA, J.C.V.N.A.; GALLO, P.B.; DIEHL, S.R.L.; PINZAN, N.R. Soja: avaliação de linhagens com período juvenil longo e obtenção do cultivar IAC-15. **Bragantia,** Campinas, v. 49, n. 2, p. 253-268, 1990.

MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (Ed.). **A soja no Brasil**. Campinas: ITAL, 1981. 1062 p.

MOREIRA, C.T.; SOUZA, P.I. de M. de; FARIAS NETO, A.L. de; ABUD, S. **Cultivar de soja BRS Nova Savana.** Brasília: EMBRAPA Cerrados, 2001. 2 p. Recomendação técnica 31.

ODA, M. do C. **Adaptabilidade de produção e análise molecular, genealógica e morfológica de cultivares de soja.** 2007. 76 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2007.

QUEIROZ, E.F.; VERNETTI, F.J.; TERASAWA, F.; KASTER, M. Soja: cultivar 'Flórida' descrição e comportamento. SEMINÁRIO NACIONAL DE PESQUISA DE SOJA, 1, 1979, Londrina. **Anais...** (vol 1). Londrina: EMBRAPA Soja. p. 393-395.

REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO CENTRAL DO BRASIL, 20, 1998, Londrina. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA Soja, 1998. 462 p.

_____, 22, 2000, Cuiabá. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA Soja, 2000. 222 p.

_____, 23, 2001, Londrina. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA Soja, 2001. 208 p.

_____, 24, 2002, São Pedro. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA Soja, 2002. 246 p.

_____, 25, 2003, Uberaba. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA Soja, 2003. 250 p.

_____, 26, 2004, Ribeirão Preto. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA Soja, 2004. 330 p.

_____, 27, 2005, Cornélio Procópio. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA Soja, 2005. 394 p.

_____, 28, 2006, Uberaba. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA Soja, 2006. 246 p.

_____, 29, 2007, Campo Grande. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA Soja, 2007. 248 p.

_____, 30, 2008, Rio Verde. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA Soja, 2008. 360 p.

REUNIÃO DE PESQUISA DA SOJA DA REGIÃO SUL, 34, 2006, Pelotas. **Indicações técnicas para a cultura da soja no Rio Grande do Sul e em Santa Catarina 2006/2007.** Pelotas: EMBRAPA Clima Temperado, 2006, 237 p. (versão online).

_____, 36, 2008, Porto Alegre. **Indicações técnicas para a cultura da soja no Rio Grande do Sul e em Santa Catarina 2008/2009.** Porto Alegre: Fepagro, 2008, 144 p. (versão online).

REZENDE, J.A.M.; MIRANDA, M.A.C. de; MASCARENHAS, H.A. Comportamento de cultivares de soja em relação à área foliar comida por lagartas das folhas. **Bragantia,** Campinas, v. 39, n. 1, p. 161-165, jan. 1980.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. de C.; DUTRA, J.H.; ANDRADE, M.A.S.; GOMES, J.L.L.; REIS, M.S. UFVS-2001 soybean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology,** Londrina, v. 1, n. 3, p. 313-315, 2001a.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. de C.; DUTRA, J.H.; ANDRADE, M.A.S.; GOMES, J.L.L.; REIS, M.S. UFVS-2002 soybean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology,** Londrina, v. 1, n. 3, p. 316-318, 2001b.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. de C.; DUTRA, J.H.; ANDRADE, M.A.S.; GOMES, J.L.L.; REIS, M.S. UFVS-2003 soybean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology,** Londrina, v. 1, n. 3, p. 319-321, 2001c.

SEDIYAMA, T.; GOMES, J.L.L; TEIXEIRA, R. de C.; ROCHA, V.S.; SEDIYAMA, C.S.; REIS, M.de S.; DUTRA, J.H.; ARANTES, N.E.; YAMANAKA, C.H.; ANDRADE, M.A.S.; BRITO, S.A. de; VILARINHO, F.M.A. Desenvolvimento de cultivares de soja para o Brasil Central. **Diálogo Iberoamericano,** Granada, n. 3, não paginado, 1996. Disponível em: <http://www.ugr.es/~ri/anteriores/dial03/d26-3.htm>. Acesso em: 9 set. 2010.

SEMINÁRIO NACIONAL DE PESQUISA DE SOJA, 5, Campo Grande, MS, 1989. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA-CNPSo, 1989. 36 p.

SHIPE, E.R.; MUELLER, J.D.; LEWIS, S.A.; WILLIAMS, P.F. Jr.; STEPHENS, R.K. Registration of 'Santee' soybean. **Crop Science,** Madison,, v. 43, n. 6, p. 2305-2306, Nov./Dec. 2003.

SOUZA, P.I. de M. de; MOREIRA, C.T.; FARIAS NETO, A.L. de; ABUD, S. **Cultivar de soja BRS 218 – Nina.** Planaltina: EMBRAPA Cerrados, 2001. 2 p. (Recomendação técnica 36).

SPEHAR, C.R. Breeding soybeans to the low latitudes of Brazilian Cerrados (Savannahs). **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 29, n. 8, p. 1167-1180, ago. 1994.

UDE, G.N.; KENWORTHY, W.J.; COSTA, J.M.; CREGAN, P.B.; ALVERNAZ, J. Genetic diversity of soybean cultivars from China, Japan, North America and North American ancestral lines determined by amplified fragment length polymorphism. **Crop Science,** Madison, v. 43, n. 5, p. 1858-1867, Sept. 2003.

VERNETTI, F.J.; GASTAL, M.K.C.; FERREIRA, L.P. Soja: linhagem PEL 71017. **Documentos – Centro de Pesquisa Agropecuária de Terras Baixas de Clima Temperado,** Pelotas, v.24, p. 1-9, 1986.

VIEIRA, E.S.N.; RESENDO VON PINHO, E.V.; CARVALHO, M. das G.G.; SILVA, P.A. da. Caracterização de cultivares de soja por descritores morfológicos e marcadores bioquímicos de proteínas e isoenzimas. **Revista Brasileira de Sementes,** Brasília, v. 31, n. 1, p. 86-94, jan. 2009.

WANG, W.H.; TAKANO, T.; SHIBATA, D.; KITAMURA, K.; TAKEDA, G. Molecular basis of a null mutation in soybean lipoxygenase 2: substitution of glutamine for an iron-ligand histidine. **Proceedings from the National Academy of Science of the USA,** Washington, D.C., v. 91, n. 13, p. 5828-5832, June 1994.

ANEXOS

ANEXO A – Tabelas

Tabela 1 – Contribuição genética acumulada (CGA), número de ancestrais, número de cultivares analisadas, coeficiente de parentesco (f) médio comparados entre a base genética de soja de diferentes países

País	**CGA (%)**			**Nº. ancestrais**	**Nº. cultivares**	**f médio**	**Período**
	50	**80**	**90**				
China	35	190	339	339	651	0,02	1923 a 1995
Japão	18	53	...	74	86	0,04	1950 a 1988
Índia	5	...	...	76	66	0,05	1968 a 2000
EUA Total	6	14	27	80	258	0,13	
EUA Norte	4	14	20	67	...	0,18	1947 a 1988
EUA Sul	3	10	16	39	...	0,23	
Brasil	5	9	12	26	69	0,16	≈ 1960 a 1984

Fonte: Cui et al. (2000a e 2000b); Zhou et al. 2000; Bharadwaj et al. (2002); Gizlice; Carter; Burton, 1994; Hiromoto e Vello (1986).
Nota: ... Dado numérico não disponível

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continua)

Nº	Cultivares	Genealogias
1	Andrews	Seleção em Santa Rosa
2	BA/BR-31	UFV-1 x M-4-1
3	Bienville	Pelican nº 2 x Ogden
4	Bossier	Seleção em Lee
5	BR/Emgopa 312 (Potiguar)	Paranagoiana x FT-Cristalina
6	BR/Emgopa 314 (Garça Branca)	Emgopa 301 x EMBRAPA 20 (Doko RC)
7	BR/IAC-21	IAC-8 RCH x (IAC-8 (5) x FT-Cristalina)
8	BR-1	Hill x L-356
9	BR-2	Hill x Hood
10	BR-3	Hampton x Campos Gerais
11	BR-4	Hill x Hood
12	BR-5	Hill x Hood
13	BR-6 (Nova Bragg)	Bragg (3) x Santa Rosa
14	BR-7	Hill x Hardee
15	BR-8 (Pelotas)	Bienville x Hampton
16	BR-9 (Savana)	Davis x (Hill x PI 240664)
17	BR-10 (Teresina)	UFV-1 x IAC73-2736-10
18	BR-11 (Carajás)	UFV-1 x IAC73-2736-10
19	BR-12	Bienville x Hood
20	BR-13 (Maravilha)	Bragg (4) x Santa Rosa
21	BR-14 (Modelo)	Santa Rosa x Campos Gerais
22	BR-15 (Mato Grosso)	Santa Rosa x LoD76-761
23	BR-16	D69-B10-M58 x Davis
24	BR-23	Bossier x Paraná
25	BR-24	Paraná x Davis
26	BR-27 (Cariri)	BR78-22043 x (Bragg x IAC73-2736)
27	BR-28 (Seridó)	Santa Rosa x BR78-11202
28	BR-29 (Londrina)	Davis x BR-5
29	BR-30	União (2) x Lo76-1763
30	BR-32 (Nova tropical)	IAS-4 x BR-1
31	BR-35 (Rio Balsas)	Seleção em FT-Cristalina
32	BR-36	IAS-4 (2) x BR78-22043
33	BR-37	União (2) x Lo76-1763
34	BR-38	FT-2 x União
35	BR-40 (Itiquira)	Davis (2) x (Hill x PI 240664)
36	Bragg	Jackson x D 49-2491
37	BRS 65	Seleção em Dourados
38	BRS 66	FT-Abyara x BR83-147

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continuação)

Nº	Cultivares	Genealogias
39	BRS 132	BR80-20703 x FT-12 (Nissei)
40	BRS 133	FT-Abyara x BR83-147
41	BRS 134	BR83-147 x BR84-8309
42	BRS 135	FT-Abyara x BR83-147
43	BRS 137	Dourados-1 (5) x Ocepar-9
44	BRS 138	BR-16 x BR85-16140
45	BRS 153	EMBRAPA 1 x Braxton
46	BRS 154	EMBRAPA 1 x Braxton
47	BRS 155	Paraná (2) x PI 157440
48	BRS 156	Tracey-M x [FT-5 x (Dourados-1 (5) x Ocepar-9)]
49	BRS 157	FT-81-2926 x BR83-147
50	BRS 181	FT-Abyara x BR83-147
51	BRS 183	EMBRAPA 1 (3) x IAC-12
52	BRS 184	FT-Guaíra x IAC-13
53	BRS 185	FT-Abyara x IAC-13
54	BRS 205	Tracey-M x (BR-16 (2) x Ocepar-8)
55	BRS 206	BR85-18565 x (BR-4 (3) x Tracey-M)
56	BRS 211	Tracey-M x Bragg
57	BRS 212	IAS-5 (3) x BR89-11983
58	BRS 213	BR94-23354 x BR94-23321
59	BRS 214	Sharkey x (Hartwig x BR-92-31814)
60	BRS 215	Sharkey x BR92-31879
61	BRS 216	IAC-13 x (EMBRAPA 4 x BR79-15807)
62	BRS 217 (Flora)	Centennial x (BR80-6889 (2) x Davis)
63	BRS 218 (Nina)	Ocepar-8 x BR92-31816
64	BRS 219 (Boa Vista)	(UFV-1 (2) x Davis) (2) x Williams 20
65	BRS 230	BR85-18565 (5) x (EMBRAPA 4 x Tracey-M)
66	BRS 231	Sharkey x (Hartwig x BR92-31814)
67	BRS 232	BR85-18565 (3) x (EMBRAPA 4 (3) x Tracey-M)
68	BRS 233	Bragg (2) x BR93-32091
69	BRS 239	Ocepar-4 x Braxton
70	BRS 240	Ocepar-4 x (BR-16 (4) x IAC-12)
71	BRS 241	BR-16 x BR85-16140
72	BRS 242 RR	EMBRAPA 58 (5) x (E96-246 x EMBRAPA 59)
73	BRS 243 RR	BRS-66 x (EMBRAPA 59 (3) x E96-246)
74	BRS 244 RR	EMBRAPA 59 (6) x E96-246
75	BRS 245 RR	BRS-133 (6) x E96-246
76	BRS 246 RR	EMBRAPA 61 x (BRS-133 (2) x E96-246)

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continuação)

Nº	Cultivares	Genealogias
77	BRS 247 RR	BRS-134 (4) x (EMBRAPA 59 (2) x E96-246)
78	BRS 252 (Serena)	FT-Jatobá x BR89-11989 D
79	BRS 254	EMBRAPA 1 (3) x IAC-12
80	BRS 255 RR	EMBRAPA 137 (3) x E96-246
81	BRS 256 RR	MG/BR-46 (Conquista) x (E96-246 x BRS-133)
82	BRS 258	BR-36 (6) x Tracey-M
83	BRS 259	BR-36 x (BR-16 (6) x IAC-12)
84	BRS 260	BRS-133 x CD-201
85	BRS 263 (Diferente)	Hartwig x {Sharkey x [Forrest (3) x (Lancer x BR80-6989)]}
86	BRS 266	BRS-66 x Hartwig
87	BRS 267	MG/BR-42 (Kage) x Tamahomare
88	BRS 271 RR	E96-246 x [EMBRAPA 33 (6) x (IAC-12 x FT-Cristalina)]
89	BRS 285	BRS-133 x CD-201
90	BRS 317	CD-202 x [BR-85-18565 (3) x (EMBRAPA 4 (3) x Tracey-M)]
91	BRS Anhumas	Emgopa 301 x (Doko (4) x IAC-7 R)
92	BRS Aurora	BR83-9520 x (Davis x IAC-12)
93	BRS Babaçu	EMBRAPA 34 (6) x BR90-7127
94	BRS Baliza RR	BRS Celeste (4) x [MS/BR-39 RCH x (BRSMT Uirapuru x E96-246)]
95	BRS Barreiras	FT-Abyara x [IAC-12 x (Lancer x BR80-6989)]
96	BRS Bororo	BR83-9520-1 (2) x FT-Estrela
97	BRS Candeia	Braxton x (BR-27 (4) x FT-Cristalina)
98	BRS Candiiero	BRS-66 x Hartwig
99	BRS Carla	BR-16 x BR83-147
100	BRS Celeste	Bossier x BR-1
101	BRS Corisco	Emgopa-314 x (Emgopa-306 (5) x BR92-31910)
102	BRS Curicaca	[Davis x (Bragg (3) x IAC73-2736-10)] (6) x IAC-12
103	BRS Diana	FT-Abyara x (FT-2 x BR80-6989)
104	BRS Eva	MG/BR-48 (Garimpo RCH) (4) x Dourados
105	BRS FEPAGRO 23	FT-Jatobá x [IAS-5 x (Davis x IAC-12)]
106	BRS Gilsele RR	MG/BR-46 (Conquista) (3) x [DM Vitória x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)]
107	BRS Gralha	Doko x BR83-9520
108	BRS Invernada	Delsoy 4710 x Stonewall
109	BRS Jiripoca	Sharkey x [Hartwig x (BR-87-567 (3) x FT-Estrela)]
110	BRS Juçara	EMBRAPA 32 (Itaqui) (6) x (IAC-12 x FT-Cristalina)

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continuação)

Nº	Cultivares	Genealogias
111	BRS Macota	Ocepar-4 x Ocepar-3
112	BRS Marina	EMBRAPA 62 x Vernal
113	BRS Milena	FT-Abyara x BR83-147
114	BRS Nova Savana	BR-9 (Savana) (5) x BR37-555
115	BRS Pala	BRS-66 x Hartwig
116	BRS Pétala	Bragg x [Braxton (2) (BR-27 (Cariri) (4) x FT-Cristalina)]
117	BRS Piraíba	Hartwig x (Cordell x 92R 435)
118	BRS Pirarara	BR-27 x [Braxton (2) x (BR-27 x FT-Cristalina)]
119	BRS Querência	BRS-66 x Hartwig
120	BRS Raimunda	Braxton x BR92-31857
121	BRS Rosa	FT-Guaíra x FT-Estrela
122	BRS Sambaíba	FT-5 x (Dourados-1 (4) x Ocepar-9)
123	BRS Seleta	BR83-9520 x (BR87-567 (2) x FT-Estrela)
124	BRS Sinuelo	Sharkey x [FT-5 x (Dourados-1(8) x Ocepar 9)]
125	BRS Tambaqui	Hartwig x [Padre x (BR87-567 x Tracey-M)]
126	BRS Torena	(PFBR87-866 x CEP-20) x (RS-6 (Guassupi) x RS-7 (Jacuí))
127	BRS Valiosa RR	MG/BR-46 (Conquista) (6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)
128	BRSGO 204 (Goiânia)	Braxton x [BR-13 (3) x (BR-16 x Ocepar-9)]
129	BRSGO 7860RR	EMBRAPA 48 RCH (2) x (E96-246 x BRS-133)
130	BRSGO 8160RR	MG/BR-46 (Conquista) (4) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)
131	BRSGO Amaralina	Vernal x Hartwig
132	BRSGO Bela Vista	Emgopa 308 (6) x BR92-31914
133	BRSGO Catalão	Emgopa 306 (6) x BR92-31910
134	BRSGO Chapadões	Hartwig (4) x (BR90-7063 x BR90-7213)
135	BRSGO Formosa	BR-13 x [Braxton (3) x (BR-27 (4) x Cristalina)]
136	BRSGO Goiatuba	Emgopa 305 (6) x Doko
137	BRSGO Graciosa	Ocepar-4 x [(BR-16 (4) x Ocepar-8) x (BR-16 (4) x (IAC-12)]
138	BRSGO Luziânia	Braxton x [FT-5 x (Dourados-1 (5) x Ocepar-9)]
139	BRSGO Paraíso	BR-13 x [Braxton (3) x (BR-27 (4) x Cristalina)]
140	BRSGO Santa Cruz	FT-14 x (Dourados-2 (2) x Ocepar-9)
141	BRSMA Parnaíba	FT-Seriema (seleção RCH) x BR-10
142	BRSMA Pati	BR83-9520 (2) x FT-Estrela
143	BRSMA Seridó RCH	BR-28 (Seridó) (6) x EMBRAPA 20 (Doko RC)
144	BRSMG 250 (Nobreza)	Stonewall x [Sharkey x (Avery x Padre)]

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continuação)

Nº	Cultivares	Genealogias
145	BRSMG 251 (Robusta)	Stonewall x [Sharkey x (Avery x Padre)]
146	BRSMG 68 (Vencedora)	Braxton x [FT-5 x (Dourados-1 (5) x Ocepar-9)]
147	BRSMG Confiança	Paraná x BR83-147
148	BRSMG Garantia	Braxton (2) x (BR-27 (4) x FT-Cristalina)
149	BRSMG Liderança	Centennial (2) x [Davis x (Paraná x Bossier)]
150	BRSMG Nova Fronteira	[IAS-5 (4) x (Bossier x Paraná)] x (FT-2 x União)
151	BRSMG Preciosa	Sharkey x [EMBRAPA 64 x (Ocepar-8 x Invicta)]
152	BRSMG Virtuosa	Ocepar-4 x IAC-12
153	BRSMS Apaiari	BR-16 x Ocepar-8
154	BRSMS Bacuri	Braxton x [FT-2 x (IAS-5 (6) x BR80-6989)]
155	BRSMS Campo Grande	FT-Abyara x BR83-147
156	BRSMS Carandá	FT-Abyara x BR83-147
157	BRSMS Curimbatá	Seleção em UFV Araguaia
158	BRSMS Lambari	FT-Abyara x BR83-147
159	BRSMS Piapara	Braxton x (BR-16(2) x BR80-6989)
160	BRSMS Piracanjuba	FT-Abyara x BR83-147
161	BRSMS Piraputanga	Seleção em BR87-28091
162	BRSMS Surubi	FT-Cristalina (2) x Doko
163	BRSMS Taquari	FT-14 x (Dourados-2 (2) x Ocepar-9)
164	BRSMS Tuiuiú	FT-Cristalina (4) x Doko
165	BRSMT Crixás	BR83-9520-1 (2) x FT-Estrela
166	BRSMT Pintado	Sharkey x [Hartwig x (BR87-567 (3) x FT-Estrela)]
167	BRSMT Uirapuru	BR83-9520-1 (2) x FT-Estrela
168	CAC/BR-43	Tropical x FT-Cristalina
169	CAC-1	Seleção em IAC-8
170	Cajame	N44-92 x Lee
171	Campos Gerais	Arksoy x Ogden
172	CD 201	Ocepar-4 (5) x Williams-20
173	CD 202	CEPS 7716 x Invicta
174	CD 205	BR83-147 x OC87-216
175	CD 208	Ocepar-4 (6) x Williams-20
176	CD 209	BR83-147 x OC87-216
177	CEP 10	IAS-2 x D70-3185
178	CEP 12 (Cambará)	Bragg x Hood
179	CEP 16 (Timbó)	IAS-2 x Pérola
180	CEP 20 (Guajuvira)	CTS 132 x Forrest
181	Cobb	F57-735 x D58-3358
182	Coker 136	N59-6800 x Coker Hampton 266-A

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continuação)

Nº	Cultivares	Genealogias
183	Cristalina	Davis x UFV-1
184	CS 110	MG/BR-22 x Ocepar-3
185	CS 201	IAC-8 x FT-2
186	CS 305	FT-Eureka x MG/BR-46
187	CS 935142	FT-Guaíra x MG/BR-22
188	CTS 132	Seleção em Pelican nº 2
189	Davis	D49-2573 x N45-1497
190	DM 339	Doko x BR83-6288
191	DM Nobre	Doko x BR-15
192	DM Rainha	FT-Estrela x BR82-2198
193	DM Soberana	FT-Estrela x UFV-9
194	DM Vitória	IAC-8 x UFV-9
195	Doko	Viçoja x (Hill x PI 240664)
196	Dourados	Seleção em Andrews
197	Elite	CAC-1 x UFV-10
198	EMBRAPA 1 (IAS 5 RC)	IAS-5 (6) x Paranaíba
199	EMBRAPA 2	Davis x Lo75-1112
200	EMBRAPA 3	BR-5 x BR78-4445-3
201	EMBRAPA 4 (BR-4 RC)	BR-4 (6) x Paranaíba
202	EMBRAPA 5	Seleção em BRB 358
203	EMBRAPA 9 (Bays)	Lancer x BR79-251-1
204	EMBRAPA 19	(F77-6790 x Paraná) x (Davis x BR-6)
205	EMBRAPA 20 (Doko RC)	Doko (4) x IAC-7
206	EMBRAPA 26	Ocepar-9 x FT-6(Veneza)
207	EMBRAPA 30 (Vale do Rio Doce)	BR85-29003 x Dourados-2
208	EMBRAPA 32 (Itaquí)	BR-27 (3) x FT-Cristalina
209	EMBRAPA 33 (Cariri RC)	BR-27 (6) x FT-Cristalina
210	EMBRAPA 34 (Teresina RC)	BR-10 (6) x FT-Cristalina
211	EMBRAPA 45 (Piratini)	Ramson x PEL 71017
212	EMBRAPA 48	(Davis x Paraná) x (IAS-4 x BR-5)
213	EMBRAPA 58	Paraná x BR83-147
214	EMBRAPA 59	FT-Abyara x BR83-147
215	EMBRAPA 60	FT-Abyara x BR83-147
216	EMBRAPA 61	FT-Abyara x BR83-147
217	EMBRAPA 62	FT-2 x BR83-147
218	EMBRAPA 64 (Ponta Porã)	Seleção em BR-27
219	Emgopa 301	IAC-4 x Júpiter

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continuação)

Nº	Cultivares	Genealogias
220	Emgopa 302	Paraná x Mandarin
221	Emgopa 303	IAC73-2736-10 x IAC-6
222	Emgopa 304 (Campeira)	Paraná x Mandarin
223	Emgopa 305 (Caraíba)	Tropical x FT-Cristalina
224	Emgopa 306 (Chapada)	Seleção em Emgopa 301
225	Emgopa 308 (Serra Dourada)	Seleção em Emgopa 301
226	Emgopa 311	IAC-7 x (Santa Rosa x GO3068)
227	FEPAGRO 16	Cobb x RS-6
228	FEPAGRO 25	EMBRAPA 1 x Ocepar-13
229	FEPAGRO 31	FT-Saray x Hutcheson
230	FEPAGRO-RS-10	Ipagro 20 x PEL 7803
231	Flórida	D51-5091 x Jackson
232	FMT Arara Azul	Doko x FT-Seriema
233	FMT Beija-Flor	Doko (4) x IAC-7
234	FMT Cachara	Sharkey x [Hartwig x (BR-87-567 (3) x FT-Estrela)]
235	FMT Guaporé	FT-14 x (Dourados x Ocepar-9)
236	FMT Kaiabi	IAC-11 x Dourados RCH
237	FMT Maritaca	FT-Abyara x [IAC-12 x (Lancer x BR80-6989)]
238	FMT Matrinxã	Leflore x [Hartwig x (BR87-567 (3) x FT-Estrela)]
239	FMT Mutum	BR87-567 (5) x Tracey-M
240	FMT Nambu	Seleção em FT-Cristalina
241	FMT Perdiz	FT-5 x (Dourados x Ocepar-9)
242	FMT Sabiá	FT-Abyara x [IAC-12 x (Lancer x BR80-6989)]
243	FMT Saíra	FT-Abyara x [IAC-12 x (Lancer x BR80-6989)]
244	FMT Tucunaré	Sharkey x [Hartwig x (BR-87-567 (3) x FT-Estrela)]
245	Foster IAC	Centennial x [Forrest x (Cobb x D68-216)]
246	FT-1	Seleção em Sant'Ana
247	FT-2	Seleção em IAS-5
248	FT-3	Seleção em Flórida
249	FT-4	D65-3075 x D64-4636
250	FT-5 (Formosa)	FT-9510 x Sant'Ana
251	FT-6 (Veneza)	FT-9510 x Prata
252	FT-7 (Tarobá)	FT-4 x Davis
253	FT-8 (Araucária)	Cobb x Planalto
254	FT-9 (Inaê)	FT-4 x Davis
255	FT-10 (Princesa)	FT-9510 x Sant'Ana
256	FT-11 (Alvorada)	UFV-1 x Campos Gerais
257	FT-12 (Nissei)	FT-9510 x Prata

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continuação)

Nº	Cultivares	Genealogias
258	FT-13 (Aliança)	Davis x FT-216
259	FT-14 (Piracema)	FT-9510 x Sant'Ana
260	FT-15 (Uberlândia)	FT-9510 x Sant'Ana
261	FT-16	FT-440 x Campos Gerais
262	FT-17 (Bandeirante)	Seleção em FT-2
263	FT-18 (Xavante)	FT-9510 x Prata
264	FT-19 (Macacha)	Santa Rosa x (seleção em Cajame x São Luiz)
265	FT-20 (Jaú)	FT-4 x Davis
266	FT-101	FT-2 x FT-11
267	FT-440	Seleção em Viçoja
268	FT-2001	FT-4 x FT-5
269	FT-25500 (Cristal)	Seleção em FT-Cristalina
270	FT-Abyara	União x Sant'Ana
271	FT-Bahia	Seleção em FT-Cristalina
272	FT-Canarana	FT-Cristalina x FT-1
273	FT-Canavieira	Paraná x Crawford
274	FT-Cristalina RCH	FT-Cristalina (5) x Doko
275	FT-Estrela	M-2 x FT-1
276	FT-Eureka	Paraná x (PI 346304 x Paraná)
277	FT-Guaíra	Lancer x União
278	FT-Iramaia	FT-440 x Ogden
279	FT-Jatobá	FT-9510 x Sant'Ana
280	FT-Líder	Dare x União
281	FT-Maracajú	FT-9510 x Sant'Ana
282	FT-Morena	FT-Cristalina x Paraná
283	FT-Saray	FT-5 x União
284	FT-Seriema	M-2 x FT-1
285	Fundacep 38	Cobb x RS-7
286	Fundacep 44	CD 205 x IAS-5
287	Hampton	Majos x Lee
288	Hardee	D49-772 x Improved Pelican
289	Hartwig	Forrest (3) x PI 437654
290	Hill	D632-15 x D49-2525
291	Hood	Roanoke x Ogden
292	IAC-1	Aliança Preta x Palmetto
293	IAC-2	La41-1219 x Yelnando
294	IAC-4	IAC-2 x Hardee
295	IAC-6	Viçoja x (Hill x PI 240664)

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continuação)

Nº	Cultivares	Genealogias
296	IAC-7	Davis x (Hill x PI 240664)
297	IAC-8	Bragg x (Hill x PI 240664)
298	IAC-9	Davis x (Hill x PI 240664)
299	IAC-10	Hardee x Hill
300	IAC-11	Paraná x (Davis x IAC73-1364)
301	IAC-12	Paraná x IAC73-231
302	IAC-13	Paraná x IAC73-231
303	IAC-14	Davis x IAC76-4012
304	IAC-16	(IAC-2 x Clark 63) x (Harosoy x IAC-2)
305	IAC-17	D72-9601-1 x IAC-8
306	IAC-18	D72-9601-1 x IAC-8
307	IAC-19	D72-9601-1 x IAC-8
308	IAC-22	IAC-12 x FT-2
309	IAC-23	BR-6 x IAC83-288
310	IAC-24	IAC80-1177 x IAC83-288
311	IAC-25	IAC80-1177 x IAC83-46
312	IAC-100	IAC78-2318 x IAC-12
313	IAS-1	Seleção em F59-1505 = (Jackson x D49-2491)
314	IAS-2	Seleção em N59-6921 = (Hill x D58-810)
315	IAS-3 (Delta)	Ogden x CNS
316	IAS-4	Seleção em R60-390 = (Hood x Jackson)
317	IAS-5	Hill x D52-810
318	ICA-3	CEP-12 x (Ocepar-4 x OC88-127)
319	ICASC-2	Emgopa 301 x (EMBRAPA 20 x IAC-8)
320	ICASC-3	Emgopa 301 x (EMBRAPA 20 x IAC-8)
321	Industrial	Mogiana x La41-1219
322	Invicta	Lancer x Essex
323	Ipagro 20	(Santa Rosa x Arksoy) x (Majos x Kanro)
324	Ivaí	Majos x Hood
325	Ivorá	(Davis x Shinanomejiro) x (Howgyoku x Amarela Comum)
326	J-200	IAC-2 x Viçoja
327	Júpiter	D49-2491 x PI 240664
328	KI-S 601	FT-2 x Sertaneja
329	KI-S 605	CEPS 7716 x Invicta
330	KI-S 702	FT-10 x Lancer
331	KI-S 801	FT-2 x BR80-6989
332	Lancer	Paraná x Coker Hampton 266

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continuação)

Nº	Cultivares	Genealogias
333	Lee	S-100 x CNS
334	Majós	Tokyo x Yelredo
335	MG/BR-22 (Garimpo)	Bossier x Paraná
336	MG/BR-42 (Kage)	UFV-1 x Paranagoiana
337	MG/BR-46 (Conquista)	Lo75-4484 x Numbaíra
338	MG/BR-48 (Garimpo RCH)	MG/BR-22 x Dourados
339	Mineira	D49-772 x Improved Pelican
340	Monarca	Seleção em CAC-1
341	MS/BR-19 (Pequi)	D69-442 x (Bragg x Santa Rosa)
342	MS/BR-20 (Ipê)	D64-6344 x (Bragg x Santa Rosa)
343	MS/BR-21 (Buriti)	São Luiz x Davis-1
344	MS/BR-34 (Empaer-10)	D64-4636 x IAC-7
345	MS/BR-39 (Chapadão)	Doko x M-4-1
346	MS/BR-44	Paraná x UFV-1
347	M-SOY 7603	BR85-10695 x BR-36
348	M-SOY 8001	EMPAER 10 (MS/BR-34) x COKER 6738
349	M-SOY 8200	Kirby x EMBRAPA 20
350	M-SOY 8400	EMPAER 10 (MS/BR-34) x COKER 6738
351	MT/BR-45 (Paiaguás)	Doko x IAC-7
352	MT/BR-47 (Canário)	IAC-11 x BR83-9512
353	MT/BR-49 (Pioneira)	Lancer (2) x BR80-6989
354	MT/BR-50 (Parecis)	BR83-9520-1 (2) x FT-Estrela
355	MT/BR-51 (Xingú)	BR83-9520-1 (2) x FT-Estrela
356	MT/BR-52 (Curió)	BR83-9520-1 (2) x FT-Estrela
357	MT/BR-53 (Tucano)	BR83-9520-1 (2) x FT-Estrela
358	Numbaíra	Davis x IAC71-1113
359	Ocepar 2 (Iapó)	Hampton 208 x Davis
360	Ocepar 3 (Primavera)	(Halesoy x Volstate) x (Hood x Rhosa)
361	Ocepar 4 (Iguaçú)	R70-733 x Davis
362	Ocepar 5 (Piquiri)	Coker 136 x Co72-260
363	Ocepar 6	(PI 230979 x Lee 68) x [(Davis x Bragg) x (Dare x Davis)]
364	Ocepar 7	Seleção em IAS-5
365	Ocepar 8	Seleção em Paraná
366	Ocepar 9-SS 1	Mutação natural em Paraná
367	Ocepar 10	Paraná x União
368	Ocepar 11	Davis x Paraná
369	Ocepar 12	Davis x União

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continuação)

Nº	Cultivares	Genealogias
370	Ocepar 13	FT-2 x União
371	Ocepar 14	Davis x União
372	Ocepar 18	CEPS 7716 x Invicta
373	Pampeira	Seleção em Hood
374	Paraná	Hill x D52-810
375	Paranagoiana	Mutação natural em Paraná
376	Paranaíba	Davis x IAC72-2211
377	Pelicano	Davis x IAC72-2211
378	Pérola	Hood x Industrial
379	Pioneira	Biloxi x Chosen
380	Planalto	Hood x Kedelle STB nº452
381	Prata	Hill x Hood
382	RB 501	FT-6 x Invicta
383	RB 502	CEPS 7716 x Invicta
384	RB 603	CEPS 7716 x União
385	RB 604	CEPS 7716 x Emgopa 302
386	RB 605	CEPS 7716 x Invicta
387	RS 5 (Esmeralda)	Industrial x (Pérola x Hardee)
388	RS 6 (Guassupi)	Ivaí x Lee
389	RS 7 (Jacuí)	PI 80837 x Ivorá
390	RS 9 (Itaúba)	FT-2 x IAS-5
391	Santa Rosa	D49-772 x La41-1219
392	Sant'Ana	D51-5427 x D49-2491
393	São Carlos	Mutação natural em Davis
394	São Luiz	Hardee x Semmes
395	Sertaneja	Paraná x Hampton 266
396	SP/BR-41 (Coopersucar 2)	Coker 136 x Paranaíba
397	Spring	Williams x Essex
398	SPS 1 (Copersucar 1)	Lancer x Paranaíba
399	Sulina	Seleção em Hampton
400	Suprema	Hardee x (Hill x PI 240664)
401	Tiarajú	Industrial x Asomusume
402	Tropical	Hampton x E70-51
403	UFUS Impacta	IAC-100 x Cristalina RCH
404	UFUS Milionária	Cristalina x IAC-100
405	UFV 1	Seleção em Viçoja
406	UFV 2	Hardee x IAC-2
407	UFV 3	Hardee x Improved Pelican

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(continuação)

Nº	Cultivares	Genealogias
408	UFV 4	IAC-2 x Mineira
409	UFV 5 (Vale do Rio Doce)	Mineira x UFV-1
410	UFV 6 (Rio Doce)	Santa Rosa x UFV-1
411	UFV 7 (Juparanã)	UFV-1 x (Hardee x IAC-2)
412	UFV 8 (Monte Rico)	UFV-1 x (Hardee x IAC-2)
413	UFV 9 (Sucupira)	Seleção em UFV-1
414	UFV 10 (Uberaba)	Santa Rosa x UFV-1
415	UFV 14 (Itamarati)	Paraná x Viçoja
416	UFV 15 (Uberlândia)	Paraná x UFV-1
417	UFV 16 (Capinópolis)	FT-12 x IAC-8
418	UFV 17 (Minas Gerais)	FT-12 x IAC-8
419	UFV 18 (Patos de Minas)	FT-Cristalina x IAC-8
420	UFV 19 (Triângulo)	FT-12 x IAC-8
421	UFV 20 (Florestal)	Doko x Paranaíba
422	UFV Araguaia	Hardee x IAC-2
423	UFV/ITM 1	Paraná x Viçoja
424	UFVS 2001	FT-12 x IAC-8
425	UFVS 2002	Doko x Paranaíba
426	UFVS 2003	IAC-12 x UFV-10
427	UFVS 2007	FT-Cristalina x Doko
428	UFVS 2008	IAC-100 x Paranaíba
429	UFVS 2009	MG/BR-22 x FT-Estrela
430	UFVS 2010	Hartwig x EMBRAPA 20
431	UFVS 2011	Hartwig x EMBRAPA 20
432	UFVS 2012	EMBRAPA 20 x Coker 6738
433	UFVS 2014	Doko x Ocepar-3
434	UFVS 2015	FT-Cristalina x Doko
435	UFVS 2016	Doko x FT-11
436	UFVTN 101	FT-Cristalina (3) x {[PI 86023 x (FT-Cristalina (3) x Ichigowase)] (2) x Kyushi 111}
437	UFVTN 102	CAC-1 (3) x {[PI 86023 x (FT-Cristalina (3) x Ichigowase)] (2) x Kyushi 111}
438	UFVTN 103	IAC-12 (3) x {[PI 86023 x (FT-Cristalina (3) x Ichigowase)] (2) x Kyushi 111}
439	UFVTN 104	FT-Cristalina (3) x {[PI 86023 x (FT-Cristalina (3) x Ichigowase)] (2) x Kyushi 111}
440	UFVTN 105	CAC-1 (6) x {[PI 86023 x (FT-Cristalina (3) x Ichigowase)] (2) x Kyushi 111}
441	União	D65-2874 x Hood

Tabela 2 – Genealogias das 444 cultivares de soja usadas para estimar a base genética

(conclusão)

Nº	Cultivares	Genealogias
442	Viçoja	D49-2491 (2) x Improved Pelican
443	Vila Rica	Seleção em Hardee
444	Williams	Wayne x L57-0034

Tabela 3 – Genealogias das cultivares de soja auxiliares

(continua)

Nº	Cultivares	Genealogias
1	Adams	Illini x Dunfield
2	Avery	Bedford x Crawford
3	Bedford	Forrest (2) x (D68-18 x PI 88788)
4	Blackhawk	Mukden x Richland
5	Capital	S-100 x Nº 171
6	Centennial	D64-4636 x seleção em Pickett 71
7	Clark	Lincoln (2) x Richland
8	Clark 63	[Clark (6) x (Lincoln x CNS)] x (Clark (6) x Blackhawk)
9	Columbus	C1069 x Clark
10	Cordell	Bedford x D72-8927
11	Corsoy	Harosoy x Capital
12	Crawford	Williams x Columbus
13	Dare	Hill x D52-810
14	Delsoy 4710	L77-443 x L77-906
15	Dorman	Dunfield x Arksoy 2913 (= seleção em Arksoy)
16	Dowling	Semmes x PI 200492
17	Dyer	Hill x (Lee(2) x Peking)
18	Essex	Lee x S55-7075
19	Forrest	Dyer x Bragg
20	Halesoy	Roanoke x N45-745
21	Hampton 266	Seleção em Hampton
22	Harosoy	Mandarin (Ottawa) (2) x A.K. (Harrow)
23	Harosoy 63	Harosoy (8) x Blackhawk
24	Hodgson	Corsoy x M372
25	Hutcheson	V68-1034 x Essex
26	Hutton	F55-822 x (Roanoke x CNS-4 (=seleção em CNS))
27	Improved Pelican	Seleção em Pelican
28	Jackson	Volstate (2) x Palmetto
29	Kanrich	Kanro (2) x Richland
30	Kirby	Centennial x [Forrest x (Cobb x D68-216)]
31	Leflore	Centennial x J74-47
32	Lincoln	Mandarin x Manchu
33	Ogden	Tokyo x PI 54610
34	Padre	Forrest (3) x D77-12480
35	Pelican	Tanloxi x PI 60406
36	Pelican nº2	Seleção em Pelican
37	Perry	Patoka x L37-1355
38	Pickett	(D49-2491 (6) x Dorman) x (Lee (4) x Peking)

Tabela 3 – Genealogias das cultivares de soja auxiliares

(conclusão)

Nº	Cultivares	Genealogia
39	Pickett 71	Pickett x Lee resistente à pytophthora
40	Ramson	D56-1158 x (N55-3818 x N55-5931)
41	Rhosa	Lincoln X Blyvoor
42	Ripley	Hodgson x V68-1034
43	Semmes	D51-5427 x D49-2491
44	Sharkey	Tracy x Centennial
45	Stonewall	N73-693 x F76-8757
46	Tracey	D61-618 x D60-9647
47	Tracey-M	Seleção em Tracey
48	Union	Williams (5) x SL12
49	Vernal	D77-12244 X Bedford
50	Volstate	Tokyo x PI 54610
51	Wayne	L49-4091 x Clark
52	Williams	Wayne x L57-0034
53	Yelnanda	Nanda x Yelredo
54	Yelredo	Mammoth Yellow x Laredo
55	York	Dorman x Hood

Tabela 4 – Genealogias das linhagens de soja auxiliares

(continua)

Nº	Linhagem	Genealogias
1	92R 435	FT Guaíra x {IAC-12 x [FT Abyara x (Lancer x BR80-6989)]}
2	BR78-11202	UFV-1 x IAC 73-2736
3	BR78-22043	Bragg (3) x Santa Rosa
4	BR78-4446-3	UFV-1 (2) x (Santa Rosa x Campos Gerais)
5	BR79-15807	UFV-1 x PI 86490
6	BR79-251-1	Seleção em BR-11
7	BR80-20703	Sant'Ana x D69-B10-M58
8	BR80-6889	Santa Rosa x Shih-Shih
9	BR80-6989	Bossier x Paraná
10	BR82-2198	Paraná x UFV-1
11	BR83-10121	Davis x (Bragg (3) x IAC 73-2736-10
12	BR83-147	União x BR-1
13	BR83-6288	UFV-1 x Paranagoiana
14	BR83-9512	Seleção em FT Cristalina
15	BR83-9520	Seleção em FT Cristalina
16	BR84-8309	FT-2 x União
17	BR85-10695	FT-2 x Hood
18	BR85-16140	BR-1 t x BR-1 BPR
19	BR85-18565	BR-4 x BR-6
20	BR85-29003	Ocepar-9 x FT-6
21	BR87-567	UFV-1 (2) x Davis
22	BR87-866	FT Cristalina (2) x Doko
23	BR89-11983	Davis x IAC-12
24	BR89-11989D	BR-1 x Bossier
25	BR89-28091	Doko x IAC-7
26	BR90-7063	BR83-9520 x (Ocepar-9 x FT Estrela)
27	BR90-7127	Tracey-M x FT Cristalina
28	BR90-7213	Ocepar-8 x (Paranagoiana (5) x BR86-4009)
29	BR92-31814	Ocepar-8 x (Paranagoiana (3) x BR86-4009)
30	BR92-31816	FT Cristalina x Paranagoiana
31	BR92-31857	BR-27 (4) x FT Cristalina
32	BR92-31879	BR37-555 x (BR-16 (5) x Ocepar-9)
33	BR92-31910	BR83-9520 (3) x FT Estrela
34	BR92-31914	BR83-9520 (3) x Tracey
35	BR92-6600	BR-16 x BR85-16128
36	BR93-32091	BR-16 (4) x (IAC-12 x Ocepar-8)
37	BR94-23321	BR-16 (3) x BR92-660
38	BR94-23354	Ocepar-4 x (BR-16 (4) x IAC-12)

Tabela 4 – Genealogias das linhagens de soja auxiliares

(continuação)

Nº	Linhagem	Genealogias
39	C1069	seleção em C985
40	C985	Lincoln x Ogden
41	CEPS 7716	Hampton x Forrest
42	Co 71-211	Hampton 266 x Bragg
43	Co 72-260	Hutton x Hampton 266
44	Co 82-622	Coker 368 x Braxton
45	Coker 368	Co 71-211 x Centennial
46	Coker 6738	Coker 368 x Braxton
47	D48-3311	Jackson (4) x D49-2491
48	D49-2491	S-100 x CNS
49	D49-2510	S-100 x CNS
50	D49-2573	Roanoke x N45-745
51	D49-772	Roanoke x N45-745
52	D51-5091	Roanoke x N45-745
53	D51-5427	Ogden x Arksoy
54	D51-5427	Ralsoy x Ogden
55	D52-810	Seleção em N48-1101
56	D56-1185	Perry x Lee
57	D58-3358	D49-2491 x Jackson
58	D60-7965	(Ogden x CNS) x (Ogden x Biloxi)
59	D60-9647	FC31745 x D49-2510
60	D61-618	Hill x PI 171442
61	D62-6342	Hill x Pine Dell Perfection
62	D62-6346	Hill x Pine Dell Perfection
63	D62-7562	D49-2491 x Laredo
64	D63-6094	PI 171442 x Hill
65	D64-4636	Hill x D48-3311
66	D65-2874	Hill x D62-6346
67	D65-3065	Hill x PI 171442
68	D66-12392	D66-6100 x Dyer
69	D66-6100	Hill (4) x PI 171442
70	D66-8666	Bragg x Semmes
71	D68-18	Bragg x Dyer
72	D68-216	Dyer x Bragg
73	D69-442	Bragg (3) x D60-7965
74	D69-6344	D62-7562 x D63-6094
75	D69-B 11	Hood x D62-6342
76	D69-B10-M58	D49-2491 (2) x D49-772

Tabela 4 – Genealogias das linhagens de soja auxiliares

(continuação)

Nº	Linhagem	Genealogias
77	D72-8927	D66-12392 x (Hill (2) x PI 90763)
78	D72-9601-1	D66-8666 x (Bragg x PI 229358)
79	D77-12244	Tracey x (Hill x PI 159925)
80	D77-12480	Tracy-M x (Hill x PI 159925)
81	E96-246	BR-16 (4) x GTS-40-3-2
82	F55-822	Seleção em Bragg
83	F57-735	D49-772 x Improved Pelican
84	F59-1505	Jackson x D49-2491
85	F76-8757	Centennial x [Forrest x (Cobb x D68-216)]
86	F77-6790	Seleção em Forrest
87	F79-664	FT-9520 x Sant'Ana
88	FT 216	Seleção em FT-4
89	FT 81-2926	Dare x União
90	FT 9510	Seleção em Andrews
91	IAC71-1113	Hill x PI 240664
92	IAC72-2211	E70-307 x Davis
93	IAC73-1364	Hill x PI 240664
94	IAC73-227	Hill x PI 274454
95	IAC73-231	Hill x PI 274454
96	IAC73-2736	Seleção em Hardee
97	IAC73-2736-10	Seleção em Hardee
98	IAC76-4012	Viçoja (2) x V-148
99	IAC78-2318	IAC73-227 x D72-9601-1
100	IAC80-1177	D72-9601-1 x (Davis x PI 227687)
101	IAC83-288	IAC-8 x D72-9601-1
102	IAC83-46	IAC-8 x D72-9601-1
103	J74-47	Forrest(2) x (D68-18 x PI 88788)
104	L11	(Clark (6) x T201) x (Clark (6) x T145)
105	L37-1355	Seleção em PI 81041
106	L49-4091	(Lincoln (2) x Richland) x (Lincoln x CNS)
107	L57-0034	Clark x Adams
108	L75-8020	Seleção em Corsoy
109	L77-443	Union x L75-8020
110	L77-906	Seleção em Corsoy
111	La41-1219	= Improved Pelican
112	Lo75-1112	Hill x IAC-7
113	Lo76-1763	Seleção em Industrial
114	Lo76-4484	Seleção em Bragg

Tabela 4 – Genealogias das linhagens de soja auxiliares

(conclusão)

Nº	Linhagem	Genealogias
115	LoD76-761	(Santa Rosa (2) x Pine Dell Perfection) x [UFV-1 x (Santa Rosa x Campos Gerais)]
116	M10	Lincoln (2) x Richland
117	M2	Davis x UFV-1
118	M372	M10 x PI 180501
119	M-4-1	Seleção em FT Cristalina
120	N 55-5931	Lee x Roanoke
121	N44-92	Haberlandt x Ogden
122	N45-1497	Seleção em D51-5427
123	N45-745	Ogden x CNS
124	N48-1101	Roanoke x Ogden
125	N48-1248	Roanoke x N45-745
126	N55-3818	Roanoke x N45-745
127	N73-693	D68-216 x Ransom
128	NC55	Peking x Lee
129	OC87-216	Ocepar-4 x F79-664
130	OC88-127	= CD 202
131	OC91-671	= CD 205
132	PEL 71017	Seleção em D69-B11
133	PEL 7803	Forrest x Hood
134	R70-733	Bragg x Davis
135	S55-7075	N48-1248 x Perry
136	SL12	[(Wayne (6) x Clark 63) x (Wayne (4) x L11)] x SL9
137	SL9	Wayne (10) x Kanrich
138	V68-1034	York x PI 71506

Tabela 5 – Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA), freqüência e origem dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja

(continua)

Nº	Ancestrais[a]	CGR	CGA	Freq.	Origem[b]
1	CNS (PI 71569)	19,1882%	19,1882%	435	China, Sul
2	S-100 (Illini; A.K.)	14,7775%	33,9657%	403	China, Nordeste
3	Nanking (Roanoke)	11,7259%	45,6916%	389	China, Sul
4	Tokyo (PI 8424)	9,5660%	55,2576%	423	Japão
5	PI 54610	8,5852%	63,8428%	419	China, Nordeste
6	PI 60406	4,9639%	68,8067%	280	China, Sul
7	Arksoy (PI 37335)	4,3033%	73,1100%	261	Coréia do Norte
8	Dunfield (PI 36846)	4,1970%	77,3070%	312	China, Nordeste
9	Haberlandt (PI 6396)	4,1953%	81,5023%	309	Coréia do Norte
10	Bilomi 3 (PI 240664)	3,0243%	84,5266%	101	Filipinas
11	Biloxi (PI 23211)	2,6267%	87,1533%	287	China, Sul
12	Tanner	2,4819%	89,6352%	280	China, Sul
13	Palmetto (PI 71587)	1,7239%	91,3592%	149	China, Sul
14	Mogiana	1,0513%	92,4105%	54	Brasil
15	Pine Dell Perfection	0,7439%	93,1544%	68	EUA, Sul
16	Laredo (PI 40658)	0,7135%	93,8679%	73	China, Sul
17	Mammoth Yellow	0,6854%	94,5532%	72	EUA
18	PI 274454	0,6323%	95,1856%	32	Japão
19	Mandarin (PI 36653)	0,4952%	95,6808%	19	China, Nordeste
20	PI 171442	0,4948%	96,1756%	34	China, Sul
21	Nanda (PI 95727)	0,3900%	96,5655%	20	Coréia do Sul
22	FC 31745	0,2693%	96,8348%	26	Desconhecida
23	PI 437654	0,2587%	97,0935%	20	China
24	Manchu (PI 30593)	0,2137%	97,3072%	16	China, Nordeste
25	Peking (PI 17852-B)	0,2043%	97,5115%	47	China, Sul
26	PI 80837	0,1971%	97,7086%	3	Japão
27	PI 229358	0,1900%	97,8986%	10	Japão
28	Kedellee STB 452 (Kedelle nº 3)	0,1689%	98,0675%	2	Desconhecida
29	Aliança Preta (PI 285089)	0,1126%	98,1801%	1	Brasil
30	Chosen	0,1126%	98,2928%	1	Desconhecida
31	Asomusume (PI 423959)	0,1126%	98,4054%	1	Japão
32	Tamahomare	0,1126%	98,5180%	1	Japão
33	Patoka (PI 70218)	0,1091%	98,6271%	16	China, Nordeste
34	PI 81041	0,1091%	98,7362%	16	Japão
35	Amarela Comum	0,1056%	98,8417%	4	Brasil
36	Shinanomejiro	0,1056%	98,9473%	4	Japão
37	Howgyoku (PI 224270)	0,1056%	99,0529%	4	Japão
38	Richland (PI 70502-2)	0,1028%	99,1557%	12	China, Nordeste
39	Kanro (PI 84928)	0,0845%	99,2401%	3	Coréia do Norte
40	PI 346304	0,0845%	99,3246%	2	Índia
41	Mandarin (Ottawa)	0,0737%	99,3983%	2	China
42	Blyvoor (PI 221713?)	0,0704%	99,4687%	4	África do Sul

Tabela 5 – Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA), freqüência e origem dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja

(conclusão)

Nº	Ancestrais[a]	CGR	CGA	Freq.	Origem[b]
43	Kyushu 111	0,0572%	99,5259%	5	Japão
44	PI 157440 (Kin-du)	0,0563%	99,5822%	1	Coréia do Sul
45	PI 227687	0,0563%	99,6385%	2	Japão
46	PI 230979	0,0563%	99,6948%	1	Japão
47	Shih-Shih	0,0427%	99,7375%	2	Japão
48	PI 159925	0,0422%	99,7797%	5	Peru
49	PI 88788	0,0299%	99,8096%	6	China, Nordeste
50	PI 86023	0,0286%	99,8382%	5	Japão
51	PI 86490	0,0282%	99,8664%	1	Japão
52	PI 71506	0,0282%	99,8945%	1	China
53	V-148	0,0282%	99,9227%	1	Desconhecida
54	A.K. Harrow	0,0246%	99,9473%	2	China, Nordeste
55	Nº 171	0,0211%	99,9684%	1	China
56	GTS-40-3-2	0,0188%	99,9872%	14	EUA
57	TGX-342-351D	0,0071%	99,9943%	3	Nigéria
58	Ichigowase (PI 205085)	0,0036%	99,9979%	5	Japão
59	PI 90763	0,0018%	99,9997%	1	China, Nordeste
60	Mukden (PI 50523)	0,0003%	100,0000%	2	China, Nordeste

[a]Nomes entre parênteses são sinônimos, seleções ou mutações; [b]As origens primárias são China, Japão, Coréia do Norte e Filipinas; as origens secundárias são EUA, Nigéria, Peru, África do Sul e Brasil.

Tabela 6 – Análise de todos os períodos, indicando número de cultivares e ancestrais em cada período, número médio de ancestrais por cultivar (anc./cv), número de ancestrais que correspondem a cada porcentagem da base genética e razão entre ancestrais e cultivares (razão anc./cv)

Período	Nº cultivares	Nº ancestrais	Nº médio anc./cv	Base genética					Razão anc./cv
				50	60	70	80	90	
Anterior a 1971	17	18	4,88	5	6	8	10	13	1,06
1971-1980	47	26	6,68	4	5	7	10	13	0,55
1981-1990	112	41	9,11	4	5	7	9	13	0,37
1991-2000	152	40	11,27	4	5	7	9	12	0,26
2001-2009	116	52	13,20	4	5	6	9	13	0,45
Total	444	60	10,52	4	5	7	9	13	0,14

Tabela 7 – Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA), freqüência e exclusividade dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja liberadas no período anterior a 1971

Anterior a 1971					
Nº	**Ancestrais**	**CGR**	**CGA**	**Frequência**	**Exclusividade**
1	CNS (PI 71569)	14,7059%	14,7059%	11	
2	Tokyo (PI 8424)	12,2243%	26,9301%	11	
3	Nanking (Roanoke)	9,9265%	36,8566%	6	
4	S-100 (Illini; A.K.)	9,7426%	46,5993%	6	
5	PI 60406	9,5588%	56,1581%	7	
6	PI 54610	7,8125%	63,9706%	9	
7	Arksoy (PI 37335)	5,5147%	69,4853%	3	
8	Tanner	4,7794%	74,2647%	7	
9	Biloxi (PI 23211)	4,7794%	79,0441%	7	
10	Palmetto (PI 71587)	3,6765%	82,7206%	2	
11	Mogiana	2,9412%	85,6618%	1	
12	Mammoth Yellow	2,9412%	88,6029%	3	
13	Laredo (PI 40658)	2,9412%	91,5441%	3	
14	Aliança Preta (PI 285089)	2,9412%	94,4853%	1	Sim
15	Dunfield (PI 36846)	1,6544%	96,1397%	2	
16	Haberlandt (PI 6396)	1,6544%	97,7941%	2	
17	Nanda (PI 95727)	1,4706%	99,2647%	1	
18	Bilomi 3 (PI 240664)	0,7353%	100,0000%	1	

Tabela 8 – Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA), freqüência e exclusividade dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja liberadas no período de 1971 a 1980

1971-1980					
Nº	**Ancestrais**	**CGR**	**CGA**	**Frequência**	**Exclusividade**
1	CNS (PI 71569)	18,6503%	18,6503%	46	
2	Nanking (Roanoke)	12,8989%	31,5492%	29	
3	S-100 (Illini; A.K.)	12,5997%	44,1489%	32	
4	Tokyo (PI 8424)	9,9817%	54,1307%	38	
5	PI 54610	7,8541%	61,9847%	36	
6	PI 60406	5,4521%	67,4368%	15	
7	Bilomi 3 (PI 240664)	4,2553%	71,6922%	7	
8	Haberlandt (PI 6396)	4,1888%	75,8810%	19	
9	Dunfield (PI 36846)	3,9229%	79,8039%	19	
10	Biloxi (PI 23211)	3,7899%	83,5938%	16	
11	Arksoy (PI 37335)	2,7926%	86,3863%	8	
12	Tanner	2,7261%	89,1124%	15	
13	Mammoth Yellow	1,3298%	90,4422%	8	
14	Laredo (PI 40658)	1,3298%	91,7719%	8	
15	Palmetto (PI 71587)	1,1802%	92,9521%	5	
16	Mogiana	1,0638%	94,0160%	2	
17	Kedellee STB 452 (Kedelle nº 3)	1,0638%	95,0798%	1	
18	Chosen	1,0638%	96,1436%	1	Sim
19	Mandarin (PI 36653)	0,5652%	96,7088%	1	
20	Manchu (PI 30593)	0,5652%	97,2739%	1	
21	Nanda (PI 95727)	0,5319%	97,8059%	2	
22	Amarela Comum	0,5319%	98,3378%	1	
23	Shinanomejiro	0,5319%	98,8697%	1	
24	Howgyoku (PI 224270)	0,5319%	99,4016%	1	
25	Richland (PI 70502-2)	0,3324%	99,7340%	1	
26	Pine Dell Perfection	0,2660%	100,0000%	1	

Tabela 9 – Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA), freqüência e exclusividade dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja liberadas no período de 1981 a 1990

1981-1990					
Nº	**Ancestrais**	**CGR**	**CGA**	**Frequência**	**Exclusividade**
1	CNS (PI 71569)	17,1653%	17,1653%	110	
2	Nanking (Roanoke)	13,3719%	30,5372%	102	
3	S-100 (Illini; A.K.)	12,4455%	42,9827%	100	
4	Tokyo (PI 8424)	9,5555%	52,5382%	107	
5	PI 54610	8,7184%	61,2566%	107	
6	PI 60406	6,7313%	67,9879%	66	
7	Arksoy (PI 37335)	4,8972%	72,8851%	46	
8	Haberlandt (PI 6396)	3,9760%	76,8611%	60	
9	Dunfield (PI 36846)	3,9485%	80,8097%	59	
10	Biloxi (PI 23211)	3,3796%	84,1893%	66	
11	Tanner	3,3657%	87,5549%	66	
12	Bilomi 3 (PI 240664)	1,5625%	89,1174%	10	
13	Mandarin (PI 36653)	1,1604%	90,2779%	5	
14	Mogiana	1,1161%	91,3939%	9	
15	Palmetto (PI 71587)	1,1004%	92,4943%	22	
16	Laredo (PI 40658)	0,8650%	93,3593%	18	
17	PI 171442	0,7813%	94,1405%	6	
18	Mammoth Yellow	0,7533%	94,8939%	17	
19	Nanda (PI 95727)	0,6696%	95,5635%	8	
20	PI 274454	0,6696%	96,2331%	3	
21	Pine Dell Perfection	0,6138%	96,8470%	10	
22	PI 80837	0,4464%	97,2934%	1	
23	Asomusume (PI 423959)	0,4464%	97,7398%	1	Sim
24	Manchu (PI 30593)	0,2676%	98,0074%	3	
25	PI 346304	0,2232%	98,2306%	1	
26	Kanro (PI 84928)	0,2232%	98,4538%	1	
27	Kedellee STB 452 (Kedelle nº 3)	0,2232%	98,6771%	1	
28	PI 230979	0,2232%	98,9003%	1	Sim
29	Mandarin (Ottawa)	0,1668%	99,0670%	1	
30	Richland (PI 70502-2)	0,1192%	99,1863%	2	
31	Blyvoor (PI 221713?)	0,1116%	99,2979%	1	
32	Amarela Comum	0,1116%	99,4095%	1	
33	Shinanomejiro	0,1116%	99,5211%	1	
34	Howgyoku (PI 224270)	0,1116%	99,6327%	1	
35	V-148	0,1116%	99,7443%	1	Sim
36	Patoka (PI 70218)	0,0558%	99,8001%	1	
37	PI 81041	0,0558%	99,8559%	1	
38	PI 229358	0,0558%	99,9117%	1	
39	A.K. Harrow	0,0556%	99,9673%	1	
40	Peking (PI 17852-B)	0,0314%	99,9987%	2	
41	Mukden (PI 50523)	0,0013%	100,0000%	1	

Tabela 10 – Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA), freqüência e exclusividade dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja liberadas no período de 1991 a 2000

		1991-2000			
Nº	**Ancestrais**	**CGR**	**CGA**	**Frequência**	**Exclusividade**
1	CNS (PI 71569)	20,1855%	20,1855%	152	
2	S-100 (Illini; A.K.)	16,1549%	36,3405%	150	
3	Nanking (Roanoke)	11,3966%	47,7371%	143	
4	Tokyo (PI 8424)	9,0613%	56,7983%	151	
5	PI 54610	8,1778%	64,9762%	151	
6	Dunfield (PI 36846)	4,7314%	69,7076%	129	
7	Haberlandt (PI 6396)	4,7269%	74,4345%	128	
8	PI 60406	4,4193%	78,8537%	104	
9	Bilomi 3 (PI 240664)	4,4162%	83,2699%	51	
10	Arksoy (PI 37335)	4,2260%	87,4959%	102	
11	Biloxi (PI 23211)	2,2482%	89,7441%	109	
12	Tanner	2,2096%	91,9537%	104	
13	Palmetto (PI 71587)	1,4545%	93,4082%	53	
14	Pine Dell Perfection	1,0280%	94,4362%	28	
15	Mogiana	0,9046%	95,3408%	19	
16	PI 274454	0,5988%	95,9396%	8	
17	Mammoth Yellow	0,5850%	96,5245%	29	
18	Laredo (PI 40658)	0,5850%	97,1095%	29	
19	PI 171442	0,3601%	97,4696%	8	
20	Nanda (PI 95727)	0,2865%	97,7562%	8	
21	FC 31745	0,2779%	98,0340%	7	
22	PI 229358	0,2467%	98,2807%	3	
23	Peking (PI 17852-B)	0,2441%	98,5249%	21	
24	PI 437654	0,2262%	98,7510%	7	
25	Mandarin (PI 36653)	0,1905%	98,9415%	3	
26	PI 157440 (Kin-du)	0,1645%	99,1060%	1	Sim
27	PI 80837	0,1645%	99,2705%	1	
28	Patoka (PI 70218)	0,1645%	99,4349%	7	
29	PI 81041	0,1645%	99,5994%	7	
30	PI 346304	0,0822%	99,6817%	1	
31	Kanro (PI 84928)	0,0822%	99,7639%	1	
32	Blyvoor (PI 221713?)	0,0411%	99,8050%	1	
33	Amarela Comum	0,0411%	99,8461%	1	
34	Shinanomejiro	0,0411%	99,8872%	1	
35	Howgyoku (PI 224270)	0,0411%	99,9284%	1	
36	Manchu (PI 30593)	0,0260%	99,9544%	2	
37	PI 88788	0,0206%	99,9749%	1	
38	PI 159925	0,0206%	99,9955%	1	
39	Richland (PI 70502-2)	0,0032%	99,9987%	1	
40	Shih-Shih	0,0013%	100,0000%	1	

Tabela 11 – Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA), freqüência e exclusividade dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja liberadas no período de 2001 a 2009

(continua)

		2001-2009			
Nº	**Ancestrais**	**CGR**	**CGA**	**Frequência**	**Exclusividade**
1	CNS (PI 71569)	20,7094%	20,7094%	116	
2	S-100 (Illini; A.K.)	16,8445%	37,5539%	116	
3	Nanking (Roanoke)	10,3564%	47,9103%	109	
4	Tokyo (PI 8424)	9,6795%	57,5898%	116	
5	PI 54610	9,4000%	66,9897%	116	
6	Arksoy (PI 37335)	4,2658%	71,2555%	102	
7	Dunfield (PI 36846)	4,2204%	75,4759%	103	
8	Haberlandt (PI 6396)	4,0856%	79,5615%	100	
9	PI 60406	3,0998%	82,6613%	88	
10	Palmetto (PI 71587)	2,6132%	85,2745%	67	
11	Bilomi 3 (PI 240664)	2,4485%	87,7231%	32	
12	Biloxi (PI 23211)	1,6088%	89,3319%	89	
13	Tanner	1,5499%	90,8818%	88	
14	PI 274454	0,9892%	91,8710%	21	
15	Mogiana	0,8991%	92,7701%	23	
16	Pine Dell Perfection	0,7998%	93,5699%	29	
17	PI 437654	0,6937%	94,2635%	13	
18	PI 171442	0,6676%	94,9311%	20	
19	FC 31745	0,6668%	95,5979%	19	
20	Peking (PI 17852-B)	0,4319%	96,0298%	24	
21	Tamahomare	0,4310%	96,4608%	1	Sim
22	PI 229358	0,3502%	96,8110%	6	
23	Mandarin (PI 36653)	0,2964%	97,1074%	10	
24	Manchu (PI 30593)	0,2964%	97,4038%	10	
25	Kyushu 111	0,2189%	97,6227%	5	Sim
26	PI 227687	0,2155%	97,8382%	2	Sim
27	Shih-Shih	0,1616%	97,9998%	1	
28	Mammoth Yellow	0,1595%	98,1594%	15	
29	Laredo (PI 40658)	0,1595%	98,3189%	15	
30	Patoka (PI 70218)	0,1482%	98,4671%	8	
31	PI 81041	0,1482%	98,6153%	8	
32	Richland (PI 70502-2)	0,1394%	98,7547%	8	
33	PI 159925	0,1347%	98,8894%	4	
34	Mandarin (Ottawa)	0,1212%	99,0106%	1	
35	PI 86023	0,1094%	99,1201%	5	Sim
36	PI 86490	0,1078%	99,2278%	1	Sim
37	Blyvoor (PI 221713?)	0,1078%	99,3356%	2	
38	PI 80837	0,1078%	99,4433%	1	
39	PI 71506	0,1078%	99,5511%	1	Sim

Tabela 11 – Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA), freqüência e exclusividade dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja liberadas no período de 2001 a 2009

(conclusão)

		2001-2009			
Nº	**Ancestrais**	**CGR**	**CGA**	**Frequência**	**Exclusividade**
40	PI 88788	0,0876%	99,6386%	5	
41	Nº 171	0,0808%	99,7195%	1	Sim
42	GTS-40-3-2	0,0720%	99,7914%	14	Sim
43	A.K. Harrow	0,0404%	99,8319%	1	
44	Nanda (PI 95727)	0,0396%	99,8714%	1	
45	TGX-342-351D	0,0274%	99,8988%	3	Sim
46	Amarela Comum	0,0269%	99,9257%	1	
47	Shinanomejiro	0,0269%	99,9527%	1	
48	Howgyoku (PI 224270)	0,0269%	99,9796%	1	
49	Ichigowase (PI 205085)	0,0137%	99,9933%	5	Sim
50	PI 90763	0,0067%	100,0000%	1	Sim
51	Kanro (PI 84928)	0,0000%	100,0000%	1	
52	Mukden (PI 50523)	0,0000%	100,0000%	1	

Tabela 12 – Número de ancestrais que contribuíram para a base genética das cultivares brasileiras de soja nos diferentes períodos

	Períodos				
Categoria	**Anterior a 1971**	**1971-1980**	**1981-1990**	**1991-2000**	**2001-2009**
Total de ancestrais que contribuíram	18	26	41	40	52
Ancestrais que também contribuíram para a época anterior	0	17	25	34	38
Ancestrais novos	18	9	16	6	11
Ancestrais que não contribuíram para a época imediatamente seguinte	1	1	7	2	-

Tabela 13 – Características de alguns dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja

(continua)

Nº	Ancestrais	Algumas características dos ancestrais[1]
1	CNS (PI 71597)	Alelo *Rj2*, nodulação ineficiente para das estirpes b7, b14 e b122 de *Rhizobium*; alelo *Rps2*, resistente à podridão de *Phytophthora*, raças 1 e 2; alelo *Rpv1*, resistente ao "Peanut Mottle Vírus", M-2; alelo *rxp*, resistente à pústula bacteriana.
2	S-100 (Illini; A.K.)	Alelo *Ncl1*, exclusão de cloreto; alelo *Dt1*, crescimento indeterminado, resistente à raça 1 de podridão de *Phytophthora*.
3	Nanking (Roanoke)	Resistente à mancha olhe-de-rã.
4	Tokyo (PI 8424)	Alelo *Rsv1-t*, resistente ao vírus do mosaico da soja estirpes G1, G2 e G4 a G6
5	PI 54610	Resistente à mancha-olho-de-rã raças 2 e 5
6	PI 60406	*
7	Arksoy (PI 37335)	Alelo *Rps1-c*, resistente à podridão de *Phytophthora*, raças 1 a 3, 6 a 11, 13, 15, 17 e 21
8	Dunfield (PI 36846)	*
9	Haberlandt (PI 6396)	Resistente à mancha olhe-de-rã.
10	Bilomi 3 (PI 240664)	Período juvenil longo
11	Biloxi (PI 23211)	*
12	Tanner	*
13	Palmetto (PI 71587)	*
14	Mogiana	*
15	Pine Dell Perfection	*
16	Laredo (PI 40658)	*
17	Mammoth Yellow	*
18	PI 274454	Resistente a insetos (P. ex. *Diabrotica speciosa* e *Cerotoma* sp.)[2, 3]
19	Mandarin (PI 36653)	*
20	PI 171442	Possui alelo *Rps3*; resistente à podridão de *Phytophthora*, raças 1 a 5, 8, 9, 11, 13, 14, 16, 18
21	Nanda (PI 95727)	*
22	FC 31745	Possui o alelo *Rps1-b*; resistente à podridão de *Phytophthora*, raças 1, 3 a 9, 13 a 15, 17, 18, 21, 22
23	PI 437654	Resistência ao nematóide do cisto da soja (alelos *rgh1* e *Rgh4*)[4]
24	Manchu (PI 30593)	*
25	Peking (PI 17852-B)	Resistente ao nematóide de cisto da soja (genes *rhg 1 a 3* e *Rhg 4*)[4]
26	PI 80837	Resistência à *Phomopsis* spp.[5]; resistência à *Cercospora kikuchii*[6]; alelo *Pd1* para pubescência densa[7]
27	PI 229358	Resistente à insetos (P. ex. *Diabrotica speciosa* e *Cerotoma* sp.)[2, 3]
28	Kedellee STB 452 (Kedelle nº 3)	*

Tabela 13 – Características de alguns dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja

(conclusão)

Nº	Ancestrais	Algumas características dos ancestrais[1]
29	Aliança Preta (PI 285089)	*
30	Chosen	*
31	Asomusume (PI 423959)	Resistente à podridão de *Phytophthora* raça 1
32	Tamahomare	*
33	Patoka (PI 70218)	Alelo *rcs1*, suscetível à mancha olho-de-rã raça 1.
34	PI 81041	*
35	Amarela Comum	*
36	Shinanomejiro	Resistente à podridão de *Phytophthora* raças 1 a 8, 17 e 25
37	Howgyoku (PI 224270)	*
38	Richland (PI 70502-2)	*
39	Kanro (PI 84928)	*
40	PI 346304	Resistência ao CCMV (“Cowpea Chlorotic Mottle Vírus”)
41	Mandarin (Ottawa)	*
42	Blyvoor (PI 221713?)	*
43	Kyushu 111	Triplo nulo para lipoxigenases 1, 2 e 3 (alelos *lx1*, *lx2*, e *lx3*)
44	PI 157440 (Kin-du)	Alelo recessivo *ti*, ausência de inibidor de tripsina Kunitz[7]
45	PI 227687	Resistência à insetos[8]
46	PI 230979	Resistente à podridão de *Phytophthora* raças 1 a 4
47	Shih-Shih	Resistente à podridão de *Phytophthora* raças 1, 3 e 4; soja-hortaliça e soja convencional
48	PI 159925	Alelo *j*, período juvenil longo
49	PI 88788	Resistência às raças 3 e 14 do nematóide do cisto da soja[4]
50	PI 86023	Alelo *lx2*, ausência de lipoxigenase-2
51	PI 86490	Sementes pequenas
52	PI 71506	Resistente ao pulgão da soja (*Aphis glycines*)[9]; germinação baixa em altas temperaturas[10]
53	V-148	*
54	A.K. Harrow	*
55	Nº 171	*
56	GTS-40-3-2	Fonte do gene *CP4 EPSPS*[11]
57	TGX-342-351D	*
58	Ichigowase (PI 205085)	Alelo *lx3*, ausência de lipoxigenase-3
59	PI 90763	Resistente ao nematóide de cisto da soja, raças 1 a 3 e 5[4]
60	Mukden (PI 50523)	Resistente à podridão de *Phytophthora* (alelo *Rps1*), raças 1, 2, 10, 13, 16

Fonte: [1]ESTADOS UNIDOS, 2010; [2]LARA et al. 1999; [3]LOURENÇÃO et al. 1997; [4]BRUCKER et al. 2005; [5]JACKSON; FENN; CHEN, 2005; [6]JACKSON; FENN; CHEN, 2006; [7]PALMER et al. 2004 ; [8]ROSE ; SPARKS ; SMITH, 1989 ; [9]HILL; LI; HARTMAN, 2004, [10]SMITH et al. 2008; [11]PARROTT; CLEMENTE, 2004.
Nota: * Nenhuma informação encontrada.

Tabela 14 – Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA), freqüência e origem dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja liberadas pelo setor público

(continua)

Nº	Ancestrais	CGR	CGA	Frequência	Origem
1	CNS (PI 71569)	19,1142%	19,1142%	295	China
2	S-100 (Illini; A.K.)	14,7972%	33,9114%	274	China
3	Nanking (Roanoke)	11,2994%	45,2108%	271	China
4	Tokyo (PI 8424)	8,6943%	53,9052%	287	Japão
5	PI 54610	8,0601%	61,9652%	285	China
6	PI 60406	5,2577%	67,2229%	217	China
7	Dunfield (PI 36846)	4,2301%	71,4530%	218	China
8	Haberlandt (PI 6396)	4,1990%	75,6520%	217	Coréia do Norte
9	Arksoy (PI 37335)	3,9836%	79,6357%	192	Coréia do Norte
10	Bilomi 3 (PI 240664)	3,6072%	83,2429%	82	Filipinas
11	Biloxi (PI 23211)	2,8397%	86,0826%	222	China
12	Tanner	2,6289%	88,7115%	217	China
13	Palmetto (PI 71587)	1,8256%	90,5371%	100	China
14	Mogiana	1,4574%	91,9945%	50	Brasil
15	Pine Dell Perfection	0,7910%	92,7854%	50	EUA
16	PI 274454	0,7874%	93,5729%	28	Japão
17	Laredo (PI 40658)	0,6359%	94,2088%	44	China
18	Mammoth Yellow	0,5944%	94,8031%	43	Japão
19	Nanda (PI 95727)	0,5545%	95,3576%	18	Coréia do Sul
20	Mandarin (PI 36653)	0,4317%	95,7893%	11	China
21	PI 171442	0,3950%	96,1843%	25	China
22	FC 31745	0,3532%	96,5375%	23	Desconhecida
23	PI 437654	0,3089%	96,8464%	16	China
24	PI 229358	0,2803%	97,1267%	10	Japão
25	Peking (PI 17852-B)	0,2086%	97,3353%	30	China
26	PI 80837	0,2076%	97,5429%	2	Japão
27	Kedellee STB 452 (Kedelle nº 3)	0,1661%	97,7090%	1	Desconhecida
28	Aliança Preta (PI 285089)	0,1661%	97,8751%	1	Brasil
29	Chosen	0,1661%	98,0413%	1	Desconhecida
30	Asomusume (PI 423959)	0,1661%	98,2074%	1	Japão
31	Tamahomare	0,1661%	98,3735%	1	Japão
32	Amarela Comum	0,1350%	98,5085%	3	Brasil
33	Shinanomejiro	0,1350%	98,6434%	3	Japão
34	Howgyoku (PI 224270)	0,1350%	98,7784%	3	Japão
35	Kanro (PI 84928)	0,1246%	98,9030%	3	Coréia do Norte
36	Mandarin (Ottawa)	0,1088%	99,0117%	2	Canadá
37	Manchu (PI 30593)	0,0995%	99,1112%	9	China
38	Kyushu 111	0,0844%	99,1956%	5	Japão
39	PI 157440 (Kin-du)	0,0831%	99,2787%	1	Coréia do Sul
40	PI 227687	0,0831%	99,3617%	2	Japão

Tabela 14 – Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA), freqüência e origem dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja liberadas pelo setor público

(conclusão)

Nº	Ancestrais	CGR	CGA	Frequência	Origem
41	Shih-Shih	0,0629%	99,4247%	2	Japão
42	PI 159925	0,0623%	99,4869%	5	Peru
43	Patoka (PI 70218)	0,0545%	99,5415%	7	China
44	PI 81041	0,0545%	99,5960%	7	Japão
45	Richland (PI 70502-2)	0,0480%	99,6439%	7	China
46	PI 86023	0,0422%	99,6861%	5	Japão
47	PI 86490	0,0415%	99,7276%	1	Japão
48	Blyvoor (PI 221713?)	0,0415%	99,7692%	2	África do Sul
49	PI 71506	0,0415%	99,8107%	1	China
50	V-148	0,0415%	99,8522%	1	Desconhecida
51	A.K. Harrow	0,0363%	99,8885%	2	China
52	PI 88788	0,0337%	99,9222%	5	China
53	Nº 171	0,0311%	99,9534%	1	China
54	GTS-40-3-2	0,0277%	99,9811%	14	Desconhecida
55	TGX-342-351D	0,0105%	99,9917%	3	Nigéria
56	Ichigowase (PI 205085)	0,0053%	99,9969%	5	Japão
57	PI 90763	0,0026%	99,9995%	1	China
58	Mukden (PI 50523)	0,0005%	100,0000%	2	China

Tabela 15 – Identificação, contribuição genética relativa (CGR), contribuição genética acumulada (CGA), freqüência e origem dos ancestrais das cultivares brasileiras de soja liberadas pelo setor privado

Nº	Ancestrais	CGR	CGA	Frequência	Origem
1	CNS (PI 71569)	19,1073%	19,1073%	111	China
2	S-100 (Illini; A.K.)	14,7306%	33,8379%	108	China
3	Nanking (Roanoke)	12,8252%	46,6631%	101	China
4	Tokyo (PI 8424)	10,5872%	57,2503%	110	Japão
5	PI 54610	9,4642%	66,7145%	110	China
6	Arksoy (PI 37335)	5,6281%	72,3426%	65	Coréia do Norte
7	Dunfield (PI 36846)	4,3280%	76,6706%	83	China
8	PI 60406	4,3204%	80,9910%	56	China
9	Haberlandt (PI 6396)	4,2934%	85,2844%	81	Coréia do Norte
10	Bilomi 3 (PI 240664)	2,1833%	87,4677%	18	Filipinas
11	Biloxi (PI 23211)	2,1672%	89,6349%	58	China
12	Tanner	2,1602%	91,7951%	56	China
13	Palmetto (PI 71587)	1,3280%	93,1231%	43	China
14	PI 171442	0,8998%	94,0229%	9	China
15	Pine Dell Perfection	0,8231%	94,8460%	18	EUA
16	Mammoth Yellow	0,5894%	95,4354%	23	Japão
17	Laredo (PI 40658)	0,5894%	96,0249%	23	China
18	Mandarin (PI 36653)	0,5657%	96,5905%	7	China
19	PI 274454	0,3906%	96,9812%	4	Japão
20	Manchu (PI 30593)	0,3425%	97,3236%	6	China
21	PI 346304	0,3348%	97,6584%	2	Índia
22	Mogiana	0,2511%	97,9095%	4	Brasil
23	Patoka (PI 70218)	0,2302%	98,1397%	8	China
24	PI 81041	0,2302%	98,3699%	8	Japão
25	PI 80837	0,2232%	98,5931%	1	Japão
26	Kedellee STB 452 (Kedelle nº 3)	0,2232%	98,8164%	1	Desconhecida
27	PI 230979	0,2232%	99,0396%	1	Japão
28	Peking (PI 17852-B)	0,2005%	99,2401%	16	China
29	Blyvoor (PI 221713?)	0,1674%	99,4075%	2	África do Sul
30	Richland (PI 70502-2)	0,1391%	99,5466%	4	China
31	FC 31745	0,1186%	99,6652%	3	Desconhecida
32	PI 437654	0,0837%	99,7489%	3	China
33	Nanda (PI 95727)	0,0558%	99,8047%	2	Coréia do Sul
34	Amarela Comum	0,0558%	99,8605%	1	Brasil
35	Shinanomejiro	0,0558%	99,9163%	1	Japão
36	Howgyoku (PI 224270)	0,0558%	99,9721%	1	Japão
37	PI 88788	0,0279%	100,0000%	1	China

ANEXO B – Figuras

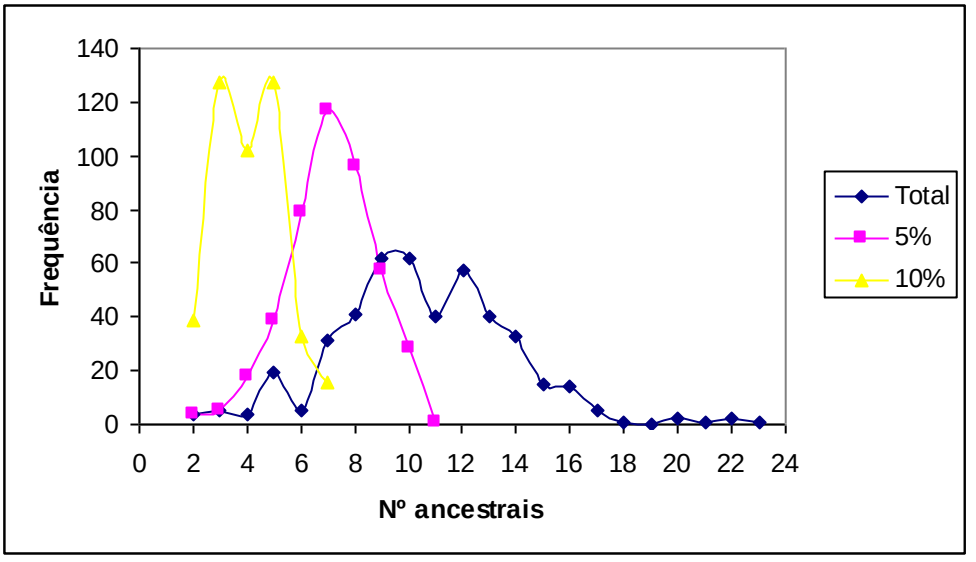

Figura 1 – Freqüência do número de ancestrais nas 444 cultivares de soja analisadas, considerando todos os ancestrais (total), apenas os que contribuem com mais de 5,00% e mais de 10,00% para constituição das cultivares

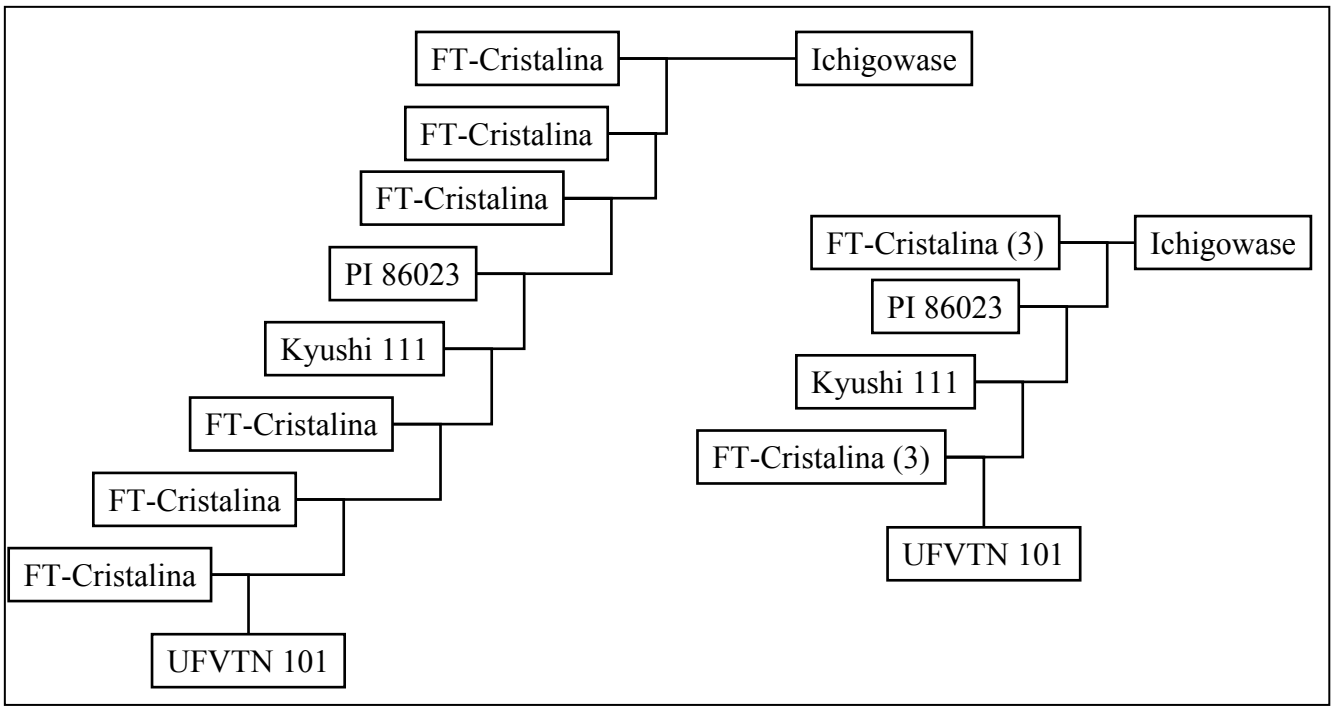

Figura 2 – Duas representações esquemáticas da mesma cultivar, UFVTN 101. Essa genealogia pode ser representada por: FT-Cristalina (3) x {[PI 86023 x (FT-Cristalina (3) x Ichigowase)] (2) x Kyushi 111}