

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA TOLERANTES A ALTAS TEMPERATURAS E BAIXAS LATITUDES



<https://doi.org/10.56238/arev6n2-047>

Data de submissão: 04/09/2024

Data de publicação: 04/10/2024

Ubirajara Santana Assunção

Msc.

Centro de Educação Aberta e a Distância-CEAD, Universidade Federal do Piauí, UFPI

E-mail: ubirajara.uapi@ufpi.edu.br

José Ribamar de Assunção Filho

Dr.

Campus Corrente

Instituto Federal do Piauí – IFPI

E-mail: ribamarfh@hotmail.com

Camila Campêlo de Sousa

Dra.

Centro de Ciências Codó – CCCO

Universidade Federal do Maranhão – UFMA

E-mail: camila.campelo@ufma.br

Carlos Humberto Aires Matos Filho

Dr.

Departamento de Fitotecnia, Centro de Ciências Agrárias

Universidade Federal do Piauí, UFPI

E-mail: carloshumberto@ufpi.edu.br

José Baldin Pinheiro

Dr.

Departamento de Genética

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz -Esalq/USP

E-mail: jbaldin@usp.br

Regina Lucia Ferreira Gomes

Dra.

Departamento de Fitotecnia, Centro de Ciências Agrárias

Universidade Federal do Piauí, UFPI

E-mail: rlfgomes@ufpi.edu.br

Jardel Oliveira Santos

Dr.

Departamento de Biologia

Centro de Ciências da Natureza – CCN, UFPI

E-mail: jardel_santos@ufpi.edu.br

Ângela Celis de Almeida Lopes

Dra.

Departamento de Fitotecnia, Centro de Ciências Agrárias

Universidade Federal do Piauí, UFPI

E-mail: acalopes@ufpi.edu.br

RESUMO

As condições edáficas e climáticas das regiões tropicais do mundo constituem um fator limitante para a cultura da soja, especialmente por meio de aspectos relacionados ao fotoperíodo específico das plantas. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética entre 16 cultivares brasileiras de soja [*Glycine max* (L.) Merrill e 76 introduções de plantas-IPs, com base em variáveis relacionadas aos componentes de produção e produtividade. As análises multivariadas de Distância Euclidiana Média, Análise de Componentes Principais e o método UPGMA resumiram as características avaliadas em um conjunto de dados com dimensões menores para facilitar a identificação de genótipos superiores. As 16 cultivares brasileiras e 76 IPs foram estruturadas em seis painéis de diversidade consistentes e sem duplicatas. As cultivares brasileiras de soja Sambaíba e 203404 e as IPs 165524, 407744, 205912, 381660, 203400 e 281911 apresentam potencial para fornecer genes relacionados à tolerância ao estresse de temperaturas superiores a 30°C e latitudes inferiores a 10°S.

Palavras-chave: Glycine Max. Germoplasma Exótico. Análises Multivariadas.

1 INTRODUÇÃO

A soja, *Glycine max* (L.) Merrill, tem alto potencial e importância através da versatilidade de usos e aplicações nas áreas nutricional e industrial. Seu grão pode ser utilizado como alimento para humanos diretamente ou por meio de seus subprodutos (óleo e proteína), no consumo animal, na formulação de rações à base de farelo de soja e até mesmo na produção de biocombustíveis, no entanto, variações climáticas extremas podem impactar drasticamente na produção dessa leguminosa (GOMES et al., 2014; PANGENI et al., 2017, Pham et al., 2023).

Grande parte do superávit no equilíbrio econômico do agronegócio brasileiro decorre de exportações que envolvem o complexo soja, situação recorrente ao longo de décadas no Brasil (FIESP, 2020). Na safra 2023/2024, o Brasil contribuiu para a produção de 147,38 milhões de toneladas de soja em uma área plantada de 79,82 mil hectares, um aumento de 1,6% ou 1,27 milhão de hectares em relação a 2022/2023 (CONAB, 2024). Mesmo sendo a segunda maior safra a ser colhida na série histórica, a produtividade média das lavouras apresentou redução de 8,2%, passando de 4.072 quilos por hectare na última safra para 3.739 quilos por hectare no ciclo atual.

A soja é o principal produto da safra brasileira de grãos e o produto com maior volume de exportação. No entanto, a produção é afetada pelo clima quente e seco em várias regiões do Brasil. Na região Nordeste, de baixa latitude e altitudes predominantemente baixas, a concentração de calor no ar e a capacidade de retenção do calor irradiado da terra são maiores e, conseqüentemente, a temperatura é maior pela proximidade de superfícies aquecidas por meio da predominância de planícies costeiras, tabuleiros e sertão de várzea (STEINKE, 2012).

O avanço da cultura da soja no Cerrado e regiões de baixa latitude do Brasil deve-se à incorporação de genes que retardam o florescimento, mesmo em condições de fotoperíodo que induz o florescimento, conferindo assim uma característica de longo período juvenil às cultivares de soja lançadas após a década de 1990 (SPEHAR, 1994). No entanto, as cultivares mais antigas só apresentaram desempenho produtivo satisfatório quando cultivadas em temperaturas oscilantes entre 20 e 30°C (FARIAS; NEPOMUCENO; NEUMAIER, 2007). Essa abordagem dentro dos programas de melhoramento genético de soja possibilitou o desenvolvimento de cultivares com alta estabilidade e adaptabilidade para características agronômicas desejáveis e, especialmente, cultivares com tolerância a estresses abióticos, resistência a herbicidas e alta produtividade de grãos (PRIOLLI et al., 2004).

No entanto, os níveis de produtividade das cultivares brasileiras de soja podem diminuir a longo prazo, pois possuem uma base genética estreita (WYSMIERSKI; VELLO, 2013). A incorporação de germoplasma exótico pode ser uma alternativa viável para ampliar a base genética das cultivares

modernas que estão em risco de erosão genética. Estudos dessa natureza já ocorreram para as culturas de milho e mamão (OLIVEIRA et al., 2015, DAMASCENO JUNIOR et al., 2015).

A avaliação da diversidade genética é importante em programas de melhoramento genético por permitir a identificação de genitores adequados para gerar uma população segregante com variabilidade genética e possibilidades de dar origem a populações segregantes transgressivas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Assim, as características agromorfológicas podem ser submetidas a técnicas biométricas multivariadas que consideram as correlações que existem entre inúmeras variáveis simultaneamente e permitem determinar a importância de cada característica (Al-HAD et al., 2017; PERREIRA et al., 2017).

Considerando a importância da soja e a perspectiva de incorporação de novos genótipos em programas de melhoramento de plantas, foi aplicada a Análise de Componentes Principais, buscando filtrar as informações consideradas relevantes contidas no conjunto original de variáveis em conjuntos de dados de dimensões menores. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética entre 16 cultivares brasileiras de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] e 76 introduções de plantas (IPs) por meio de variáveis relacionadas aos componentes de produção e produtividade.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 GENÓTIPOS E CONDIÇÕES DE CRESCIMENTO DA SOJA

O experimento foi conduzido no período de fevereiro a maio de 2014 na área experimental do Colégio Técnico de Teresina da Universidade Federal do Piauí – UFPI (lat 05°02'39.95" S; longo 42°47'03.70" W, alt 72 msnm). Foram utilizados 93 genótipos, incluindo cultivares brasileiras e 76 IPs provenientes do Programa de Melhoramento Genético de Soja do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - USP/ESALQ (Tabela 1).

Tabela 1. Nome/número de registro e local de origem das 76 cultivares PIs¹ e 16 brasileiras² de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] avaliadas em condições de baixa latitude e altas temperaturas. Teresina, PI, Brasil, 2014

GENÓTIPO	ORIGEM	GENÓTIPO	ORIGEM	GENÓTIPO	ORIGEM
2126061	Afganistão	4077441	China-Centro	3412641	Libéria
1482601	África do Sul	4077641	China-Sul	2818981	Malásia
1590971	África do Sul	2654971	Colômbia	2848161	Malásia
1708891	África do Sul	849101	Coreia do Norte	2819071	Malásia
3226951	Angola	4383011	Coreia do Norte	2008321	Myanmar
2225501	Argentina	902511	Coreia do Sul	2103521	Moçambique
2225461	Argentina	3984931	Coreia do Sul	1661411	Nepal
IAC1002	Brasil	1536811	El Salvador	2098391	Nepal
Paran2	Brasil	3157011	EUA	2595401	Nigéria
Rolamento A70022	Brasil	Dowling1	EUA	2223971	Paquistão

CD2152	Brasil	Bignam1	EUA	1599271	Peru
Conquista2	Brasil	4175811	EUA – S	2654911	Peru
Pintado2	Brasil	4175821	EUA – S	1599221	Peru
Sambaíba2	Brasil	2406651	Filipinas	2975501	Rússia
VMáx2	Brasil	2819111	Filipinas	3412541	Sudão
Potência2	Brasil	2034001	França	2043331	Suriname
Jab00-056/763D2	Brasil	1648851	Guatemala	2043401	Suriname
Jab00-02-2/2J3D2	Brasil	1894021	Guatemala	2059121	Tailândia
LQ 10502	Brasil	1655241	Índia	2392371	Tailândia
LQ 15052	Brasil	1332261	Indonésia	2101781	Taiwan
LQ 14212	Brasil	1482591	Indonésia	2833271	Taiwan
LQ 14132	Brasil	Orba(PI471904) ¹	Indonésia	3067021	Tanzânia
2034042	Brasil	2156921	Israel	3067121	Tanzânia
369061	China	2293581	Japão	1729021	Turquia
798611	China	274454-A1	Japão	3816601	Uganda
1714371	China	Rolamento 274454-B1	Japão	3816801	Uganda
2536641	China	3608511	Japão	2850951	Venezuela
2745071	China	4168281	Japão	3317931	Vietname
3775731	China	Kinoshita(PI200487) ¹	Japão	3317951	Vietname
905771	China – NE	2276871	Japão	4175631	Vietname
4272761	China – S	1714511	Japão	1450791	Zimbábue

O solo utilizado para a condução do experimento foi classificado como *Argissolo Vermelho-Amarelo distrófico*, em topografia plana. As sementes foram inoculadas com bactérias da espécie *Bradyrhizobium japonicum* com a finalidade de promover a fixação de N₂, e foram tratadas com fungicida (MAXIM XL, 100 ml/100 kg de semente). A adubação de base foi realizada com NPK (nitrogênio, fósforo, potássio) com a formulação 5-30-15, conforme recomendação da análise de solo para a cultura. Utilizou-se um sistema fixo de irrigação por aspersão, com espaçamento de 12 × 12 m entre as cabeças dos aspersores e taxa de aplicação de 5mm/h. Outras práticas de manejo seguiram a abordagem convencional de cultivo para a cultura da soja.

2.2 TRIAGEM DE TOLERÂNCIA AO CALOR

A precipitação média anual onde o experimento foi conduzido foi de 1.377mm, com chuvas mais intensas em março e abril, que corresponderam aos estágios de desenvolvimento de R1 a R6. A região apresenta evapotranspiração potencial média anual de 2,973mm, umidade relativa média anual de 69,9%, insolação total anual de 2,625 horas, temperatura média anual de 28°C, amplitude térmica de 11,5°C, fotoperíodo médio anual de 12 horas e 19 min/dia, com mínimo de 11 horas e 46 min/dia e máximo de 12 horas e 29 min/dia (MEDEIROS, 2006).

Durante o período em que o experimento foi conduzido, a temperatura média foi de 26,09°C (mín-29°C e máx - 34,3°C). A umidade relativa média foi de 83,9%. As quantidades diárias de chuva

variaram de 0 a 77,2 mm (total acumulado médio de 832,5 mm). A insolação variou de 116 a 2218,5 horas (Total = 728,3 horas, média de 184,58 horas/mês) (INMET, 2014).

2.3 ANÁLISE ESTATÍSTICA DOS DADOS

Utilizou-se o delineamento experimental de blocos incompletos, com três repetições. Cada parcela foi constituída por uma linha de 5,0 m de comprimento; a distância entre linhas foi de 0,50 m.

Foram utilizados 12 descritores para caracterização agromorfológica: número de dias para o florescimento (FDN), número de dias para maturação (NDM), altura da planta na maturidade (PHM), altura da primeira vagem (FPH), período de enchimento das sementes (SFP), comprimento da vagem (PL), número de vagens por planta (NPP), peso da vagem (PW) em gramas, peso de 100 sementes (100SW) em gramas, acamamento (LG), valor agronômico (AV), e produtividade de grãos (PG), de acordo com as recomendações feitas em instruções para a realização de ensaios de distinção, homogeneidade e estabilidade de cultivares de soja do Ministério da Agricultura e Agropecuária (MAPA, 2015). O valor agronômico e as características de acamamento foram transformados em

$$\sqrt{x + 1}$$

A análise de componentes principais foi realizada nos dados, com base na matriz original das médias dos 93 genótipos avaliados para os doze descritores quantitativos. Para a seleção dos componentes que mais contribuíram para a variabilidade, adotou-se o critério proposto por Kaiser (1960), e determinou-se a importância relativa das características para a divergência genética de acordo com o método proposto por Singh (1981). As análises estatístico-genéticas foram realizadas por meio do programa Genes (CRUZ, 2013).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de componentes principais permitiu estudar a diversidade genética entre os 93 genótipos de soja a partir de 69,34% da variância total acumulada pelos três primeiros autovalores (Tabela 2). Considerando a ausência de redundância entre a contribuição das características de maior poder discriminatório para a estruturação dos eixos ortogonais dos componentes principais (PC1, PC2 e PC3) e valores de variância maiores que 1, os demais componentes principais não foram considerados (Tabela 2).

Tabela 2. Análise de Componentes Principais com base em doze caracteres relacionados aos componentes de produção e produtividade avaliados em 76 IPs e 16 cultivares brasileiras de soja [*Glycine max* (L.) Merrill]. Teresina, PI, Brasil, 2014, UFPI

	Autovalores
--	-------------

Parâmetros	L1	l2	N3
Varição	5.31	1.9	1.11
Valores próprios (%)	44.25	15.84	9.25
Acumulado	44.25	60.09	69.34
Traços	Eigenvectors Componentes principais		
	Computador 1	Computador 2	PC3
Número de dias para a floração - FDN	0.33	-0.02	0.37
Altura do primeiro pod - FPH	0.22	0.15	0.21
Número de vagens por planta - NPP	0.30	-0.08	-0.31
Período de enchimento de sementes - SFP	0.38	-0.09	0.28
Número de dias até o vencimento - NDM	0.31	0.07	0.43
Altura da planta na maturidade - PHM	0.37	0.12	0.03
Valor agrônomo - AV	0.32	0.25	-0.45
Hospedagem - LG	0.34	-0.12	-0.02
Peso de 100 sementes - 100SW	-0.06	0.57	0.21
Produtividade de grãos - GY	0.32	0.21	-0.46
Comprimento da vagem - PL	-0.23	0.37	0.07
Peso da vagem - PW	-0.04	0.60	0.01

Usando pelo menos 80% da variação total dos primeiros componentes principais, a diversidade genética entre um grupo de genótipos pode ser estudada satisfatoriamente (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). No entanto, considerando o que preconiza o critério proposto por Kaiser (1960), mesmo com valores de variação acumulada total abaixo de 80%, as estimativas de diversidade genética têm sido eficientes. Al-Hadi et al. (2017) estimaram de forma clara e concisa a diversidade genética entre 80 genótipos de soja avaliados em latitudes médias (24°5' N and 90°16' E) com uma variação acumulada total de 75,6% dos componentes principais resultantes de informações morfoagronômicas.

A necessidade de fotoperíodos específicos é um fator que contribuiu para estreitar a base genética da soja, pois a maioria das cultivares lançadas no Brasil e no mundo possui uma genealogia formada por genitores em comum ou parentes aparentados (FERREIRA JÚNIOR et al., 2015). Assim, os critérios para estudos de diversidade genética de um conjunto de dados com menor dissimilaridade genética podem ser flexibilizados e adaptados, uma vez que há menor complexidade gênica ou menor variabilidade de alelos do que no padrão geral de culturas agrícolas (Tabela 2).

De acordo com Agarwal et al. (2013), estudos de melhoramento genético na cultura da soja são realizados há mais de seis décadas e levaram a aumentos de produtividade na ordem de 60% de aproximadamente 4000 cultivares lançadas em todo o mundo. No entanto, mesmo com as diferentes abordagens e o apoio de áreas relacionadas ao melhoramento de plantas que levaram a avanços e ainda viabilizarão novos avanços para a cultura da soja, como mapeamento genético, análise de QTLs, sequenciamento do genoma e desenvolvimento de plantas transgênicas, a base genética na cultura da soja tem se estreitado gradativamente (RODRIGUES et al., 2010; LIN et al., 2016; HACISALIHOGU et al., 2017).

Os componentes de produção e produtividade de grãos dos 77 IPs e 16 cultivares brasileiras de soja estabeleceram correlação direta entre as características de maior efeito discriminatório para os componentes principais PC1, PC2 e PC3. A seleção de genótipos próximos aos eixos desses componentes aumenta as possibilidades de seleção de genes cuja expressão permite a expansão da tolerância a fatores abióticos. Isso resulta na maximização da produtividade da cultura da soja em condições de alta temperatura e baixa latitude (Tabela 2). Anderson et al. (2016) estudaram a base genética da *coleção ex situ* de *Glycine soja* do USDA com 32.416 SNPs, visando identificar a estrutura populacional e testar associações com variáveis bioclimáticas para identificar loci com associações com as variações de fatores abióticos. No entanto, mesmo com a identificação de genes de tolerância a fatores abióticos, é necessário conhecer os mecanismos moleculares e fisiológicos subjacentes que ainda são pouco conhecidos, por exemplo, o papel dos glóbulos plasto relacionados ao estresse hídrico (ANDERSON et al., 2016) e principalmente o efeito que as altas temperaturas podem ter sobre os mecanismos fisiológicos das plantas (BITA; GERATS, 2013).

O primeiro componente principal, PC1, foi estabelecido principalmente por meio da contribuição associada aos autovetores das características período de enchimento de sementes (0,38), altura de planta na maturidade (0,37), acamamento (0,34) e número de dias para o florescimento (0,33). A estruturação do componente principal 2, PC2, foi baseada em autovetores estimados por meio das características relacionadas ao fruto [comprimento da vagem (0,37) e peso da vagem (0,60)] e à semente [peso de 100 sementes (0,57)]. A consistência do terceiro componente principal, PC3, foi principalmente das médias dos caracteres número de dias para maturação das vagens (0,43), número de dias para o florescimento (0,37) e período de enchimento das sementes (0,28).

Assim, os eixos dos três primeiros componentes principais (PC1, PC2 e PC3) foram estabelecidos com características de maior poder discriminatório com associações diretas entre si, ou seja, maiores valores médios para uma característica também implicam maiores valores médios para as demais com o mesmo sinal (Tabela 2).

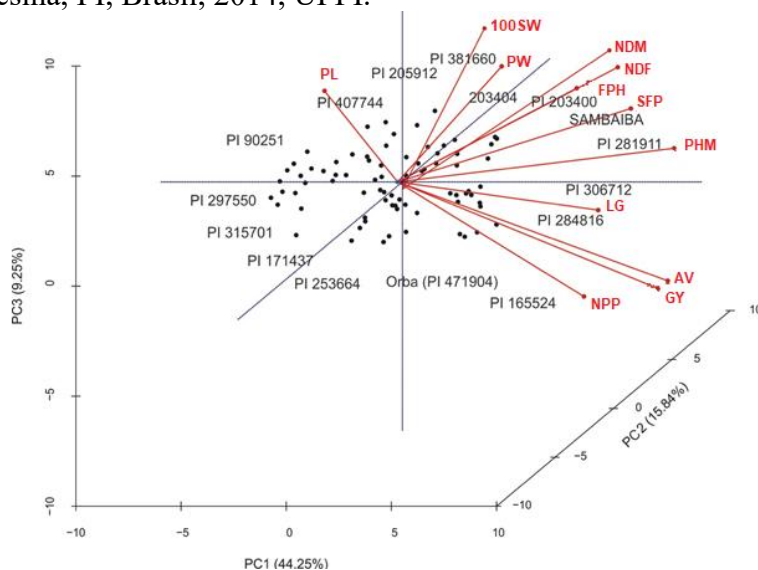
Embora seja recomendado que as inferências referentes às estimativas de herdabilidade sejam necessariamente aplicadas ao mesmo conjunto de genótipos, pois o componente ambiental afeta diretamente os valores das estimativas, essa recomendação pode ser flexibilizada quando se trata de caracteres com alta magnitude de herdabilidade. As características que têm expressão regulada por um pequeno número de genes não são muito afetadas pelo ambiente. Diante dessas informações, direcionar estratégias para seleção de genótipos torna-se mais eficiente (BALDISSERA et al., 2014).

Os valores na literatura para herdabilidade das variáveis de maior poder discriminatório entre os três componentes principais (PC1, PC2 e PC3) foram de 93,23% (TEIXEIRA et al., 2017) para dias

para florescimento do PC1 e PC2, e 85,45% para 100 pesos de sementes (TEIXEIRA et al., 2017) no PC2. Assim, é possível fazer inferências sob a perspectiva de alcançar o progresso genético a partir da seleção dos genótipos de soja avaliados neste estudo, uma vez que foram encontrados valores de alta magnitude, classificados como de alta herdabilidade. Isso torna a possibilidade de ganhos ainda mais concreta, uma vez que evidências na literatura mostram que valores maiores que um na razão CVg/CVe para as características citadas indicam que a variação genética é o parâmetro de maior importância na variação das características de maior poder discriminatório de PC1, PC2 e PC3.

As principais associações entre os caracteres e os genótipos de soja avaliados foram analisadas em um plano tridimensional em um biplot, considerando os primeiros componentes principais PC1 (35,29%), PC2 (15,84%) e PC3 (9,25%) (Tabela 2, Figura 1).

Figura 1. Gráfico de dispersão tridimensional de 76 IPs e 16 cultivares brasileiras de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] e projeções dos vetores de 12 caracteres relacionados aos componentes de produção e produtividade. Teresina, PI, Brasil, 2014, UFPI.



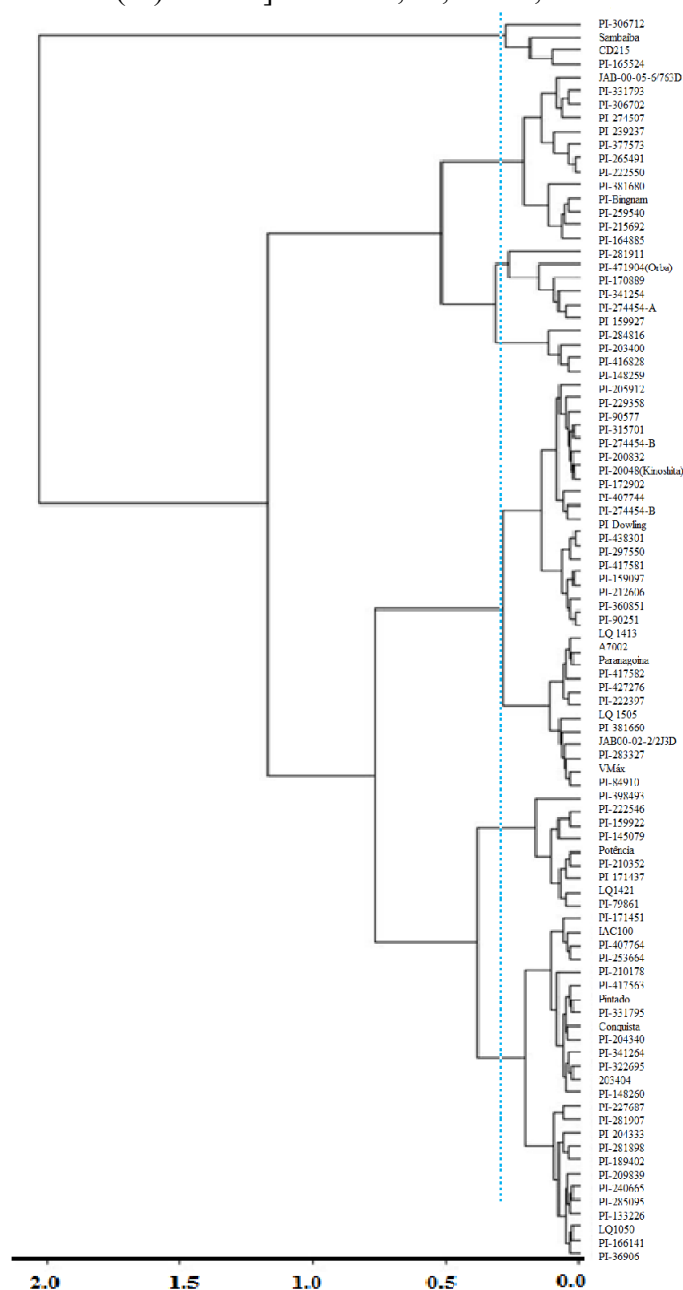
Dentre os genótipos plotados nos três componentes principais selecionados para estimar a diversidade genética no plano tridimensional e tomando como referência a alocação das cultivares brasileiras de soja Sambaíba e 203404, os genótipos com melhor desempenho para as características de maior poder discriminatório são os IPs 165524, 407744, 205912, 381660, 203400 e 281911 (Figura 1). Os genótipos também apresentam maior variabilidade para o número de dias para o florescimento, altura da planta na maturidade, período de enchimento das sementes, número de dias para a maturidade, peso da vagem, comprimento da vagem e características de peso de 100 sementes.

As cultivares brasileiras já estão adaptadas às condições edáficas e climáticas para baixas latitudes. São, portanto, a melhor referência de ajuste para seleção de novos genótipos de soja a serem

incluídos na genealogia de futuros cruzamentos que resultaram em novas variedades a serem liberadas no Brasil.

A partir da distância euclidiana pelo método UPGMA, foi gerado um dendrograma que foi capaz de alocar as 16 cultivares brasileiras e 76 IPs em seis painéis de diversidade com estruturação consistente e sem a presença de duplicatas, permitindo alto ajuste das matrizes e representação bidimensional pelo coeficiente de correlação cofenética de 0,79 e similaridade média de 0,4 entre os grupos de genótipos estudados (Figura 2).

Figura 2. Análise hierárquica de agrupamento por meio da distância euclidiana média para os doze caracteres relacionados aos componentes de produção e produtividade entre 76 IPs e 20 cultivares brasileiras de soja [*Glycine max* (L.) Merrill]. Teresina, PI, Brasil, 2014.



A alocação dos genótipos entre os painéis de diversidade ocorreu da seguinte forma: Grupo I formado por dois genótipos brasileiros, um da Índia e outro da África do Sul; Grupo II, formado por 46,2% dos genótipos pertencentes ao continente americano (quatro da América do Sul e os outros dois da América Central e América do Norte), 38,5% pertencentes ao continente asiático e 15,4% pertencentes ao continente africano; Grupo III, 60% asiáticos, 20% africanos, 10% americanos e 10% europeus; Grupo IV, com a maior concentração de cultivares brasileiras, seis ao todo, e composto em geral por 38,71% pertencentes ao continente americano (58,33% da América do Sul, 28,57% da América do Norte e 2,96% da América Central), 51,61% ao continente asiático, 6,46% ao continente africano e 3,22% ao continente europeu; O Grupo V foi formado por nove acessos, dentre os quais quatro são sul-americanos, e os demais asiáticos e africanos; e Grupo VI, 53,45% asiáticos, 34,62% sul-americanos e 11,93% africanos (com a maioria dos genótipos provenientes da parte sul do continente) (Tabela 1 e Figura 2).

O agrupamento hierárquico com pouca gradação no dendrograma e a alocação em diferentes grupos para genótipos de mesma origem, como as cultivares brasileiras de soja alocadas nos Grupos I, IV e V, corroboram a estreita base genética que esses materiais possuem. No entanto, apesar do baixo desempenho dos genótipos médios e pouco produtivos, os genótipos identificados como IPs africanos geralmente apareceram distribuídos em grupos definidos, formando pequenos subgrupos, mostrando a variação nos pools genéticos desses materiais para os caracteres morfoagronômicos avaliados (Tabela 1 e Figura 2).

Subgrupos expressivos de genótipos asiáticos foram estruturados em quatro dos painéis de diversidade; a posição geográfica, o comércio local e a distribuição dos genótipos de soja são uma provável explicação para essas alocações fragmentadas (Tabela 1 e Figura 2). Vale ressaltar que os genótipos chineses também tiveram alocação semelhante e apareceram em cinco dos seis grupos formados. Resultado semelhante foi observado por Marconato et al. (2017), que atribuíram a estruturação como resultado do centro de origem da soja ser a China.

Nos Grupos IV, V e VI, foi observada a associação entre os genótipos brasileiros melhorados e os genótipos chineses, como já foi encontrado em outras avaliações com os mesmos genótipos (MARCONATO et al., 2017). Além do centro de origem, a semelhança morfológica é evidente entre os genótipos de soja e, portanto, confirma a alocação conjunta.

De forma geral, dentro de todos os painéis de diversidade genética, houve estruturação de subgrupos entre os genótipos de soja originários da China, Taiwan, Filipinas, Tailândia e Indonésia, que são países ou regiões costeiras e insulares. Essas mesmas conformações podem ser encontradas nos estudos de Oliveira et al. (2010) e Marconato et al. (2017), mostrando a consistência das formações

grupais estabelecidas neste estudo. Outro fato importante foi a prevalência da alocação conjunta entre os genótipos sul-americanos, sendo a única exceção observada no Grupo I, no qual os genótipos brasileiros foram associados a genótipos asiáticos e africanos (Figura 2).

A indução do florescimento na soja ocorre em um período crítico e específico para cada genótipo, constituindo-se em um dos fatores limitantes para o amplo cultivo de soja em regiões de baixa latitude, uma vez que a soja é uma planta adaptada a dias curtos (ZHANG; WANG; HESKETH, 2001). De certa forma, essa exigência fisiológica selecionou um grande grupo de genótipos de soja com características semelhantes, especialmente para as características que se expressam entre as fases fenológicas de emergência e início do florescimento, que são fortemente afetadas pelo fotoperíodo e pela temperatura (CÂMARA et al., 1997; DESTRO et al., 2001).

4 CONCLUSÃO

A diversidade genética estudada através dos componentes de produção e rendimento dos genótipos de soja é estimada de forma satisfatória através dos seguintes caracteres: número de dias para o florescimento, período de enchimento das sementes, número de dias para a maturação; altura da planta na maturidade, peso de 100 sementes, valor agronômico e acamamento.

As 16 cultivares brasileiras e 76 IPs foram estruturadas em seis painéis de diversidade consistentes e sem duplicatas.

Os IPs 165524, 407744, 205912, 381660, 203400 e 281911 e as cultivares brasileiras Sambaíba e 203404 apresentam potencial para fornecer genes relacionados à tolerância ao estresse de temperaturas superiores a 30°C e latitudes inferiores a 10°S.

REFERÊNCIAS

- Agaewal, D. K., et al. (2013). Soybean: Introduction, improvement, and utilizations in India – problems and prospects. **Agricultural Research, 2**, 293–300.
- Al-Hadi, M. A. G., et al. (2017). Morpho-physiological characterization of soybean genotypes under subtropical environment. **Genetika, 49**, 297-311.
- Anderson, J. E., et al. (2016). Environmental Association Analyses Identify Candidates for Abiotic Stress Tolerance in **Glycine soja**, the Wild Progenitor of Cultivated Soybeans. **Bethesda, 6**, 835-843.
- Baldissera, J. N. C., et al. (2014). Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias, 13**, 181-189.
- Bitá, C. E., & Gerats, T. (2013). Plant tolerance to high temperature in a changing environment: scientific fundamentals and production of heat stress-tolerant crops. **Frontiers in Plant Science, 4**, 1-18.
- Câmara, G. M. M. S., et al. (1997). Influence of photoperiod and air temperature on the growth, flowering and maturation of soybean (**Glycine max** (L.) Merrill). **Scientia Agricola, 54**, 149-151.
- Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB). (2023). Último levantamento da safra 2023/2024. Disponível em <<https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/5728-ultimo-levantamento-da-safra-2023-2024-estima-producao-de-graos-em-298-41-milhoes-de-toneladas#:~:text=Dentre%20as%20culturas%20afetadas%20pelo,rela%C3%A7%C3%A3o%20per%C3%ADodo%202022%2F2023>>. Accessed on October 01, 2024.
- Cruz, C. D. (2013). GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy, 35**, 271-276.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., & Carneiro, P. C. S. (2012). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** (3rd ed.). Viçosa: Editora UFV.
- Damasceno Junior, P. C., et al. (2015). Diversidade genética em duas espécies de Caricáceas e suas relações genéticas com **Carica papaya** L. **Revista Ciência Agronômica, 46**, 733-739.
- Destro, D., et al. (2001). Photoperiodism and Genetic Control of the Long Juvenile Period in Soybean: A Review. **Crop Breeding and Applied Biotechnology, 1**, 72-92.
- Farias, J. R. B., Nepomuceno, A. L., & Neumaier, N. (2007). **Ecofisiologia da soja**. Londrina: Embrapa Soja. Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/handle/doc/470308>>. Acesso em 15 de maio, 2020.
- Federação das Indústrias do Estado de São Paulo (FIESP). (2020). Safra mundial da soja. Disponível em: <<https://www.fiesp.com.br/indices-pesquisas-e-publicacoes/safra-mundial>>. Accessed on 14 May, 2020.

Ferreira Júnior, J. A., et al. (2015). Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplo. **Revista Ciência Agronômica, 46**, 339-351.

Gomes, L. S., et al. (2014). Four conventional soybean **Glycine max** (L.) Merrill seeds exhibit different protein profiles as revealed by proteomic analysis. **Journal of Agricultural and Food Chemistry, 62**, 1283-1293.

Hacisalihoglu, G., et al. (2018). Quantitative trait loci associated with soybean seed weight and composition under different phosphorus levels. **Journal of Plant Interactions, 60**, 232-241.

Kaise, H. F. (1960). The application of electronic computers to factor analysis. **Educational and Psychological Measurement, 20**, 141-151.

Lin, J., et al. (2016). Transgenic soybean overexpressing **GmSAMT1** exhibits resistance to multiple-HG types of soybean cyst nematode **Heterodera glycines**. **Plant Biotechnology Journal, 14**, 2100-2109.

Marconato, M. B., et al. (2017). Genetic divergence in a soybean (**Glycine max**) diversity panel based on agro-morphological traits. **Genetics and Molecular Research, 15**, 1-11.

Oliveira, A. S., et al. (2015). Genetic variability and yield potential of three semiexotic maize (**Zea mays* L.*) populations. **Bioscience Journal, 31**, 1609-1617.

Oliveira, M. F., Nelson, R. L., & Geraldi, I. O. (2010). Establishing a soybean germplasm core collection. **Field Crops Research, 119**, 277-289.

Pangeni, D., et al. (2017). Effect of replacing conventional soybean meal with low oligosaccharide soybean meal fed to weanling piglets. **Journal of Animal Science, 95**, 320-326.

Pham, Q. V., Nguyen, T. T. N., Vo, T. T. X., Le, P. H., Nguyen, X. T. T., Duong, N. V., & Le, C. T. S. (2023). Applying the SIMPLE Crop Model to Assess Soybean (**Glicine max.* (L.) Merr.*) Biomass and Yield in Tropical Climate Variation. **Agronomy, 13**, 1180.

Priolli, R. H. G., et al. (2004). Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, 39**, 967-975.

Rodrigues, J. I. S., et al. (2010). Mapeamento de QTL para conteúdos de proteína e óleo em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, 45**, 472-480.

Singh, D. (1981). The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, s/v, 237-245.*

Spehar, C. R. (1994). Breeding soybeans to the low latitudes of Brazilian Cerrados (Savannahs). **Pesquisa Agropecuária Brasileira, 29**, 1167-1180.

Steinke, E. T. (2012). **Climatologia fácil** (1st ed.). São Paulo: Oficina de Textos.

Teixeira, F. G., et al. (2017). Inheritance of Precocity and of Agronomic Characters in Soybean. **Genetics and Molecular Research, 16**, 1-13.

Wysmierski, P. T., & Vello, N. A. (2013). The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. *Genetics and Molecular Biology, 36*, 547-555.

Zhang, L., Wang, R., & Hesketh, J. D. (2001). Effects of Photoperiod on Growth and Development of Soybean Floral Bud in Different Maturity. *Agronomic Journal, 93*, 944-948.