

## DIVERSIDADE GENÉTICA EM LINHAGENS DE SOJA

Lawrência Maria Conceição de Oliveira<sup>1</sup>, João Marcos Amario de Sousa<sup>1</sup>, Elaine de Novais Chaves<sup>1</sup>,  
Thiago Brandão Carneiro<sup>1</sup>, André Torres de Oliveira<sup>1</sup>, Leonardo Corrêa da Silva<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Estudante do Curso Superior de Bacharelado em Agronomia – IFTO. Bolsista do Programa de Iniciação Científica - CNPq. e-mail: <law.maria16@gmail.com>

<sup>1</sup>Estudante do Curso Superior de Bacharelado em Agronomia – IFTO. Colaborador. e-mail: <joaomarcosamariodesousa@gmail.com >

<sup>1</sup>Estudante do Curso Superior de Bacharelado em Agronomia – IFTO. Colaboradora. e-mail: <aelainenovaischaves@gmail.com>

<sup>1</sup>Estudante do Curso Superior de Bacharelado em Agronomia – IFTO. Colaborador. e-mail: <thiago.carneiro@estudante.ifto.edu.br>

<sup>1</sup>Estudante do Curso Superior de Bacharelado em Agronomia – IFTO. Colaborador. e-mail: <andre.oliveira@estudante.ifto.edu.br>

<sup>2</sup>Professor – IFTO. Orientador. e-mail: <leocalvino@yahoo.com.br>

**Resumo:** Os estudos de diversidade genética auxiliam na seleção de genitores distintos, que poderão ser utilizados em hibridações nos programas de melhoramento. O objetivo desse trabalho foi avaliar a diversidade genética de 25 linhagens de soja no extremo norte do Tocantins para a inferência de possíveis combinações de genitores para formação de população segregante. O estudo foi conduzido na área experimental pertencente ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Tocantins - *Campus Araguatins*. Foi utilizado o delineamento de blocos casualizados, sendo 25 tratamentos e 3 repetições. Cada parcela foi formada por duas fileiras de 4 m de comprimento, espaçadas 0,50m entre fileiras. Foram avaliadas o número de dias para a emergência, para o florescimento e para a colheita, altura de planta e de inserção da primeira vagem, diâmetro de caule, número de vagem por planta e de semente por vagem, e o rendimento. Para a análise de diversidade genética foi usada a distância generalizada de Mahalanobis e, posteriormente, o agrupamento pelo método de Tocher. A importância relativa dos caracteres foi determinada pelo método de Singh. Houve efeito significativo para todas as características avaliadas, indicando a existência de variabilidade genética. Pelas estimativas de dissimilaridade, observou-se que a maior distância foi entre as linhagens 17 e 24 (170,39), enquanto a menor foi entre as linhagens 14 e 15 (2,48). No agrupamento de Tocher foi possível separar as linhagens em dois grupos. A característica que mais e menos contribuíram para a divergência entre as linhagens foi NDC (37,49%) e DC (4,26%), respectivamente.

**Palavras-chave:** desempenho agrônomo, divergência genética, *Glycine max*

## 1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max*) é uma oleaginosa que se destaca no atual contexto econômico mundial, desempenhando papel relevante na cadeia agroindustrial (IMEA, 2015). No Brasil, a produção está estimada em 120,4 milhões de toneladas de soja, atingindo recorde histórico de produção, com ganho de 4,7% em relação à safra 2018/2019 (CONAB, 2020). É uma excelente fonte de proteína de baixo custo e de elevada qualidade (BORDINGNON e MANDARINO, 1994), sendo um produto com diversas formas de utilização em diferentes segmentos.

Essa cultura está em rápida expansão, ocupando áreas inexploradas a cada ano. Porém, a planta de soja é fortemente influenciada pelos fatores climáticos, com ênfase no fotoperíodo e temperatura (MENDES, 2011). Os fatores limitantes inerentes à planta podem ser minimizados pelo melhoramento genético, sendo possível devido a existência da variabilidade genética nas espécies (SILVA, 2013). Esse fator é importante na seleção de plantas para obter novas cultivares superiores.

Entretanto, a constante hibridação de genótipos superiores, geneticamente semelhantes, tem resultado em uma redução na diversidade genética das plantas cultivadas, aumentando a vulnerabilidade da cultura aos estresses abióticos e bióticos, principalmente a soja brasileira, cuja base genética ainda é estreita (WYSMIERSKI e VELLO, 2013; NOGUEIRA, 2011 citado por MEDEIROS, 2018).

A diversidade genética é reduzida quando há o cruzamento frequente de um pequeno número de cultivares (WYSMIERSKI e VELLO, 2013). Pesquisas relacionadas a esse tema desempenham um importante papel no processo de melhoramento, pois auxiliam na seleção de genitores divergentes entre si, o que possibilita a ampliação da base genética dos programas e combinações híbridas que proporcionarão maior variabilidade genética nas gerações segregantes (GOMES, 2017; MEDEIROS, 2018).

Desse modo, o objetivo desse trabalho foi avaliar a diversidade genética de 25 linhagens de soja no extremo norte do estado do Tocantins, permitindo o estabelecimento de um banco de germoplasma e a inferência de possíveis combinações de genitores para formação de população segregante em um programa de melhoramento genético no IFTO-*Campus* Araguatins.

## 2 METODOLOGIA

O estudo foi conduzido na área experimental pertencente ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Tocantins (IFTO) - *Campus* Araguatins, localizado nas coordenadas aproximadas de 05° 38' 41" S e 48° 04' 14" W. A região apresenta clima tipo AW, segundo classificação de Koppen, com precipitação média anual variando de 1.500 a 2.000 mm, temperatura média em torno de 28,5 °C e altitude de 103 m (INMET, 2015).

O solo presente na área experimental é classificado como argiloso, com alta retenção de água, contendo 42,5% de argila, 5% de silte e 52,5% de areia total, cuja composição química pode ser observada na Tabela 1.

Tabela 1 - Composição química do solo da área experimental

pH	M.O.	P	K	Ca	Mg	Al	H+Al	SB	T	V
(CaCl <sub>2</sub> )	(dag.kg <sup>-1</sup> )	(mg.dm <sup>-3</sup> )		(cmolc.dm <sup>-3</sup> )						(%)
5,2	2,4	0,9	134	12,0	6,4	0,10	4,20	18,74	22,94	82

Fonte: Sellar - Laboratório de Análises Agrícolas do Tocantins Ltda. Gurupi – TO, 2019.

Os valores médios mensais de temperatura do ar (T °C), umidade relativa do ar (UR%) e precipitação pluviométrica total mensal (mm) registradas durante o período experimental podem ser observadas na Tabela 2, obtidas no site do INMET (2020).

Tabela 2 - Temperatura e umidade relativa do ar médias mensal e precipitação total do município de Araguatins - TO, durante o período experimental de janeiro a junho de 2020

	Janeiro	Fevereiro	Março	Abril	Maió	Junho
T°C	26,47	27,60	26,33	26,14	27,41	27,31
UR%	79,12	82,76	81,05	77,46	73,51	65,98
Precipitação	400	305	427	268	53	0

Fonte: Estação Climatológica de Araguatins (A044) - INMET, 2020.

Foram avaliadas 25 linhagens de soja provenientes do Programa de Melhoramento da Qualidade e Sabor da Soja (PMQSS) da Universidade Federal de Viçosa (UFV), listadas na Tabela 3.

Tabela 3 - Linhagens de soja avaliadas

Linhagens									
<b>1</b>	1024	<b>6</b>	1246	<b>11</b>	1969	<b>16</b>	2259	<b>21</b>	2597
<b>2</b>	1041-1051	<b>7</b>	1248	<b>12</b>	1989	<b>17</b>	2369	<b>22</b>	2615
<b>3</b>	1079	<b>8</b>	1249	<b>13</b>	2173	<b>18</b>	2409	<b>23</b>	2970
<b>4</b>	1080	<b>9</b>	1381	<b>14</b>	2196	<b>19</b>	2437	<b>24</b>	3267
<b>5</b>	1245	<b>10</b>	1391	<b>15</b>	2198	<b>20</b>	2457	<b>25</b>	4145

O solo foi preparado de modo convencional, sendo feita uma gradagem com implemento agrícola e posterior sulcamento das linhas de plantio com auxílio de enxadas. O plantio das sementes e a adubação nos sulcos foram feitos manualmente. A calagem e a adubação de plantio foram realizadas com base na análise de solo e recomendações para a cultura da soja. Assim, foram utilizados 22 kg de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> e 2,27 kg de K<sub>2</sub>O (RIBEIRO et al., 1999).

Foram semeadas 15 sementes por metro linear, a fim de obter uma população de plantas de 300.000 plantas.ha<sup>-1</sup> (SEDIYAMA et al., 2015). A colheita foi realizada manualmente quando as plantas atingiram o estágio de maturação (R8).

O delineamento utilizado no experimento foi o de blocos casualizados, sendo 25 tratamentos e 3 repetições, totalizando 75 parcelas. Cada parcela foi formada por duas fileiras de 4 m de comprimento, com espaçamento entre fileiras de 0,50 m, constituindo uma área útil de 4 m<sup>2</sup> por parcela.

A fim de caracterizar o desenvolvimento das linhagens foram avaliados o número de dias para a emergência (NDE), obtida pela contagem de dias do plantio (DAP) até que pelos menos 50% das plantas da parcela apresentassem os cotilédones acima da superfície do solo; número de dias para o florescimento (NDF), obtida pela contagem de dias da emergência (DAE) até que 50% da parcela apresentasse plantas com pelo menos uma flor completamente aberta; número de dias para a colheita (NDC), obtida pela contagem de dias da emergência até que 95% das vagens da parcela estivesse no estágio de maturação plena (R8).

No estágio R8 foram selecionadas 5 plantas ao acaso por parcela e mensuradas a altura de planta (AP), expresso em cm, medida do nível do solo até a gema axilar da última folha da haste

principal, com auxílio de uma trena; altura de inserção da primeira vagem (AIPV), expresso em cm, medido do nível do solo até a primeira vagem da haste principal, com auxílio de uma trena; diâmetro de caule (DC), expresso em mm, medido na região compreendida entre o colo da planta e a cicatriz do nó cotiledonar, com auxílio de um paquímetro digital; número de vagens por planta (NVP); e número de sementes por vagens (NSV).

Após a colheita foi obtido o rendimento (R), por parcela, expresso em  $\text{kg.parcela}^{-1}$  e, posteriormente, convertido para  $\text{kg.ha}^{-1}$ , obtida pela massa do total de grãos coletados por parcela.

Os dados provenientes das caracterizações agrônômicas foram submetidos a análise de variância e, uma vez detectada significância da ANOVA, foi realizada a análise de diversidade genética, utilizando como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) e posteriormente o agrupamento pelo método de Tocher (Rao, 1952). A importância relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética das linhagens foi determinada pelo método de Singh (1981). Todas as análises foram feitas no programa Genes (CRUZ, 2016).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Devido aos altos índices pluviométricos após o período de plantio e pelo fato do preparo das linhas terem sido manuais, houve acúmulo de água nas parcelas, resultando em baixa emergência das plântulas, dessa forma, essa característica não foi considerada na análise de diversidade genética. Uma vez que só seriam consideradas emergidas as parcelas que apresentassem 50% dos cotilédones acima da superfície do solo, apenas as parcelas 102 (Tratamento 2) e 123 (Tratamento 23) foram consideradas emergidas, com 7 e 6 DAP, respectivamente. Para as demais parcelas, foi feita uma contagem do total de plântulas emergidas, em cada parcela, 13 DAP, considerando que a emergência dura de 3 a 10 DAP (PORTAL SYNGENTA, 2020).

Houve efeito significativo ( $p < 0,01$  e  $p < 0,05$ ) para todas as características avaliadas, indicando a existência de variabilidade genética entre as linhagens avaliadas. A detecção de variabilidade genética permite analisar a viabilidade para a seleção de linhagens superiores (GOMES, 2017).

Pelas estimativas de dissimilaridade obtida pela distância generalizada de Mahalanobis, observou-se que as maiores distâncias foram entre as linhagens 17 e 24 (170,39), enquanto a mínima distância foi encontrada entre as linhagens 14 e 15 (2,48) (Tabela 4). Todas as linhagens avaliadas apresentaram uma máxima distância com a linhagem 24, demonstrando que ela apresenta uma divergência genética com as demais linhagens estudadas. E entre estas últimas, foi observada uma aproximação, evidenciando, a princípio, que não é recomendada a realização de hibridações artificiais utilizando-as como parentais, pois a variabilidade genética seria menor (GOMES, 2017).

Os valores encontrados para as menores distâncias foram inferiores a 20, com exceção das linhagens 24 e 25, que apresentaram valores para a menor distância de 90,53 e 20,20, respectivamente. Sendo que a linhagem 14 apresentou menores distâncias com as demais linhagens, com exceção da distância com a linhagem 25 (20,20), o que representa uma menor diversidade genética dessa linhagem com as demais.

Tabela 4 - Estimativa da dissimilaridade obtidas por meio das distancias generalizada de Mahalanobis de vinte e cinco linhagens de soja

Linhagem	Maior distância	Linhagem	Menor distância	Linhagem
1	90.53	24	7.84	3
2	140.06	24	13.20	4
3	127.90	24	7.81	16
4	156.50	24	13,20	2
5	132.55	24	3,99	8
6	135.40	24	6,95	7
7	124.51	24	6,30	8
8	126.39	24	3,99	5
9	144.20	24	7,06	18
10	121.13	24	2,63	14
11	157.48	24	9,94	3
12	136.71	24	3,07	20
13	141.51	24	5,63	15
14	127.43	24	2,48	15
15	134.80	24	2,48	14
16	117.21	24	6,66	22
17	170.39	24	18,55	22
18	134.10	24	3,13	14
19	136.80	24	4,96	20
20	136,57	24	3,07	12
21	140.19	24	3,34	12
22	130.16	24	2,75	14
23	136.56	24	4,01	18
24	170.39	17	90,53	1
25	104.01	24	20,20	14

Com base na matriz de distância generalizada de Mahalanobis obteve-se a análise de agrupamento pelo método de Tocher, sendo possível separar as linhagens em dois grupos distintos (Tabela 5). Os métodos de agrupamento separam um grupo original em vários subgrupos, de forma a obter máxima homogeneidade dentro dos subgrupos e máxima heterogeneidade entre eles (SILVEIRA, 2018). O grupo I reuniu aproximadamente 96% das linhagens avaliadas, sendo o outro grupo (II) composto por apenas uma linhagem. Almeida et al. (2011), ao avaliarem a divergência genética de doze

cultivares de soja, também obtiveram a separação delas em apenas dois grupos, sendo o grupo II composto por apenas uma cultivar.

Tabela 5 - Agrupamento das linhagens de soja pelo método de Tocher com base na matriz de distância de Mahalanobis. Araguatins, TO, 2020

<b>Grupos</b>	<b>Linhagens</b>
I	14 15 18 10 22 23 20 12 13 8 19 5 16 21 7 6 9 1 11 3 2 17 4 25
II	24

As cultivares reunidas em grupos mais distantes fornecem um indicativo de serem dissimilares, podendo ser consideradas como promissoras em cruzamentos artificiais. No entanto, além de dissimilares, as linhagens devem possuir média elevada e variabilidade para os caracteres que estejam sendo melhorados (MIRANDA, 1998 citado por ALMEIDA et al., 2011). Assim, a distância da linhagem 24, em relação as demais, sugere que esta pode proporcionar efeito heterótico elevado após hibridações.

A contribuição relativa de cada uma das oito características para a divergência genética entre as linhagens, conforme proposto por Singh (1981), pode ser observada na Tabela 6. As características que mais contribuíram para a divergência entre as linhagens foram NDC (37,49%), seguida de NVP (12,22%), AP (11,78%), AIPV (10,20%) e NDF (9,88%), e os que menos contribuíram foram NSV (7,55%), R (6,58%) e DC (4,26%).

Tabela 6 - Contribuição relativa (S. J.) das características para a divergência genética em 25 linhagens de soja, conforme critério de Singh (1981). Araguatins, TO, 2020

<b>Características</b>	<b>S.J</b>	<b>Valor (%)</b>
<b>Número de dias para o florescimento</b>	845,72	9,88
<b>Número de dias para a colheita</b>	3206,73	37,49
<b>Altura de planta</b>	1007,77	11,78
<b>Altura de inserção da primeira vagem</b>	872,67	10,20
<b>Diâmetro do caule</b>	364,71	4,26
<b>Número de vagem por planta</b>	1045,98	12,22
<b>Número de semente por vagem</b>	645,79	7,55
<b>Rendimento</b>	563,38	6,58

No estudo desenvolvido por Almeida et al. (2011), o NDC (39,49%) e o NDF (13,59%) também foram os que mais contribuíram para a divergência genética, com valores superiores aos obtidos no presente estudo. As 25 linhagens foram selecionadas em diferentes ambientes, o que colabora a maior divergência entre elas para estas características relacionadas ao ciclo.

A divergência genética fornece parâmetros para a identificação de combinações híbridas cujos cruzamentos proporcionem maiores efeitos heteróticos e maior probabilidade de obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes (CRUZ et al., 2014).

#### **4 CONSIDERAÇÕES FINAIS**

As linhagens avaliadas apresentaram variabilidade genética, apesar de agrupadas em apenas dois grupos. O intercruzamento dos indivíduos de um grupo com o do outro pode fornecer populações segregantes promissoras para começar um programa de melhoramento. Novos estudos devem ser feitos em condições de menores índices pluviométricos a fim de obter uma melhor caracterização destas linhagens e confirmação do comportamento das mesmas.

#### **5 AGRADECIMENTOS (Opcional)**

Ao Conselho Nacional de Pesquisa (CNPq), pela concessão da bolsa de pesquisa; ao Programa de Melhoramento de Qualidade e Sabor da Soja da Universidade Federal de Viçosa, pelas linhagens; e ao Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Tocantins, Campus Araguatins, pelo apoio com a pesquisa.

#### **REFERÊNCIAS**

ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**. v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.

BORDINGNON, J.; MANDARINO, J. Soja: composição química, valor nutricional e sabor. **Embrapa Soja-Documents (INFOTECA-E)**, 1994.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 1, n. 1, 2020. ISSN 2318-6852.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v 2. 3ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2014.

CRUZ, C. D. **Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen**. *Acta Scientiarum*. v. 38, n. 4, p. 547-552. 2016.

GOMES, G. F. Desempenho agrônomo, diversidade genética e recomendações de hibridações em soja para resistência à ferrugem asiática. Uberlândia, MG, 2017.

IMEA, I. Entendendo o Mercado de Soja. **Cuiabá: IMEA**, 2015.

INMET. INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA. [2015]. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/portal/>. Acesso em: 01 de abr. de 2020.

INMET. INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA. Disponível em: <https://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=estacoes/estacoesAutomaticas>. Acesso em: 29 de jun. de 2020.

MEDEIROS, L. A. Desempenho agrônômico e diversidade genética de linhagens de soja. Uberlândia, MG, 2018.

MENDES, L. F. Desempenho de genótipos de soja nos estados de Tocantins, Bahia, Maranhão e Piauí. Uberlândia, MG, 2011.

PORTAL SYNGENTA. **Estágios de evolução**. Disponível em: <https://portalsyngenta.com.br/sementes-soja-estagio-de-evolucao>. Acesso em: 07 de jul. de 2020.

RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley. 390p. 1952.

RIBEIRO, A. C.; GUIMARÃES, P.T.G.; ALVAREZ, V.H.V. **Recomendação para uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais, 5ª Aproximação**. Comissão de fertilidade do solo do estado de Minas Gerais – CFSEMG; p.326-327. Viçosa/ MG: Ed.UFV, 1999

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. Soja do plantio a colheita. Viçosa, MG: **Ed. UFV**, 2015. ISBN: 978-85-7269-519-0.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**. v.41, p.237-245. 1981.

SILVA, LEONARDO CORRÊA. **CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE RIL's DE FEIJÃO DERIVADAS DA POPULAÇÃO RUDÁ x AND 277**. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Viçosa, 2013, p. 59.

SILVEIRA, I. C. Diversidade genética e respostas de genótipos de soja sob déficit hídrico induzido por PEG 6000. Uberlândia, MG, 2018.

WYSMIERSKI, P. T.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 36, n. 4, p. 547-555, 2013.