

## ASSOCIAÇÃO GENÔMICA DE MARCADORES SNPs PARA CONTEÚDOS DE PROTEÍNA E ÓLEO EM SOJA

Douglas Antonio Dias<sup>1</sup>; Fabiane Lazzari<sup>2</sup>; Leandra R. Texeira Polo<sup>2</sup>; Danielle Costenaro da Silva<sup>3</sup>; Tatiane C. Albuquerque Alves<sup>2</sup>; Ivan Schuster<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Professor na Universidade Federal da Fronteira Sul – UFFS/Erechim-RS/Brasil; <sup>2</sup>Pesquisadores na Coodetec Desenvolvimento, Produção e Comercialização Agrícola Ltda – Cascavel-PR/Brasil – email: [flazzari@coodetec.com.br](mailto:flazzari@coodetec.com.br); <sup>3</sup>Coordenadora de Compliance e Regulatório na Syngenta – Uberlândia-MG/Brasil.

Conteúdo de proteína e de óleo em soja são características herdadas quantitativamente, determinados pela interação de um número de genes sujeitos às interações genótipo x ambiente. Ainda não existem relatos de mapeamento de QTLs associados aos conteúdos de proteína e óleo em soja tropical utilizando desequilíbrio de ligação ou genética de associação, e são escassos a nível mundial, os trabalhos de genética de associação em soja. Este trabalho teve como objetivo identificar marcadores moleculares SNPs associados a QTLs que aumentam os conteúdos de proteína e de óleo em soja por mapeamento de associação. Foram utilizadas 169 cultivares brasileiras de soja, genotipadas com 6 mil marcadores moleculares SNPs. As 169 cultivares foram cultivadas em Cascavel (PR) no ano agrícola de 2011/2012. A determinação dos conteúdos de proteína e óleo foi realizada em equipamento NIR. As análises de correlação e regressão linear múltipla foram utilizadas para a identificação de desequilíbrio de ligação entre os marcadores SNPs e os QTLs associados às duas características. Foram identificados sete QTLs associados ao conteúdo de proteína em soja, em seis cromossomos (2, 6, 11, 12, 13 e 16), que explicaram 60,9% da variação no conteúdo de proteína. Para o conteúdo de óleo, foram identificados oito QTLs em seis cromossomos (1, 4, 5, 6, 17 e 19) que explicaram 78,3% da variação no conteúdo de óleo. A eficácia de seleção pelos marcadores identificados foi confirmada pela correlação entre o número de locos contendo alelos favoráveis, e as características avaliadas (0,49 para o conteúdo de proteína e 0,60 para o conteúdo de óleo). Os marcadores moleculares identificados podem ser utilizados em programas de seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) para os conteúdos de óleo e proteína em soja, no ambiente considerado. Neste trabalho, a associação de marcadores moleculares SNPs com QTLs responsáveis pelos conteúdos de óleo e proteína foi realizado em apenas um local. É necessário expandir estes resultados, avaliando-se os conteúdos de óleo e proteína destas cultivares em diversos ambientes, e avaliando-se a aplicação destes e de outros QTLs na expressão das características, e na interação genótipo x ambiente.

Palavras-chave: *Glycine max*; Qualidade de Grãos de Soja; Genética de Associação; SAM.

Apoio financeiro: CNPq