

FRANCISCO DE ALCÂNTARA NETO

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICO-MOLECULAR DE UM BANCO ATIVO DE
GERMOPLASMA DE SOJA**

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

**VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2005**

FRANCISCO DE ALCÂNTARA NETO

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICO-MOLECULAR DE UM BANCO ATIVO DE
GERMOPLASMA DE SOJA**

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

Aprovada: 31 de março de 2005.

Prof. Tocio Sedyama

Prof. Geraldo de Amaral Gravina

**Prof. Derly José Henriques da Silva
(Conselheiro)**

**Prof. Ivan Schuster
(Conselheiro)**

**Prof. Maurilio Alves Moreira
(Orientador)**

A Deus...

A minha família pelo carinho,

Incentivo e apoio constantes

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida, pela presença e força nessa luta em busca do conhecimento e por amenizar as saudades pela ausência da minha família.

À minha família, especialmente aos meus pais pelo amor e esforços para a minha formação.

À Patricia pelo companheirismo, amor e compreensão na minha ausência e pelo apoio em todos os momentos de dificuldades.

A minha querida filha Gabriela por dar mais sentido e alegrias a minha vida.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), especialmente ao Departamento de Fitotecnia pela oportunidade de realizar o curso.

Ao Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária (BIOAGRO), pela infra-estrutura adequada ao desenvolvimento deste trabalho.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo auxílio financeiro, indispensável durante o curso.

À Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (COODETEC) pelo apoio e envio dos materiais para a realização da pesquisa.

Ao Prof. Maurilio Alves Moreira, pela competente e efetiva orientação, pela confiança em mim depositada, pelos ensinamentos, pela amizade e pelo incentivo durante todo o meu aprendizado na UFV.

Aos meus conselheiros:

Prof. Everaldo Gonçalves de Barros, pela amizade e pelos valiosos ensinamentos e sugestões.

Prof. Derly José Henriques da Silva, por sua ajuda e apoio durante o desenvolvimento do trabalho e por suas sugestões para o aperfeiçoamento da tese.

Dr. Ivan Schuster, pela importante e grande contribuição em todas as etapas deste trabalho.

Ao Prof. Tocio Sedyama pela pessoa humana, prestativo e sempre preocupado com seus estudantes e a quem sempre serei grato pela amizade.

Ao Prof. Carlos Sedyama por ter me apoiado na iniciação científica e ser um dos responsáveis neste caminho trilhado.

À Camilla Sedyama, Marcos e David pela importante ajuda neste trabalho durante o período de estágio.

Aos colegas Newton, Vagner, Adésio, Márcia Costa, Márcia Flores, Dario, Inês, Mateus, Francismar, Andréia, Polyana, Klever, Gerardo, Lucimara, Maria Fernanda, Luciano, Lucinete, Telma, Thiago, Vilmar e Demerson pela colaboração e agradável convivência.

Aos amigos Geraldo, Leonardo, Mário Sérgio, Larissa, Taís, Cândida, Rita Moraes, Anchieta, Clévio e Evair.

Ao João Paulo, Naldo e Aloísio, os quais tanto colaboraram na elaboração deste trabalho.

À Mara Rodrigues pela amizade e pelo apoio necessário dado como secretária do curso de pós-graduação em Fitotecnia.

Aos amigos do FUT-600 que deixaram saudades das tardes de sexta-feira.

A todos os funcionários da UFV, principalmente os da Fitotecnia e do BIOAGRO.

Aos professores da Universidade Federal de Viçosa, que muito contribuíram para o meu crescimento profissional, científico e humano.

A todos amigos e colegas de curso que, certamente, contribuíram para a conclusão de mais este importante objetivo.

A todas as pessoas que me apoiaram nas diversas etapas da minha estada em Viçosa, principalmente à Benvinda e Zé Firmino (minha segunda casa) e à Penha por tudo.

Ao povo brasileiro que, por meio dos impostos, custearam minha formação acadêmica e profissional, minha sincera gratidão, hoje e sempre.

BIOGRAFIA

FRANCISCO DE ALCÂNTARA NETO, filho de Newton Alves de Alcântara e Edinez Lins de Alcântara, nasceu em Maceió, Alagoas, onde cursou o ensino fundamental e médio.

Em março de 1994, ingressou na Universidade Federal de Viçosa (UFV), graduando-se em Engenharia Agrônômica em março de 1999. Na graduação, como discente, desenvolveu atividades de pesquisa na área de genética molecular de plantas, atuando por duas vezes como bolsista de Iniciação Científica do Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária – BIOAGRO, pelo programa PIBIC-UFV-CNPq.

Iniciou o programa de Mestrado em Fitotecnia em abril de 1999 na Universidade Federal de Viçosa (UFV), tendo adquirido o título de “Magister Scientiae” em março de 2001.

Em abril de 2001, iniciou o programa de Doutorado em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa (UFV), defendendo tese em 31 de março de 2005.

CONTEÚDO

RESUMO.....	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. soja	4
2.1.1. Origem e expansão	4
2.1.2. Diversidade genética	5
2.2. Germoplasma	7
2.3. Importância da diversidade genética no melhoramento de plantas....	9
2.4. Marcadores moleculares	10
2.4.1. Microssatélites (SSRs)	11
2.4.2. Utilização de marcadores moleculares em genotipagem e análise da diversidade genética.....	14
2.5. Análise de agrupamento e construção de dendrogramas	16
3. MATERIAL E MÉTODOS	17
3.1. Material vegetal utilizado	17
3.2. Caracterização molecular	19
3.2.1. Extração de DNA.....	20
3.2.2. Detecção de polimorfismo dos microssatélites.....	21
3.2.2.1.Reações de microssatélites.....	21
3.2.2.2. Detecção dos fragmentos amplificados.....	22
3.3. Caracterização morfológica	23
3.4. Análises estatísticas	26
3.4.1. Informatividade dos locos SSRs.....	26
3.4.2. Relações genéticas entre os acessos	26
3.4.3. Análise de agrupamento.....	27

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	29
4.1. Dados Moleculares.....	29
4.1.1. Informatividade dos locos SSRs.....	29
4.1.2. Distâncias genéticas e análise de agrupamento	32
4.1.2.1. UPGMA (<i>unweighted pair-group using an arithmetic average</i>).....	32
4.1.2.2. Método de Tocher	34
4.2. Dados Morfológicos.....	35
4.2.1. Distâncias genéticas e análise de agrupamento	35
4.2.1.1. UPGMA (<i>unweighted pair-group using an arithmetic average</i>).....	36
4.2.1.2. Agrupamento de Tocher.....	38
4.3. Estimativa do coeficiente de parentesco	38
4.3.1. Distâncias genéticas e análise de agrupamento	38
4.3.1.1. UPGMA (<i>unweighted pair-group using an arithmetic average</i>).....	39
4.3.1.2. Método de Tocher	41
4.4. Comparação das relações genéticas obtidas pelos dados SSRs, morfológicos e genealogia.....	41
5. RESUMO E CONCLUSÕES	47
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	50
ANEXO.....	57

RESUMO

ALCÂNTARA NETO, Francisco de, D.S., Universidade Federal de Viçosa, março de 2005. **Caracterização Genético-Molecular de um Banco Ativo de Germoplasma de soja.** Orientador: Maurilio Alves Moreira. Conselheiros: Everaldo Gonçalves de Barros; Derly José Henriques da Silva e Ivan Schuster.

A identificação e utilização da diversidade presente em um germoplasma são de grande interesse no melhoramento de plantas. O conhecimento da diversidade genética de uma cultura é necessário para a seleção de progenitores que maximizem a melhoria genética. A maioria dos programas de melhoramento não tem explorado amplamente os recursos genéticos contidos em seu germoplasma, ou seja, não dão tanta ênfase à caracterização mais precisa dos acessos presentes no germoplasma, que poderiam auxiliá-los na fase de pré-melhoramento. Objetivando caracterizar e avaliar a diversidade genética de 100 acessos de soja provenientes do banco ativo de germoplasma da COODETEC, utilizou-se a análise de DNA com marcadores microssatélites, a avaliação morfológica e a informação de genealogia disponível para alguns acessos. O uso dos pares de *primers* Satt177, Satt182, Satt275, Satt335 e Satt373 permitiu detectar 34 alelos, pelo sistema de eletroforese utilizado, com uma média de 6,8 alelos por loco. A informatividade dos locos SSRs foi bem elevada, variando de 0,35 a 0,88, com média de 0,74. Em cada avaliação utilizada na caracterização dos acessos foi realizado o agrupamento pelo método UPGMA (*unweighted pair-group using an arithmetic average*) e o agrupamento pelo método de otimização de Tocher. Considerando as análises pelo agrupamento UPGMA, os marcadores SSRs nos possibilitou agrupar os acessos em 25 grupos distintos, as características morfológicas em 19 grupos distintos e a caracterização estimada pelo coeficiente de parentesco em 56 grupos distintos. Considerando o agrupamento realizado pelo método de Tocher, os dados de microssatélites, morfológicos e de genealogia formaram 15, 8 e 23 grupos distintos, respectivamente. Comparando os grupos formados

pelo coeficiente de parentesco, observou-se que o método das médias das distâncias (UPGMA) possui maior consistência com a genealogia dos acessos do que aqueles obtidos pelo método de Tocher. O coeficiente de parentesco possui maior formação de grupos, entretanto essa estimativa possui um viés elevado quando comparado com os outros métodos de avaliação, pois os genótipos de apenas uma geração parental eram conhecidos. Pelas seis características morfológicas avaliadas conseguiu-se formar diversos grupos e classificar alguns acessos em grupos distintos. Através da estimativa da diversidade genética com base em marcadores microssatélites obtivemos melhores informações, em relação aos outros métodos de avaliação, sobre as relações genéticas dos indivíduos. Os resultados obtidos permitem a comparação da distância genética entre os acessos de soja, o que pode auxiliar na escolha de progenitores no programa de melhoramento da COODETEC. Cruzamentos entre indivíduos geneticamente mais divergentes produzem populações segregantes com maiores variabilidades, permitindo novas combinações genéticas, e seleção de indivíduos superiores em programas baseados no método genealógico. Cruzamento entre indivíduos geneticamente mais próximos permite a recuperação mais rápida do genoma recorrente em programas baseados em retrocruzamentos.

ABSTRACT

ALCÂNTARA NETO, Francisco de, D.S., Universidade Federal de Viçosa, March, 2005. **Molecular-genetic characterization of a Soybean Germplasm Active Bank.** Adviser: Maurilio Alves Moreira. Committee Members: Everaldo Gonçalves de Barros; Derly José Henriques da Silva and Ivan Schuster.

The identification and utilization of the diversity in a germplasm are highly interesting in the improvement of plants. The knowledge about the genetic diversity of a cropping is necessary, when selecting the progenitors that would maximize the genetic improvement. Most improvement programs have not thoroughly explored the genetic resources contained in the germplasm, that is, generally they do not necessarily emphasize the most accurate characterization of the accesses present in the germplasm, that could help them at the pre-improvement phase. The DNA analysis with microsatellite markers, as well as the morphologic evaluation and the genealogy information available for some accesses were used in order to characterize and evaluate the genetic diversity in 100 soybean accesses proceeding from the COODETEC germplasm active bank. Using the primers pairs Satt177, Satt182, Satt275, Satt335 and Satt373, a total of 34 alleles were detected by using the electrophoresis method, which averaged 6.8 alleles per locus. The informativity of the SSRs loci showed to be very high, as varying from 0.35 to 0.88 and averaging 0.74. In each evaluation used in characterization of the accesses, the clustering by UPGMA method (unweighted pair-group using an arithmetic average) and the clustering by the Tocher optimization method were accomplished. Taking into account the analyses by the UPGMA clustering, the SSRs markers made possible to cluster the accesses into 25 different groups, the morphologic characteristics into 19 distinct groups, and the characterization estimated by the relationship coefficient in 56 different groups. Considering the clustering by the Tocher method, the data of microsatellites, genealogy, and the morphologic ones formed 15, 23 and 8 different groups, respectively. Comparing those groups

formed by the relationship coefficient, it was observed that the UPGMA method is more consistent with the genealogy of the accesses than those obtained by the Tocher method. Although the relationship coefficient provides a higher formation of groups, it shows an high bias compared to the other evaluation methods, since the genotypes of only a parental generation were known. Based on the six morphologic characteristics, several groups were formed and some accesses were classified into distinct groups. By estimating the genetic diversity based on microsatellites markers, it was possible to obtain better information about the individuals' genetic relationships, in relation to the other evaluation methods. The results allow for the comparison of the genetic distance among the soybean accesses, which could be helpful to the choice of progenitors in the COODETEC improvement program. The crossings among the individuals genetically more divergent will produce either segregant populations with wider variabilities, that allow for new genetic combinations, and the selection of superior individuals in those programs based on the genealogical method. The crossing among individuals genetically closer would allow for a fastest recovery of the recurrent genome in the backcrossing-based programs.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma leguminosa herbácea anual cujo alto teor protéico de seus grãos e sua fácil adaptação às diversas condições edafoclimáticas a coloca entre as principais oleaginosas do mundo, sendo entre elas a mais cultivada. É a cultura que apresenta as melhores perspectivas de competitividade crescente do Brasil, em relação aos seus principais concorrentes, que são Estados Unidos e Argentina. Em 2004, o Brasil figurou-se como o segundo maior produtor mundial, respondendo por cerca de 25% da produção mundial. Essa leguminosa é responsável por aproximadamente 44% dos produtos agrícolas brasileiros destinados à exportação, constituindo, na agricultura, a cultura que mais gera divisas para o país (CONAB, 2005).

O Brasil, além de possuir extensa área agricultável, detém tecnologia de produção de grãos comparável à de países desenvolvidos. Parte desse sucesso deve ser creditado aos programas de melhoramento genético desenvolvidos em diversas instituições de pesquisa e universidades do país. Uma das chaves para a continuidade desses programas está na utilização dos recursos genéticos das espécies de interesse agrícola armazenados em bancos de germoplasma, como é o caso da soja. Tais bancos são coleções de amostras (mudas, sementes ou tecidos) de diferentes espécies e variedades de plantas, mantidas para garantir a conservação de sua diversidade genética, evitando o risco de extinção a que estariam sujeitas na natureza.

A manutenção, a caracterização, o enriquecimento e o uso adequado e eficiente desses recursos genéticos, no entanto, dependem em grande parte de conhecimento preciso e detalhado da variação existente em nível de genoma (variabilidade genética), entre os acessos que compõem os bancos de germoplasma. Um acesso é uma amostra de germoplasma representativa de vários indivíduos da população. A variabilidade genética contida nesses bancos, que geralmente incluem espécies silvestres, variedades e linhagens procedentes de diversos locais de cultivo e de programas de melhoramento do Brasil e do exterior, representa enorme potencial para uso agrícola, podendo

contribuir decisivamente para o aumento da produtividade e para a diminuição do ataque de pragas e doenças na lavoura. Além disso, o conhecimento das relações genéticas entre acessos de um banco de germoplasma otimiza grandemente a organização dos programas de melhoramento.

Embora os pesquisadores do mundo inteiro que trabalham com melhoramento de plantas busquem maximizar os ganhos genéticos, apenas pequena parcela da variabilidade genética do germoplasma tem sido explorada. O principal fator que limita a utilização mais ampla dos bancos de germoplasma para o melhoramento genético é a falta de conhecimento sobre as características úteis das espécies ou variedades armazenadas. Hoje, as informações de interesse, disponíveis para uso dos acessos, baseiam-se em descrições fenotípicas, obtidas por avaliações visuais de plantas (ex.: porte da planta, cor da flor, cor do hilo, etc.).

Adicionalmente o uso de técnicas de genética molecular, baseado na tecnologia de marcadores moleculares, permite analisar e detectar diferenças entre indivíduos em nível de DNA, fornecendo medidas mais precisas e diretas da variabilidade genética existente não só entre os acessos armazenados, mas também dentro destes.

Dentre os marcadores existentes, os microssatélites têm sido considerados os ideais para a caracterização e avaliação da diversidade genética, pois são multialélicos, co-dominantes, reprodutíveis e amplificados via PCR. Entretanto, a aplicação rotineira dos marcadores microssatélites requer que a relação custo/benefício seja considerada. Apesar do custo e trabalho requeridos no desenvolvimento de sequências que flanqueiam regiões de DNA contendo os microssatélites, vários pares de *primers* de microssatélites já foram desenvolvidos e estão disponíveis para análises genéticas na cultura da soja.

A caracterização molecular como ferramenta auxiliar à descrição morfológica contribui para o conhecimento aprofundado da diversidade genética dos acessos presentes em bancos de germoplasma, otimizando seu uso nos programas de melhoramento.

Por meio da avaliação molecular, com o uso de marcadores microssatélites, da avaliação morfológica e de dados de genealogia, objetivou-se com este trabalho:

1. caracterizar e avaliar a diversidade genética de 100 acessos de soja do Banco Ativo do Germoplasma da COODETEC;
2. estimar a informatividade dos locos SSR de soja;
3. estabelecer a relação genética entre os acessos de soja e
4. comparar os resultados de distâncias genéticas obtidas pela avaliação molecular, morfológica e de genealogia.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Soja

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma espécie diplóide com o número $2n$ igual a 40 cromossomos (Palmer et al., 1996), autógama, anual, herbácea, cuja posição taxonômica se insere na subdivisão Angiospermae, classe Dicotyledoneae, ordem Rosales, família Leguminosae, subfamília Papilionoideae, tribo Phaseoleae, gênero *Glycine* (Dong et al., 2004). É uma planta de grande importância econômica, com inúmeras utilizações, como alimentação humana, usos industriais, nutrição animal e adubação verde (Magalhães, 2002).

2.1.1. Origem e expansão

A soja é uma planta originária da China e, deste país, expandiu-se para outras partes da Ásia, por volta do século XI a.C. Domesticada em latitudes compreendidas entre 30 e 45°N, foi disseminada, posteriormente, para a América do Norte, Europa e América do Sul. No Brasil, desde o final do século XIX e durante muitas décadas, a soja foi plantada somente em caráter experimental por algumas instituições de pesquisa. No século XX, a partir da década de 60, passou a ter importância no País, inicialmente na Região Sul (latitudes 30 a 22°S), onde apresentou melhor adaptação, devido à semelhança com as regiões tradicionais de cultivo no mundo (Priolli et al., 2004).

O aumento da demanda por alimentos protéicos por parte dos países desenvolvidos, a queda na oferta de outras matérias-primas ricas em proteínas e a retração da produção de soja por parte dos Estados Unidos nas décadas de 1960 e 1970 foram responsáveis pelas excelentes cotações que a soja obteve em 1973 no mercado internacional. Deste modo, foram observados o aumento da produção e a rápida expansão da área de cultivo desta leguminosa da Região Sul rumo ao Cerrado, latitudes 20 a 5°S (Urben Filho & Souza,

1993), levando o Brasil de uma posição inexpressiva no cenário mundial para a de segundo maior produtor de soja no mundo. Fatores edafoclimáticos favoráveis à sojicultura e o apoio governamental brasileiro a essa cultura foram fundamentais para sua rápida expansão no país (Priolli et al., 2004).

O quarto levantamento da safra 2004/2005 realizado pela Conab, mostra que a soja ocupa 23.103,9 mil hectares, representando 47,7% do total da área cultivada com grãos, o que é 8,6% superior à plantada na safra anterior, que foi de 21.284,1 mil hectares, em termos absolutos, a expansão foi de 1.819,8 mil hectares. Dos produtos pesquisados, a soja foi o que mais incorporou área.

A produção de grãos neste 4º levantamento da safra 2004/05 é estimada em 113.687,8 mil toneladas, que é inferior em 4,6% à da safra anterior, em termos absolutos, 5.426,3 mil toneladas. Deste total as regiões Sul, Sudeste, Centro – Oeste, Nordeste e Norte participam com 35,3%, 15,3%, 36,7%, 8,9% e 3,8%, respectivamente.

Do total produzido, a soja participa com 50.195,4 mil toneladas, ou seja, 44,2%. Quando comparada com a produção da safra anterior, que foi de 49.792,7 mil toneladas e a estimada em dezembro/04, primeira previsão da safra 2004/05, que foi de 60.163,3 mil toneladas, e com a de fevereiro/05, que foi de 53.119,2 mil toneladas, verifica-se uma variação de 0,8%, (16,6%) e (5,5%), respectivamente (CONAB, 2005).

2.1.2. Diversidade genética

Diversos programas de melhoramento genético contribuíram para o desenvolvimento de cultivares de soja de alto rendimento de grãos e adaptadas às diferentes condições agroclimáticas do País. De acordo com Paludzyszyn Filho et al. (1993), na região tradicional de cultivo de soja, os programas de melhoramento se basearam em introduções de linhagens desenvolvidas no Sul dos EUA, com o posterior desenvolvimento de cultivares melhor adaptadas.

Na região de expansão, os programas de melhoramento genético seguiram a estratégia de desenvolvimento de linhagens de soja adaptadas às baixas latitudes, por meio da incorporação da característica período juvenil longo (PJL). Tais estratégias, entretanto, não foram acompanhadas de

avaliações do aumento ou da redução da diversidade genética da soja cultivada. Estimativas sobre a variabilidade genética da cultura têm destacado que o germoplasma brasileiro provém de base genética restrita, tendo se originado de poucas linhagens ancestrais (Priolli et al., 2004).

Bonetti (1983) estimou que cerca de 70% das cultivares de soja desenvolvidas para o Rio Grande do Sul, naquela data, descendiam das cultivares americanas Hill, Hood ou ambas.

Hiramoto & Vello (1986) informaram que todas as cultivares recomendadas para plantio no Brasil naquele ano agrícola descendiam de 26 cultivares, sendo que deste total, apenas quatro eram responsáveis por cerca da metade daquele conjunto gênico.

Estudos revelam que os métodos e práticas modernas de melhoramento podem reduzir a diversidade genética das plantas cultivadas, aumentando a vulnerabilidade ao ataque de pragas, patógenos e estresses ambientais (Vellvé, 1993; Clunies-Ross, 1995). Análises genealógicas em soja cultivada sugeriram que o germoplasma norte-americano foi reduzido em aproximadamente um quarto de sua base genética original em 50 anos de melhoramento (Gizlice et al., 1993).

O número de ancestrais que constituem a base genética dos Programas de Melhoramento de soja norte-americano é muito limitado. Gizlice et al., (1994) usaram a análise de pedigree para identificar 80 ancestrais que praticamente definiram a base genética de 258 cultivares norte-americanos lançados de 1947 a 1988. Eles encontraram que 16 ancestrais contribuíram individualmente com 85% da base genética desses cultivares (Thompson et al., 1998).

A extensão da diversidade genética dentro das espécies *Glycine* anuais é desconhecida, mas quase todos os relatos sobre a variação genética concluem que a diversidade é baixa até mesmo quando comparada com outras espécies de auto-polinização (Thompson et al., 1998).

Keim et al. (1989) utilizando 17 marcadores RFLPs para avaliar 58 acessos de *Glycine soja* e *Glycine max*, incluindo linhas ancestrais e cultivadas, concluíram que a diversidade genética baseada em RFLP foi de 16% para as cultivadas e de 26% para as ancestrais.

Keim et al. (1992) estudando 38 genótipos de soja com 132 sondas de RFLP verificaram que a diversidade genética foi de 30%, indicando que a

diversidade da soja aumentou em relação aos resultados obtidos anteriormente. Estes autores dizem que a diversidade estimada em seus trabalhos foi influenciada pelos genótipos incluídos no estudo, os quais foram selecionados para representar grande diversidade e não os materiais típicos encontrados nos programas de melhoramento. Gizlice et al. (1993) avaliaram 10 características morfológicas sob condições controladas e observaram uma variação considerável nos 14 ancestrais de maior contribuição.

Thompson et al. (1998) encontraram baixa diversidade da soja, quando avaliaram a relação genética utilizando uma combinação de 18 ancestrais de maior contribuição para os cultivares norte-americanos e cultivares que representavam 85% da base genética dos cultivares de soja norte americanos utilizados comercialmente. Resultados similares foram obtidos em estudos anteriores (Keim et al, 1989; Keim et al., 1992; Abdelnoor et al., 1995).

2.2. Germoplasma

Valois et al. (1996) define germoplasma como unidades conservadoras de material genético de uso imediato ou com potencial de uso futuro, onde não ocorre o descarte de acessos, o que os diferencia das "coleções de trabalho", que são aquelas em que se elimina o que não interessa ao melhoramento genético.

Os germoplasmas podem ser conservados em "bancos de base" ou em "bancos ativos". Os primeiros são aqueles em que se conserva o germoplasma em câmaras frias (conservação de 1°C até -20°C), in vitro (conservação de partes vegetais em meio de cultura de crescimento) ou em criopreservação (conservação em nitrogênio líquido a -196°C), por longos prazos, podendo até mesmo ficar longe do local de trabalho do melhorista genético (Valois et al., 1996).

São considerados "ativos" aqueles que estão próximos ao pesquisador, nos quais ocorre o intercâmbio e proporciona a conservação apenas a curto e mediano prazos. Os bancos ativos ou coleções ativas são coleções de acessos que são rotineiramente utilizadas para propósitos de pesquisa, caracterização, avaliação e utilização de materiais. A coleção ativa é multiplicada de acordo com a demanda pelo germoplasma por parte de pesquisadores como

melhoristas, e regenerada periodicamente. O caráter dinâmico da coleção ativa é indicado pelo fato de que acessos entram e saem de seu inventário, conforme decisões gerenciais. A coleção ativa, geralmente, funciona em dois ciclos: plantas vivas crescendo no campo e sementes armazenadas para regeneração ou multiplicação de materiais (Valois et al., 1996).

Os objetivos de um banco de base são diferentes dos de bancos ativos de germoplasma, pois se direcionam apenas ao aspecto de conservação com a manutenção do máximo possível de variabilidade genética, mantida com o mínimo possível de erosão genética, quer seja de populações de uma espécie silvestre quer seja de acessos de uma espécie cultivada ou mesmo de um grupo de espécies de mesmo gênero. Este tipo de banco possui normalmente um excelente fichário, com os mais completos dados de passaporte, e realiza o acompanhamento, de tempos em tempos, do poder germinativo e do vigor das sementes armazenadas; quando estas atingem limites perigosos, com risco de perda, o banco de base as envia de volta ao banco ativo de germoplasma, para que seja realizada a regeneração e posterior multiplicação e possam, assim, ser devolvidas ao banco de base (Brondani e Brondani, 2004).

Já os bancos ativos têm por objetivos efetuar a caracterização fenotípica-agronômica mínima e a multiplicação com manutenção da identidade genética que permita ao melhorista escolher os caracteres de interesse, para a inclusão nos ensaios de obtenção de novos cultivares (Valois et al., 1996).

A maioria das informações disponíveis para o melhorista no que tange a possível diversidade genética entre os acessos é a sua origem geográfica, no caso de material silvestre, e registros de pedigree, no caso de variedades. Sabe-se que a diversidade genética entre os acessos não está uniformemente distribuída entre diferentes regiões geográficas e que dados de pedigree são freqüentemente incorretos e muitas vezes não disponíveis. Assim, na maioria das vezes em que o melhorista de soja recorre ao banco ativo de germoplasma ele o faz “ao acaso”, sem uma informação prévia da diversidade genética dos acessos. Portanto, a avaliação dessa variabilidade genética assume um papel fundamental na eficiência dos programas de melhoramento genético da soja (Miroslav et al., 2002).

O germoplasma de *Glycine max* contém grande número de tipos de plantas, bem como ampla forma de resistência a pragas e caracteres

morfológicos e fisiológicos distintos. As linhagens dentro de *Glycine max* são facilmente hibridizáveis (Palmer et al., 1996). Todavia, para rápido avanço na adaptação e produtividade da soja, os melhoristas de plantas, considerando as novas e emergentes áreas de produção no Brasil, restringem a utilização de germoplasma com tipos adequados dentro da espécie cultivada *Glycine max* (Brondani e Brondani, 2004).

2.3. Importância da diversidade genética no melhoramento de plantas

Hoje, a agricultura moderna é dependente do cultivo de algumas espécies agrícolas altamente produtivas, como é o caso da soja.

Segundo Tanksley e McCouch (1997), a série de etapas pelas quais as espécies de plantas foram domesticadas não é exatamente conhecida, entretanto a diversidade genética das espécies silvestres foi alterada radicalmente devido à pressão de seleção exercida pelo homem ao longo dos tempos. Durante o último século, o desenvolvimento e sucesso dos métodos de melhoramento produziram variedades altamente produtivas e, o processo de melhoramento de plantas ainda hoje é dependente dessa variabilidade.

Como as novas variedades são obtidas a partir da hibridação entre um grupo de cultivares elite, geneticamente semelhantes, elas tendem a ser muito semelhantes (Tanksley e McCouch, 1997; Bertini, 2004). A limitada diversidade genética das culturas as torna mais vulneráveis ao ataque de doenças e insetos (Bertini, 2004).

A diversidade genética é a soma de informações genéticas contidas nos genes de plantas, animais e microorganismos. Todo indivíduo contém uma quantidade particular de informações. O valor da diversidade está relacionado com a variedade de diferentes genes que podem ser expressos pelos organismos como características potencialmente úteis, incluindo diferentes características químicas e morfológicas (Karp et al., 1996). Por não conhecer quais genes ou características terão valor no futuro, todos os genes devem ser considerados de igual valor e a máxima conservação assegura as diferentes características ou genes com valor futuro (Jasieniuk e Maxwell, 2001).

O conhecimento relacionado à diversidade genética das espécies traz duas vantagens a um programa de melhoramento. A primeira diz respeito à

heterogeneidade genética que limita a vulnerabilidade das espécies às pragas e doenças e a segunda está relacionada ao fornecimento de um amplo suprimento de variação alélica que pode ser utilizada para criar novas combinações de genes favoráveis (Bertini, 2004).

Segundo Valois et al. (1996) a garantia para o uso eficiente do germoplasma passa, necessariamente, pelos trabalhos relacionados com a sua caracterização e avaliação. É por intermédio desses estudos que se aquilata o potencial do germoplasma para emprego imediato ou futuro na renovação da variabilidade que está sendo trabalhada pela seleção.

2.4. Marcadores Moleculares

As técnicas de marcadores moleculares foram desenvolvidas como resultado da necessidade direta em se analisar o genoma, já que até meados da década de 60, os marcadores utilizados em estudos de genética e melhoramento eram controlados por genes associados a caracteres morfológicos, em geral fenotípicos de fácil identificação visual (Ferreira e Grattapaglia, 1996).

A série completa do material genético de cada indivíduo é o seu genoma, dividido em cromossomos. Cada cromossomo é formado por uma longa molécula de DNA, composta, por sua vez, por uma seqüência de bases nitrogenadas (adenina, guanina, citosina e timina). O genoma (o conjunto dos cromossomos) contém toda a informação necessária para construir e manter o organismo (Lewin, 2001).

Cada ser vivo tem uma composição diferente de seqüência de nucleotídeos ao longo da molécula de DNA em seus cromossomos, com exceção dos gêmeos univitelinos e clones. Embora a maior parte do genoma seja praticamente idêntica entre os indivíduos de uma mesma espécie, algumas regiões genômicas são muito variáveis, e essas diferenças representam o que é chamado de a variabilidade genética. Assim, dois indivíduos da mesma espécie terão o mesmo número de cromossomos, e a diferença genética entre eles consistirá de alterações nas seqüências de bases ao longo do DNA. Cada uma dessas alterações pode ocorrer por substituição, deleção (ausência) ou duplicação de uma base (Ferreira e Grattapaglia, 1996).

A análise genômica, fundamental para o conhecimento da variabilidade genética, teve grande impulso após o desenvolvimento da técnica reação em cadeia da polimerase (PCR), desenvolvida por Kary Mullis (Mullis e Faloona, 1987; Mullis, 1990). Esta técnica foi inicialmente aplicada, por pesquisadores, em genética humana para analisar a variação genética em humanos (Saiki et al., 1985).

Nessa técnica, enzimas (DNA polimerases) são utilizadas para sintetizar uma dada seqüência de DNA em um determinado ponto do genoma, definido especificamente pela homologia (semelhança) entre um segmento de DNA iniciador (conhecido como *primer*) e o segmento de DNA do indivíduo. A visualização do produto da síntese de várias cópias do mesmo segmento só é possível porque a PCR é realizada em um aparelho conhecido como termociclador, que executa repetidos ciclos de separação do segmento de DNA molde, pareamento (entre o *primer* e o segmento molde) e síntese de novo segmento de DNA (por meio da enzima DNA polimerase). Após 30 a 40 ciclos, é possível visualizar o produto da amplificação da região genômica em um gel de agarose ou poliacrilamida. Esse produto da amplificação também é chamado de marcador molecular (Brondani e Brondani, 2004).

A partir da técnica de PCR surgiram outras técnicas, reproduzíveis em qualquer laboratório e de custo relativamente baixo, que permitem obter grande volume de informação sobre os genomas e com isso aumentar a possibilidade de diferenciar cada indivíduo (Ferreira e Grattapaglia, 1996; Milach, 1998).

2.4.1. Microssatélites (SSRs)

Um marcador potencial é qualquer seqüência de DNA capaz de detectar polimorfismo, e em geral, quanto mais polimórfico, maior sua informatividade e maior a facilidade para detectar diferenças entre indivíduos. DNA não codificante é, sobre este ponto de vista, mais interessante que DNA codificante, pois acumula mais mutação e não está sujeito à pressão seletiva. DNA não codificante é representado principalmente por DNA repetitivo, denominado microssatélite, minissatélite ou DNA satélite, dependendo do comprimento da seqüência (Testolin et al., 2000).

Os microssatélites, também chamados de simples seqüências repetidas (SSRs), seqüência de polimorfismos de comprimento (SSLPs), pequenas repetições em tandem (STRs) ou motivos de seqüências simples (SSMs) é um classe de seqüências repetitivas, encontradas em alta freqüência e com ampla distribuição nos genomas de eucariotos (Tóth et al., 2000).

Os microssatélites são pequenas sequências de DNA não codificadoras constituídas de 1 a 6 pares de bases, com número variável de repetições em tandem e que representam a principal fração do DNA (Fries et al., 1993).

A análise de locos microssatélites é realizada utilizando-se iniciadores (*primers*) complementares (18 a 25 bases) às regiões que os flanqueiam, podendo ser facilmente detectado por meio da técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) (Mullis, 1990). Considerando-se que os alelos de um loco identificado por um microssatélite podem diferir em apenas um par de base quanto ao comprimento do fragmento amplificado, é necessário empregar-se um sistema de identificação do polimorfismo que seja de alta resolução. Géis desnaturantes de poliacrilamida proporcionam resolução suficiente para detectarem-se diferenças de tamanho tão pequeno (Souza, 2001).

Em relação à estrutura, eles podem ser agrupados em três tipos principais, de acordo com o número de nucleotídeos repetidos. Os dinucleotídeos representam a grande maioria dos microssatélites utilizados, e sua densidade varia amplamente entre as espécies animais e vegetais. As unidades repetidas mais comuns no reino animal para este tipo são CA. Os trinucleotídeos também são comuns em plantas e animais, mas o tamanho e o polimorfismo destas repetições são semelhantes aos dinucleotídeos. Para os tetranucleotídeos um grande número de repetições GATA/GACA pode ocorrer em organismos superiores e mesmo apresentando um alto grau de polimorfismo, eles são raramente usados em estudos de populações (Jarne e Lagoda, 1996).

Não se sabe ao certo se estas seqüências apresentam alguma função específica, mas acredita-se que desempenhem um papel na compactação e descompactação do DNA durante a evolução dos genomas eucariotos (Brutlag, 1980; Doolittle e Sapienza, 1980). Seu padrão de mutação é extremamente alto, sendo 10.000 vezes mais aptos a ganhar ou perder uma repetição de uma geração para outra do que um gene qualquer (Moxon e Willis, 1999).

Estudos *in vitro* propõem que o deslizamento (“slippage”) da DNA polimerase durante a replicação pode ser uma das principais origens do polimorfismo observado entre os indivíduos (Schlötterer e Tautz, 1992). Neste processo, o número de repetições dos nucleotídeos pode aumentar ou diminuir quando a célula replica seu DNA antes da divisão (Moxon e Willis, 1999). O *crossing-over* desigual entre cromátides irmãs também pode ocasionar uma variação no número de repetições ou comprimento formado entre os indivíduos (Valdes et al., 1993; Schlötterer, 2000). A variação no comprimento é fonte de polimorfismos até mesmo entre indivíduos estritamente aparentados (Staub et al., 1996).

Os microssatélites têm sido bastante utilizados em estudos de caracterização genéticos em espécies nas quais um grupo de pares de primers já foram desenvolvidos (Ryan, 2003; Mota, 2003; Bertini, 2004).

Akkaya et al. (1992) encontraram polimorfismo de seqüências repetitivas AT e ATT em soja. Estas foram utilizadas para desenhar *primers* e amplificar SSRs de seqüências obtidas do banco de dados do “Genbank”. Eles notaram que três marcadores apresentaram 6, 7 e 8 alelos por loco em uma população de 43 genótipos de soja. Em trabalhos realizados posteriormente, verificou-se que os microssatélites eram poderosos marcadores genéticos em soja, pois eram altamente polimórficos e encontrados ao longo do genoma e em um único loco (Diwan e Cregan, 1997; Doldi et al., 1997; Rongwen et al., 1995). Entretanto, a principal desvantagem para os microssatélites era o tempo e esforço exigido para localizar a presença de um SSR no genoma. Cregan et al. (1999) apresentaram um amplo mapa da soja, no qual eles mapearam 606 locos SSRs em três populações de mapeamento de soja, incluindo o mapa da soja do USDA-ARS-ISU. Utilizando o programa computacional MAPMAKER (Lander et al., 1987), eles puderam gerar um mapa de consenso que incluiu informações de marcadores mapeados em todas estas populações. Deste modo, eles puderam encontrar 20 grupos de ligação correspondentes aos 20 cromossomos da soja.

Um alto nível de polimorfismo foi encontrado na soja (Akkaya et al., 1992; Cregan et al., 1994; Rongwen et al., 1995; Diwan e Cregan, 1997; Song et al., 1999; Brown-Guerida et al., 2000; Narvel et al., 2000; Meesang et al., 2001). Todos

os autores citados encontraram maior diversidade genética através de marcadores microssatélites do que com RFLPs.

Rongwen et al. (1995) utilizando 7 pares de *primers* de microssatélites para caracterizar 96 genótipos de soja, encontraram de 11 a 26 alelos por loco. Apenas 4 pares de *primers* foram suficientes para discriminar 95 dos 96 genótipos avaliados.

Diwan e Cregan (1997) utilizando 20 locos SSR, foram capazes de distinguir vários cultivares de soja considerados idênticos com base nos RFLPs, morfologia e características de pigmentação.

Russell et al. (1997) estudando 11 locos de SSR em 24 genótipos de cevada, encontraram três combinações de quatro SSR, que identificaram todos os genótipos avaliados. Estes autores conseguiram distinguir inclusive duas linhas irmãs, que possuíam distância nula, com base na genealogia.

Morgante e Olivieri (1993), Maughan et al. (1995), Powell et al. (1996) e Choi et al. (1999) encontraram maior variabilidade, utilizando SSR, na soja “selvagem” (*Glycine soja*) do que na cultivada (*Glycine max*).

Brown-Guerida et al. (2000) usando microssatélites, foram capazes de identificar grupos de genótipos de soja relacionados. Eles observaram uma maior diversidade utilizando apenas três marcadores SSRs, do que quando utilizaram 46 RAPDs.

Narvel et al. (2000) trabalhando com 72 locos de microssatélites, detectou um total de 397 alelos nos 79 genótipos avaliados (40 PIs e 39 cultivares elite de soja).

Alcântara Neto (2001) utilizando 4 marcadores SSRs, conseguiu identificar 28 dos 32 cultivares utilizados em seu estudo.

Priolli et al. (2002) utilizando 12 marcadores SSRs, distinguiram com sucesso um grupo morfológicamente similar de 186 cultivares brasileiras de soja, e a variação encontrada coincidiu com a genealogia dos cultivares.

2.4.2. Utilização de marcadores moleculares em genotipagem e análise da diversidade genética

A região do genoma identificado pelo marcador molecular é conhecido como ‘loco’, e as diferentes formas de um marcador molecular são os alelos.

Estes resultam do polimorfismo (diferenças no tamanho do fragmento de DNA amplificado ou na seqüência de nucleotídeos) existente no loco, e são utilizados na diferenciação dos indivíduos (Brondani e Brondani, 2004).

Um marcador molecular não precisa obrigatoriamente ser um gene. Nos organismos denominados diplóides (ou seja, que apresentam duas cópias do conjunto completo de cromossomos), os alelos de ambas as cópias podem apresentar o mesmo tamanho de fragmento ou a mesma seqüência de nucleotídeos (indivíduo homocigoto para aquele loco), ou tamanhos ou seqüências diferentes (indivíduo heterocigoto para aquele loco). Assim como ocorre nos testes de paternidade em humanos, o emprego dos marcadores moleculares permite definir padrões de DNA específicos para cada acesso armazenado nos bancos de germoplasma. Com isso, é possível identificar aqueles que, por apresentar maior divergência em seu DNA, poderiam adicionar maior variabilidade genética quando selecionados como genitores em novos cruzamentos. Além disso, os marcadores moleculares podem identificar acessos que estejam armazenados em duplicata ou sejam muito aparentados entre si, cabendo ao administrador do banco de germoplasma a decisão de eliminá-los, para reduzir custos e melhorar a representatividade em relação à totalidade da coleção (Brondani e Brondani, 2004).

A variação na seqüência de nucleotídeos dos marcadores de DNA permite produzir padrões de banda ou impressões digitais (*fingerprints*) característico de cada indivíduo em uma população (Anti, 2000), fornecendo informações importantes para o estudo de populações e identificação de espécies (Morgante e Olivieri, 1993). A caracterização através de marcadores fornece um perfil seguro, direto e eficiente para avaliar a variação genética no germoplasma. O sucesso da conservação genética e dos programas de melhoramento depende dos esforços em conhecer a diversidade genética presente em um conjunto gênico.

Os elevados custos e o longo tempo necessário para que o melhorista detecte a existência de genes de importância no desenvolvimento de uma espécie, assim como a necessidade da realização de um grande número de cruzamentos para estabelecer a capacidade de um genótipo contribuir para o progresso genético, dificulta o planejamento racional de um programa de melhoramento. Os recentes avanços na área da genética molecular têm permitido a avaliação

genética do germoplasma existente em diferentes espécies de interesse econômico. A tecnologia de marcadores moleculares viabiliza a caracterização genética de grande número de genótipos através de procedimentos relativamente simples e rápidos (Barbosa Neto e Bered, 1998).

Os marcadores moleculares têm sido utilizados com sucesso tanto em estudos de diversidade genética (Jeffrey et al., 1998; Stuber et al., 1999; Zhang et al., 2000; Jasieniuk e Maxwell, 2001; Fajardo et al., 2002; McGregor et al., 2002; Mota, 2003; Bertini, 2004), como na genotipagem de muitas espécies de plantas, tais como cevada (Saghai Maroof et al., 1994), tomate (Phillips et al., 1994), batata (Schneider e Douches, 1997), soja (Priolli et al., 2002; Alcântara Neto, 2001), algodão (Bertini, 2004) e outros.

2.5. Análise de agrupamento e construção de dendrogramas

A análise de agrupamento é um conjunto de métodos estatísticos que são utilizados para ordenar grupos de indivíduos baseados em certas propriedades que eles têm em comum (Peeters e Martinelli, 1989). Perfis moleculares tem sido utilizados na construção de grupos em várias espécies de plantas (Cao e Oard, 1997) após a estimação de suas distâncias genéticas. Uma maneira de ordenar amostras altamente variáveis, como coleções de germoplasma, segundo Karp et al (1996), é utilizar algoritmos computacionais desenvolvidos no campo da estatística. Utilizando algum coeficiente de similaridade (Nei e Li, Jaccard, coeficiente de coincidência simples, etc.) é possível gerar uma matriz de distâncias e, posteriormente formar os grupos.

A análise de agrupamento sintetiza as informações e forma grupos baseado no grau de semelhança, dando uma idéia melhor da relação estrutural de uma coleção de germoplasma (Peeters e Martinelli, 1989, Mohammadi e Prasanna, 2003). A Informação da distância genética relativa entre indivíduos ou populações é útil, porque permite a organização do germoplasma e fornece informação para uma amostragem mais eficiente de genótipos.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material vegetal utilizado

Todo o material vegetal analisado no presente estudo pertence ao Banco Ativo de germoplasma mantido pela COODETEC no município de Cascavel – PR, criado com a finalidade de suprir o programa de melhoramento da empresa com acessos de soja que tenham adequada variabilidade genética.

Foram utilizados 100 acessos de soja previamente codificados pela própria COODETEC (Tabela 1), em virtude dos mesmos pertencerem ao Programa de Melhoramento da empresa. Destes, 97 foram utilizados nas análises moleculares, 93 nas análises morfológicas e 71 nas estimativas do coeficiente de parentesco. Na análise comparativa entre os três métodos, foram utilizados 63 acessos presentes em todas as análises.

O termo acesso é aqui empregado com o sentido mais comumente utilizado para codificar as amostras presentes no germoplasma que representam a variação genética de um indivíduo ou de vários indivíduos da população.

Tabela 1. Acessos de soja utilizados na caracterização molecular e morfológica e na estimativa do coeficiente de parentesco (COP).

No.	Acesso	Genealogia	Caracterização Molecular	Caracterização Morfológica	COP
1	BAG-01	OC 87-5250 X OC 87-216	X	X	X
2	BAG-02	OC 90-1064 X OC 90-1214	-	X	X
3	BAG-03	BR 83-5591 X OC 90-1214	X	X	X
4	BAG-04	OC 90-123 X OC 90-127	X	X	X
5	BAG-05	OC 90-127 X OC 90-149	X	X	X
6	BAG-06	OC 88-127 X OC 90-234	X	X	X
7	BAG-07	OC 90-634 X OC 90-234	X	X	X
8	BAG-08	OC 88-127 X OC 90-1214	X	X	X
9	BAG-09	OC 88-127 X OC 90-1214	X	X	X
10	BAG-10	OC 88-161 X OC 90-1214	X	X	X
11	BAG-11	OC 88-127 X OC 90-583	X	X	X
12	BAG-12	OC 4*5 X W20	X	X	X
13	BAG-13	OCEPAR 4*6 X WILLIANS 20	X	X	X
14	BAG-14	OCEPAR 4*6 X WILLIANS 20	X	X	X

X ⇒ acessos presentes na análise.

- ⇒ acessos ausentes na análise.

(*) ⇒ indica retrocruzamento

Continua...

Tabela 1 (cont.). Acessos de soja utilizados na caracterização molecular e morfológica e na estimativa do coeficiente de parentesco (COP).

No.	Acesso	Genealogia	Caracterização Molecular	Caracterização Morfológica	COP
15	BAG-15	OCEPAR 4*6 X WILLIANS 20	X	X	X
16	BAG-16	OC-4(6) X W20	X	X	X
17	BAG-17	(Halesoy x Volstate) X (Hood x Rhosa)	X	X	X
18	BAG-18	R 70-733 X DAVIS	-	X	X
19	BAG-19		X	X	-
20	BAG-20		X	X	-
21	BAG-21	PARANÁ X UNIÃO	X	X	X
22	BAG-22	FT-2 X UNIÃO	X	X	X
23	BAG-23	DAVIS X UNIÃO	X	X	X
24	BAG-24		X	X	-
25	BAG-25	SOC 81-216 X OC3-PRIM	X	X	X
26	BAG-26	SOC 81-216 X OCEPAR-3 PRIM	X	X	X
27	BAG-27	CEPS 77-16 X INVICTA	X	X	X
28	BAG-28		X	X	-
29	BAG-29	CO 828 X CO 794	X	X	X
30	BAG-30		X	X	-
31	BAG-31	OC 90-546 X OC 87-316B	X	X	X
32	BAG-32	OC 91-546 X FT-GUAIRA	X	X	X
33	BAG-33	OC 88-233 X OC 91-334	X	X	X
34	BAG-34	OC 88-161 X FT-ABYARA	X	X	X
35	BAG-35	BR 88-9703 X FT 88-5927	X	X	X
36	BAG-36	BR 88-9703 X FT 88-5927	X	X	X
37	BAG-37	BR 88-9703 X OC 90-696	X	-	X
38	BAG-38	BR 88-9703 X OC 90-696	X	X	X
39	BAG-39	BR 88-9703 X OC 90-696	X	X	X
40	BAG-40	OC 90-696 X FT-GUAIRA	X	X	X
41	BAG-41	OC 90-696 X FT-GUAIRA	X	X	X
42	BAG-42	OC 90-696 X FT-GUAIRA	X	X	X
43	BAG-43	OC 90-696 X FT-GUAIRA	X	X	X
44	BAG-44	BR 88-9703 X FT-GUAIRA	X	X	X
45	BAG-45	OC 88-233 X FT 86-211	X	X	X
46	BAG-46	OCEPAR 8 X 6727	X	X	X
47	BAG-47	OC 87-5250 X 6738	X	X	X
48	BAG-48		X	X	-
49	BAG-49		X	X	-
50	BAG-50		X	X	-
51	BAG-51		X	X	-
52	BAG-52		X	X	-
53	BAG-53		X	X	-
54	BAG-54	(FTABYARA X 6738) X HARTWIG	X	-	X
55	BAG-55	(FTABYARA X 6738) X HARTWIG	X	-	X
56	BAG-56		X	-	-
57	BAG-57	OCEPAR 17 X 6727	X	X	X
58	BAG-58	OC 88-233 X OC 92-175	X	X	X
59	BAG-59	OC 88-233 X OC 92-667	X	X	X
60	BAG-60	OC 88-233 X BR 83-147	X	X	X
61	BAG-61	OC 88-233 X OC 90-503	X	X	X

X ⇒ acessos presentes na análise.

- ⇒ acessos ausentes na análise.

(*) ⇒ indica retrocruzamento

Continua...

Tabela 1 (cont.). Acessos de soja utilizados na caracterização molecular e morfológica e na estimativa do coeficiente de parentesco (COP).

No.	Acesso	Genealogia	Caracterização Molecular	Caracterização Morfológica	COP
62	BAG-62	BR 90 4406 X FT 88-166	X	-	X
63	BAG-63	OC 92-175 X FT 86-166	X	X	X
64	BAG-64	BR 90-4406 X OC 92-175	X	X	X
65	BAG-65	BR 90-4406 X OC 10 + tardia	X	X	X
66	BAG-66	BR 90-4406 X FT 88-2776	X	X	X
67	BAG-67	BR 90-4406 X OC 90-503	X	X	X
68	BAG-68	OC 92-175 X OC 88-207	X	X	X
69	BAG-69	BR 88-9703 X OC 92-175	X	X	X
70	BAG-70	OC 83-147 X OC 88-207	X	-	X
71	BAG-71	BR 88-9703 X BR 90-5895	-	-	X
72	BAG-72	OC 93-1616 X OC 91-671	X	X	X
73	BAG-73	BR 91-6445 X OC 93-1400	X	X	X
74	BAG-74	BR 90-4406 X OC 93-1616	X	X	X
75	BAG-75	OC 93-1616 X OC 91-671	X	X	X
76	BAG-76	CD 201 X OC 90-1400	X	X	X
77	BAG-77	OC 91-671 X DX7	X	X	X
78	BAG-78	OC 91-671 X DX7	X	X	X
79	BAG-79	OC 91-671 X DX7	X	X	X
80	BAG-80	OC 93-1616 X OC 91-671	X	X	X
81	BAG-81	OC 91-671 X S 57-11	X	X	X
82	BAG-82		X	X	-
83	BAG-83		X	X	-
84	BAG-84		X	X	-
85	BAG-85	CD 201 X OC 90-1400	X	X	X
86	BAG-86	OC 91-671 I X CAC 89-895	X	X	X
87	BAG-87		X	X	-
88	BAG-88		X	X	-
89	BAG-89		X	X	-
90	BAG-90		X	X	-
91	BAG-91		X	X	-
92	BAG-92		X	X	-
93	BAG-93		X	X	-
94	BAG-94		X	X	-
95	BAG-95		X	X	-
96	BAG-96		X	X	-
97	BAG-97		X	X	-
98	BAG-98		X	X	-
99	BAG-99		X	X	-
100	BAG-100		X	X	-

X – Acessos presentes na análise.

- – Acessos ausentes na análise.

3.2. Caracterização Molecular

A caracterização molecular foi realizada no Laboratório de Genética Molecular de Plantas do Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária da Universidade Federal de Viçosa.

3.2.1. Extração de DNA

A amostra de cada acesso foi representada pelo DNA obtido de um bulk de 10 sementes. Cada amostra foi moída em moinho do tipo Megibkit (Melitta[®]) e submetida à extração de DNA conforme protocolo descrito por McDonald et al. (1994), com algumas modificações.

Em tubos eppendorfs de 1,5 mL, contendo cerca de 50 mg de sementes moídas de cada unidade de análise, foram adicionados 700 µL de tampão de extração contendo Tris-HCl 0,2 M (pH 7,5), NaCl 0,28 M, EDTA 25 mM e SDS 10%. As amostras foram maceradas em politron e, em seguida, centrifugadas por 10 min à 14.000 rpm em microcentrífuga eppendorf 5415 C. Os sobrenadantes foram transferidos para novos tubos e centrifugados por mais 5 min a 14.000 rpm. Novamente, os sobrenadantes foram transferidos para novos tubos, sendo, em seguida, acrescentados 10 µL de proteinase K (10 mg/mL) e 10 µL CaCl₂ 1mM, e colocados em banho-maria a 55^oC por 1,5 horas. Foram, então, adicionados às amostras 900 µL de isopropanol e deixadas em repouso por 2 min. Após este tempo as amostras foram centrifugadas por 10 min a 14.000 rpm. Os sobrenadantes foram descartados e os precipitados foram lavados uma vez com álcool 70% e, uma segunda vez, com álcool 90%. Após as lavagens os precipitados foram colocados para secar, em temperatura ambiente, durante 15 min e, posteriormente, ressuspensos em solução de TE (Tris-HCl 10 mM, EDTA 1 mM, pH 8,0), contendo 60 µg/mL de RNase A e colocados em banho-maria por 1 hora. As amostras foram precipitadas novamente pela adição de 900 µL de isopropanol e deixadas em precipitação por 2 min. Logo após, as amostras foram novamente centrifugadas por 10 min a 14.000 rpm e os sobrenadantes descartados. Os precipitados formados foram ressuspensos, ao final, em TE (Tris-HCl 10 mM, EDTA 1 mM, pH 8,0).

A concentração do DNA foi estimada espectrofotometricamente por leitura da absorbância em 260 nm, sendo cada unidade de absorbância correspondente a 50 µg/mL de DNA fita dupla (Sambrook et al., 1989). A

integridade do DNA foi determinada em gel de agarose 0,8%, fotografado sob luz ultravioleta, pelo sistema de fotodocumentação Eagle Eye II (Stratagene).

O DNA concentrado de cada amostra foi armazenado a -20°C e diluído para a concentração de $10\text{ ng}/\mu\text{L}$, onde ficou armazenado a 5°C .

3.2.2. Detecção de polimorfismo dos microssatélites

3.2.2.1. Reações de microssatélite

As reações de microssatélite foram realizadas em microtubos de 0,2 mL, sendo o volume total da reação de $15\ \mu\text{L}$, contendo tampão da PCR (100 mM de Tris-HCl e 500 mM de KCl, pH 8,0) 2,5 mM de cada desoxirribonucleotídeo (dATP, dTTP, dGTP e dCTP), 20 mM de MgCl_2 , 6 μM de cada *primer* (*forward* e *reverse*), uma unidade da enzima *Taq* polimerase e 40 ng de DNA molde.

As ampliações foram feitas em termocicladores Perkin Elmer (GeneAmp PCR System 9600) usando um programa *touch down*. Esse programa consistiu de um ciclo de desnaturação a 94°C durante 4 min, uma etapa de anelamento a 65°C por 40 s, seguidos por 10 ciclos *touch down* decrescendo 1°C por ciclo até 55°C , a partir da qual se seguiram 30 ciclos a 55°C por 40 s cada. Em cada ciclo foram mantidas as respectivas temperaturas de desnaturação ($94^{\circ}\text{C}/40\text{s}$) e polimerização ($72^{\circ}\text{C}/1\text{ min.}$). O final do programa consistiu de um ciclo de polimerização a 72°C por 7 min.

Os pares de *primers* de microssatélites utilizados na caracterização dos acessos (Tabela 2) foram sintetizados pela *Invitrogen Life Technologies*, *GibcoBRL* e *MWG-Biotech*, selecionados com base no mapa integrado da soja (Cregan et al., 1999). Através de um “screening” utilizando 14 acessos sabidamente divergentes pela análise morfológica, foram testados 32 pares de *primers*, dos quais 22 foram polimórficos. Entretanto, apenas 5 pares de *primers* foram utilizados nas análises em virtude destes apresentarem produtos de fácil detecção e menor número de falhas nas ampliações, em relação aos demais.

Tabela 2. Descrição dos pares de *primers* de microssatélites utilizados nas análises

Loco SSRs	Core motif*	Primer Forward	Fabricante
		Primer Reverse	
Satt177	(att)16	CGT TTC ATT CCC ATG CCA ATA CCC GCA TCT TTT TCA ACC AC	<i>Biotech</i>
Satt182	(att)17	GGT CCA CAT GAA ATG AAG GT TCT CAG CCT GCA AAG AAA A	<i>Invitrogen</i>
Satt275	(att)11	GCG GGA TAA TTG GTT TTA CGA AAA TGC GCG CCT AAT CAC CTA AAA AAA CGT TTA	<i>Invitrogen</i>
Satt335	(att)12	CAA GCT CAA GCC TCA CAC AT TGA CCA GAG TCC AAA GTT CAT C	<i>Invitrogen</i>
Satt373	(att)21	TCC GCG AGA TAA ATT CGT AAA AT GGC CAG ATA CCC AAG TTG TAC TTG T	<i>Gibco</i>

* - Informações obtidas no site <http://129.186.26.94/SSR.html>

3.2.2.2. Detecção dos fragmentos amplificados

Os fragmentos amplificados foram separados em gel desnaturante de poliacrilamida a 7 % (p/v) com acrilamida/bis-acrilamida na proporção de 19:1, contendo 32 % de formamida, 5,6 M de uréia e TBE 1X, conforme protocolo proposto por Litt *et al.* (1993).

Foram utilizadas cubas verticais de eletroforese com placas de gel de 30 cm de altura com capacidade para 78 amostras em gel de 0,7 mm de espessura. Antes da aplicação das amostras os géis foram submetidos a uma pré-corrída de 30 minutos a uma potência constante, de modo a obter-se uma temperatura de aproximadamente 40°C na placa de vidro do gel. Para tanto, mantinha-se a potência da fonte em 40 W ou 80 W, conforme se estivesse correndo um ou dois géis simultaneamente com a mesma fonte. As amostras a serem corridas eram misturadas com igual volume (5 µL) do tampão de carregamento STR 2X (formamida 95%, EDTA 10 mM e xileno cianol 0,09 %) e, pouco antes do carregamento, as misturas eram desnaturadas a 95 °C por 4 min utilizando-se bloco de aquecimento (*Chilling-Heat Block*) da Cole Parmer, e logo depois eram mantidas no gelo durante a aplicação das mesmas. Após a aplicação das amostras o gel era corrido à mesma potência da pré-corrída, ficando a temperatura da placa em torno de 50-55 °C durante a corrida. Após 3 horas, submetidas à eletroforese, os géis ficaram imersos em solução de brometo de etídio na concentração de 1µg/mL por 30 min. Posteriormente à

coloração, os géis foram fotografados sob luz ultravioleta, pelo sistema de fotodocumentação Eagle Eye II (Stratagene).

Para determinar o comprimento dos fragmentos, utilizou-se o padrão de peso molecular 10 pb DNA *ladder* (Life Technologies, Cat. N^o 10821-015), o qual consiste de 33 fragmentos de DNA fita dupla, variando de 10 a 330 pb em múltiplos de 10 pb. Além da análise visual através do DNA *ladder* utilizou-se o programa ONE-Dscan (versão 2.03 for windows) para a análise do tamanho dos fragmentos.

3.3. Caracterização Morfológica

A caracterização morfológica foi realizada no campo experimental da Coodetec na safra 2003/2004. Cada acesso foi cultivado em uma parcela de 4 linhas de 5 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 45 cm, e espaçamento entre plantas de 8 cm. Foram avaliadas as seguintes características: cor do hilo, do tegumento da semente, da flor, da pubescência, brilho do tegumento da semente e hábito de crescimento. Estas foram avaliadas através da observação visual, atribuindo-se códigos quanto a cor, brilho e hábito de crescimento conforme apresentado na Tabela 3.

Tabela 3. Características morfológicas avaliadas.

CÓDIGO	ACESSO	COR				BRILHO	TIPO
		HILO	TEG.	FLOR	PUBESC.	TEGUM.	CRESC.
1	BAG - 1	M	A	B	M	F	D
2	BAG - 2			B	M		D
3	BAG - 3			R	M		D
4	BAG - 4			B			D
5	BAG - 5	M	A	B	M	BRL	D
6	BAG - 6	PI	A	R	C	BRL	D
7	BAG - 7	A	A	R	C	BRL	D
8	BAG - 8	MC	A	B	C	BRL	D
9	BAG - 9	MC	A	B	C	BRL	D
10	BAG - 10			R	M		D
11	BAG - 11	MC	A	R	C	I	D

A = Amarelo; B = branco; C = cinza; M = marrom; MC = marrom claro; ME = marrom escuro; P = preto; PI = preto imperfeito; R = roxa; F = fosco; BRL = brilhante; D = determinado; I = indeterminado e SM = semi-determinado.

Continua...

Tabela 3 (cont.). Características morfológicas avaliadas

CÓDIGO	ACESSO	COR				BRILHO	TIPO
		HILO	TEG.	FLOR	PUBESC.	TEGUM.	CRESC.
12	BAG - 12	M	A	B	C	F	D
13	BAG - 13	M		B	C	F	D
14	BAG - 14	M	A	B	C	F	D
15	BAG - 15	M	A	B	C	F	D
16	BAG - 16	M	A	B	C	F	D
17	BAG -17	P	A	R	M	BRL	I
18	BAG - 18	M	A	B	C	F	D
19	BAG - 19	MC	A	B	C	F	D
20	BAG - 20	A	A	B	C	I	D
21	BAG - 21	MC	A	B	C	I	D
22	BAG -22	P	A	R	M	BRL	D
23	BAG - 23	M	A	B	M	I	D
24	BAG - 24	PI	A	R	C	BRL	D
25	BAG - 25	MC	A	B	C	F	D
26	BAG - 26	M	A	B	C	F	D
27	BAG - 27	M	A	R	C	F	D
28	BAG - 28	M	A	B	C	F	D?
29	BAG - 29	M	A	B	M	I	D
30	BAG - 30	M	A	R	M	F	D
31	BAG - 31	MC	A	R	C	F	D
32	BAG - 32	M	A	R	M	I	D
33	BAG -33	MC	A	B	M	F	D
34	BAG - 34	P	A	R	M	BRL	D
35	BAG - 35	M	A	B	M	BRL	D
36	BAG - 36	M	A	R	M	BRL	D
38	BAG - 38	P	A	R	M	BRL	D
39	BAG - 39	M	A	B	M	BRL	D
40	BAG - 40	M	A	R	M	I	D
41	BAG - 41	M	A	R	M	BRL	D
42	BAG - 42	M/P	A	R	M	F	D
43	BAG - 43	PI	A	R	C	BRL	D
44	BAG -44	M	A	B	M	I	D
45	BAG - 45	MC	A	B	C	I	D
46	BAG - 46	PI	A	R	C	I	D
47	BAG - 47	P	A	R	M	F	D
48	BAG - 48	A	A	B	C	I	D
49	BAG - 49	A	A	B	C	F	D
50	BAG - 50	A	A	B	C	F	D
51	BAG - 51	A	A	B	C	F	D
52	BAG - 52	A	A	B	C	I	D

A = Amarelo; B = branco; C = cinza; M = marrom; MC = marrom claro; ME = marrom escuro; P = preto; PI = preto imperfeito; R = roxa; F = fosco; BRL = brilhante; D = determinado; I = indeterminado e SM = semi-determinado.

Continua...

Tabela 3 (cont.). Características morfológicas avaliadas

CÓDIGO	ACESSO	COR				BRILHO	TIPO
		HILO	TEG.	FLOR	PUBESC.	TEGUM.	CRESC.
53	BAG - 53	A	A	M	C	F	D
57	BAG - 57	P	A	B	M	BRL	D
58	BAG - 58	P	A	B	M	F	D
59	BAG - 59	MC	A	B	C	BRL	D
60	BAG - 60	P	A	B	M	F	D
61	BAG - 61	MC	A	B	C	BRL	D
63	BAG - 63	C	A	B	M	I	D
64	BAG - 64	A	A	B	M	F	D
65	BAG - 65	MC	A	B	M	F	D
66	BAG - 66	MC	A	B	M	F	D
67	BAG - 67	A	A	B	C	I	D
68	BAG - 68	MC	A	B	C	F	D
69	BAG - 69	M	A	B	M	I	D
72	BAG - 72	M	A	B	M	BRL	D
73	BAG - 73	M	A	B	M	I	D
74	BAG - 74	M	A	B	M	I	D
75	BAG - 75	M	A	B	M	F	D
76	BAG - 76	M	A	B	M	F	D
77	BAG - 77	M	A	B	M	BRL	D
78	BAG - 78	M	A	B	M	BRL	D
79	BAG - 79	M	A	B	M	BRL	I
80	BAG - 80	M	A	B	M	F	D
81	BAG - 81	M/P	A	R	M	F	D
82	BAG - 82	M	M	B	C	I	I
83	BAG - 83	M/P	P/M/A	B	M	I	I
84	BAG - 84	P	P/M	R	M	F	D
85	BAG - 85	M	M	B	C	F	D
86	BAG - 86	M	M	B	M	F	D
87	BAG - 87	M	A	B	C	F	SD
88	BAG - 88	P	A	R	M	I	D
89	BAG - 89	P	A	R	M	I	D
90	BAG - 90	P	A	R	M	BRL	D
91	BAG - 91	M	A	R	C	BRL	D
92	BAG - 92	M		R	C		D
93	BAG - 93	M		R	C		D
94	BAG - 94	M		R	M		D
95	BAG - 95	ME		R	M		D
96	BAG - 96	M	A	R	M	BRL	D
97	BAG - 97			R	C		D
98	BAG - 98			R	C		D
99	BAG - 99	M		R	M		D
100	BAG - 100	MC	A	R	C	BRL	D

A = Amarelo; B = branco; C = cinza; M = marrom; MC = marrom claro; ME = marrom escuro; P = preto; PI = preto imperfeito; R = roxa; F = fosco; BRL = brilhante; D = determinado; I = indeterminado e SM = semi-determinado.

3.4. Análises Estatísticas

3.4.1. Informatividade dos locos SSRs

A informatividade genética de cada loco microssatélite foi avaliada através da frequência dos alelos, utilizando a expressão matemática abaixo:

$$\text{Informatividade genética (PIC)} = 1 - \sum_{j=1}^n p_{ij}^2$$

Onde p_{ij} é a frequência do j -ésimo alelo para o primer i (Anderson et al., 1993). O valor da diversidade genética do loco é muito similar a heterozigosidade, que é comumente utilizada para descrever a informatividade de um marcador molecular em espécies alógamas. Anderson et al. (1993) indicaram que a diversidade genética do loco é essencialmente a mesma da informação do conteúdo de polimorfismo (PIC – *polymorphism information content*) como utilizado por Botstein et al. (1980). Keim et al. (1992) referem-se a diversidade genética do loco como um índice de polimorfismo.

3.4.2. Relações Genéticas entre os acessos

Os alelos detectados para cada loco microssatélite foram diferenciados quanto ao comprimento dos fragmentos, em pares de bases, através do programa ONE-Dscan (versão 2.03 for windows). As relações genéticas entre os acessos foram avaliadas por meio de uma matriz de dissimilaridade construída utilizando-se o complemento do índice de similaridade para variáveis codominantes/multialélicas, através do Programa Genes, versão Windows (Cruz, 2001). O referido índice estimou a dissimilaridade entre os acessos a partir dos escores 0, 1, 2 e 9, para alelo ausente, em heterozigose, em homozigose e dados perdidos, respectivamente. Esse índice foi obtido dividindo-se o total de locos de microssatélites contendo alelos comuns pelo número total de locos avaliados (Schuster e Cruz, 2003). A dissimilaridade foi

calculada entre 97 acessos combinando dois a dois, totalizando 4656 pares de acessos.

Para os dados morfológicos as relações genéticas foram avaliadas por meio de uma matriz de dissimilaridade construída utilizando-se o complemento do índice de similaridade para variáveis multicategóricas, através do Programa Genes, versão Windows (Cruz, 2001). O referido índice estimou a dissimilaridade entre os acessos a partir da atribuição de uma escala dentro das variáveis morfológicas avaliadas. Foram calculadas as dissimilaridades entre 93 acessos combinados dois a dois, totalizando 4278 pares de acessos.

Os coeficientes de parentesco (COP) foram estimados entre os 71 acessos (Tabela 1) combinando dois a dois, totalizando 2485 pares de acessos. A genealogia dos acessos era a única disponível e, portanto não se conhecia a genealogia dos pais. Deste modo, foi considerado que os pais eram linhas puras (homozigotos e homogêneos) e sem nenhuma relação de parentesco entre si.

O coeficiente de parentesco estima a probabilidade dos alelos de dois indivíduos serem idênticos por descendência. O valor do coeficiente pode variar de zero, quando os acessos não têm nenhuma relação de parentesco, a um, quando dois acessos têm todos os alelos em comum.

3.4.3. Análise de agrupamento

Visando classificar os acessos de soja em grupos homogêneos, foi gerada uma matriz de distância e, posteriormente, realizado o agrupamento dos indivíduos pelo método hierárquico aglomerativo. Foi utilizado o método UPGMA (*unweighted pair-group using an arithmetic average*, ou método das médias das distâncias). Os dendrogramas construídos a partir desse método foram feitos por meio do programa STATISTICA (StatSoft Inc., 1999).

Utilizando o programa Genes, versão Windows (Cruz, 2001), também foi realizado o agrupamento pelo método de otimização de Tocher. O método requer a obtenção de uma matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de acesso mais similar, que constituirão o grupo inicial. Em seguida, é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos no grupo inicial. A inclusão de um novo acesso sempre aumenta o valor médio da distância dentro

de um determinado grupo, podendo-se, assim, decidir sobre a inclusão deste novo acesso em um outro grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido. Inicialmente, define-se o valor máximo permitido para as distâncias dentro dos grupos (θ). Este valor pode ser arbitrário, ou, como geralmente tem sido feito, adota-se o valor máximo da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada indivíduo. A formação do grupo é feita a partir da matriz de dissimilaridades. Identifica-se o par de indivíduos mais similar. Estes indivíduos formam o primeiro grupo. A partir daí, avalia-se a possibilidade de inclusão de um novo indivíduo neste grupo, seguindo o critério de que a média das dissimilaridades dentro do grupo deve ser menor do que as distâncias médias entre grupos (Cruz e Regazzi, 1994).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Dados Moleculares

4.1.1. Informatividade dos locos SSRs

Os cinco pares de *primers* de microssatélite usados na avaliação dos 97 acessos de soja amplificaram 34 alelos com uma média de 6,8 alelos por loco SSR. O valor da informação do conteúdo de polimorfismo (PIC) calculado para estimar a informatividade de cada *primer* variou 0,35 a 0,88, com uma média de 0,74 (Tabela 4).

Tabela 4. Pares de *primers* de SSRs usados na análise de diversidade dos 97 acessos

Loco SSRs	Faixa de tamanho dos alelos (pb)	Número de alelos	Frequência dos alelos	Informatividade dos SSRs (PIC)
Satt177	104 – 126	7	0,01 – 0,33	0,83
Satt182	192 – 214	2	0,13 – 0,79	0,35
Satt275	192 – 206	5	0,01 – 0,31	0,80
Satt335	141 – 170	8	0,01 – 0,24	0,88
Satt373	210 – 290	12	0,01 – 0,24	0,84
TOTAL	-	34	-	-
MÉDIA	-	6,8	-	0,74

pb – pares de bases

PIC – *polymorphism information content*

O número máximo de alelos foi obtido com o microssatélite Satt373 (12 alelos), seguido pelo Satt335 (8 alelos), Satt177 (7 alelos), Satt275 (5 alelos) e Satt182 (2 alelos) (Tabela 4).

Rongwen et al. (1995) utilizaram 7 SSRs na genotipagem de 96 genótipos de soja e encontraram de 11 a 26 alelos por loco. Estes SSRs apresentaram alta informatividade (0,71 a 0,95), que podem ser explicados pela utilização de germoplasma constituído de plantas introduzidas (PIs) e por genótipos de *Glycine soja* e *Glycine max*.

Powel et al. (1996) comparando marcadores RFLP, RAPD, AFLP e SSR na análise do germoplasma de soja dos Estados Unidos encontraram, nos marcadores SSRs utilizados, valores de diversidade entre 0,4 a 0,9.

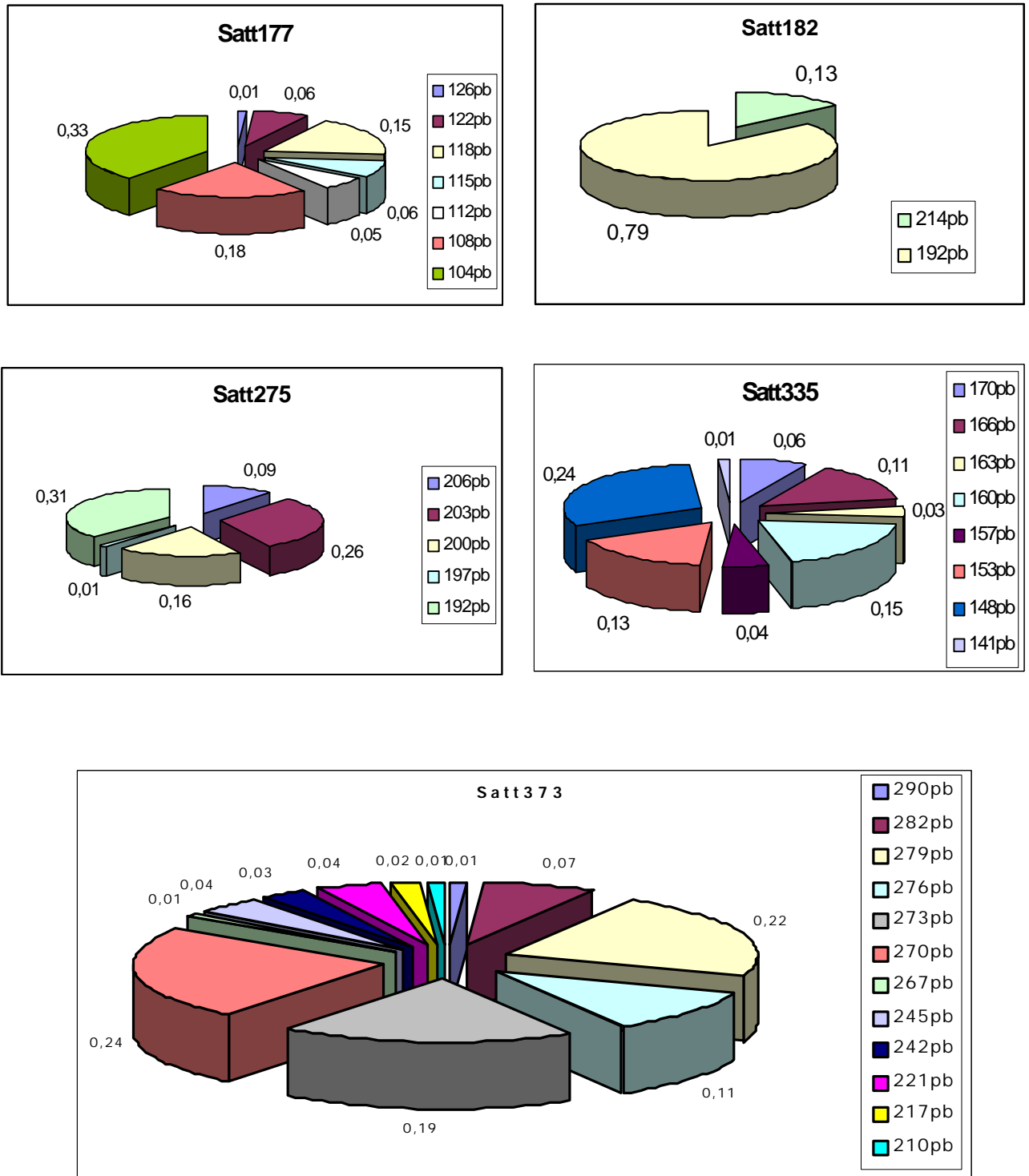


Figura 1. Freqüências alélicas obtidas nos 5 locos SSRs nos 97 acessos de soja

Na Figura 1 pode-se observar as frequências alélicas e o tamanho em pares de bases (pb) dos alelos obtidos em cada loco microssatélite.

Na Figura 2 observa-se o perfil molecular obtido para o loco Satt275 em gel de poliacrilamida 7%, condições desnaturante.

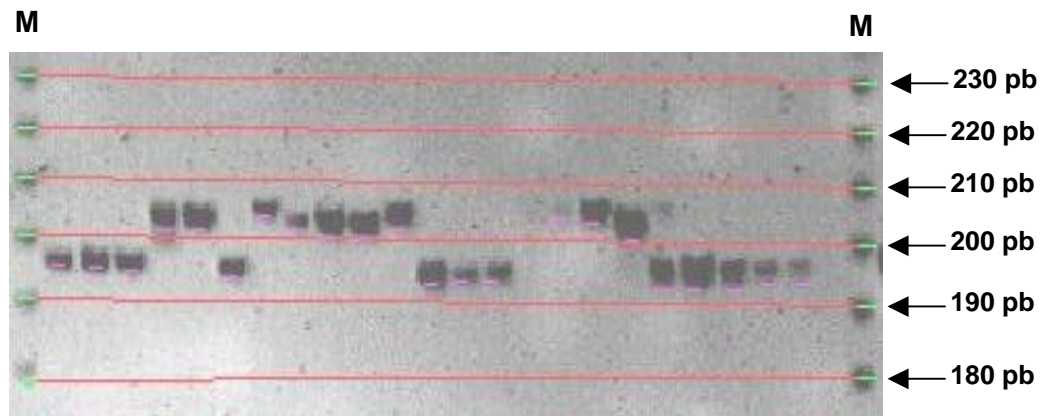


Figura 2. Perfil molecular obtido para alguns acessos de soja com o Satt275, corrido em gel de poliacrilamida 7% desnaturante e corado com brometo de etídeo. O gel foi fotografado com imagem invertida. M corresponde ao marcador de 10pb DNA *ladder* utilizado na determinação dos tamanhos dos fragmentos. Os números a direita da foto correspondem ao tamanho dos fragmentos, em pares de base, presente no marcador de 10 pb DNA *ladder*.

Rongwen et al. (1995) comentam que valores de conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) maiores que 0,8 são comuns em microssatélites de soja.

Narvel et al. (2000) estudando a diversidade entre variedades elites de soja e alguns acessos utilizando 74 SSRs, encontraram valores da diversidade genética (PIC) associada a cada marcador SSR variando de 0 a 0,84, com média de 0,56 nos acessos utilizados e de 0 a 0,79, com média 0,50 nas variedades elites.

Hudcovicová e Kraic (2003) utilizando 18 SSRs na genotipagem de 67 genótipos de soja de diferentes origens obtiveram um número de alelos por loco variando de 4 a 21, com uma média de 10,1 alelos. Estes autores encontraram valores de PIC variando de 0,14 a 0,88, com uma media de 0,70.

4.1.2. Distância genética e análise de agrupamento

Os valores de dissimilaridades encontrados na comparação entre os acessos foram relativamente altos. A análise de distribuição dos 4656 pares comparados (Figura 3) revela valores extremos. Zero indica os acessos similares e 1 acessos diferentes. A maioria dos acessos ficou concentrada na faixa de 0,50 a 1, indicando um alto nível de dissimilaridade entre os acessos, quando estimados pelos marcadores microsatélites.

Priolli et al. (2002) genotipando 186 genótipos de soja com marcadores microsatélites encontraram valores similares ao obtidos neste trabalho, ou seja, a maioria dos genótipos ficou concentrada na faixa de 0,4 a 0,9.

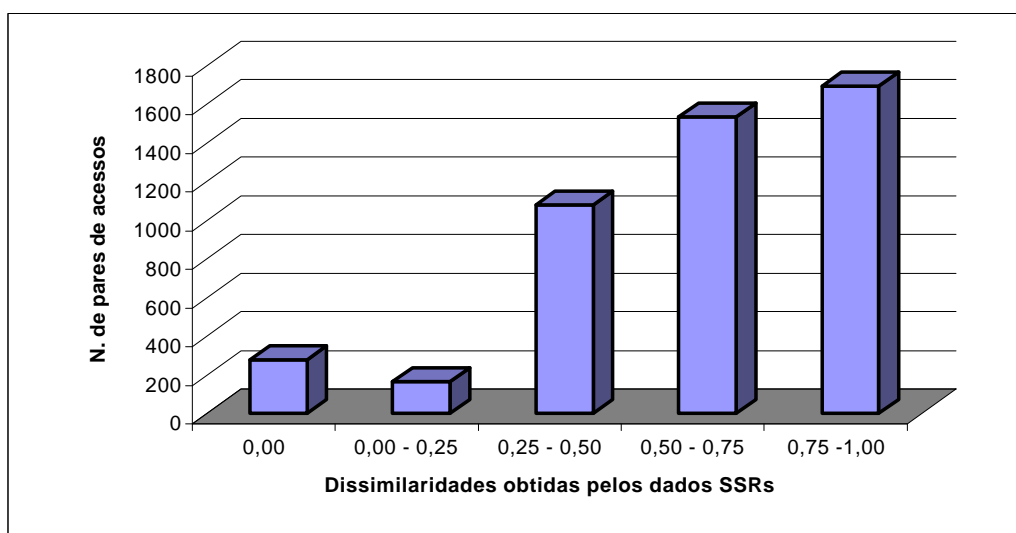


Figura 3. Distribuição das estimativas de dissimilaridades calculadas para os 4656 pares de acessos.

4.1.2.1. UPGMA (*unweighted pair-group using an arithmetic average*)

O dendrograma obtido a partir das medidas de dissimilaridades calculadas com base nos marcadores SSR está apresentado na Figura 4. Considerando-se um limite superior de 60% podem-se separar os 97 acessos de soja em 25 grupos distintos (Tabela 5). O grupo 22 apresentou o maior número de acessos, seguido pelos 11, 20 e 24. Os demais grupos apresentaram uma variação de 1 a 6 acessos por grupo.

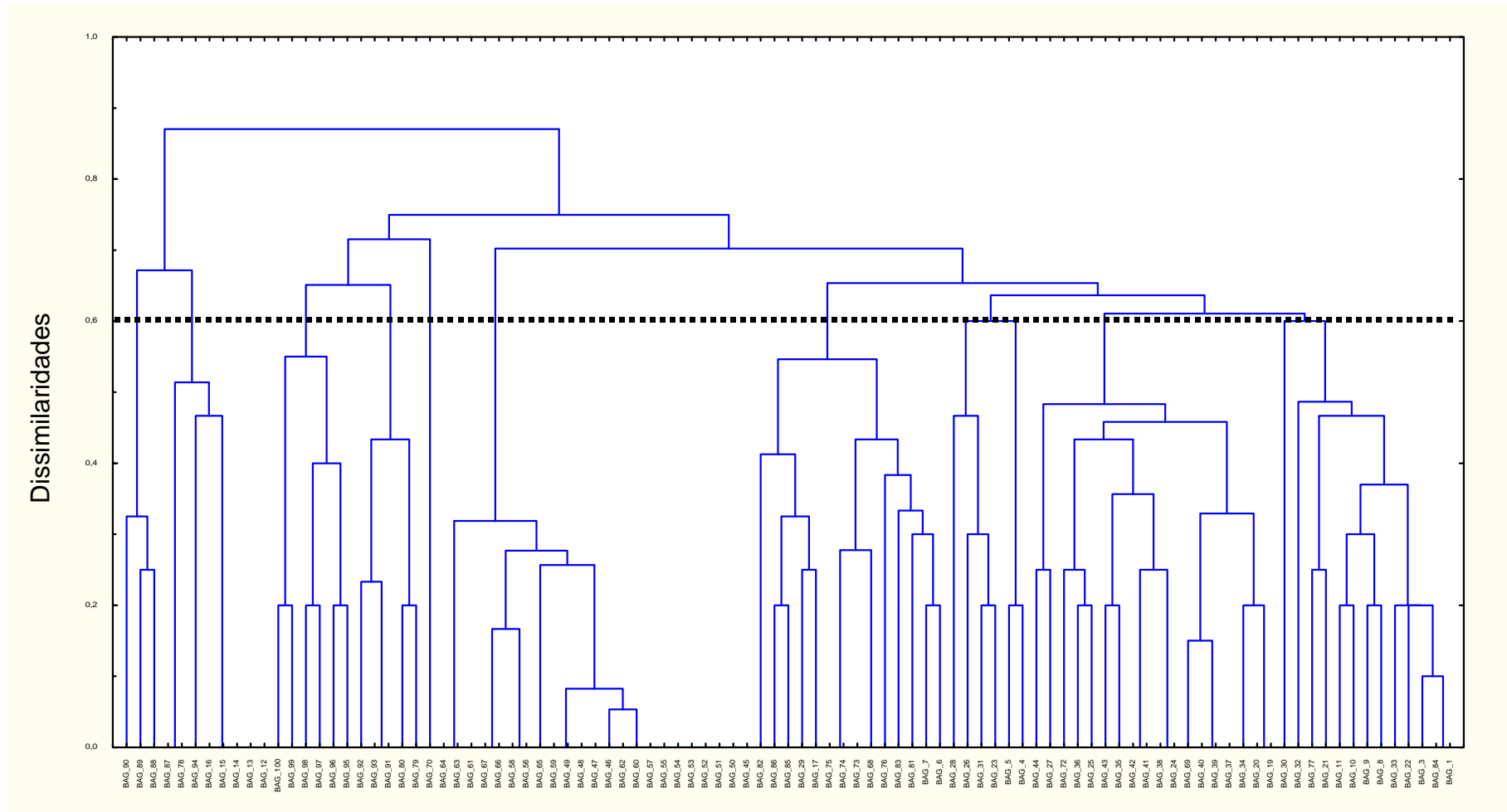


Figura 4. Dendrograma construído com base nas medidas de dissimilaridades dos 97 acessos, obtidas pela análise molecular, usando o método das médias das distâncias (UPGMA). Considerando-se um limite superior de 60% (linha tracejada) pode-se formar 25 grupos distintos

Tabela 5. Grupos obtidos para os 97 acessos de soja com base no método das médias das distâncias (UPGMA)

Grupos	BAGs
1	88, 89, 90
2	87
3	15, 16, 78, 94
4	14
5	13
6	12
7	95, 96, 97, 98, 99, 100
8	79, 80, 91, 92, 93
9	70
10	64
11	46, 47, 48, 49, 56, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 65, 66, 67
12	57
13	55
14	54
15	53
16	52
17	51
18	50
19	45
20	6, 7, 17, 29, 68, 73, 74, 75, 76, 81, 82, 83, 85, 86
21	4, 5, 23, 26, 28, 31
22	20, 24, 25, 27, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 69, 72
23	19
24	3, 8, 9, 10, 11, 21, 22, 30, 32, 33, 77, 84
25	1

4.1.2.2. Método de Tocher

Para obter grupos mutuamente exclusivos, foi utilizado o método de otimização de Tocher, que identificou 15 grupos (Tabela 6), variando de 1 a 33 acessos por grupo.

Tabela 6. Grupos obtidos para os 97 acessos de soja pelo agrupamento de Tocher com base nas medidas de dissimilaridade calculadas pelos dados dos microssatélites

Grupo	BAGs
1	1, 3, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 21, 22, 32, 33, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 59, 60, 62, 64, 65, 67, 81, 84.
2	12, 13, 14, 15, 16, 78, 87, 94.
3	19, 20, 24, 25, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 68, 69, 72. 58, 61, 63, 66.
4	

Continua...

Tabela 6 (cont.). Grupos obtidos para os 97 acessos de soja pelo agrupamento de Tocher com base nas medidas de dissimilaridade calculadas pelos dados dos microssatélites

Grupo	BAGs
5	17, 73, 74, 75, 76, 82, 83, 85, 86.
6	79, 80, 91, 92, 93.
7	4, 5, 23, 26, 31.
8	95, 96, 97, 98, 100.
9	88, 89, 90
10	29, 77.
11	30
12	99
13	27
14	70
15	28

4.2. Dados Morfológicos

4.2.1. Distância genética e análise de agrupamento

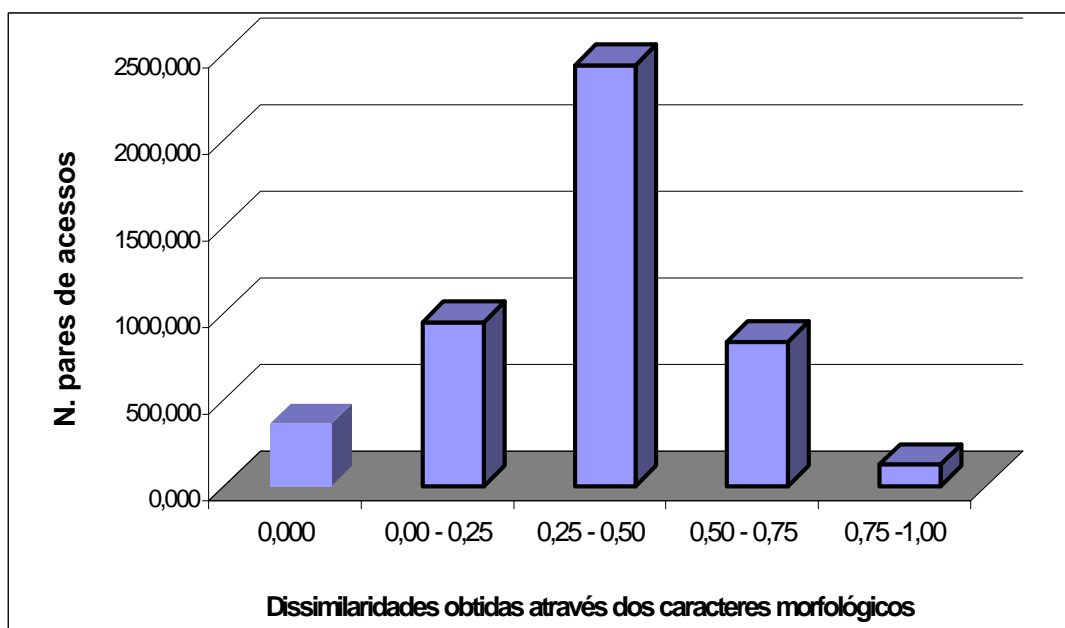


Figura 5. Distribuição das dissimilaridades calculadas para 4278 pares de acessos.

Pela análise da distribuição dos 4278 pares de acessos comparados (Figura 5) podemos observar uma maior concentração de medidas de dissimilaridade na faixa de 0,25 a 0,50. Apesar das poucas características morfológicas avaliadas, puderam-se encontrar indivíduos totalmente divergentes (dissimilaridade igual a 1).

4.2.1.1. UPGMA (*unweighted pair-group using an arithmetic average*)

O dendrograma obtido a partir das medidas de dissimilaridades calculadas com base nas características morfológicas está apresentado na Figura 6. Considerando-se um limite superior de 35% podem-se separar os 93 acessos de soja em 19 grupos distintos (Tabela 7). A maioria dos acessos ficou agrupado em 4 grandes grupos (2, 5, 10 e 15). Tal fato pode ser explicado pelas poucas características morfológicas avaliadas e por essas apresentarem pouca variação de uma planta para outra.

Tabela 7. Grupos obtidos para os 93 acessos de soja com base no método das médias das distâncias (UPGMA)

Grupo	BAGs
1	82,83
2	12, 13, 14, 15, 16, 18, 19, 20, 21, 25, 26, 28, 45, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 59, 61, 67, 68, 85, 87
3	9
4	8
5	7, 11, 27, 31, 46, 91, 92, 93, 97, 98, 100
6	43
7	24
8	6
9	17, 79
10	30, 32, 36, 38, 40, 41, 42,47, 81, 84, 88, 89, 90, 94, 95, 96, 99
11	34
12	22
13	10
14	3
15	5, 23, 29, 33, 35, 39, 44, 57, 58, 60, 63, 64, 65, 66, 69, 72, 73, 74, 76, 77, 78, 80, 86
16	75
17	4
18	2
19	1

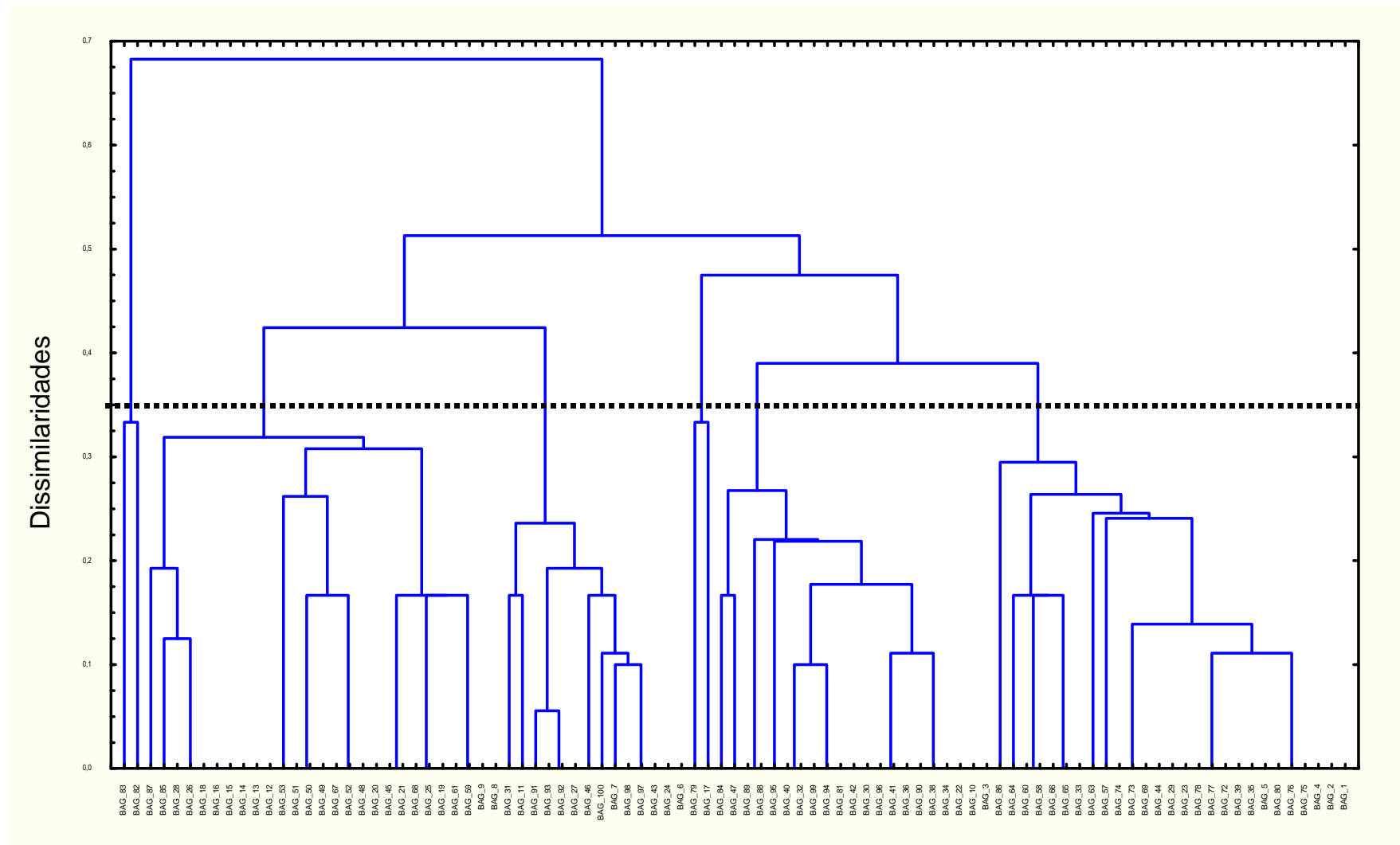


Figura 6. Dendrograma construído com base nas medidas de dissimilaridades dos 93 acessos, obtidas pela análise morfológica, usando o método das médias das distâncias (UPGMA). Considerando-se um limite superior de 35% pode-se formar 19 grupos (linha tracejada).

4.2.1.2. Agrupamento de Tocher

Objetivando obter grupos mutuamente exclusivos, foi utilizado o método de otimização de Tocher, que identificou 8 grupos (Tabela 8), variando de 1 a 38 acessos por grupo.

Tabela 8. Grupos obtidos para os 93 acessos de soja pelo agrupamento de Tocher com base nas medidas de dissimilaridade calculadas pelos caracteres morfológicos

Grupo	BAGs
1	1, 2, 4, 5, 12, 13, 14, 15, 16, 18, 23, 26, 28, 29, 30, 33, 35, 39, 42, 44, 57, 58, 60, 63, 64, 65, 66, 69, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 80, 81, 86.
2	3, 10, 22, 27, 32, 34, 36, 38, 40, 41, 47, 84, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99.
3	6, 7, 11, 24, 31, 43, 46, 100.
4	8, 9, 19, 20, 21, 25, 45, 48, 49, 50, 51, 52, 59, 61, 67, 68.
5	17, 79.
6	82, 83.
7	85, 87.
8	53

4.3. Estimativa do coeficiente de parentesco

4.3.1. Distância genética e análise de agrupamento

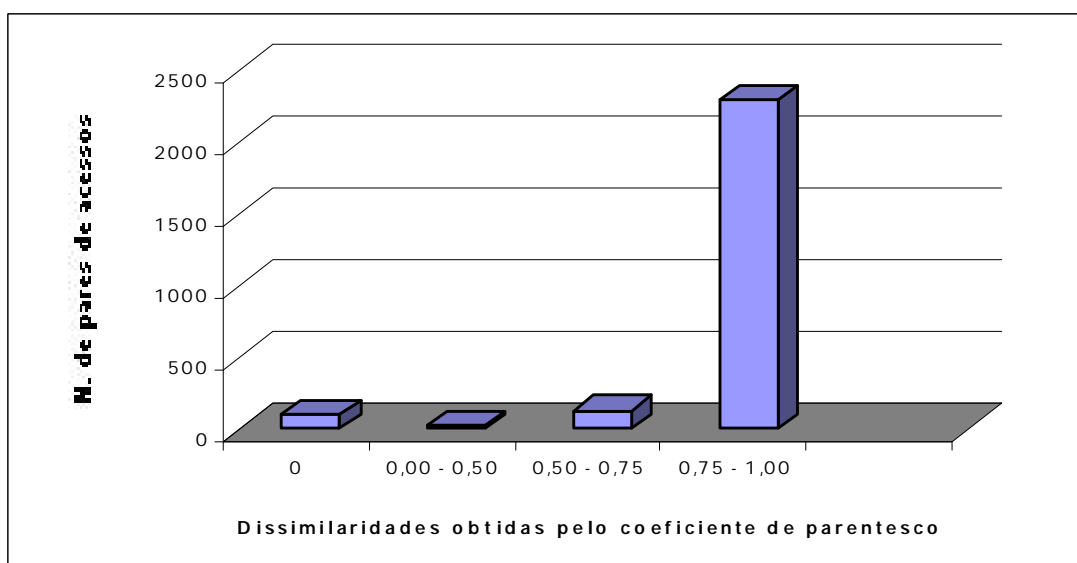


Figura 7. Distribuição das dissimilaridades calculadas para 2485 pares de acessos.

Na Figura 7 pode-se observar que a maioria dos acessos foi distinguida pelo coeficiente de parentesco, ou seja, a maioria apresentaram valores de dissimilaridade igual a 1.

4.3.1.1. UPGMA (*unweighted pair-group using an arithmetic average*)

O dendrograma obtido a partir das medidas de dissimilaridades calculadas com base nos dados de genealogia está apresentado na Figura 8. Considerando-se um limite superior de 60% pôde-se separar os 71 acessos de soja em 56 grupos distintos (Tabela 9) variando de 1 a 4 acessos por grupo

Tabela 9. Grupos obtidos para os 71 acessos de soja com base no método das médias das distâncias (UPGMA)

Grupo	BAGs	Grupo	BAGs
1	86	29	40, 41, 42, 43
2	76, 85	30	32
3	73	31	31
4	57	32	29
5	46	33	27
6	81	34	26
7	77, 78, 79	35	25
8	72, 75, 80	35	22
9	74	37	21
10	67	38	23
11	66	39	18
12	65	40	17
13	64	41	13, 14, 15
14	62	42	16
15	70	43	12
16	68	44	5
17	63	45	4
18	61	46	54, 55
19	60	47	34
20	59	48	7
21	58	49	6
22	45	50	11
23	33	51	10
24	71	52	8, 9
25	69	53	2
26	37, 38, 39	54	47
27	35, 36	55	3
28	44	56	1

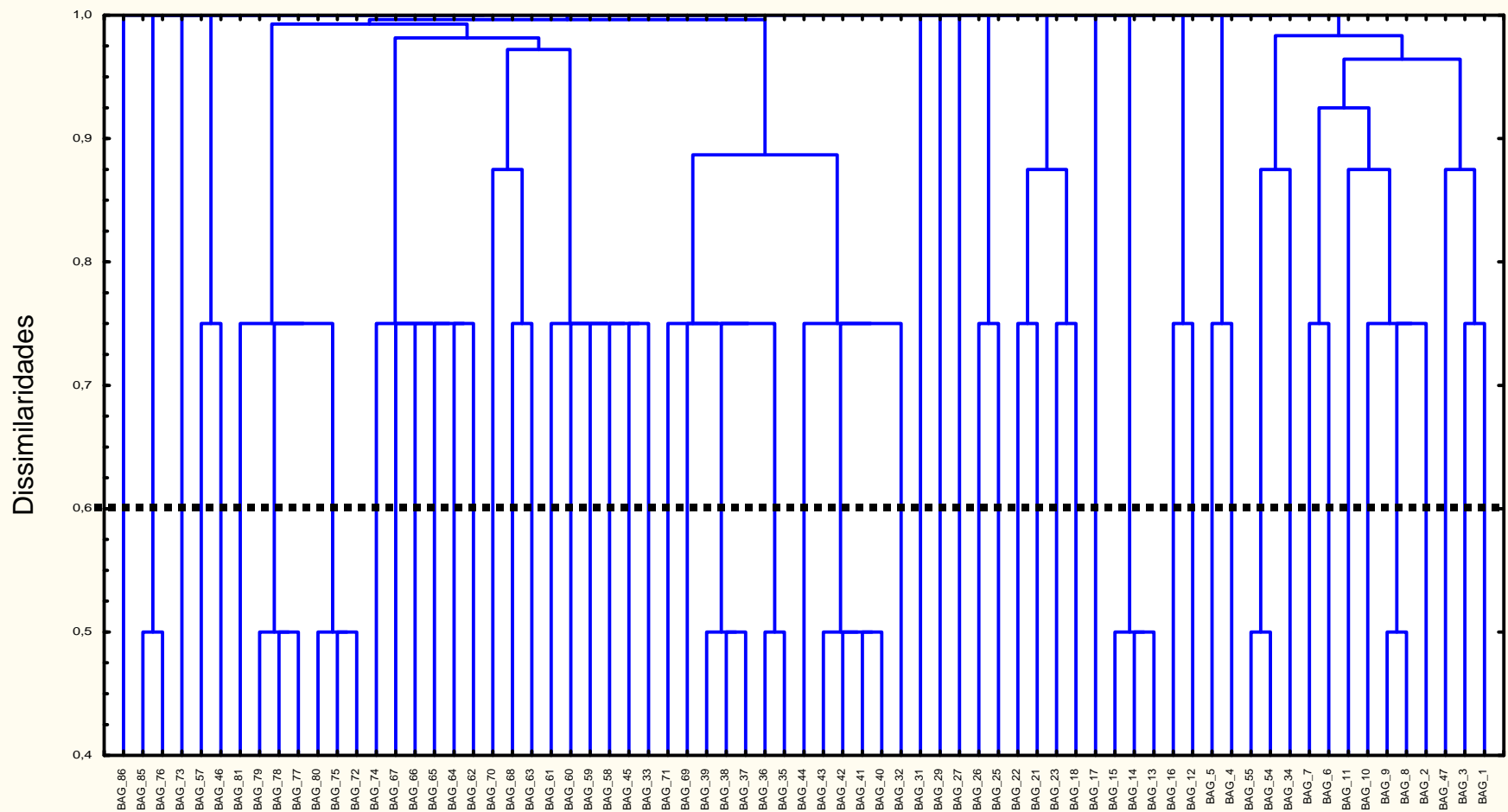


Figura 8. Dendrograma construído com base nos valores de coeficiente de parentesco entre os 71 acessos, usando o método das médias das distâncias (UPGMA). Considerando-se um limite superior de 60% pode-se formar 56 grupos (linha tracejada).

4.3.1.2. Método de Tocher

O agrupamento pelo método de Tocher realizado com base no coeficiente de parentesco (COP), possibilitou a identificação de 23 grupos (Tabela 10), variando de 1 a 6 acessos por grupo.

Tabela 10. Grupos obtidos para os 71 acessos de soja com o agrupamento de Tocher, com base no coeficiente de parentesco

Grupo	BAGs	Grupo	BAGs
1	1, 2, 4, 11, 25, 62	13	42, 43
2	3, 6, 13, 27	14	45, 46
3	5, 8, 23, 69	15	47, 61, 68
4	7, 10, 34, 74	16	55, 63
5	9, 12, 35, 36	17	58, 65, 70
6	14, 15, 71, 78	18	60, 67, 79
7	16, 17, 57, 59, 66	19	64, 73
8	18, 21, 40	20	72, 75
9	22, 26, 41	21	76, 77, 80
10	29, 31	22	81, 85
11	32, 33, 37, 54	23	86
12	38, 39, 44		

4.4. Comparação das relações genéticas obtidas pelos dados de SSRs, morfológicos e genealogia

Na comparação das relações genéticas obtidas pelos três métodos aqui utilizados (SSRs, caracteres morfológicos e genealogia), foram considerados apenas os acessos comuns aos três. Deste modo, nesta comparação levamos em consideração apenas 63 acessos de soja (Tabela 11).

Tabela 11. Comparação dos grupos obtidos, pelo método UPGMA, entre as avaliações por SSRs, caracteres morfológicos e coeficiente de parentesco, para os 63 acessos de soja

AGRUPAMENTO PELO MÉTODO UPGMA					
(G)	SSRs	(G)	Caracteres morfológicos	(G)	Coeficiente de Parentesco
1	15, 16, 78	1	12, 13, 14, 15, 16, 21, 25, 26, 45, 59, 61, 67, 68, 85	1	86
2	14	2	9	2	76, 85
3	13	3	8	3	73
4	12	4	7, 11, 27, 31, 46,	4	57
5	79, 80	5	43	5	46
6	46, 47, 58, 59, 60, 61, 63, 65, 66, 67	6	6	6	81
7	64	7	17, 79	7	77, 78, 79
8	57	8	32, 36, 38, 40, 41, 42, 47, 81	8	72, 75, 80
9	45	9	34	9	74
10	6, 7, 17, 29, 68, 73, 74, 75, 76, 81, 85, 86	10	22	10	67
11	4, 5, 23, 26, 31	11	10	11	66
12	25, 27, 34, 35, 36, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 69, 72	12	3	12	65
13	3, 8, 9, 10, 11, 21, 22, 32, 33, 77	13	5, 23, 29, 33, 35, 39, 44, 57, 58, 60, 63, 64, 65, 66, 69, 72, 73, 74, 76, 77, 78, 80, 86	13	64
14	1	14	75	14	68
		15	4	15	63
		16	1	16	61
				17	60
				18	59
				19	58
				20	45
				21	33
				22	69
				23	38, 39
				24	35, 36
				25	44
				26	40, 41, 42, 43
				27	32
				28	31
				29	29
				30	27
				31	26
				32	25
				33	22
				34	21
				35	23
				36	17
				37	13, 14, 15
				38	16
				39	12
				40	5
				41	4
				42	34
				43	7
				44	6
				45	11
				46	10
				47	8, 9
				48	47
				49	3
				50	1

Na avaliação da Tabela 11, considerando-se os agrupamentos pelo método UPGMA, observou-se que o acesso 1, cujos pais são OC 87-5250 e OC 87-216, diferiu dos demais acessos nos três métodos avaliados. Podemos observar também que o acesso 4, cujos pais são OC 90-123 x OC 90-127, diferiu dos demais acessos na avaliação morfológica e considerando o coeficiente de parentesco, entretanto na avaliação molecular por SSRs ele foi agrupado com mais 4 acessos (5, 23, 26 e 31) cujos pais envolvidos na genealogia são OC 90-127 x OC 90-149, Davis x União, SOC 81-216 x OCEPAR-3 Primavera e OC 90-546 x OC 87-316-B, respectivamente.

Os acessos 13, 14 e 15 ficaram agrupados quanto aos dados do coeficiente de parentesco. Esse resultado é consistente com a genealogia de seus pais (OCEPAR 4*6 x WILLIANS 20). Entretanto, utilizando os marcadores microsatélites foi possível caracterizar individualmente estes três acessos, separando-os em grupos distintos.

Resultado semelhante foi obtido com os acessos 77, 78 e 79, os quais possuem a mesma genealogia (OC91-671 x DX7) e com os acessos 72, 75 e 80, provenientes do cruzamento de OC 93-1616 x OC 91-671. Mais uma vez os marcadores SSRs conseguiram separar acessos com genealogia em comum.

Os acessos 35 e 36 provenientes do cruzamento (BR 88-9703 x FT 88-5927) e os acessos 38 e 39 provenientes do cruzamento (BR 88-9703 x OC 90-696) ficaram nos grupos 24 e 23, respectivamente, quanto ao coeficiente de parentesco. Entretanto na análise molecular todos eles ficaram no grupo 12. Esse resultado pode ser explicado pelo fato desses acessos possuírem um pai em comum (BR 88-9703) e que durante o processo de seleção foram privilegiados as características desse pai, de modo que os cinco locos avaliados não foram suficientes para distinguir esses acessos.

Os acessos 76 e 85 (CD 201 x OC 90-1400) não foram distinguidos pela análise molecular e nem pelo coeficiente de parentesco. Entretanto, na análise morfológica eles ficaram em grupos distintos.

Os acessos 40, 41, 42 e 43 (OC 90-696 x FT-GUAIRA) não foram distinguidos em nenhum dos métodos avaliados, exceto o acesso 43 que ficou alocado, na análise morfológica, em grupo diferente dos demais acessos.

Os acessos 8 e 9 (OC 88-127 x OC 90-1214) só foram distinguidos pela análise morfológica, ficando alocado no mesmo grupo na análise molecular e de genealogia.

Tabela 12. Comparação dos grupos obtidos, pelo método de Tocher, entre as avaliações por SSRs, caracteres morfológicos e coeficiente de parentesco, para os 63 acessos de soja

AGRUPAMENTO PELO MÉTODO DE TOCHER					
(G)	SSRs	(G)	Caracteres morfológicos	(G)	Coeficiente Parentesco
1	1, 3, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 21, 22, 32, 33, 45, 46, 47, 57, 59, 60, 64, 65, 67, 81	1	1, 4, 5, 12, 13, 14, 15, 16, 23, 26, 29, 33, 35, 39, 42, 44, 57, 58, 60, 63, 64, 65, 66, 69, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 80, 81, 86	1	1, 4, 11, 25
2	12, 13, 14, 15, 16, 78	2	3, 10, 22, 27, 32, 34, 36, 38, 40, 41, 47	2	3, 6, 13, 27
3	25, 34, 35, 36, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 68, 69, 72	3	6, 7, 11, 31, 43, 46	3	5, 8, 23, 69
4	58, 61, 63, 66	4	8, 9, 21, 25, 45, 59, 61, 67, 68	4	7, 10, 34, 74
5	17, 73, 74, 75, 76, 85, 86	5	17, 79	5	9, 12, 35, 36
6	79, 80	6	85	6	14, 15, 78
7	4, 5, 23, 26, 31			7	16, 17, 57, 59, 66
8	29, 77			8	21, 40
9	27			9	22, 26, 41
				10	29, 31
				11	32, 33
				12	38, 39, 44
				13	42, 43
				14	45, 46
				15	47, 61, 68
				16	63
				17	58, 65
				18	60, 67, 79
				19	64, 73
				20	72, 75
				21	76, 77, 80
				22	81, 85
				23	86

Observa-se na Tabela 12 pouca concordância nos agrupamentos obtidos pelas estimativas do coeficiente de parentesco. Os acessos 1, 4, 11 e 25 ficaram alocados no mesmo grupo (1), no entanto, analisando as suas genealogias (Tabela 1), podemos verificar que eles não possuem pais em comum. Resultados semelhantes foram encontrados nos grupos 2, 3, 4, 7, 8, 9, 10, 11, 14, 15, 17, 18, 19 e 22.

Resultados consistentes com a genealogia foram obtidos nos grupos 12, 13 e 20, onde os acessos possuem pais em comum.

No grupo 5, os acessos 35 e 36 provenientes dos cruzamentos BR 88-9703 X FT-5927 apresentaram concordância quanto a genealogia, mas apresentaram discordância para o acesso 9 (OC 88-127 X OC 90-1214) e 12 (OC 4*5 X W20) que também ficaram alocados no grupo 5. Resultado semelhante foi observado no grupo 6, onde os acessos 14 e 15 possuem pais em comum, mas não possuem relação de parentesco com o acesso 78 que foi alocado no mesmo grupo. No grupo 21, os acessos 77 e 80 apresentam genealogia em comum, mas o acesso 76 alocado neste grupo não possui pais em comum com estes.

Considerando o agrupamento pelos caracteres morfológicos, podemos observar na Tabela 12 que o acesso 85 (CD 201 X OC 90-1400) foi alocado sozinho no grupo 6. Este acesso não permaneceu sozinho no agrupamento realizado pela genealogia, ficando alocado no grupo 22 com o acesso 81. Também não foi possível alocá-lo sozinho pelos dados de microssatélites, devido aos poucos locos SSRs avaliados. Esse resultado, no entanto, é mais consistente do que os resultados obtidos pela análise morfológica e de genealogia, pois o acesso 85 foi alocado com o acesso 76 (CD 201 X OC 90-1400), que apresenta a mesma genealogia, e com acessos que apesar de não apresentarem a mesma genealogia, considerando os pais, possuem alguma relação de parentesco detectada pelos marcadores microssatélites.

Os acessos 14, 15 e 78 não foram distinguidos em nenhum dos três métodos utilizados, ficando agrupados no grupo 2, 1 e 6 quanto aos SSRs, características morfológicas e coeficiente de parentesco, respectivamente.

Os acessos 38, 39 e 44 permaneceram no mesmo grupo quanto aos marcadores SSRs (grupo 3) e coeficiente de parentesco (grupo 12), mas em relação as características morfológicas, apenas os acessos 39 e 44 permaneceram no mesmo grupo (grupo 1), ficando o acesso 38 alocado no grupo 2.

A principal razão da não coincidência dos agrupamentos obtidos com os microssatélites e aqueles obtidos com a genealogia, é que os genitores dos acessos avaliados são muito similares, e a estimativa de coeficiente de parentesco pressupõe que os progenitores não são aparentados. Como é provável que haja um considerável grau de parentesco entre os progenitores,

as estimativas de similaridade e dissimilaridade obtidas pelo coeficiente de parentesco são bastante viesadas.

Marcadores microssatélites são herdados de forma codominante, de modo que representam, na maior parte das vezes, identidade por descendência, quando dois indivíduos apresentam os mesmos alelos. Dessa forma, estimativas obtidas por marcadores moleculares codominantes são mais informativas e menos viesadas na estimativa da similaridade genética, do que os dados de genealogia, quando estes forem incompletos, ou disponibilizados para um pequeno número de gerações ancestrais. Além disso, estimativas de dissimilaridades por meio da genealogia, não leva em conta os efeitos da seleção praticada ao longo das gerações de melhoramento. Marcadores moleculares, por outro lado, avaliam a similaridade em estado, captando os efeitos da seleção.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

O germoplasma é o conjunto de material genético de uma espécie ou o conjunto de genótipos disponíveis ao melhoramento, e a variabilidade retida nesse germoplasma deve ser preservada para garantir sua utilização no futuro. Desse modo, bancos de germoplasma são repositórios de material genético e representam a manutenção da variabilidade genética, parcial ou total, de determinada espécie, sendo a "fonte genética" usada pelo melhorista para desenvolver novos cultivares.

Existem diferentes formas de caracterizar ou conhecer o germoplasma de uma espécie. Uma das formas de caracterização é mediante à avaliação de caracteres morfológicos. Outra forma de análise é estimar o coeficiente de parentesco entre os genótipos, o que se faz por meio de dados de genealogia. A similaridade genética estimada por esse método avalia apenas similaridade por descendência, desconsiderando os efeitos da seleção. A caracterização mais precisa e completa de genótipos e padrões de diversidade genética pode ajudar a contribuir para estratégias de melhoramento futuro e facilitar a entrada de diversos germoplasmas dentro da atual base genética da soja.

Objetivou-se com este trabalho caracterizar e avaliar a diversidade genética de 100 acessos de soja do Banco Ativo de Germoplasma da COODETEC utilizando marcadores microssatélite, caracteres morfológicos e informações de genealogia, estimando a informatividade dos locos SSR de soja e estabelecendo a relação genética entre os acessos de soja através da comparação das dissimilaridades genéticas obtidas pela avaliação molecular, morfológica e de genealogia.

Foram utilizados 100 acessos, dos quais 97 foram utilizados nas análises moleculares, 93 nas análises morfológicas, 71 nas estimativas do coeficiente de parentesco (Malecot) e 63 na análise comparativa entre os três métodos utilizados na caracterização dos acessos.

Os cinco pares de *primers* de microssatélite amplificaram 34 alelos com uma média de 6,8 alelos por loco SSR. A informatividade de cada *primer* variou 0,35 a 0,88, com uma média de 0,74.

O número máximo de alelos foi obtido com o microsatélite Satt373 (12 alelos), seguido pelo Satt335 (8 alelos), Satt177 (7 alelos), Satt275 (5 alelos por) e Satt182 (2 alelos).

Os caracteres morfológicos avaliados foram pouco informativos na caracterização dos acessos, principalmente, porque as características avaliadas tinham pouca variação de um acesso para o outro.

Os resultados obtidos pelo coeficiente de parentesco, apesar de ter apresentado maior dispersão de acessos em relação aos outros métodos, tanto no agrupamento através das médias das distâncias quanto pelo método de Tocher, possuem informações pouco relevantes, pois além de levar em consideração a dificuldade em se obter dados completos de genealogia, o coeficiente de parentesco só leva em consideração a identidade por descendência, sem considerar os efeitos da seleção, gerando uma estimativa viesada.

A análise genealógica traz como vantagem o seu baixo custo, entretanto apresenta algumas desvantagens como a necessidade de se dispor de informações detalhadas em relação à genealogia dos acessos e o fato do coeficiente de parentesco ser calculado com base em pressuposições não realísticas, como por exemplo em casos em que os progenitores não são aparentados, e que não tenha havido seleção.

Os métodos usados para estimar a similaridade genética com base em marcadores moleculares e coeficiente de parentesco têm abordagens bem diferentes. A similaridade genotípica entre indivíduos se baseia em genes semelhantes em estado, isto é, genes indistinguíveis por seus efeitos. Entretanto, genes que são somente semelhantes em estado, mas não são idênticos por descendência, são ignorados no cálculo do coeficiente de parentesco. Em contrapartida, a similaridade genética quando estimada por marcadores moleculares reflete a semelhança entre os genótipos a partir de uma amostra direta do genoma, refletindo a similaridade em estado e/ou por descendência. Portanto os grupos formados pelos dados de microsatélites são mais consistentes do que aqueles obtidos pelo coeficiente de parentesco.

Na caracterização de acessos em um banco de germoplasma os dados obtidos por marcadores microsatélites são mais baratos do que aqueles obtidos por características morfológicas, pois neste último deve-se levar em

consideração a disponibilidade de área para cultivo do material vegetal, despesas (pessoal, máquinas, adubos, inseticidas, etc.) na preparação da área e, considerando a necessidade de caracterizar materiais pelo seu ciclo, ainda há a necessidade de se plantar o material em diferentes ambientes, o que onera ainda mais os custos. Deve ser levado também em consideração que a caracterização realizada apenas morfológicamente pode induzir ao programa de melhoramento manter em seu germoplasma vários acessos duplicados.

A diversidade genética obtida pela análise genealógica superestimou o nível de diversidade entre os acessos de soja avaliados. A estimativa da diversidade através dos marcadores microssatélites foi mais consistente, fornecendo mais informações sobre as relações genéticas entre os acessos do que o coeficiente de parentesco.

Não se conseguiu separar completamente os 100 acessos pela análise através dos marcadores microssatélites, em virtude dos poucos locos avaliados. Entretanto, esses locos possuem alta informatividade e possibilitaram formar diversos grupos.

Essas informações são úteis para o manejo do banco ativo de germoplasma da COODETEC, pois fornecem parâmetros para a genotipagem dos demais acessos que compõem esta coleção e para a construção de uma coleção nuclear.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- 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. **Rev. Brasil. Genet.**, v.18, n.2, p.265-273, 1995.
- AKKAYA, M. S., BHAGWAT, A. A.; CREGAN, P. B. Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in soybean. **Genetics**, v. 132, p.1131-1139, 1992.
- ALCÂNTARA NETO, F. **Marcadores microssatélites na identificação de cultivares de soja**. Tese: Mestrado. Viçosa: UFV, 46p., 2001.
- ANDERSON, J.A; CHURCHILL, G.A.; AUTRIQUE, J.E.; TANKSLEY, S.D.; SORRELS, M.E. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. **Genome**, v.36, p.181-186, 1993.
- ANTI, A. B. Caracterização de germoplasma de soja e de feijão através de eletroforese de isoenzimas da semente. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n.2, p.139-142, 2000.
- BARBOSA NETO, J. e BERED, F. Marcadores moleculares e diversidade genética no melhoramento de plantas. In: Milach, S. (Ed.). **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre, p. 29-40, 1998.
- BERTINI, C. H. M. **Caracterização e análise de diversidade genética em algodoeiro herbáceo por marcadores microssatélites e genealogia**. Tese: Doutorado.Viçosa:UFV, 109 p., 2004.
- BONETTI, L. P. Cultivares e seu melhoramento genético. In: VERNETTI, F. J. **Soja - genética e melhoramento**. Campinas: Fundação Cargill, p.741-800, 1983.
- BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **Am. J. Hum. Genet.** v.32, n.1, p.314-331, 1980.
- BRONDANI, R. M. e BRONDANI, C. Germoplasma: base para a nova agricultura. In: Genética Vegetal – Tecnologia de análise do DNA aperfeiçoam uso de coleções de plantas. **Ciências hoje**, v. 35, n.207, p. 70-73, 2004.
- BROWN-GUERIDA, G. L.; THOMPSON, J. A.; NELSON, R. L.; WARBURTON, M. L. Evaluation of genetic diversity of soybean introductions and North American ancestors using RAPD and SSR markers. **Crop Sci.**, v. 40, p. 815-823, 2000.

- BRUTLAG, D. L. Molecular arrangement and evolution of heterochromatic DNA. **Annual Reviews Genetic**, v. 14, p. 121-144, 1980.
- CAO, D. e OARD, J.H. Pedigree and RAPD-based DNA analysis of commercial U.S. rice cultivars. **Crop Sci.** v.37, p.1630-1635, 1997.
- CHOI, I. Y.; KANG, J. H.; SONG, H. S.; KIM, N. S. Genetic diversity measured by simple sequence repeat variations among the wild soybean, *Glycine soja*, collected along the riverside of five major rivers in Korea. **Genes Genet. Syst.**, v. 74, p. 69-177, 1999.
- CLUNIES-ROSS, T. Mangolds, manure and mixtures: the importance of crop diversity on British farms. **Ecologist**, v.25, p.181-187, 1995.
- CONAB. 4^o levantamento de safra, 2005. Em: <http://www.conab.gov.br> (acessado em 18/06/2005).
- CREGAN, P. B.; JARVIK, T.; BUSH, A. L.; SHOEMAKER, R. C.; LARK, K. G.; KAHLER, A. L.; Van TOAI, T. T.; LOHNES, D. G.; CHUNG, J.; SPECHT, J. E. An integrated genetic linkage map of soybean. **Crop Sci.**, v. 39, p. 1464-1490, 1999.
- CREGAN, P.B.; BHAGWAT, A.A.; AKKAYA, M.S.; ROGWEN, J. Microsatellite fingerprint and mapping of soybean. **Meth. Mol. Cell. Biol.** , v.5, p.49-61, 1994.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 648p., 2001.
- CRUZ, C. D. e REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 390p., 1994.
- DIWAN, N e CREGAN, P. B.. Automated sizing of fluorescent-labeled simple sequence repeat (SSR) markers to assay genetic variation in soybean. **Theor. Appl. Genet.**, v. 95, p.723-733, 1997.
- DOLDI M. L.; VOLLMANN, J.; LELLEY, T.. Genetic diversity in soybean as determined by RAPD and microsatellite analysis. **Plant Breeding**, v. 116, p.331-335, 1997.
- DONG, Y. S.; ZHAO, B. L.; WANG, Z. W.; JIN, Z. Q.; SUN, H. The genetic diversity of cultivated soybean grown in China. **Theor. Appl. Genet.**, v. 108, p. 931-936, 2004.
- DOOLITTLE, W. F. e SAPIENZA, C. Selfish genes, the phenotype paradigm and genome evolution. **Nature**, v. 284, n. 5757, p. 601-603, 1980.
- FAJARDO S., LA BONTE, D.R.; JARRET, R.L.. Identifying and selecting for genetic diversity in Papua New Guinea sweet potato *Ipomoea batatas* (L.) Lam. germplasm collected as botanical seed. **Genetic Resources and Crop Evolution**. v.49, n.5, p.463-470, 2002.

FERREIRA, M. E. e GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2 ed. Brasília: MA/EMBRAPA/CENARGEN. 220p., 1996.

FRIES, R.; EGGEN, A.; WOMACK, J. E. The bovine genome map. **Mammalian Genome**, v. 4, p. 405-428, 1993.

GIZLICE, Z.; CARTER JR., T. E.; BURTON, J. W. Genetic diversity in North American soybean: I. Multivariate analysis of founding stock and relation to coefficient of parentage. **Crop Sci.**, v. 33, p.614-620, 1993.

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

HIROMOTO, D.M. e VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Rev. Brasil. Genet.**, v.9, n.2, p.295-306, 1986.

HUDCOVICOVÁ, M. e KRAIC, J. Utilization of SSRs for characterization of the soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic resources. **Czech J. Genet. Plant Breed.**, v.39, n.4, p. 120-126, 2003

JARNE, P. e LAGODA, P. J. L. Microsatellite, from molecule to populations and back. **Tree**, v. 11, p. 424-429, 1996.

JASIENIUK, M. e MAXWELL, B.D. Plant diversity: new insights from molecular biology and genomics technologies. **Weed Science**, v. 49, n.2, p.257-265, 2001.

JEFFREY A. T.; RANDALL, L. N.; LILA O. V. Identification of Diverse Soybean Germplasm Using RAPD Markers. **Crop Sci.**, v. 38, p. 1348-1355, 1998.

KARP, A.; SEBERG, O.; BUIATTI, M. Molecular techniques in the assessment of botanical diversity. **Annals of Botany**, v.78, n.2, p.143-149, 1996.

KEIM, P.; SHOEMAKER, R.C; PALMER, R.G. Restriction fragment length polymorphism diversity in soybean. **Theor. Appl. Genet.**, v.77, p.786-792, 1989.

KEIM,P.; BEAVIS, W.; SCHUPP, J.; FREESTONE, R. Evaluation of soybean RFLP markers diversity in adapted germplasm. **Theor. Appl. Genet.**, v.85, p.205-212, 1992.

LANDER, E. S.; GREEN, P.; ABRAHAMSON, J.; BARLOW, A.; DALY, M. J.; LINCOLN, S. E.; NEWBURG, L. Mapmaker: an interactive computer package for constructing genetic linkage maps of experimental and natural populations. **Genomics**, v. 1, p.174-181, 1987.

- LEWIN, B. **Genes VII**. 7^a ed. Porto Alegre: Artmed editora, 955p., 2001.
- LITT, M.; HAUGE, X.; SHARMA, V. Shadows bands seen when typing polymorphic dinucleotide repeats: some causes and cures. **Biotechniques**, v.15, p. 280-284, 1993.
- MAGALHÃES, G. C. **Análise da atividade de algumas enzimas antioxidantes em plantas de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) sob níveis de manganês, em função de micorriza arbuscular**. Tese: Mestrado. São Paulo: ESALQ, 122 p., 2002.
- MAUGHAN, P.J., SAGHAI MAROOF, M.A., BUSS G. R. Microsatellite and amplified sequence length polymorphisms in cultivated and wild soybean. **Genome**, v.38, p.715-723, 1995.
- McDONALD, M. B.; ELLIOT, L. J.; BURR, B.; CANTRELL, R. G. DNA extraction from dry seeds for RAPD analysis in varietal identification studies. **Seed Sci. Technol.**, v. 22, p. 171-176, 1994.
- McGREGOR, C. E., R. Van TREUREN, R. H.; Van HINTUM, Th. J. L. Analysis of the wild potato germplasm of the series *Acaulia* with AFLPs: implications for *ex situ* conservation. **Theor. Appl. Genet.**, v. 104, p.146-156, 2002.
- MEESANG, N.; RANAMUKHAARACHCHI, S. L.; PETERSEN, M. J.; ANDERSEN, S. B. Soybean cultivar identification and genetic purity analysis using microsatellite DNA markers. **Seed Sci. Technol.**, v.29, p. 637-645, 2001.
- MILACH, S.C. Uso de marcadores moleculares na caracterização de cultivares. In: **Biowork I**, 1998, BORÉM, A.; DEL GIÚDICE, M.P.; SAKIYAMA, N.S.; MOREIRA, M.A.; PORTUGAL, R.S. Viçosa, p. 43-58i, 1998.
- MIROSLAV B.; MIROSLAV K.; JANA R.; MIROSLAV V.; MIROSLAV P. Evaluation of Genetic Diversity in 19 *Glycine max* (L.) Merr. Accessions Included in the Czech National Collection of Soybean Genotypes. **Czech J. Genet. Plant Breed.**, v.38, p. 69–74, 2002.
- MOHAMMADI, S.A e B.M. PRASANNA. Analysis of genetic diversity in crop plants - Salient statistical tools and considerations. **Crop Sci.**, v. 43, p.1235-1248, 2003.
- MORGANTE, M e OLIVIERI, A. M. PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. **Plant Journal**, v.3, n.1, p.175-182, 1993.
- MOTA, J. W. S. **Análise da diversidade genética de germoplasma de *theobroma cacao* L. da Amazônia brasileira por microssatélites**. Tese: Doutorado. Viçosa: UFV, 97 p., 2003.
- MOXON, E. R. e WILLIS, C. DNA Microsatellites: agents of evolution? **Scientific American**, p. 72-77, 1999.

MULLIS, K. B. e FALOONA, F. Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase catalyzed chain reaction. **Meth. Enzymol.**, v.155, p.335-350, 1987.

MULLIS, K. B. The unusual origin of the polimerase chain reaction. **Scientific American**, v. 262, p. 6-42, 1990.

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 Sci.** v.40, n.5, p.1452-1458, 2000.

ONE-Dscan. One-Dimensional Gel Analysis, versão 2.03, Copyright 1994/1995, Scanalytics, a dimensional CST Inc.

PALMER, R. G.; HYMOWITZ,, T.; NELSON, R. L. Germplasm diversity within soybean. In: **Soybean genetics, molecular biology and biotechnology**. Ohio, USA: CAB INTERNACIONAL, p. 1-35, 1996.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; KIIHL, R. A. de S.; ALMEIDA, L. A. Desenvolvimento de cultivares de soja na região Norte e Nordeste do Brasil. In: ARANTES, N. E.; SOUZA, P. I. de M. (Ed). **Cultura da soja nos cerrados**. Piracicaba: Potafos, p. 255-266, 1993.

PEETERS, J. P. e MARTINELLI, J. A. Hierarchical cluster analysis as a tool to manage variation in germoplasm collections . **Theor. Appl Genet.**, v.78, pl42-48, 1989.

PHILLIPS, W. J.; CHAPMAN, C. G. D.; JACK, P. I. Molecular cloning and analysis of one member of a polymorphic family of GACA – hybridising DNA repeats in tomato. **Theor. Appl. Genet.**, v. 88, p. 845-851, 1994.

POWELL, W., MORGANTE, M., DOYLE, J.J, McNICOL, J.W., TINGEY, S.V. e RAFALSKI, A.J. Genepool variation in genus *Glycine* sugenus *soja* revealed by polymorphic nuclear and cloroplast microsattelites. **Genetic**, v.144, n.2, p.793-803, 1996.

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

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

RONGWEN, J.; AKKAYA, M. S.; BHAGWAT, A. A.; LAVI, U.; CREGAN, P. B. The use of microsatellite DNA markers for soybean genotype identification. **Theor. Appl. Genet.**, v. 90, p.43-48, 1995.

RUSSELL, J.; FULLER, J.; YOUNG, G.; THOMAS, B.; TARAMINO, G.; MACAULAY, M.; WAUGH, R.; POWELL, W. Discriminating between barley genotypes using microsatellite markers. **Genome**, v. 40, p. 442-450, 1997.

RYAN, A. B. **Agronomic and molecular characterization of louisiana native spartina alterniflora accessions**. Dissertation: requirements for the degree of Doctor of Philosophy. Louisiana State University, 144p. 2003.

SAGHAI MAROOF, M. A.; BIYASHEV, R. M.; YANG, G. P.; ZHANG, Q.; ALLARD, R. W. Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley: Species diversity, chromosomal locations and population dynamics. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, v. 91, p. 5466-5470, 1994.

SAIKI, R.K.; SCHARF, S.; FALOONA, F.; MULLIS, B.K.; HORN, G.T.; ERLICH, H.A.; ARNHEIM, N. Enzymatic amplification of β -globin genomic sequence and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. **Science**, v. 230, n.8, p. 1350-1354, 1985.

SAMBROOK, J.; FRITSCH, E.F.; MANIATIS, T. **Molecular cloning a laboratory manual**. 2. Ed. New York, Cold Spring Harbor Laboratory Press, v.3, 1989.

SCHLÖTTERER, C. Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. **Chromosoma**, v. 109, p. 365-371, 2000.

SCHNEIDER, K e DOUCHES, D. S. Assesment of PCR-based simple sequence repeats to fingerprint North American potato cultivars. **Am. Potato J.**, v. 74, p.149-160, 1997.

SCHLÖTTERER, C. e TAUTZ, D. Slippage synthesis of simple sequence DNA. **Nucleic Acids Research**, v. 20, p. 211-215, 1992.

SCHUSTER, I. e CRUZ, C. D. Similaridade genética obtida por um coeficiente de coincidência simples para dados codominantes e multialélicos. 49^o Congresso Nacional de Genética, 2003. Águas de Lindoia. Resumos...em CD Room.

SONG, Q. J.; QUIGLEY, C. V.; NELSON, R. L.; CARTER, T. E.; BOERMA, H. R.; STRACHAN, J. R. A selected set of trinucleotide simple sequence repeat markers for soybean cultivar identification. **Plant Var. Seeds**, v.12, p. 207-220, 1999.

SOUZA, A. P. Biologia molecular aplicada ao melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C., **Recursos genéticos e melhoramento – Plantas**, Rondonópolis: Fundação MT, p.939-966, 2001.

StatSoft, Inc. Statistica for Windows (Computer Program Manual). Tulsa OK: Statsoft Inc. 1999.

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

STUBER, C. W., POLACCO, M.; SENIOR, L. Synergy of empirical breeding, marker-assisted selection, and genomics to increase crop yield potential. **Crop Sci.**, v. 39, p.1571-1583, 1999.

TANKSLEY, S. D. e McCOUCH, S. R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. **Science**, v. 277, p.1063-1066, 1997.

TESTOLIN, R. ; MARRAZZO, T.; CIPRIANI, G.; QUARTA, R.; VERDE, I.; DETTORI, M. T; PANCALDI, M.; SANSAVINI, S. Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars. **Genome**, v. 43, p. 512-520, 2000.

THOMPSON, J. A.; NELSON, R. L.; VODKIN, L. O. Identification of diverse soybean germplasm using RAPD markers. **Crop Sci.**, v.38, p. 1348-1355, 1998.

TÓTH, G.; GÁSPARI, Z.; JURKA, J. Microsatellites in different eukaryotic genome: survey and analysis. **Genome Res.**, v. 10, p. 967-981, 2000.

URBEN FILHO, G.; SOUZA, P. I. de M. de. Manejo da cultura da soja sob cerrado: época, densidade e profundidade de semeadura. In: ARANTES, N.E.; SOUZA, P.I. de M. de (Ed.). **Cultura da soja nos cerrados**. Piracicaba: Potafos, p.267-298, 1993.

VALDES, A. M.; SLATKIN, M.; FREIMER, N. B. Allele frequencies at microsatellite loci: the stepwise mutation model revisited. **Genetics**, v. 133, p. 737-749, 1993.

VALOIS, A. C. C.; SALOMÃO, A. N.; ALLEM, A. C. Glossário de recursos genéticos vegetais, Brasília: Embrapa-Cenargen, 62p., 1996.

VELLÉ, R. The decline of diversity in European agriculture. **Ecologist**, v.23, p.64-69, 1993.

ZHANG D.P., CERVANTES, J.; HUAMAN, Z.; CAREY, E.; GHISLAIN, M. Assessing genetic diversity of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) cultivars from tropical America using AFLP. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.47, n.6, p.659-665, 2000.

ANEXO

Tabela 1A. Matriz de dissimilaridade entre 97 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado pelos dados moleculares

Acessos	BAG-1	BAG-3	BAG-4	BAG-5	BAG-6	BAG-7	BAG-8	BAG-9	BAG-10	BAG-11	BAG-12	BAG-13	BAG-14	BAG-15	BAG-16	BAG-17	BAG-19	BAG-20	BAG-21	BAG-22	BAG-23	BAG-24	BAG-25	BAG-26		
BAG-1	0,00																									
BAG-3	0,20	0,00																								
BAG-4	0,80	0,60	0,00																							
BAG-5	0,80	0,80	0,20	0,00																						
BAG-6	0,60	0,60	0,60	0,40	0,00																					
BAG-7	0,40	0,40	0,80	0,60	0,20	0,00																				
BAG-8	0,60	0,60	0,60	0,60	0,40	0,60	0,00																			
BAG-9	0,40	0,40	0,80	0,80	0,60	0,40	0,20	0,00																		
BAG-10	0,60	0,40	0,40	0,60	0,40	0,60	0,20	0,40	0,00																	
BAG-11	0,60	0,60	0,60	0,40	0,20	0,40	0,20	0,40	0,20	0,00																
BAG-12	0,60	0,60	1,00	1,00	0,80	0,60	0,40	0,20	0,60	0,60	0,00															
BAG-13	0,60	0,60	1,00	1,00	0,80	0,60	0,40	0,20	0,60	0,60	0,00	0,00														
BAG-14	0,60	0,60	1,00	1,00	0,80	0,60	0,40	0,20	0,60	0,60	0,00	0,00	0,00													
BAG-15	0,75	0,75	1,00	1,00	0,75	0,75	0,25	0,25	0,50	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00												
BAG-16	0,50	0,50	1,00	1,00	0,75	0,50	0,50	0,25	0,75	0,75	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00											
BAG-17	0,25	0,50	0,75	0,75	0,75	0,50	0,75	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	1,00	0,75	0,00										
BAG-19	0,80	0,80	0,60	0,40	0,40	0,60	0,60	0,80	0,60	0,40	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,00									
BAG-20	0,80	0,80	0,60	0,40	0,40	0,60	0,60	0,80	0,60	0,40	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,00	0,00								
BAG-21	0,40	0,40	0,80	0,60	0,40	0,20	0,60	0,40	0,60	0,40	0,60	0,60	0,60	0,75	0,50	0,50	0,40	0,40	0,00							
BAG-22	0,40	0,20	0,60	0,80	0,60	0,40	0,60	0,40	0,40	0,60	0,60	0,60	0,60	0,75	0,50	0,50	0,60	0,60	0,20	0,00						
BAG-23	0,60	0,40	0,60	0,80	0,80	0,60	0,80	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	0,75	0,50	0,60	0,60	0,40	0,20	0,00					
BAG-24	0,80	0,60	0,40	0,60	0,60	0,80	0,40	0,60	0,20	0,40	0,80	0,80	0,80	0,75	1,00	0,75	0,40	0,40	0,80	0,60	0,60	0,00				
BAG-25	0,40	0,60	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60	0,40	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,75	0,75	0,25	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,40	0,00			
BAG-26	0,80	0,60	0,40	0,60	0,60	0,80	0,60	0,80	0,40	0,60	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,40	0,40	0,60	0,40	0,40	0,40	0,40	0,80	0,00	
BAG-27	0,60	0,80	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,60	0,40	0,40	0,80	0,80	0,80	0,75	1,00	0,50	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,40	0,40	0,40	0,40	0,40
BAG-28	1,00	0,80	0,60	0,80	0,80	1,00	0,80	1,00	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	1,00	0,60	0,60	0,80	0,60	0,60	0,60	0,60	1,00	0,40	0,40
BAG-29	0,40	0,60	0,80	0,80	0,80	0,60	0,80	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	0,75	0,25	0,60	0,60	0,40	0,40	0,40	0,40	0,80	0,40	0,60	0,60
BAG-30	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60	0,40	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,75	0,50	0,50	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,80	0,60	0,80	0,60	0,80
BAG-31	0,80	0,60	0,40	0,60	0,60	0,80	0,60	0,80	0,40	0,60	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,40	0,40	0,60	0,40	0,20	0,40	0,80	0,80	0,20	0,60
BAG-32	0,60	0,60	0,80	0,80	0,60	0,60	0,40	0,40	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,50	0,50	0,75	0,60	0,60	0,40	0,40	0,60	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60
BAG-33	0,40	0,20	0,60	0,80	0,60	0,40	0,40	0,20	0,20	0,40	0,40	0,40	0,40	0,50	0,50	0,50	0,80	0,80	0,40	0,20	0,40	0,40	0,40	0,40	0,40	0,60
BAG-34	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	0,60	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,20	0,20	0,40	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60
BAG-35	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,40	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	1,00	0,75	0,40	0,40	0,60	0,80	0,80	0,40	0,40	0,40	0,80	0,80
BAG-36	0,60	0,60	0,80	0,70	0,70	0,50	0,50	0,30	0,60	0,50	0,50	0,50	0,50	0,63	0,63	0,50	0,50	0,50	0,50	0,60	0,60	0,40	0,20	0,80	0,80	0,80
BAG-37	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,60	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,20	0,20	0,60	0,60	0,60	0,40	0,60	0,40	0,40	0,40
BAG-38	0,75	0,50	0,25	0,50	0,50	0,75	0,50	0,75	0,25	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,25	0,25	0,75	0,50	0,50	0,00	0,50	0,50	0,25	0,25
BAG-39	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50	0,75	0,25	0,50	0,50	0,50	0,75	0,75	0,75	0,67	0,75	0,75	0,25	0,25	0,75	0,75	0,75	0,25	0,50	0,50	0,50	0,50
BAG-40	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,67	0,67	0,25	0,25	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50
BAG-41	0,75	0,50	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,50	0,50	0,75	0,50	0,50	0,25	0,50	0,50	0,50	0,50
BAG-42	0,75	0,50	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,50	0,50	0,75	0,50	0,50	0,25	0,50	0,50	0,50	0,50
BAG-43	0,80	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60	0,40	0,60	0,80	0,80	0,80	0,75	1,00	0,75	0,60	0,60	0,80	0,60	0,60	0,20	0,40	0,60	0,60	0,60
BAG-44	0,50	0,75	0,50	0,50	0,50	0,75	0,50	0,75	0,50	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,25	0,25	0,75	0,75	0,75	0,25	0,25	0,25	0,50	0,50
BAG-45	0,80	0,60	0,40	0,60	0,60	0,80	0,60	0,80	0,40	0,60	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,40	0,40	0,60	0,40	0,40	0,40	0,40	0,80	0,20	0,60
BAG-46	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,60	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,40	0,40	0,60	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,40	0,40
BAG-47	0,80	0,80	0,60	0,40	0,40	0,60	0,60	0,80	0,60	0,40	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,20	0,20	0,40	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,40	0,40
BAG-48	0,80	0,80	0,60	0,40	0,40	0,60	0,60	0,80	0,60	0,40	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,20	0,20	0,40	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,40	0,40
BAG-49	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50	0,75	0,75	0,75	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	0,25	0,25	0,25	0,50	0,50	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50

Continua...

Tabela 1A (cont.). Matriz de dissimilaridade entre 97 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado pelos dados moleculares.

Acessos	BAG-1	BAG-3	BAG-4	BAG-5	BAG-6	BAG-7	BAG-8	BAG-9	BAG-10	BAG-11	BAG-12	BAG-13	BAG-14	BAG-15	BAG-16	BAG-17	BAG-19	BAG-20	BAG-21	BAG-22	BAG-23	BAG-24	BAG-25	BAG-26
BAG-50	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50	0,75	0,50	0,75	0,50	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	0,25	0,25	0,50	0,50	0,50	0,50	0,75	0,25
BAG-51	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50
BAG-52	1,00	1,00	0,50	0,50	0,50	1,00	0,50	1,00	0,50	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,50	1,00	1,00	1,00	0,50	1,00	0,50
BAG-53	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50
BAG-54	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-55	1,00	0,67	0,33	0,67	0,67	1,00	0,67	1,00	0,33	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	0,67	1,00	0,67	0,67	0,33	1,00	0,33
BAG-56	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67
BAG-57	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50
BAG-58	1,00	1,00	1,00	0,67	0,67	0,67	1,00	1,00	1,00	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	0,67	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-59	0,67	0,67	0,67	0,33	0,33	0,33	0,67	0,67	0,67	0,33	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	0,33	0,33	0,33	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67
BAG-60	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-61	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-62	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50	0,75	0,50	0,75	0,50	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	0,25	0,25	0,50	0,50	0,50	0,50	0,75	0,25
BAG-63	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	1,00	1,00	0,75
BAG-64	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,80	0,80	0,60
BAG-65	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,80	0,80	0,60
BAG-66	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80
BAG-67	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75
BAG-68	0,80	0,80	0,60	0,60	0,40	0,60	0,60	0,80	0,60	0,60	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,40	0,40	0,80	0,80	0,80	0,40	0,60	0,60
BAG-69	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,60	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,40	0,40	0,80	0,80	0,80	0,40	0,60	0,60
BAG-70	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80
BAG-72	0,25	0,25	0,75	0,75	0,75	0,50	0,75	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	1,00	0,67	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,25	0,75
BAG-73	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75
BAG-74	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75
BAG-75	0,67	0,67	0,67	0,67	0,33	0,33	0,67	0,67	0,67	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67
BAG-76	0,80	0,80	0,80	0,60	0,40	0,40	0,80	0,80	0,80	0,60	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,60	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80
BAG-77	0,50	0,50	0,75	0,50	0,50	0,25	0,75	0,50	0,75	0,50	0,75	0,75	0,75	1,00	0,75	0,50	0,50	0,50	0,25	0,50	0,50	0,75	0,50	0,75
BAG-78	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,50	0,50	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-79	0,80	0,80	1,00	0,80	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	1,00	0,80	0,80	0,80	1,00	0,80	1,00	1,00	1,00
BAG-80	0,60	0,60	0,80	0,60	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,60	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,60	0,60	0,60	0,80	0,60	0,80	0,80	0,80
BAG-81	0,80	0,80	0,60	0,40	0,20	0,40	0,60	0,80	0,60	0,40	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,40	0,40	0,60	0,80	0,80	0,60	0,80	0,60
BAG-82	0,60	0,40	0,60	0,80	0,60	0,40	0,80	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	0,75	0,25	0,80	0,80	0,60	0,40	0,40	0,60	0,60	0,60
BAG-83	0,67	0,67	0,67	0,67	0,33	0,33	0,67	0,67	0,67	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,33	0,67	0,67	0,67
BAG-84	0,00	0,00	0,50	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,00	0,00	0,50	0,50	0,50	0,50
BAG-85	0,40	0,60	0,80	0,80	0,60	0,40	0,80	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	0,75	0,25	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,80
BAG-86	0,40	0,60	0,80	0,80	0,60	0,40	0,80	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	0,75	0,25	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,60
BAG-87	0,75	0,75	1,00	1,00	0,75	0,50	1,00	0,75	1,00	1,00	0,50	0,50	0,50	0,67	0,33	0,67	1,00	1,00	0,75	0,75	1,00	0,75	1,00	1,00
BAG-88	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,50	0,50	1,00	1,00	1,00	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-89	1,00	1,00	0,75	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,75	0,75	0,67	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-90	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,80	0,80	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80
BAG-91	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,33	0,67	0,67	0,67
BAG-92	0,80	0,80	0,50	0,30	0,40	0,60	0,60	0,80	0,60	0,40	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,40	0,40	0,60	0,80	0,60	0,60	0,80	0,60
BAG-93	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,60	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,60	0,60	0,60	0,80	0,60	0,80	0,80	0,80
BAG-94	0,75	0,75	0,88	0,63	0,38	0,50	0,63	0,75	0,63	0,38	0,50	0,50	0,33	0,33	0,50	1,00	0,63	0,63	0,50	0,75	1,00	0,88	1,00	0,88
BAG-95	0,60	0,60	1,00	1,00	1,00	0,80	1,00	0,80	1,00	0,60	0,60	0,60	0,60	0,75	0,50	0,75	1,00	1,00	0,80	0,80	0,60	1,00	0,80	1,00
BAG-96	0,40	0,40	0,80	0,80	0,80	0,60	0,80	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	0,75	0,50	0,80	0,80	0,60	0,60	0,40	0,80	0,60	0,80
BAG-97	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,60	0,80	0,80	0,80
BAG-98	0,60	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80
BAG-99	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80
BAG-100	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80

Continua...

Tabela 1A. (cont.). Matriz de dissimilaridade entre 97 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado pelos dados moleculares.

Acessos	BAG-27	BAG-28	BAG-29	BAG-30	BAG-31	BAG-32	BAG-33	BAG-34	BAG-35	BAG-36	BAG-37	BAG-38	BAG-39	BAG-40	BAG-41	BAG-42	BAG-43	BAG-44	BAG-45	BAG-46	BAG-47	BAG-48	BAG-49	BAG-50	
BAG-27	0,00																								
BAG-28	0,80	0,00																							
BAG-29	0,60	0,80	0,00																						
BAG-30	0,80	1,00	0,60	0,00																					
BAG-31	0,60	0,40	0,60	0,80	0,00																				
BAG-32	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,00																			
BAG-33	0,60	0,80	0,60	0,60	0,60	0,60	0,00																		
BAG-34	0,80	0,80	0,60	0,80	0,60	0,60	0,80	0,00																	
BAG-35	0,60	1,00	0,80	0,80	0,80	0,80	0,60	0,20	0,00																
BAG-36	0,60	1,00	0,60	0,50	0,80	0,70	0,40	0,50	0,30	0,00															
BAG-37	0,60	0,60	0,60	0,60	0,40	0,40	0,80	0,40	0,60	0,50	0,00														
BAG-38	0,50	0,50	0,75	0,75	0,25	0,75	0,50	0,50	0,50	0,50	0,25	0,00													
BAG-39	0,50	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50	0,75	0,50	0,50	0,38	0,00	0,25	0,00												
BAG-40	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50	0,25	0,75	0,25	0,50	0,38	0,00	0,33	0,00	0,00											
BAG-41	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,25	0,50	0,33	0,00										
BAG-42	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,25	0,50	0,33	0,00	0,00									
BAG-43	0,60	0,80	0,80	0,80	0,60	0,80	0,40	0,40	0,20	0,40	0,60	0,25	0,50	0,50	0,25	0,25	0,00								
BAG-44	0,25	0,75	0,50	0,75	0,50	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50	0,25	0,25	0,25	0,33	0,50	0,50	0,50	0,00							
BAG-45	0,60	0,40	0,60	0,80	0,20	0,60	0,60	0,60	0,80	0,80	0,40	0,25	0,50	0,50	0,50	0,50	0,60	0,50	0,00						
BAG-46	0,60	0,60	0,60	0,60	0,40	0,40	0,80	0,60	0,80	0,70	0,20	0,50	0,25	0,25	0,75	0,75	0,80	0,50	0,20	0,00					
BAG-47	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,60	0,80	0,40	0,60	0,70	0,40	0,50	0,50	0,50	0,75	0,75	0,80	0,50	0,20	0,20	0,00				
BAG-48	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,60	0,80	0,40	0,60	0,70	0,40	0,50	0,50	0,50	0,75	0,75	0,80	0,50	0,20	0,20	0,00	0,00			
BAG-49	0,75	0,75	0,50	0,75	0,50	0,50	0,75	0,25	0,50	0,63	0,50	0,67	0,67	0,50	0,67	0,67	0,75	0,67	0,25	0,25	0,00	0,00	0,00		
BAG-50	0,50	0,50	0,50	0,75	0,25	0,50	0,75	0,50	0,75	0,75	0,25	0,33	0,33	0,33	0,67	0,67	0,75	0,33	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	
BAG-51	0,50	1,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
BAG-52	0,50	0,50	1,00	1,00	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,50	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
BAG-53	0,50	1,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
BAG-54	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
BAG-55	0,67	0,33	1,00	1,00	0,33	1,00	0,67	1,00	1,00	1,00	0,67	0,33	0,67	1,00	0,67	0,67	0,67	0,67	0,00	0,33	0,33	0,33	0,33	0,50	0,00
BAG-56	0,67	1,00	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,67	0,50	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33
BAG-57	0,50	1,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
BAG-58	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,33	0,33	0,83	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	1,00	0,67	0,67	0,33	0,33	0,33	0,00	0,50
BAG-59	0,67	1,00	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,33	0,33	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,33	0,33	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
BAG-60	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
BAG-61	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	1,00	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,50	0,50
BAG-62	0,50	0,50	0,50	0,75	0,25	0,50	0,75	0,50	0,75	0,75	0,25	0,33	0,33	0,33	0,67	0,67	0,75	0,33	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
BAG-63	1,00	0,75	0,75	1,00	0,75	0,75	1,00	0,50	0,75	1,00	0,75	1,00	0,67	1,00	1,00	0,75	1,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33
BAG-64	0,80	0,80	0,60	0,80	0,60	0,60	0,80	0,40	0,60	0,80	0,60	0,75	0,75	0,50	0,75	0,75	0,60	0,75	0,40	0,40	0,40	0,40	0,40	0,25	0,25
BAG-65	0,80	0,80	0,60	0,80	0,60	0,60	0,80	0,40	0,60	0,80	0,60	0,75	0,75	0,50	0,75	0,75	0,60	0,75	0,40	0,40	0,40	0,40	0,40	0,25	0,25
BAG-66	0,80	1,00	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,60	0,75	0,60	0,60	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50
BAG-67	0,75	1,00	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	0,67	0,75	0,75	0,50	0,75	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33
BAG-68	0,60	0,80	0,80	0,80	0,60	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,40	0,25	0,25	0,50	0,50	0,50	0,60	0,25	0,60	0,60	0,60	0,60	0,60	0,75	0,50
BAG-69	0,60	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,80	0,60	0,60	0,50	0,20	0,25	0,00	0,25	0,50	0,50	0,60	0,25	0,60	0,40	0,60	0,60	0,75	0,50	0,50
BAG-70	0,80	1,00	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,80	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75
BAG-72	0,75	1,00	0,50	0,50	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50	0,25	0,50	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,50	0,33	0,75	0,75	0,75	0,75	0,67	0,75	0,75
BAG-73	0,75	1,00	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,67	0,67	0,75	0,67	0,67	0,75	0,67	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,67
BAG-74	0,75	1,00	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,67	0,67	0,75	0,67	0,67	0,75	0,67	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,67

Continua...

Tabela 1A (cont.). Matriz de dissimilaridade entre 97 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado pelos dados moleculares.

Acessos	BAG-27	BAG-28	BAG-29	BAG-30	BAG-31	BAG-32	BAG-33	BAG-34	BAG-35	BAG-36	BAG-37	BAG-38	BAG-39	BAG-40	BAG-41	BAG-42	BAG-43	BAG-44	BAG-45	BAG-46	BAG-47	BAG-48	BAG-49	BAG-50
BAG-75	0,67	1,00	0,33	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,67	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67
BAG-76	0,80	1,00	0,80	0,80	0,80	0,60	0,80	0,60	0,60	0,70	0,80	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,80	0,75	0,80	0,80	0,60	0,60	0,50	0,75
BAG-77	0,75	1,00	0,50	0,50	0,75	0,75	0,50	0,50	0,50	0,38	0,75	0,75	0,75	0,67	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,33	0,67
BAG-78	1,00	0,50	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-79	1,00	0,80	1,00	1,00	0,80	0,80	1,00	0,80	0,80	0,90	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	0,80	0,80	0,75	1,00
BAG-80	0,80	1,00	0,80	0,80	0,60	0,60	0,80	0,60	0,60	0,70	0,80	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,80	0,75	0,80	0,80	0,60	0,60	0,50	0,75
BAG-81	0,60	0,80	0,80	0,80	0,60	0,80	0,80	0,60	0,60	0,70	0,60	0,50	0,50	0,75	0,75	0,75	0,80	0,50	0,60	0,60	0,40	0,40	0,50	0,50
BAG-82	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,80	0,40	0,80	0,80	0,60	0,80	0,50	0,75	0,75	0,50	0,50	0,60	0,75	0,60	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75
BAG-83	0,67	1,00	0,67	0,67	0,33	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,67	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67
BAG-84	0,50	1,00	0,50	0,50	0,50	0,00	0,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50
BAG-85	0,60	1,00	0,40	0,60	0,80	0,80	0,60	0,80	0,80	0,60	0,80	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,80	0,50	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75
BAG-86	0,40	1,00	0,40	0,60	0,80	0,80	0,60	0,80	0,80	0,60	0,80	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,80	0,50	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75
BAG-87	1,00	0,75	0,75	0,75	1,00	1,00	0,75	1,00	1,00	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-88	1,00	0,80	1,00	1,00	1,00	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-89	1,00	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-90	0,80	1,00	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60	0,60	0,60	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,60	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75
BAG-91	0,67	1,00	0,67	0,67	0,33	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,67	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67
BAG-92	0,60	0,80	0,80	0,80	0,40	0,80	0,80	0,60	0,60	0,70	0,60	0,50	0,50	0,75	0,75	0,75	0,80	0,50	0,60	0,60	0,40	0,40	0,50	0,50
BAG-93	0,80	1,00	0,80	0,80	0,60	0,60	0,80	0,60	0,60	0,70	0,80	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,80	0,75	0,80	0,80	0,60	0,60	0,50	0,75
BAG-94	0,88	0,63	1,00	1,00	0,88	0,63	0,75	0,75	0,75	0,88	0,88	0,88	0,88	1,00	0,88	0,88	1,00	0,88	0,88	0,88	0,63	0,63	0,67	0,83
BAG-95	1,00	0,80	0,80	0,80	0,80	1,00	0,80	1,00	1,00	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-96	0,80	1,00	0,60	0,60	0,60	0,80	0,60	0,80	0,80	0,60	0,80	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,80	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75
BAG-97	0,80	1,00	0,80	0,80	0,60	0,80	0,80	0,60	0,60	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,60	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75
BAG-98	0,80	1,00	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,60	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75
BAG-99	0,80	1,00	0,80	0,80	0,80	0,60	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,80	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75
BAG-100	0,80	1,00	0,80	0,80	0,80	0,80	0,80	0,60	0,60	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,60	0,75	0,80	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75

Continua...

Tabela 1A (Cont.). Matriz de dissimilaridade entre 97 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado pelos dados moleculares.

Acessos	BAG-51	BAG-52	BAG-53	BAG-54	BAG-55	BAG-56	BAG-57	BAG-58	BAG-59	BAG-60	BAG-61	BAG-62	BAG-63	BAG-64	BAG-65	BAG-66	BAG-67	BAG-68	BAG-69	BAG-70	BAG-72	BAG-73	BAG-74	BAG-75
BAG-51	0,00																							
BAG-52	0,00	0,00																						
BAG-53	0,00	0,00	0,00																					
BAG-54	0,00	0,00	0,00	0,00																				
BAG-55	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00																			
BAG-56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00																		
BAG-57	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00																	
BAG-58	0,00	0,50	0,00	0,00	0,67	0,00	0,00	0,00																
BAG-59	0,00	0,00	0,00	0,00	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00															
BAG-60	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00														
BAG-61	0,00	0,50	0,00	0,00	0,67	0,00	0,00	0,33	0,50	0,00	0,00													
BAG-62	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,33	0,00	0,50	0,00	0,00	0,50	0,00												
BAG-63	0,00	0,50	0,00	0,00	0,67	0,50	0,00	0,33	0,50	0,00	0,33	0,00	0,00											
BAG-64	0,00	0,50	0,00	0,00	0,67	0,33	0,00	0,33	0,33	0,00	0,00	0,25	0,00	0,00										
BAG-65	0,00	0,50	0,00	0,00	0,67	0,33	0,00	0,33	0,33	0,00	0,33	0,25	0,25	0,20	0,00									
BAG-66	0,00	0,50	0,00	0,00	0,67	0,00	0,00	0,33	0,33	0,00	0,33	0,50	0,50	0,40	0,40	0,00								
BAG-67	0,00	0,50	0,00	0,00	0,67	0,00	0,00	0,33	0,33	0,00	0,33	0,33	0,33	0,25	0,25	0,00	0,00							
BAG-68	0,50	0,50	0,50	1,00	0,67	0,67	0,50	1,00	0,67	1,00	1,00	0,50	1,00	0,80	0,80	0,60	0,50	0,00						
BAG-69	0,50	0,50	0,50	1,00	0,67	0,67	0,50	1,00	0,67	1,00	1,00	0,50	1,00	0,80	0,80	0,80	0,75	0,40	0,00					
BAG-70	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	1,00	0,67	1,00	1,00	0,75	1,00	0,80	0,80	0,60	0,50	0,60	0,60	0,00				
BAG-72	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,75	1,00	0,75	0,75	0,75	0,67	0,50	0,25	0,25	0,50	0,00		
BAG-73	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	1,00	0,67	1,00	1,00	0,67	1,00	0,75	0,75	0,50	0,33	0,25	0,75	0,50	0,67	0,00		
BAG-74	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	1,00	0,67	1,00	1,00	0,67	1,00	0,75	0,75	0,50	0,33	0,25	0,75	0,50	0,67	0,00	0,00	
BAG-75	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	1,00	0,67	0,67	0,67	0,50	0,33	0,67	0,67	0,67	0,00	0,00	0,00
BAG-76	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	0,67	0,33	1,00	1,00	0,75	1,00	0,80	0,80	0,80	0,75	0,60	0,80	0,80	0,75	0,50	0,50	0,33
BAG-77	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,50	0,50	0,67	0,33	1,00	1,00	0,67	1,00	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,33	0,67	0,67	0,50
BAG-78	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-79	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,80	0,80	0,75	1,00	1,00	1,00
BAG-80	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	0,67	0,33	1,00	1,00	0,75	1,00	0,80	0,80	0,80	0,75	0,80	0,60	0,60	0,50	0,75	0,75	0,67
BAG-81	0,50	0,50	0,50	1,00	0,67	0,67	0,50	0,67	0,33	1,00	1,00	0,50	1,00	0,80	0,80	0,80	0,75	0,40	0,60	0,60	0,75	0,50	0,50	0,33
BAG-82	0,50	1,00	0,50	1,00	0,67	0,67	0,50	1,00	0,67	1,00	1,00	0,75	1,00	0,80	0,80	0,80	0,75	0,60	0,80	0,60	0,50	0,50	0,50	0,33
BAG-83	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	1,00	0,67	0,67	0,67	0,50	0,33	0,67	0,67	0,33	0,33	0,33	0,33
BAG-84	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,50	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,50	1,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50
BAG-85	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	1,00	0,67	1,00	1,00	0,75	1,00	0,80	0,80	0,80	0,75	0,60	0,80	0,80	0,50	0,50	0,50	0,33
BAG-86	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	1,00	0,67	1,00	1,00	0,75	1,00	0,80	0,80	0,80	0,75	0,60	0,80	0,80	0,50	0,50	0,50	0,33
BAG-87	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	1,00	1,00	0,75	0,67	0,67	0,67
BAG-88	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	1,00	1,00	0,67	1,00	0,75	0,80	0,80	0,80	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-89	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	1,00	1,00	0,50	1,00	0,67	0,75	0,75	0,75	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-90	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	0,67	0,67	1,00	0,67	0,75	0,75	0,60	0,60	0,60	0,50	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,67
BAG-91	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	1,00	0,67	0,67	0,67	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67
BAG-92	0,50	0,50	0,50	1,00	0,67	0,67	0,50	0,67	0,33	1,00	1,00	0,50	1,00	0,80	0,80	0,80	0,75	0,60	0,60	0,80	0,75	0,75	0,75	0,67
BAG-93	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	0,67	0,33	1,00	1,00	0,75	1,00	0,80	0,80	0,80	0,75	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,67
BAG-94	1,00	0,75	1,00	1,00	0,83	1,00	1,00	0,67	0,67	1,00	1,00	0,83	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,88	0,88	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
BAG-95	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,80	0,80	0,50	1,00	1,00	1,00
BAG-96	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	1,00	0,67	1,00	1,00	0,75	1,00	0,80	0,80	0,80	0,75	0,80	0,60	0,60	0,25	0,75	0,75	0,67
BAG-97	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	0,67	0,67	1,00	0,67	0,75	0,75	0,60	0,60	0,60	0,50	0,80	0,60	0,60	0,50	0,75	0,75	0,67
BAG-98	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	0,67	0,67	1,00	0,67	0,75	0,75	0,60	0,60	0,60	0,50	0,80	0,60	0,60	0,50	0,75	0,75	0,67
BAG-99	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,33	0,50	1,00	0,67	1,00	1,00	0,75	1,00	0,80	0,80	0,80	0,75	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,67
BAG-100	0,50	1,00	0,50	1,00	1,00	0,33	0,50	0,67	0,67	1,00	0,67	0,75	0,75	0,60	0,60	0,40	0,50	0,80	0,80	0,80	0,75	0,75	0,75	0,67

Continua...

Tabela 1A (Cont.). Matriz de dissimilaridade entre 97 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado pelos dados moleculares.

Acessos	BAG-76	BAG-77	BAG-78	BAG-79	BAG-80	BAG-81	BAG-82	BAG-83	BAG-84	BAG-85	BAG-86	BAG-87	BAG-88	BAG-89	BAG-90	BAG-91	BAG-92	BAG-93	BAG-94	BAG-95	BAG-96	BAG-97	BAG-98	BAG-99	BAG-100		
BAG-76	0,00																										
BAG-77	0,50	0,00																									
BAG-78	1,00	0,50	0,00																								
BAG-79	0,60	0,75	0,50	0,00																							
BAG-80	0,40	0,50	1,00	0,20	0,00																						
BAG-81	0,40	0,50	1,00	0,80	0,60	0,00																					
BAG-82	0,60	0,50	1,00	1,00	0,80	0,40	0,00																				
BAG-83	0,33	0,50	1,00	0,67	0,33	0,33	0,33	0,00																			
BAG-84	0,50	0,50	1,00	1,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,00																		
BAG-85	0,60	0,25	0,50	1,00	0,80	0,60	0,40	0,33	0,50	0,00																	
BAG-86	0,60	0,50	1,00	1,00	0,80	0,60	0,40	0,33	0,50	0,20	0,00																
BAG-87	0,75	0,33	0,00	0,75	1,00	0,75	0,50	0,67	1,00	0,25	0,50	0,00															
BAG-88	1,00	1,00	0,50	0,80	1,00	1,00	1,00	1,00	0,50	1,00	1,00	0,75	0,00														
BAG-89	1,00	1,00	0,00	0,75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	0,25	0,00													
BAG-90	0,80	0,75	1,00	1,00	0,80	0,80	0,80	0,67	0,00	0,80	0,80	1,00	0,40	0,25	0,00												
BAG-91	0,67	0,50	1,00	0,67	0,33	0,67	0,67	0,33	0,50	0,67	0,67	1,00	1,00	1,00	0,67	0,00											
BAG-92	0,60	0,50	1,00	0,60	0,40	0,40	0,80	0,33	0,50	0,80	0,80	1,00	0,90	0,88	0,70	0,17	0,00										
BAG-93	0,40	0,50	1,00	0,40	0,20	0,60	0,80	0,33	0,50	0,80	0,80	1,00	1,00	1,00	0,80	0,00	0,30	0,00									
BAG-94	0,63	0,75	0,50	0,38	0,63	0,63	1,00	1,00	0,50	1,00	1,00	0,67	0,50	0,67	0,75	1,00	0,63	0,63	0,00								
BAG-95	1,00	0,75	0,50	0,40	0,60	1,00	0,80	0,67	1,00	0,80	0,80	0,50	0,80	0,75	1,00	0,67	0,80	0,80	0,75	0,00							
BAG-96	0,80	0,50	1,00	0,60	0,40	0,80	0,60	0,33	0,50	0,60	0,60	0,75	1,00	1,00	0,80	0,33	0,60	0,60	1,00	0,20	0,00						
BAG-97	0,80	0,75	1,00	0,60	0,40	0,80	0,80	0,33	0,50	0,80	0,80	1,00	0,80	0,75	0,60	0,33	0,60	0,60	1,00	0,40	0,20	0,00					
BAG-98	0,80	0,50	0,50	0,80	0,60	0,80	0,80	0,67	0,50	0,60	0,80	0,75	0,80	0,75	0,60	0,67	0,80	0,80	1,00	0,60	0,40	0,20	0,00				
BAG-99	0,60	0,50	0,50	0,80	0,60	0,80	0,80	0,67	0,50	0,60	0,80	0,75	1,00	1,00	0,80	0,67	0,80	0,60	0,88	0,80	0,60	0,60	0,40	0,20	0,00		
BAG-100	0,80	0,50	0,50	1,00	0,80	0,80	0,80	0,67	0,50	0,60	0,80	0,75	0,80	0,75	0,60	0,67	0,80	0,80	1,00	0,80	0,60	0,40	0,20	0,20	0,00		

Tabela 2A. Matriz de dissimilaridade entre 93 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado pelos dados morfológicos.

Acessos	BAG-1	BAG-2	BAG-3	BAG-4	BAG-5	BAG-6	BAG-7	BAG-8	BAG-9	BAG-10	BAG-11	BAG-12	BAG-13	BAG-14	BAG-15	BAG-16	BAG-17	BAG-18	BAG-19	BAG-20	BAG-21	BAG-22	BAG-23	BAG-24	BAG-25	BAG-26	BAG-27	BAG-28	BAG-29	BAG-30	BAG-31	BAG-32						
BAG-1	0,00																																					
BAG-2	0,00	0,00																																				
BAG-3	0,33	0,33	0,00																																			
BAG-4	0,00	0,00	0,50	0,00																																		
BAG-5	0,17	0,00	0,33	0,00	0,00																																	
BAG-6	0,67	0,67	0,33	0,50	0,50	0,00																																
BAG-7	0,67	0,67	0,33	0,50	0,50	0,17	0,00																															
BAG-8	0,50	0,33	0,67	0,00	0,33	0,33	0,33	0,00																														
BAG-9	0,50	0,33	0,67	0,00	0,33	0,33	0,33	0,00	0,00																													
BAG-10	0,33	0,33	0,00	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,67	0,00																												
BAG-11	0,67	0,67	0,33	0,50	0,67	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,00																											
BAG-12	0,20	0,33	0,67	0,00	0,40	0,60	0,60	0,40	0,40	0,67	0,60	0,00																										
BAG-13	0,20	0,33	0,67	0,00	0,40	0,60	0,60	0,40	0,40	0,67	0,60	0,00	0,00																									
BAG-14	0,17	0,33	0,67	0,00	0,33	0,50	0,50	0,33	0,33	0,67	0,50	0,00	0,00	0,00																								
BAG-15	0,17	0,33	0,67	0,00	0,33	0,50	0,50	0,33	0,33	0,67	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00																							
BAG-16	0,17	0,33	0,67	0,00	0,33	0,50	0,50	0,33	0,33	0,67	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00																						
BAG-17	0,67	0,67	0,33	1,00	0,50	0,50	0,50	0,67	0,67	0,33	0,67	1,00	1,00	0,83	0,83	0,83	0,00																					
BAG-18	0,17	0,33	0,67	0,00	0,33	0,50	0,50	0,33	0,33	0,67	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,83	0,00																				
BAG-19	0,33	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,50	0,17	0,17	0,67	0,33	0,20	0,20	0,17	0,17	0,17	0,83	0,17	0,00																			
BAG-20	0,50	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,83	0,33	0,33	0,00																		
BAG-21	0,50	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,50	0,17	0,17	0,67	0,17	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,83	0,33	0,17	0,17	0,00																	
BAG-22	0,50	0,33	0,00	0,50	0,33	0,33	0,33	0,50	0,50	0,00	0,50	0,80	0,80	0,67	0,67	0,67	0,17	0,67	0,67	0,67	0,67	0,00																
BAG-23	0,17	0,00	0,33	0,00	0,17	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,00															
BAG-24	0,67	0,67	0,33	0,50	0,50	0,00	0,17	0,33	0,33	0,33	0,33	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,67	0,00													
BAG-25	0,33	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,50	0,17	0,17	0,67	0,33	0,20	0,20	0,17	0,17	0,17	0,83	0,17	0,00	0,33	0,17	0,67	0,50	0,50	0,00													
BAG-26	0,17	0,33	0,67	0,00	0,33	0,50	0,50	0,33	0,33	0,67	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,83	0,00	0,17	0,33	0,33	0,67	0,33	0,50	0,17	0,00												
BAG-27	0,33	0,67	0,33	0,50	0,50	0,33	0,33	0,50	0,50	0,33	0,33	0,20	0,20	0,17	0,17	0,17	0,67	0,17	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,33	0,67	0,00											
BAG-28	0,17	0,33	0,67	0,00	0,33	0,50	0,50	0,33	0,33	0,67	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,83	0,00	0,17	0,33	0,33	0,67	0,33	0,50	0,33	0,67	0,00	0,17										
BAG-29	0,17	0,00	0,33	0,00	0,17	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,00	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,50	0,33	0,00							
BAG-30	0,17	0,33	0,00	0,50	0,33	0,50	0,50	0,67	0,67	0,00	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,50	0,33	0,50	0,67	0,67	0,33	0,33	0,50	0,50	0,33	0,17	0,33	0,33	0,33	0,00							
BAG-31	0,50	0,67	0,33	0,50	0,67	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,17	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,17	0,50	0,33	0,50	0,67	0,33	0,50	0,67	0,33	0,17	0,33	0,33	0,67	0,33	0,00					
BAG-32	0,33	0,33	0,00	0,50	0,33	0,50	0,50	0,67	0,67	0,00	0,33	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,50	0,33	0,17	0,50	0,67	0,50	0,33	0,50	0,17	0,17	0,50	0,00					
BAG-33	0,17	0,00	0,33	0,00	0,33	0,67	0,67	0,33	0,33	0,33	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,17	0,50	0,33	0,50	0,33	0,50	0,33	0,67	0,17	0,33	0,50	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,50			
BAG-34	0,50	0,33	0,00	0,50	0,33	0,33	0,33	0,50	0,50	0,00	0,50	0,80	0,80	0,67	0,67	0,67	0,17	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,00	0,50	0,33	0,67	0,67	0,50	0,67	0,50	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,50	0,33	
BAG-35	0,17	0,00	0,33	0,00	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,50	0,33	0,50	0,50	0,50	0,33	0,17	0,50	0,50	0,33	0,50	0,33	0,50	0,33	0,17	0,33	0,33	0,67	0,33	0,67		
BAG-36	0,33	0,33	0,00	0,50	0,17	0,33	0,33	0,50	0,50	0,00	0,50	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,33	0,50	0,67	0,67	0,67	0,17	0,33	0,33	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,50	0,33	0,17	0,50	0,00				
BAG-38	0,50	0,33	0,00	0,50	0,33	0,33	0,33	0,50	0,50	0,00	0,50	0,80	0,80	0,67	0,67	0,67	0,17	0,67	0,67	0,67	0,67	0,00	0,50	0,33	0,67	0,67	0,50	0,67	0,50	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,50	0,33		
BAG-39	0,17	0,00	0,33	0,00	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,50	0,33	0,50	0,50	0,50	0,33	0,17	0,50	0,50	0,33	0,50	0,33	0,17	0,33	0,33	0,00						
BAG-40	0,33	0,33	0,00	0,50	0,33	0,50	0,50	0,67	0,67	0,00	0,33	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,33	0,17	0,50	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,50	0,17	0,17	0,50	0,00				
BAG-41	0,33	0,33	0,00	0,50	0,17	0,33	0,33	0,50	0,50	0,00	0,50	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,33	0,50	0,67	0,67	0,67	0,17	0,33	0,33	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,50	0,33	0,17	0,50	0,17	0,50	0,17		
BAG-42	0,17	0,33	0,00	0,50	0,33	0,50	0,50	0,67	0,67	0,00	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,50	0,33	0,50	0,67	0,67	0,33	0,33	0,50	0,50	0,33	0,17	0,33	0,33	0,00								
BAG-43	0,67	0,67	0,33	0,50	0,50	0,00	0,17	0,33	0,33	0,33	0,33	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,67	0,00	0,50	0,33	0,50	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,50	0,33	0,50		
BAG-44	0,17	0,00	0,33	0,00	0,17	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,00	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,00									
BAG-45	0,50	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,50	0,17	0,17	0,67	0,17	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,83	0,33	0,17	0,17	0,00	0,67	0,33	0,50	0,17	0,33	0,50	0,33	0,33	0,67	0,33	0,67	0,33	0,50	0,33			

Continua...

Tabela 2A (Cont.). Matriz de dissimilaridade entre 93 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado pelos dados morfológicos.

Acessos	BAG-1	BAG-2	BAG-3	BAG-4	BAG-5	BAG-6	BAG-7	BAG-8	BAG-9	BAG-10	BAG-11	BAG-12	BAG-13	BAG-14	BAG-15	BAG-16	BAG-17	BAG-18	BAG-19	BAG-20	BAG-21	BAG-22	BAG-23	BAG-24	BAG-25	BAG-26	BAG-27	BAG-28	BAG-29	BAG-30	BAG-31	BAG-32			
BAG-46	0,67	0,67	0,33	0,50	0,67	0,17	0,33	0,50	0,50	0,33	0,17	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,33	0,33	0,50	0,50	0,17	0,50	0,50	0,33	0,50	0,50	0,50	0,33	0,33			
BAG-47	0,33	0,33	0,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,67	0,00	0,50	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,33	0,50	0,50	0,67	0,67	0,17	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,50	0,50	0,17	0,33	0,33			
BAG-48	0,50	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,83	0,33	0,33	0,00	0,17	0,67	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,33	0,33	0,67	0,50	0,50			
BAG-49	0,33	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,50	0,20	0,20	0,17	0,17	0,17	0,83	0,17	0,17	0,17	0,33	0,67	0,50	0,50	0,17	0,17	0,33	0,17	0,50	0,50	0,33	0,67			
BAG-50	0,33	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,50	0,20	0,20	0,17	0,17	0,17	0,83	0,17	0,17	0,17	0,33	0,67	0,50	0,50	0,17	0,17	0,33	0,17	0,50	0,50	0,33	0,67			
BAG-51	0,33	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,50	0,20	0,20	0,17	0,17	0,17	0,83	0,17	0,17	0,17	0,33	0,67	0,50	0,50	0,17	0,17	0,33	0,17	0,50	0,50	0,33	0,67			
BAG-52	0,50	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,83	0,33	0,33	0,00	0,17	0,67	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,33	0,33	0,67	0,50	0,50			
BAG-53	0,50	0,67	0,67	0,50	0,67	0,50	0,33	0,50	0,50	0,67	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,83	0,33	0,33	0,33	0,50	0,67	0,67	0,50	0,33	0,33	0,33	0,33	0,67	0,50	0,33	0,67			
BAG-57	0,33	0,00	0,33	0,00	0,17	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,17	0,33	0,33	0,50	0,50	0,50	0,67	0,50	0,33	0,50	0,67	0,50		
BAG-58	0,17	0,00	0,33	0,00	0,33	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,67	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,50	0,33	0,33	0,67	0,33	0,33	0,50	0,33	0,33	0,33	0,50	0,67	0,50		
BAG-59	0,50	0,33	0,67	0,00	0,33	0,33	0,33	0,00	0,00	0,67	0,33	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,17	0,33	0,17	0,50	0,50	0,33	0,17	0,33	0,50	0,33	0,50	0,67	0,33	0,67			
BAG-60	0,17	0,00	0,33	0,00	0,33	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,67	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,50	0,33	0,33	0,33	0,50	0,50	0,33	0,33	0,67	0,33	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,67	0,50		
BAG-61	0,50	0,33	0,67	0,00	0,33	0,33	0,33	0,00	0,00	0,67	0,33	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,17	0,33	0,17	0,50	0,50	0,33	0,67	0,33	0,33	0,50	0,33	0,50	0,67	0,33	0,67		
BAG-63	0,33	0,00	0,33	0,00	0,33	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,50	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,33	0,33	0,50	0,17	0,67	0,50	0,50	0,67	0,50	0,17	0,50	0,67	0,33			
BAG-64	0,17	0,00	0,33	0,00	0,33	0,67	0,50	0,50	0,33	0,67	0,40	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,33	0,33	0,50	0,50	0,33	0,67	0,33	0,33	0,50	0,33	0,33	0,33	0,50	0,67	0,50		
BAG-65	0,17	0,00	0,33	0,00	0,33	0,67	0,67	0,33	0,33	0,33	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,17	0,50	0,33	0,50	0,33	0,67	0,17	0,33	0,50	0,33	0,33	0,33	0,33	0,50	0,67	0,50	
BAG-66	0,17	0,00	0,33	0,00	0,33	0,67	0,67	0,33	0,33	0,33	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,17	0,50	0,33	0,50	0,33	0,67	0,17	0,33	0,50	0,33	0,33	0,33	0,33	0,50	0,67	0,50	
BAG-67	0,50	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,83	0,33	0,33	0,00	0,17	0,67	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,33	0,33	0,67	0,50	0,67	0,50		
BAG-68	0,33	0,33	0,67	0,00	0,50	0,50	0,50	0,17	0,17	0,67	0,33	0,20	0,20	0,17	0,17	0,17	0,83	0,17	0,00	0,33	0,17	0,67	0,50	0,50	0,00	0,17	0,33	0,17	0,50	0,50	0,17	0,67	0,50		
BAG-69	0,17	0,00	0,33	0,00	0,17	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,00	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,00	0,33	0,67	0,17	0,67		
BAG-72	0,17	0,00	0,33	0,00	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,50	0,33	0,50	0,50	0,50	0,33	0,17	0,50	0,50	0,33	0,50	0,33	0,17	0,33	0,67	0,33	0,67	0,33	
BAG-73	0,17	0,00	0,33	0,00	0,17	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,00	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,00	0,33	0,67	0,33	0,67	0,33	
BAG-74	0,17	0,00	0,33	0,00	0,17	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,00	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,00	0,33	0,67	0,17	0,67	0,33	
BAG-75	0,00	0,00	0,33	0,00	0,17	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,67	0,20	0,20	0,17	0,17	0,17	0,67	0,17	0,33	0,50	0,50	0,50	0,17	0,67	0,33	0,17	0,33	0,17	0,17	0,17	0,17	0,50	0,33	0,67	
BAG-76	0,00	0,00	0,33	0,00	0,17	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,67	0,20	0,20	0,17	0,17	0,17	0,67	0,17	0,33	0,50	0,50	0,50	0,17	0,67	0,33	0,17	0,33	0,17	0,17	0,17	0,17	0,50	0,33	0,67	
BAG-77	0,17	0,00	0,33	0,00	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,50	0,33	0,50	0,50	0,50	0,33	0,17	0,50	0,50	0,33	0,50	0,33	0,17	0,33	0,67	0,33	0,67	0,33	
BAG-78	0,17	0,00	0,33	0,00	0,00	0,50	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,50	0,33	0,50	0,50	0,50	0,33	0,17	0,50	0,50	0,33	0,50	0,33	0,17	0,33	0,67	0,33	0,67	0,33	
BAG-79	0,33	0,33	0,67	0,50	0,17	0,67	0,67	0,50	0,50	0,67	0,83	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,33	0,50	0,67	0,67	0,67	0,50	0,33	0,67	0,50	0,67	0,50	0,67	0,50	0,33	0,50	0,83	0,83	0,50	
BAG-80	0,00	0,00	0,33	0,00	0,17	0,67	0,67	0,50	0,50	0,33	0,67	0,20	0,20	0,17	0,17	0,17	0,67	0,17	0,33	0,50	0,50	0,50	0,17	0,67	0,33	0,17	0,33	0,17	0,17	0,17	0,17	0,50	0,33	0,67	
BAG-81	0,17	0,33	0,00	0,50	0,33	0,50	0,50	0,67	0,67	0,00	0,50	0,40	0,40	0,33	0,33	0,33	0,50	0,33	0,50	0,67	0,67	0,33	0,33	0,50	0,50	0,33	0,17	0,33	0,33	0,00	0,33	0,67	0,33	0,67	
BAG-82	0,67	0,67	1,00	0,50	0,67	0,83	0,83	0,67	0,67	1,00	0,67	0,40	0,40	0,50	0,50	0,50	0,83	0,50	0,67	0,50	0,50	1,00	0,50	0,83	0,67	0,50	0,67	0,50	0,83	0,83	0,83	0,83	0,83	0,67	
BAG-83	0,50	0,33	0,67	0,50	0,50	1,00	1,00	0,83	0,83	0,67	0,83	0,60	0,60	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,83	0,67	0,67	0,83	0,33	1,00	0,83	0,67	0,83	0,67	0,83	0,67	1,00	0,50	0,50	0,50	
BAG-84	0,50	0,33	0,00	0,50	0,67	0,67	0,67	0,83	0,83	0,00	0,67	0,60	0,60	0,67	0,67	0,67	0,50	0,67	0,67	0,83	0,83	0,33	0,67	0,67	0,67	0,67	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67
BAG-85	0,33	0,33	0,67	0,00	0,50	0,67	0,67	0,50	0,50	0,67	0,67	0,00	0,00	0,17	0,17	0,17	1,00	0,17	0,33	0,50	0,50	0,83	0,50	0,67	0,33	0,17	0,33	0,17	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,67	
BAG-86	0,17	0,00	0,33	0,00	0,33	0,83	0,83	0,67	0,67	0,33	0,83	0,20	0,20	0,33	0,33	0,33	0,83	0,33	0,50	0,67	0,67	0,67	0,33	0,83	0,50	0,33	0,50	0,33	0,33	0,33	0,33	0,67	0,50	0,67	
BAG-87	0,33	0,67	1,00	0,50	0,50	0,67	0,67	0,50	0,50	1,00	0,67	0,20	0,20	0,17	0,17	0,17	0,83	0,17	0,33	0,50	0,50	0,83	0,50	0,67	0,33	0,17	0,33	0,17	0,50	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	
BAG-88	0,50	0,33	0,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,67	0,00	0,33	0,80	0,80	0,67	0,67	0,67	0,33	0,67	0,67	0,50	0,50	0,17	0,33	0,50	0,67	0,67	0,50	0,67	0,33	0,33	0,50	0,50	0,67	0,67	
BAG-89	0,50	0,33	0,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,67	0,00	0,33	0,80	0,80	0,67	0,67	0,67	0,33	0,67	0,67	0,50	0,50	0,17	0,33	0,50	0,67	0,67	0,50	0,67	0,33	0,33	0,50	0,50	0,67	0,67	
BAG-90	0,50																																		

Tabela 2A (Cont.). Matriz de dissimilaridade entre 93 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado pelos dados morfológicos.

Acessos	BAG-1	BAG-2	BAG-3	BAG-4	BAG-5	BAG-6	BAG-7	BAG-8	BAG-9	BAG-10	BAG-11	BAG-12	BAG-13	BAG-14	BAG-15	BAG-16	BAG-17	BAG-18	BAG-19	BAG-20	BAG-21	BAG-22	BAG-23	BAG-24	BAG-25	BAG-26	BAG-27	BAG-28	BAG-29	BAG-30	BAG-31	BAG-32
BAG-96	0,33	0,33	0,00	0,50	0,17	0,33	0,33	0,50	0,50	0,00	0,50	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,33	0,50	0,67	0,67	0,67	0,17	0,33	0,33	0,67	0,50	0,33	0,50	0,33	0,17	0,50	0,17
BAG-97	0,67	0,67	0,33	0,50	0,67	0,00	0,00	0,33	0,33	0,33	0,00	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,67	0,00	0,33	0,33	0,00	0,33	0,67	0,33	0,00	0,33
BAG-98	0,67	0,67	0,33	0,50	0,67	0,00	0,00	0,33	0,33	0,33	0,00	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,67	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,67	0,00	0,33	0,33	0,00	0,33	0,67	0,33	0,00	0,33
BAG-99	0,25	0,33	0,00	0,50	0,25	0,50	0,50	0,75	0,75	0,00	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,75	0,75	0,75	0,25	0,25	0,50	0,75	0,50	0,25	0,50	0,25	0,00	0,50	0,00
BAG-100	0,67	0,67	0,33	0,50	0,50	0,17	0,17	0,17	0,17	0,33	0,17	0,60	0,60	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,50	0,33	0,33	0,67	0,17	0,33	0,50	0,33	0,50	0,67	0,50	0,17	0,50

Continua...

Tabela 2A (Cont.). Matriz de dissimilaridade entre 93 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado pelos dados morfológicos.

Acessos	BAG-33	BAG-34	BAG-35	BAG-36	BAG-38	BAG-39	BAG-40	BAG-41	BAG-42	BAG-43	BAG-44	BAG-45	BAG-46	BAG-47	BAG-48	BAG-49	BAG-50	BAG-51	BAG-52	BAG-53	BAG-57	BAG-58	BAG-59	BAG-60	BAG-61	BAG-63	BAG-64	BAG-65	BAG-66	BAG-67	BAG-68
BAG-84	0,50	0,33	0,67	0,50	0,33	0,67	0,50	0,50	0,33	0,67	0,67	0,83	0,67	0,17	0,83	0,67	0,67	0,67	0,83	0,67	0,50	0,33	0,83	0,33	0,83	0,67	0,50	0,50	0,50	0,83	0,67
BAG-85	0,50	0,83	0,50	0,67	0,83	0,50	0,67	0,67	0,50	0,67	0,50	0,50	0,67	0,67	0,50	0,33	0,33	0,33	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33
BAG-86	0,33	0,67	0,33	0,50	0,67	0,33	0,50	0,50	0,33	0,83	0,33	0,67	0,83	0,50	0,67	0,50	0,50	0,50	0,67	0,67	0,50	0,33	0,67	0,33	0,67	0,50	0,33	0,33	0,33	0,67	0,50
BAG-87	0,50	0,83	0,50	0,67	0,83	0,50	0,67	0,67	0,50	0,67	0,50	0,50	0,67	0,67	0,50	0,33	0,33	0,33	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33
BAG-88	0,50	0,17	0,50	0,33	0,17	0,50	0,17	0,33	0,33	0,50	0,33	0,50	0,33	0,17	0,50	0,67	0,67	0,67	0,50	0,67	0,33	0,33	0,67	0,33	0,67	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67
BAG-89	0,50	0,17	0,50	0,33	0,17	0,50	0,17	0,33	0,33	0,50	0,33	0,50	0,33	0,17	0,50	0,67	0,67	0,67	0,50	0,67	0,33	0,33	0,67	0,33	0,67	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67
BAG-90	0,50	0,00	0,33	0,17	0,00	0,33	0,33	0,17	0,33	0,33	0,50	0,67	0,50	0,17	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,17	0,33	0,50	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67
BAG-91	0,67	0,33	0,33	0,17	0,33	0,33	0,33	0,17	0,33	0,17	0,50	0,50	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,33	0,67	0,33	0,67	0,67	0,67	0,67	0,50	0,50
BAG-92	0,75	0,50	0,50	0,25	0,50	0,50	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,50	0,25	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,75	0,75	0,50	0,75	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50
BAG-93	0,75	0,50	0,50	0,25	0,50	0,50	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,50	0,25	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,75	0,75	0,50	0,75	0,50	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50
BAG-94	0,50	0,25	0,25	0,00	0,25	0,25	0,00	0,00	0,00	0,50	0,25	0,75	0,50	0,25	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,75	0,50	0,75	0,50	0,50	0,50	0,50	0,75	0,75
BAG-95	0,50	0,25	0,50	0,25	0,25	0,50	0,25	0,25	0,25	0,50	0,50	0,75	0,50	0,25	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,75	0,50	0,75	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,75
BAG-96	0,50	0,17	0,17	0,00	0,17	0,17	0,17	0,00	0,17	0,33	0,33	0,67	0,50	0,33	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,67
BAG-97	0,67	0,33	0,67	0,33	0,33	0,67	0,33	0,33	0,33	0,00	0,67	0,33	0,00	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,67	0,67	0,33	0,67	0,33	0,67	0,67	0,67	0,67	0,33	0,33
BAG-98	0,67	0,33	0,67	0,33	0,33	0,67	0,33	0,33	0,33	0,00	0,67	0,33	0,00	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,67	0,67	0,33	0,67	0,33	0,67	0,67	0,67	0,67	0,33	0,33
BAG-99	0,50	0,25	0,25	0,00	0,25	0,25	0,00	0,00	0,00	0,50	0,25	0,75	0,50	0,25	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,75	0,50	0,50	0,75	0,50	0,75	0,50	0,50	0,50	0,50	0,75	0,75
BAG-100	0,50	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,50	0,33	0,50	0,17	0,67	0,33	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,17	0,67	0,17	0,67	0,67	0,50	0,50	0,50	0,33

Continua...

Tabela 2A (Cont.). Matriz de dissimilaridade entre 93 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado pelos dados morfológicos.

Acessos	BAG-69	BAG-72	BAG-73	BAG-74	BAG-75	BAG-76	BAG-77	BAG-78	BAG-79	BAG-80	BAG-81	BAG-82	BAG-83	BAG-84	BAG-85	BAG-86	BAG-87	BAG-88	BAG-89	BAG-90	BAG-91	BAG-92	BAG-93	BAG-94	BAG-95	BAG-96	BAG-97	BAG-98	BAG-99	BAG-100
BAG-69	0,00																													
BAG-72	0,17	0,00																												
BAG-73	0,00	0,17	0,00																											
BAG-74	0,00	0,17	0,00	0,00																										
BAG-75	0,17	0,17	0,17	0,17	0,00																									
BAG-76	0,17	0,17	0,17	0,17	0,00	0,00																								
BAG-77	0,17	0,00	0,17	0,17	0,17	0,17	0,00																							
BAG-78	0,17	0,00	0,17	0,17	0,17	0,17	0,00	0,00																						
BAG-79	0,33	0,17	0,33	0,33	0,33	0,33	0,17	0,17	0,00																					
BAG-80	0,17	0,17	0,17	0,17	0,00	0,00	0,17	0,17	0,33	0,00																				
BAG-81	0,33	0,33	0,33	0,33	0,17	0,17	0,33	0,33	0,50	0,17	0,00																			
BAG-82	0,50	0,67	0,50	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,50	0,67	0,83	0,00																		
BAG-83	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,50	0,67	0,33	0,00																	
BAG-84	0,67	0,67	0,67	0,67	0,50	0,50	0,67	0,67	0,83	0,50	0,33	1,00	0,67	0,00																
BAG-85	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,33	0,50	0,50	0,67	0,33	0,50	0,33	0,67	0,67	0,00															
BAG-86	0,33	0,33	0,33	0,33	0,17	0,17	0,33	0,33	0,50	0,17	0,33	0,50	0,50	0,50	0,17	0,00														
BAG-87	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,33	0,50	0,50	0,50	0,33	0,50	0,50	0,67	0,83	0,33	0,50	0,00													
BAG-88	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,50	0,33	0,83	0,67	0,33	0,83	0,67	0,83	0,00												
BAG-89	0,33	0,50	0,33	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,67	0,50	0,33	0,83	0,67	0,33	0,83	0,67	0,83	0,00	0,00											
BAG-90	0,50	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,33	0,50	0,50	0,33	1,00	0,83	0,33	0,83	0,67	0,83	0,17	0,17	0,00										
BAG-91	0,50	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,33	0,33	0,50	0,50	0,33	0,67	0,83	0,67	0,50	0,67	0,50	0,50	0,33	0,00										
BAG-92	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,75	0,50	0,25	0,50	0,75	0,50	0,25	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,00	0,00								
BAG-93	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,75	0,50	0,25	0,50	0,75	0,50	0,25	0,50	0,50	0,50	0,50	0,00	0,00	0,00								
BAG-94	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,50	0,25	0,00	0,75	0,50	0,25	0,50	0,25	0,75	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,00							
BAG-95	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50	0,75	0,50	0,25	1,00	0,75	0,25	0,75	0,50	1,00	0,25	0,25	0,25	0,50	0,50	0,25	0,00						
BAG-96	0,33	0,17	0,33	0,33	0,33	0,33	0,17	0,17	0,33	0,33	0,17	0,83	0,67	0,50	0,67	0,50	0,67	0,33	0,33	0,17	0,25	0,25	0,00	0,25	0,00					
BAG-97	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	1,00	0,67	0,33	0,67	1,00	0,33	0,33	0,67	0,67	0,33	0,33	0,33	0,00	0,00	0,00	0,33	0,33	0,00				
BAG-98	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	1,00	0,67	0,33	0,67	1,00	0,33	0,33	0,67	0,67	0,33	0,33	0,33	0,00	0,00	0,00	0,33	0,33	0,33	0,00	0,00		
BAG-99	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,50	0,25	0,00	0,75	0,50	0,25	0,50	0,25	0,75	0,25	0,25	0,25	0,25	0,25	0,00	0,25	0,00	0,33	0,33	0,00		
BAG-100	0,67	0,50	0,67	0,67	0,67	0,67	0,50	0,50	0,67	0,67	0,50	0,83	1,00	0,67	0,67	0,83	0,67	0,50	0,50	0,33	0,17	0,25	0,25	0,50	0,50	0,33	0,00	0,00	0,50	0,00

Tabela 3A. Matriz de dissimilaridade entre 71 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado a partir dos dados de coeficiente de parentesco

Acessos	BAG-1	BAG-2	BAG-3	BAG-4	BAG-5	BAG-6	BAG-7	BAG-8	BAG-9	BAG-10	BAG-11	BAG-12	BAG-13	BAG-14	BAG-15	BAG-16	BAG-17	BAG-18	BAG-21	BAG-22	BAG-23	BAG-25	BAG-26	BAG-27	BAG-29	BAG-31	BAG-32	
BAG-1	0,000																											
BAG-2	1,000	0,000																										
BAG-3	0,750	1,000	0,000																									
BAG-4	1,000	1,000	1,000	0,000																								
BAG-5	1,000	1,000	1,000	0,750	0,000																							
BAG-6	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000																						
BAG-7	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,000																					
BAG-8	1,000	0,750	0,750	1,000	1,000	0,750	1,000	0,000																				
BAG-9	1,000	0,750	0,750	1,000	1,000	0,750	1,000	0,500	0,000																			
BAG-10	1,000	0,750	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	0,000																		
BAG-11	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	0,750	0,750	1,000	0,000																	
BAG-12	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000																
BAG-13	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000															
BAG-14	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,500	0,000														
BAG-15	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,500	0,500	0,000													
BAG-16	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	0,000												
BAG-17	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000											
BAG-18	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000										
BAG-21	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000									
BAG-22	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,000							
BAG-23	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	0,750	0,000						
BAG-25	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000					
BAG-26	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,000			
BAG-27	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000	
BAG-29	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000
BAG-31	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000
BAG-32	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000
BAG-33	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-34	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-35	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-36	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000

Continua...

Tabela 3A (Cont.). Matriz de dissimilaridade entre 71 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado a partir dos dados de coeficiente de parentesco.

Acessos	BAG-1	BAG-2	BAG-3	BAG-4	BAG-5	BAG-6	BAG-7	BAG-8	BAG-9	BAG-10	BAG-11	BAG-12	BAG-13	BAG-14	BAG-15	BAG-16	BAG-17	BAG-18	BAG-21	BAG-22	BAG-23	BAG-25	BAG-26	BAG-27	BAG-29	BAG-31	BAG-32	
BAG-72	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	
BAG-73	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-74	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-75	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-76	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-77	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-78	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-79	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-80	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-81	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-85	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-86	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000

Continua...

Tabela 3A (Cont.). Matriz de dissimilaridade entre 71 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado a partir dos dados de coeficiente de parentesco.

Acessos	BAG-33	BAG-34	BAG-35	BAG-36	BAG-37	BAG-38	BAG-39	BAG-40	BAG-41	BAG-42	BAG-43	BAG-44	BAG-45	BAG-46	BAG-47	BAG-54	BAG-55	BAG-57	BAG-58	BAG-59	BAG-60	BAG-61	BAG-62	BAG-63	BAG-64	BAG-65	BAG-66	BAG-67
BAG-33	0,000																											
BAG-34	1,000	0,000																										
BAG-35	1,000	1,000	0,000																									
BAG-36	1,000	1,000	0,500	0,000																								
BAG-37	1,000	1,000	0,750	0,750	0,000																							
BAG-38	1,000	1,000	0,750	0,750	0,500	0,000																						
BAG-39	1,000	1,000	0,750	0,750	0,500	0,500	0,000																					
BAG-40	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	0,750	0,000																				
BAG-41	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	0,750	0,500	0,000																			
BAG-42	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	0,750	0,500	0,500	0,000																		
BAG-43	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	0,750	0,500	0,500	0,500	0,000																	
BAG-44	1,000	1,000	0,750	0,750	0,750	0,750	0,750	0,750	0,750	0,750	0,750	0,000																
BAG-45	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000															
BAG-46	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000														
BAG-47	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000													
BAG-54	1,000	0,875	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,875	0,000												
BAG-55	1,000	0,875	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,875	0,500	0,000											
BAG-57	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	0,000										
BAG-58	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000									
BAG-59	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,000								
BAG-60	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	0,000							
BAG-61	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	0,750	0,000						
BAG-62	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000					
BAG-63	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000				
BAG-64	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	0,000			
BAG-65	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	0,750	0,000		
BAG-66	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	0,750	0,750	0,000	
BAG-67	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	1,000	0,750	0,750	0,000

Continua...

Tabela 3A (Cont.). Matriz de dissimilaridade entre 71 acessos de soja estimada com base no complemento do índice de similaridade calculado a partir dos dados de coeficiente de parentesco.

Acessos	BAG-33	BAG-34	BAG-35	BAG-36	BAG-37	BAG-38	BAG-39	BAG-40	BAG-41	BAG-42	BAG-43	BAG-44	BAG-45	BAG-46	BAG-47	BAG-54	BAG-55	BAG-57	BAG-58	BAG-59	BAG-60	BAG-61	BAG-62	BAG-63	BAG-64	BAG-65	BAG-66	BAG-67
BAG-68	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	1,000	1,000	1,000
BAG-69	1,000	1,000	0,750	0,750	0,750	0,750	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,750	1,000	1,000	1,000
BAG-70	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-71	1,000	1,000	0,750	0,750	0,750	0,750	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-72	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-73	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-74	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-75	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-76	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-77	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-78	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-79	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-80	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-81	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-85	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
BAG-86	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000

Continua...

