

Correlações entre os conteúdos de proteína total, sacarose, rafinose e estaquiose em soja

Arlindo I. Teixeira, Pedro I. V. G. God, Aparecida D. Teixeira, Rafael D. Bueno, Newton D. Piovesan, Everaldo G. de Barros e Maurílio A. Moreira.

Correlations between total protein content, sucrose, raffinose and stachyose in soybean

Resumo - O objetivo deste trabalho foi analisar os teores de sacarose, rafinose, estaquiose, açúcares solúveis totais e proteínas totais em sementes de soja e estudar as correlações entre estas características. Uma população composta de 119 progênies $F_{2,3}$, derivadas do cruzamento entre a linhagem CD2013PTWA4-1-1 (alto teor de sacarose) com a isolinha CD2013PTA106B-4 (alto teor de proteína), foi submetida à análises bioquímicas para determinar a concentração de sacarose, rafinose, estaquiose, açúcares solúveis totais, proteína total, além do peso de 100 sementes. As herdabilidades das características concentração de apresentaram altas magnitudes, indicando que a maior parte da variação observada nessas características é devida a causas genéticas. A concentração de sacarose apresentou coeficientes de correlação altos e positivos com as concentrações de rafinose, estaquiose e açúcares solúveis totais. A concentração de sacarose correlacionou-se negativamente com a concentração de proteínas totais, o que indica a menor possibilidade de sucesso ao se realizar seleção direta de indivíduos contendo altos teores de ambas as características. As correlações entre as concentrações de rafinose e estaquiose com a concentração de proteína foram não significativas.

Palavras-chave: *Glicine max*, oligossacarídeos, herdabilidade, produtos a base de soja, correlações fenotípicas.

Abstract - The objective of this work was to analyze of the sucrose, raffinose, stachyose, total soluble sugars and total protein contents in soybean seeds and to study the correlations between these traits. A population of 119 $F_{2,3}$ progenies derived from the cross between the CD2013PTWA4-1-1 line, derived from a variety with high sucrose contents, with the CD2013PTA106B-4 isoline that is derived from a high protein content line, was submitted of biochemical analysis of the traits cited above, beyond the weight of 100 seeds. The broad sense heritabilities of the characteristics sucrose and raffinose contents, total soluble sugars and protein content were high, meaning that most of the variation observed in these characteristics was due to genetic causes. The sucrose concentration had high and positive correlation coefficients with the raffinose, stachyose and total soluble sugar concentrations. The sucrose concentration correlated negatively with the total protein concentration, indicating that direct selection could not be made of individuals with high contents of both characteristics. The correlation between the raffinose and stachyose concentrations and the protein concentration was not significant.

Key words: *Glicine max*, oligosaccharides, heritability, soybean food, phenotypic correlations.

⁽¹⁾ Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária (BIOAGRO), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, 36570-000, Brasil. arlindo.teixeira@ifsudestemg.edu.br, aparecida.teixeira@ufv.br, rafaeldelbueno@ufv.br, piovesan@ufv.br

⁽²⁾ Universidade Federal de Viçosa, Campus de Rio Paranaíba, Rio Paranaíba, Minas Gerais, CEP 38810-000, Brasil. pedro.god@ufv.br

⁽³⁾ Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, 36570-000, Brasil. ebarros@ufv.br

⁽⁴⁾ Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, 36570-000, Brasil. moreira@ufv.br

⁽⁵⁾ Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sudeste de Minas Gerais, Campus Barbacena, Barbacena, Minas Gerais, 36205-018, Brasil.

Introdução

Nos últimos 20 anos aumentou-se consideravelmente a demanda no mercado global por produtos derivados de soja [*Glycine max* (L.) Merrill], principalmente daqueles voltados para o consumo humano (Zhang et al., 2010). Este aumento se deve à ampla divulgação de resultados que revelam os benefícios para a saúde humana e o grande valor nutricional dos grãos desta cultura (Omoni & Aluko, 2005). Contudo, as variedades brasileiras mais cultivadas não atendem a determinados aspectos necessários para a obtenção de produtos de qualidade, como a aparência, o sabor e a composição bioquímica dos grãos. Especialmente, destacam-se o tamanho do grão, a uniformidade e os conteúdos de proteína, óleo, ácidos graxos, carboidratos, cálcio, fibras e cinzas (Chen & Buss, 2004).

O conteúdo de sacarose no grão de soja é uma importante característica relacionada à sua qualidade. Altos teores de sacarose no grão favorecem o preparo de alguns alimentos, sendo um fator crítico na elaboração de produtos derivados, entre eles o leite de soja, tofu, miso e natto (Kumar et al., 2010; Geater et al., 2000). Além da sacarose, o teor de

oligossacarídeos, que inclui os α -galactosídeos rafinose e estaquiose, são determinantes da qualidade nutricional da soja (Mussatto & Mancilha, 2007). Embora o aumento do teor de sacarose na semente de soja seja considerado um avanço na melhoria da qualidade da semente, os teores de rafinose e estaquiose devem permanecer os mais baixos possíveis, pois ambos são responsáveis pela flatulência causada por produtos a base de soja (Ao, 2009). Este fato deve-se principalmente pela ausência da enzima α -galactosidase no trato digestivo de animais monogástricos, que é necessária para a quebra das moléculas de rafinose e estaquiose (Gitzelmann & Auricchio, 1965, citado por Neus et al. 2005).

A informação de como estão correlacionados os teores dos diversos constituintes em sementes de soja é essencial em programas de melhoramento que visem melhorar a qualidade dos grãos. Correlações entre teor de proteína, sacarose, rafinose, estaquiose e tamanho de sementes já foram reportados anteriormente (Hymowitz et al., 1972; Geater & Fehr, 2000; Neus et al., 2005). Em geral, o conteúdo de proteína é negativamente

correlacionado com o conteúdo de sacarose, embora em determinados trabalhos nenhuma associação tenha sido encontrada (Neus et al., 2005). Hymowitz et al., (1972) determinaram que o conteúdo de sacarose correlaciona-se positivamente com o conteúdo de rafinose e apresenta associação negativa com o conteúdo de estaquiase. Por outro lado, Neus et al. (2005) detectaram alta correlação negativa entre sacarose e o conteúdo de oligossacarídeos rafinose e estaquiase. Em trabalho envolvendo cruzamentos interespecíficos entre *Glycine max* e *Glycine soja*, uma correlação negativa fraca ou não significativa foi detectada entre os conteúdos de sacarose e oligossacarídeos (Cicek et al., 2006).

Visando o desenvolvimento de variedades de soja mais apropriadas ao preparo de alimentos destinados ao consumo humano, pretende-se produzir sementes que combinem as características de alto teor de sacarose (~10%), baixos teores de rafinose e estaquiase, alto teor de proteína, alta relação protéica 11S/7S e alta produtividade. Estimar o grau de associação entre características de interesse é essencial para a determinação de estratégias de seleção e a quantificação do ganho genético, principalmente

quando está envolvida a seleção de múltiplas características,. O presente trabalho objetivou: (i) analisar as concentrações de sacarose, rafinose, estaquiase, açúcares solúveis totais, proteínas totais e peso de 100 sementes em uma população F_{2:3}; (ii) estimar as herdabilidades das características analisadas; (iii) estimar as correlações fenotípicas entre as características.

Material e Métodos

Material Genético

Como parte das atividades do Programa de Melhoramento de Qualidade da Soja (PMQS), desenvolvido pelo BIOAGRO/UFV, foram utilizadas 119 progênes F_{2:3} (CD201H48), derivadas do cruzamento entre a linhagem CD2013PTWA4-1-1 (P₁; progenitor materno) com a isolinha CD2013PTA106B-4 (P₂; progenitor paterno). De acordo com a Figura 1, P₁ é uma linhagem derivada do cruzamento entre a variedade Wilami, que possui alto teor de sacarose (7,9 %), com a variedade comercial CD201 (3,5 %). P₂ é uma isolinha derivada do cruzamento entre a linhagem BR8014383, que possui alto teor de proteína (48,0 %), com a variedade comercial CD201 (38,0 %). Além das

sementes de cada um dos 119 indivíduos da população $F_{2,3}$, foram analisadas sementes de 12 plantas do progenitor materno (P_1) e 23 plantas do progenitor

paterno (P_2), visando estimar a variância ambiental e, conseqüentemente, a herdabilidade no sentido amplo.

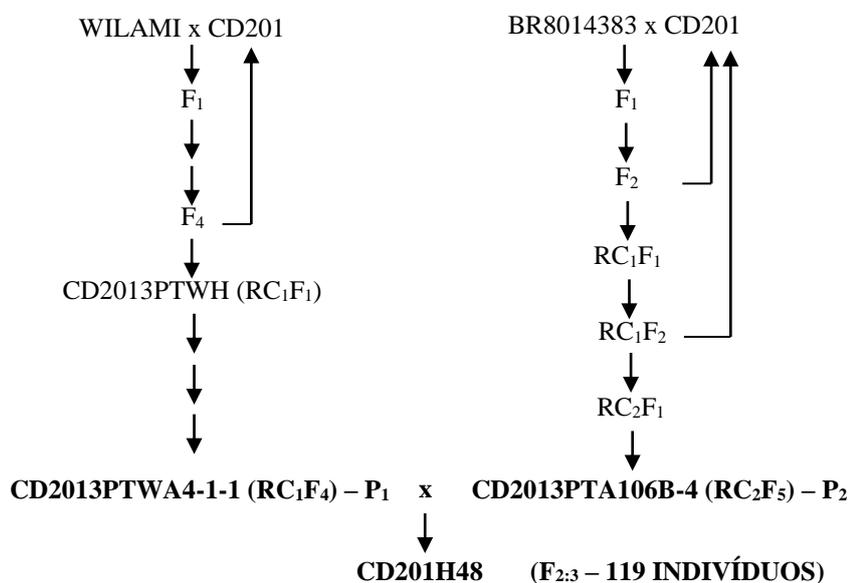


Figura 1: Genealogia da população CD201H48.

Análise da concentração de proteína total

A concentração de proteína total da semente de cada indivíduo da população $F_{2,3}$ foi determinada tomando-se uma amostra de 30 sementes de cada planta. Cada amostra foi moída e seca em estufa a 105°C por 5 horas. A quantificação foi realizada pelo método Kjeldahl modificado, segundo as normas analíticas do Instituto Adolfo Lutz (1985), que requer um mínimo de trezentos miligramas de soja moída. Na fase de

digestão, após a obtenção do material digerido com ácido sulfúrico, foi adicionado peróxido de hidrogênio 30% e a mistura levada ao aquecimento por mais 30 minutos. Na fase de destilação, a amônia liberada foi recolhida em solução de ácido bórico 4%. Obteve-se a concentração de nitrogênio pela titulação da amônia com ácido clorídrico 0,05%. A partir desta concentração, foi calculada a porcentagem de proteínas totais da amostra, empregando-se o fator de nitrogênio 6,25 no material analisado. Os

resultados das concentrações de proteína foram expressos em porcentagem, com base na matéria seca obtida pela secagem em estufa a 105°C por 24 horas.

Análise da concentração de açúcares solúveis totais

Para a determinação da concentração de açúcares solúveis totais, que no caso da soja consiste basicamente na soma dos teores de sacarose, rafinose e estaquiase, foi usada a cromatografia líquida de alta eficiência (CLAE). Na análise, 20 sementes de cada uma das amostras foram moídas em moinho analítico da marca Quimis e secas em estufa a 105°C por 24 horas. Pesou-se, em duplicata, aproximadamente 20 mg de soja em tubos de propileno para microcentrífuga, de 2,0 mL de capacidade e com tampa rosqueável. Em seguida procedeu-se a extração de lipídeos, adicionando 1,0 mL de éter de petróleo, aquecendo em banho-maria a 42°C por 5 minutos sob agitação constante. Decorrido este período, as amostras foram homogeneizadas em vórtex, centrifugadas a 16.100 g por 10 minutos e descartado o éter de petróleo. Este procedimento foi repetido por 5 vezes. Concluída a extração de lipídeos, procedeu-se a extração dos açúcares

solúveis, adicionando 1,0 mL de etanol 80% a cada tubo, os quais foram aquecidos em banho-maria em ebulição por 5 minutos, sob agitação. Após este período a amostra foi resfriada até a temperatura ambiente, sendo então homogeneizada e depois centrifugada a 16.100 g por 5 min. A solução alcoólica foi coletada em um béquer de 10 mL. Este procedimento foi repetido por 3 vezes. Concluída a extração dos açúcares, os béqueres foram deixados em uma estufa a 48°C até evaporar todo o solvente. Feito isso, ressuspendeu-se os açúcares em 1 mL de etanol 80%, aferiu-se o volume em tubos de ensaio volumétricos e transferiu-se a solução para microtubos. Estes por sua vez foram congelados em freezer a -20°C. Para a aplicação das amostras, estas foram descongeladas, centrifugadas a 16.100 g por 10 minutos e filtradas. Foram aplicadas alíquotas de 25 µL em um cromatógrafo da marca Shimadzu, modelo LC 10AD, com detecção por índice de refração. A fase móvel utilizada foi acetonitrila:água na proporção 80:20. A coluna utilizada foi a Supelcosil LC-NH₂ da marca Supelco. Para a quantificação de sacarose, rafinose e estaquiase nas amostras, foram também

aplicadas soluções padrões contendo quantidades conhecidas destes açúcares.

Determinação do peso de 100 sementes

Para determinar o peso de 100 sementes de cada planta da população F_{2:3} contou-se o número de sementes produzidas pela planta e pesou-se este número total de sementes, obtendo-se o peso total das sementes. Por regra de três simples determinou-se o peso de 100 sementes. Esta análise não foi feita nos parentais por não haver sementes disponíveis para tal.

Estimativa da herdabilidade das características avaliadas

As estimativas da herdabilidade, no sentido amplo (h^2_a) para as características concentração de proteína total, sacarose, rafinose, estaquiase e açúcares solúveis totais, foram obtidas dividindo-se a variância genotípica pela fenotípica, conforme metodologia utilizada por Mahmud & Kramer (1951). A variância fenotípica (σ^2_F) foi estimada tomando-se o valor da variância amostral das concentrações de cada característica na população F_{2:3}. A variância ambiental (σ^2_E) foi estimada com base na variação das concentrações das características nos progenitores pela equação:

$$\hat{\sigma}_E^2 = \frac{(n_{P_1} \hat{\sigma}_{P_1}^2) + (n_{P_2} \hat{\sigma}_{P_2}^2)}{n_{P_1} + n_{P_2}}$$

onde $\hat{\sigma}_{P_1}^2$ e $\hat{\sigma}_{P_2}^2$ são os estimadores das variâncias das concentrações de cada característica nos progenitores 1 e 2, respectivamente; n_{P_1} e n_{P_2} são os números de indivíduos analisados dos progenitores 1 e 2, respectivamente.

Estimativa das correlações fenotípicas das características avaliadas

Para estimar os coeficientes de correlação entre as concentrações das características analisadas (concentrações de proteína total, sacarose, rafinose, estaquiase, açúcares solúveis totais e peso de 100 sementes) foram utilizados dois tipos de correlação: a correlação de Pearson e a correlação de Spearman.

As estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson foram obtidas por meio da seguinte expressão:

$$r_{X_i, X_j} = \frac{C\hat{o}v(X_i, X_j)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{X_i}^2 \hat{\sigma}_{X_j}^2}}$$

onde,

r_{X_i, X_j} : estimador do coeficiente de correlação entre as características i e j ;

$C\hat{o}v(X_i, X_j)$: estimador da covariância entre a concentração das características i e j ;

$\hat{\sigma}_{x_i}^2$ e $\hat{\sigma}_{x_j}^2$: estimadores das variâncias da concentração das características i e j , respectivamente.

Já as estimativas dos coeficientes de correlação de Spearman foram obtidas com o auxílio do aplicativo GENES (Cruz, 2001), que emprega a seguinte equação:

$$r_{x_i, x_j} = 1 - \left(\frac{6 \sum_{k=1}^n d_k^2}{n(n^2 - 1)} \right)$$

onde,

d_k = diferença de posto para cada par de observações;

n = número de observações.

Resultados e Discussão

Análises fenotípicas

Na Tabela 1 são apresentados os valores médio, máximo e mínimo da concentração de sacarose, rafinose, estaquiase e açúcares solúveis totais. A dispersão dos valores obtidos para açúcares solúveis totais, sacarose, rafinose e estaquiase, aproxima-se dos valores relatados por Chen & Buss (2004), os quais encontraram uma variação de 4,1% a 15,1%, para açúcares solúveis totais, 1,5% a 10,2% para sacarose, 0,1% a

2,1% para rafinose e 1,4% a 6,7% para estaquiase.

A concentração de açúcares solúveis totais (AST) na semente de soja consiste basicamente na soma dos teores de sacarose, rafinose, estaquiase e monossacarídeos presentes na semente. Como a semente de soja possui quantidades muito pequenas de monossacarídeos (Hou et al., 2009), a soma das concentrações de sacarose, rafinose e estaquiase é uma boa estimativa do teor de açúcares solúveis totais. A concentração de açúcares solúveis totais também é utilizada como um importante fator de qualidade no preparo de produtos a base de soja tanto para o consumo humano, quanto para a alimentação de outros animais monogástricos. Geater & Fehr (2000), ao analisar o teor de açúcares solúveis totais em 23 cultivares de soja para o consumo humano encontraram uma variação de 18,4 a 21,9%. No entanto, para se determinar o teor de açúcares solúveis totais foi utilizada uma metodologia diferente, que consiste na diferença de 100 menos os teores de proteína, óleo e fibra na semente.

Em outro trabalho, Neus et al. (2005) comparam o desempenho de

caracteres agronômicos e da características de qualidade da semente em progênies segregando para o gene *Sct1a*. O alelo *sct1a* confere baixo conteúdo de estaquiase e rafinose e é derivado do acesso PI200508, identificado por Kerr & Sebastian (2000). No trabalho de Neus et al. (2005) foram utilizadas duas populações segregantes, cujos teores médios de oligossacarídeos para progênies com genótipo *sct1a/sct1a* foram de: rafinose (0,06% e 0,03%), estaquiase (0,71% e 0,78%) e sacarose (7,92% e 7,64%). Em progênies com o genótipo *Sct1a/Sct1a* os teores de oligossacarídeos foram de: rafinose (0,81% e 0,67%), estaquiase (3,91% e 4,37%) e sacarose (5,80% e 5,11%). Comparados a estes resultados, verifica-se que o potencial para redução de sacarose e estaquiase a partir da seleções feitas na população CD201H48 não é alto. Uma vez que a população CD201H48 não deriva de linhagens que apresentam o alelo *sct1a*, espera-se um menor desempenho para a redução dos conteúdos de rafinose e estaquiase. Por outro lado, verifica-se que a população CD201H48 apresenta bom desempenho para seleção a favor do alto teor de sacarose, fato comprovado pelo

valor máximo mensurado na população (6,66 %).

Em relação aos teores de proteína, verificou-se a existência de indivíduos na população F_{2:3} com teores superiores às linhagens paternas (Tabela 1). Este resultado indica um padrão de segregação transgressiva pronunciado (teor máximo de 47,49%). A existência de alelos diferentes nas linhagens paternas pode possibilitar a seleção de progênies com desempenho superior em relação aos progenitores, desde que a segregação transgressiva seja devida à ação aditiva de alelos dispersos nos progenitores, que podem se complementar na progênie (Rieseberg et al., 1999). A segregação transgressiva tem sido observada em populações segregantes de soja para o teor de proteína total. Em trabalho recente, Lee et al. (2010) observaram segregação transgressiva em duas populações F₂, cujos teores de proteínas foram determinados por espectroscopia de reflectância no infravermelho próximo.

O peso de 100 sementes (P100) indica o tamanho relativo das sementes de soja. O tamanho das sementes é um importante atributo de qualidade para confecção de produtos a base de soja

usados no consumo humano como, por exemplo, o *tofu* e o *miso*. Geater et al. (2000), em um trabalho comparando 23 cultivares em diferentes ambientes, observaram valores de peso de 100 sementes variando de 7,9 a 30,1 g. A

distribuição de valores para P100 na população CD201H48 (10,40 a 34,88 g) indicam alta variabilidade e bom potencial de uso da população no melhoramento para essa característica

Tabela 1: Média das características avaliadas na população F_{2:3} e nos progenitores materno (CD2013PTWA4-1-1) e paterno (CD2013PTA106B-4). P100 sementes= Peso de 100 sementes determinado em gramas. As demais características estão em porcentagem (% = g/100 g). AST = açúcares solúveis totais; dp = desvio-padrão.

Característica	População F _{2:3}				CD2013PTWA4-1-1		CD2013PTA106B-4	
	N	média ± dp	min.	max.	n	média ± dp	n	média ± dp
Rafinose	119	1,55 ± 0,55	0,97	4,68	12	1,86 ± 0,19	23	2,07 ± 0,44
Estaquiase	119	4,64 ± 0,63	2,85	7,44	12	5,09 ± 0,35	23	5,92 ± 0,85
Sacarose	119	3,93 ± 0,71	2,32	6,66	12	5,32 ± 0,66	23	5,06 ± 1,04
AST	119	10,13 ± 1,60	6,22	16,4 9	12	12,27 ± 0,93	23	13,05 ± 1,58
Proteína	119	39,93 ± 2,53	35,19	47,4 9	12	39,35 ± 0,79	23	38,45 ± 1,19
P100 sementes	119	15,18 ± 2,69	10,40	34,8 8	-	-	-	-

-: Valores não determinados.

Herdabilidades

A Tabela 2 apresenta as estimativas das variâncias fenotípica, genotípica e ambiental e os valores estimados da herdabilidade no sentido amplo para a concentração de cada característica avaliada na população F_{2:3} e progenitores. Pelos resultados apresentados observa-se que a estimativa de herdabilidade para a concentração de sacarose (80,8%) foi próxima do valor encontrado por Maughan et al. (2000), os quais quantificaram o teor de sacarose em 149 indivíduos de uma população F_{2:3}, encontrando uma herdabilidade de 82,5%. A magnitude da herdabilidade encontrada sugere que na população

estudada existe potencial para se realizar a seleção para o teor de sacarose.

Pode-se observar também que as estimativas de herdabilidade foram altas para as concentrações de rafinose (71,1%) e açúcares solúveis totais (70,8%). Porém, para a concentração de estaquiase, a estimativa foi baixa, com valor de 32,3%. Openshaw & Hadley (1981) estimaram a herdabilidade do teor de açúcares totais numa população nas gerações F₂ e F₃ e encontraram valores de 38,0% e 69,0%, respectivamente. A herdabilidade no sentido amplo para a concentração de proteína foi elevada (77,5%), significando que a maior parte da variação observada é devido a causas genéticas.

Tabela 2: Valores estimados das variâncias fenotípica (σ^2_F), ambiental (σ^2_E) e genética (σ^2_G) e da herdabilidade no sentido amplo (h^2_a) para as características avaliadas na população F_{2:3}.

P100sementes = peso de 100 sementes; AST = açúcares solúveis totais.

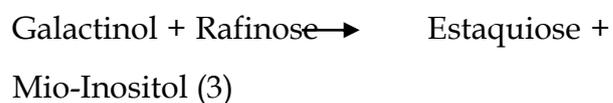
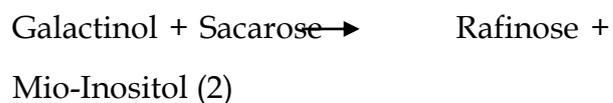
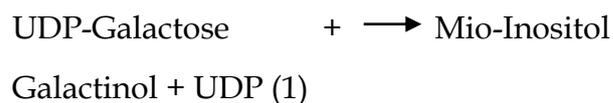
Características	σ^2_F	* σ^2_{P1}	* σ^2_{P2}	σ^2_E	σ^2_G	h^2_a
Sacarose	0,501	0,030	0,124	0,096	0,405	0,808
Rafinose	0,303	0,029	0,117	0,088	0,216	0,711
Estaquiase	0,393	0,067	0,365	0,266	0,127	0,323
AST	2,545	0,041	1,093	0,743	1,802	0,708
Proteína	6,391	1,461	1,422	1,435	4,956	0,775

*: Estimativa da variância da característica avaliada nos progenitores 1 e 2, usada na estimativa da variância ambiental.

Correlações fenotípicas

As estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson e Spearman entre as características avaliadas (concentrações de sacarose, proteína total, rafinose, estaquiase, açúcares solúveis e peso de 100 sementes), referentes à população CD201H48, estão apresentadas na Tabela 3. Correlações acima de 0,40 foram consideradas altas.

A concentração de sacarose correlacionou-se positiva e significativamente com as concentrações de rafinose, estaquiase e açúcares solúveis totais. As concentrações de rafinose e estaquiase também se correlacionaram positivamente com o teor de açúcares solúveis totais e entre si. Kumar et al. (2010) também encontraram uma correlação alta e significativa (0,470; $p < 0,000$) entre a concentração de sacarose e a soma das concentrações de rafinose e estaquiase. Esses resultados sugerem que sacarose, rafinose e estaquiase acumulam-se conjuntamente na semente de soja. Isso acontece provavelmente por compartilharem a mesma rota metabólica. Esses resultados estão de acordo com a hipótese delineada por Dey (1985), que propôs uma rota de síntese da rafinose e da estaquiase, mostrada abaixo:



Ao analisar a rota, percebe-se que, havendo disponibilidade de galactinol, quanto maior a concentração de sacarose maior será a de rafinose e quanto maior a concentração de rafinose maior será a de estaquiase. Logo, pode-se concluir que a seleção de indivíduos com alto teor de sacarose e baixos teores de rafinose e estaquiase na população estudada é limitada se forem utilizados métodos clássicos de melhoramento. Para o desenvolvimento de variedades de soja contendo altos teores de sacarose e baixos teores de rafinose e estaquiase pode ser necessária a utilização de técnicas de engenharia genética. Uma possibilidade é o silenciamento do gene que codifica a enzima rafinose sintase, responsável pela síntese de rafinose (2) e que, indiretamente, pode reduzir a quantidade de substrato para a síntese de estaquiase (3).

Embora no presente trabalho tenha sido detectada correlação positiva entre sacarose e os conteúdos de rafinose e

estaquiouse, Neus et al (2005) encontraram correlações negativas e de alta magnitude para sacarose em relação aos conteúdos de rafinose e estaquiouse. Nesse caso, é possível obter ganhos seletivos para a redução de rafinose e estaquiouse, através da seleção indireta para o aumento de sacarose. Os resultados contraditórios em relação ao presente trabalho, apresentados por Neus et al (2005), indicam que o uso de repostas correlacionadas através da seleção indireta para aumento de sacarose e redução de rafinose e estaquiouse devem ser analisados para cada população de melhoramento em particular. Além disso, investigar as causas da correlação entre sacarose e rafinose/estaquiouse pode ser uma importante estratégia para definir os melhores procedimentos de seleção para estas características e quais populações ou progenitores devem ser alvo de programas de melhoramento genético.

O valor do coeficiente de correlação de Pearson obtido entre a concentração de sacarose e de proteína total foi negativo (-0,475) (Tabela 3). A concentração de açúcares solúveis totais apresentou comportamento semelhante (-0,333). Cabe ressaltar que rafinose e

estaquiouse não se correlacionaram com a concentração de proteína, apresentando valores de r pequenos e não significativos. Um alto valor negativo e significativo entre a concentração de proteína e de sacarose também foi encontrado por Hymowitz et al. (1972). Estes mesmos autores, porém, encontraram uma correlação positiva entre os teores de estaquiouse e proteína. Já Hartwig et al. (1997) encontraram valores não significativos de correlação entre os teores de rafinose e estaquiouse com o teor de proteína e uma correlação alta e negativa entre os teores de sacarose e proteína. Este mesmo resultado foi também obtido por Wilcox & Shibles (2001), que encontraram um coeficiente de correlação entre os teores de sacarose e proteína igual a -0,66. Tais resultados indicam a dificuldade de se obter uma cultivar contendo tanto um alto teor de sacarose quanto de proteína.

A concentração de sacarose em relação a P100 apresentou coeficientes de correlação de Pearson e Spearman positivos de baixa magnitude, porém significativos. Quanto às concentrações de rafinose, estaquiouse e açúcares solúveis totais, todas apresentaram correlações não significativas com o P100.

A concentração de proteína também não apresentou correlação significativa com o P100. Dessa forma, é provável que seleções para o aumento de P100 na

população CD201H48 não resultem em alterações significativas nos teores de sacarose, rafinose, estaquiase, AST e proteína total.

Tabela 3: Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson e de Spearman entre as características analisadas nas sementes da população F₂. AST (Açúcares Solúveis Totais)

Característica Correlacionadas	Sacarose	Rafinose	Estaquiase	AST	Proteína	P100	
Sacarose	-	0,607*	0,601*	0,889*	-0,475*	0,197*	Correlação de Pearson
Rafinose	0,509*	-	0,494*	0,809*	-0,174	-0,005	
Estaquiase	0,504*	0,602*	-	0,830*	-0,159	0,015	
AST	0,812*	0,787*	0,860*	-	-0,333*	0,092	
Proteína	-0,490*	-0,217*	-0,145	-0,328*	-	-0,069	
P100	0,363*	0,020	-0,018	0,137	-0,231*	-	
	Correlação de Spearman						

* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste “t”.

Conclusões

Os resultados obtidos nesse trabalho permitiram apontar algumas conclusões:

- 1) As herdabilidades no sentido amplo das características concentração de sacarose, rafinose, açúcares solúveis totais e proteína total foram altas, significando que a maior parte da variação observada nessas características é devida a causas genéticas, o que possibilita a seleção em gerações precoces.
- 2) A concentração de sacarose apresentou coeficientes de correlação

- altos e positivos com as concentrações de rafinose, estaquiase e açúcares solúveis totais, indicando a menor possibilidade de se obter ganhos através da seleção direta de indivíduos com alto teor de sacarose e baixos teores de rafinose e estaquiase;
- 3) A concentração de sacarose correlacionou negativamente com a concentração de proteínas totais, indicando a impossibilidade de se fazer seleção direta de indivíduos contendo altos teores de ambas características;

4) A correlação entre a concentração de sacarose com o peso de 100 sementes foi não significativa, o que reduz a possibilidade de se obter ganhos através de respostas correlacionadas na seleção simultânea para alto teor de sacarose e sementes grandes, como é requerido para a elaboração de alguns produtos a base de soja.

Agradecimentos

À Coordenação de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pelo suporte financeiro concedido.

Referências

AO, T.; CANTOR, A.H.; PESCATORE, A.J.; FORD, M.J.; PIERCE, J.L.; DAWSON, K.A. Effect of enzyme supplementation and acidification of diets on nutrient digestibility and growth performance of broiler chicks. **Poultry Science**, v.88, p.111-117, 2009.

CHEN, P.; BUSS, G.R. Breeding soybeans for the soyfood market: specific traits and strategies for selection. In: **IV International Soybean Processing and Utilization Conference**. Foz do Iguassu, PR, Brazil. *Proceedings*, 2004. p.830-838.

CICEK, M.S.; CHEN, P., MAROOF, M.A.S., BUSS, G.R. Interrelationships among agronomic and

seed quality traits in an interspecific soybean recombinant inbred population. **Crop Science**, v.46, p.1253-1259, 2006.

CRUZ, C.D. **Programa genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Ed. UFV, Viçosa-MG, 648p., 2001.

DEY, P.M. In: DEY, P.M., DIXON, R.A. **Biochemistry of storage carbohydrates in green plants**. Academic Press, p.53-129, 1985.

GEATER, C.W.; FEHR, W.R. Association of total sugar content with other seed traits of diverse soybean cultivars. **Crop Science**, v.40, p.1552-1555, 2000.

GEATER, C.W.; FEHR, W.R.; WILSON, L.A. Soybean seed traits influence natto quality. **Crop Science**, v.40, p.1529-1534, 2000.

GITZELMANN, R.; AURICCHIO, S. The handling of soy α -galactosidase by a normal and galactosemic child. **Pediatrics**, v.36, p.231-232, 1965.

HARTWIG, E.E.; KUO, T.M.; KENTY, M.M. Sugar variation in soybean seed assessed with a rapid extraction and quantification method. **Crop Science**, v.37, p.770-773, 1997.

HOU, A.; CHEN, P.; SHI, A.; ZHANG, B.; WANG, Y.J. Seed protein and its relationship to soluble sugars in soybean. **International Journal of Agronomy**, v.1, p.1-8, 2009.

HYMOWITZ, T.; COLLINS, F.I.; PANCZNER, J.; WALKER, W.M. Relationship between the content of oil, protein, and sugar in soybean seed. **Agronomy Journal**, v.64, p.613-616, 1972.

INSTITUTO ADOLFO LUTZ. **Normas analíticas do Instituto Adolfo Lutz, Métodos químicos e físicos para análise de alimentos**. 3. ed. São Paulo, v.1, 533p. 1985.

KERR, P.S.; SEBASTIAN, S.A. Soybean products with improved carbohydrate composition and soybean plants. **U.S. Patent 6147193**, Date issued: 14 November, 2000.

KUMAR, V.; RANI, A.; GOYAL, L.; DIXIT, A.K.; MANJAYA, J.G.; DEV, J.; SWAMY, M. Sucrose and raffinose family oligosaccharides (RFOs) in soybean seeds as influenced by genotype and growing location. **Journal of Agriculture and Food Chemistry**, v.58, p.5081-5085, 2010.

LEE, D.J.; SHANNON, J.G.; CHOUNG, M.G. selection for protein content in soybean from single F₂ seed by near infrared reflectance spectroscopy. **Euphytica**, v.172, p.117-123, 2010.

MAHAMUD, I.; KRAMER, H.H. Segregation for yield, height, and maturity following a soybean cross. **Agronomy Journal**, v.43, n.3, p.605-609, 1951.

MAUGHAN, P.J.; MAROOF, M.A.S.; BUSS, G.R. Identification of quantitative trait loci controlling sucrose content in soybean (*Glycine max*). **Molecular Breeding**, v.6, p.105-111, 2000.

MUSSATO, S.I.; MANCILHA, I.M. Non-digestible oligosaccharides: A review. **Carbohydrate Polymers**, v. 68, p.587-597, 2007.

NEUS, J.D.; FEHR, W.R.; SCHNEBLY, S.R. Agronomic and seed characteristics of soybean with reduced raffinose and stachyose. **Crop Science**, v.45, n.2, p.589-592, 2005.

OMONI, A.O.; ALUKO, R.E. Soybean foods and their benefits: potential mechanisms of action. **Nutrition Reviews**, v.63, p.272-283, 2005.

OPENSHAW, S.J.; HADLEY, H.H. Selection to modify sugar content of soybean seeds. **Crop Science**, v.21, p.805-808, 1981.

RIESEBERG, L.H.; ARCHER, M.A.; WAYNE, R.A. Transgressive segregation, adaptation and speciation. **Heredity**, v. 83, p363-372, 1999.

WILCOX, J.R.; SHIBLES, R.M. Interrelationships among seeds quality attributes in soybean. **Crop Science**, v.41, p.11-14, 2001.

ZHANG, B.; CHEN, P.; FLOREZ-PALACIOS, S.L.; SHI, A.; HOU, A.; ISHIBASHI, T. Seed quality attributes of food-grade soybeans from the U.S. and Asia. **Euphytica**, v.173, p.387-396, 2010.