

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ

Diversidade genética entre germoplasma de soja em Teresina- PI

Ubirajara Santana Assunção

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Piauí como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento para obtenção do título de Mestre.

Teresina

2016

Ubirajara Santana Assunção

Licenciado em Ciências Biológicas

Diversidade genética entre germoplasma de soja em Teresina - PI

Orientadora:

Profa. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes

Co-Orientadora:

Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Piauí como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento para obtenção do título de “Mestre”.

Teresina

2016

A851d Assunção, Ubirajara Santana

Diversidade genética entre germoplasma de soja em Teresina- PI / Ubirajara Santana Assunção – Teresina, 2016.
73 f.: il.

Dissertação(Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2016.

Orientação: Prof^a. Dr^a. Ângela Celis de Almeida Lopes

1 .*Glycine max* 2. *Plant introduction* 3. Recursos genéticos
4. Variabilidade genética 5. Análises multivariadas I. Título

CDD 633.34

Diversidade genética entre germoplasma de soja em Teresina - PI

Ubirajara Santana Assunção

Aprovado em ____/____/____

Comissão julgadora:

Prof. Dr. Raimundo Nonato Oliveira Silva – UFPI/CAFS

Prof. Dr. Jardel Oliveira Santos – UFMA

**Prof.^a Dr.^a Regina Lucia Ferreira Gomes – CCA/UFPI
(Co-orientadora)**

**Prof.^a Dr.^a Ângela Celis de Almeida Lopes – CCA/UFPI
(Orientadora)**

Ofereço a Deus, pelo dom da vida e pelas bênçãos que tem proporcionado a mim.

Ofereço.

À minha família, em especial aos meus pais, Rosângela de Fátima B. Santana e José Manoel Assunção, por todo amor desprendido e por terem batalhado muito para que eu alcançasse meus objetivos. Ao meu irmão, José Manoel Assunção Filho, por me ajudar a enfrentar tantos momentos difíceis durante o período do mestrado;

À minha amada e estimada esposa, Ana Caroline Assunção Costa, a quem eu dedico essa conquista, pelas palavras de incentivo e pelo apoio incondicional e pela confiança, dedicação e amor que a mim tem dado;

À minha sogra e amiga, Maria do Perpétuo Socorro Assunção de Sousa, pelo carinho, dedicação, por ser uma mãe para mim, pelo apoio e palavras de fé;

Aos meus avós, Maria de Jesus Broxado Santana e Francisco Desidério de Santana (*in memoriam*), por ter sido os mais maravilhosos avós, por sempre acreditarem na minha capacidade de vencer;

As meus familiares, minha madrinha Maria Pedrina de Sousa, José Assunção, Maria Elza Assunção de Sousa e Benedita Assunção de Sousa, pelo acolhimento, pelas palavras de incentivo, pelas ajudas diárias na minha vida.

Dedico

AGRADECIMENTOS

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES);

À Universidade Federal do Piauí, pela garantia da minha qualificação no curso de mestrado;

Às professoras, Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes e Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes, pelo carinho, ensinamentos, atenção, dedicação e valorosos conselhos, desde o mestrado;

À Universidade de São Paulo/Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (USP/ESALQ), na pessoa do professor Dr. José Baldin Pinheiro pela parceria e confiança depositada, em especial com o Programa de Pesquisa em Genética e Melhoramento da Universidade Federal do Piauí;

Aos professores Dr. Francisco Edinaldo Pinto Mousinho e Dr. José Bento de Carvalho por terem dado oportunidade de conduzir os experimentos no Colégio Técnico de Teresina;

Ao Prof. Ms. Carlos Humberto Aires Matos Filho, por ter se proposto desde o início a ajudar nas análises e construção deste trabalho;

Aos professores do curso, Prof.^a Dr.^a Lidiane de Lima Feitosa, pela honrosa amizade, Dr. Paulo Sarmanho da Costa Lima, Dr. Maurisrael de Moura Rocha, Dr.^a Ana Paula Peron, Dr.^a Melissa Oda-Souza e Dr. Sérgio Emílio dos Santos Valente, pelos ensinamentos transmitidos;

Aos meus amigos de turma, Laíse da Silva Passos, Gizele de Andrade Luz e Jesuino da Silva Costa Martins;

Às alunas do Colégio Técnico de Teresina, Thalita Cristina Silveira e Maria dos Remédios;

Aos colegas de Teresina que muito contribuíram com a execução do experimento: Camila Campelo de Sousa, Benício Oliveira dos Santos Júnior, Wellington de Moura, Antônia Batista, Débora Macedo, Hélio Monteiro, Vinícius Santos, Gabriel Gonçalves, Artur Mendes;

A todas as pessoas que de algum modo contribuíram para a realização deste trabalho, meus sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	10
LISTA DE FIGURAS	11
LISTA DE TABELAS	12
1 INTRODUÇÃO	13
2 REVISÃO DE LITERATURA	15
2.1 <i>Glycine max</i> (L.) Merrill.....	15
2.1.1 Classificação botânica.....	15
2.1.2 Origem e dispersão.....	15
2.1.3 Estágio de desenvolvimento.....	16
2.2 Importância econômica da soja.....	18
2.3 Recursos genéticos vegetais.....	19
2.4 Base genética.....	23
2.5 Uso de <i>Plant Introduction</i> em programas de melhoramento.....	25
2.6 Estudo da diversidade genética em programas de melhoramento.....	26
2.7 Tolerância ao estresse por altas temperaturas.....	29
3 MATERIAIS E MÉTODOS	32
3.1 Caracterização da área experimental.....	32
3.2 Instalação e condução do experimento em campo.....	33
3.3 Material genético vegetal.....	34
3.4 Descritores morfoagronômicos.....	37
3.5 Análises Estatístico-Genéticas.....	39
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
4.1 Caracterização do ambiente de condução do experimento.....	40
4.2 Diversidade genética entre acessos de soja com base em descritores morfoagronômico.....	41
4.2.1 Caracterização de acessos de soja com base em descritores morfoagronômicos.....	41
4.2.2 Agrupamento pelo Método UPGMA.....	47
4.2.3 Análise de componentes principais.....	56
5 CONCLUSÕES	60
REFERÊNCIAS	61

RESUMO

ASSUNÇÃO, S. A. **Diversidade genética entre germoplasma de soja em Teresina - PI.** 73p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - UFPI, Teresina, 2016.

A soja (*Glycine max*) se destaca por ser uma das culturas mais importantes no mundo, principalmente por sua riqueza nutricional. O germoplasma de soja, utilizado para o desenvolvimento de novas cultivares, caracteriza-se por apresentar uma base genética estreita, o que ocasiona grandes problemas como a redução dos patamares de produtividade e vulnerabilidade genética, tornando-se importante o estudo de germoplasma exótico para a identificação de novas fontes de genes a serem inseridos em programas de melhoramento. Diante disso, o presente trabalho tem por objetivo avaliar a divergência genética entre 93 acessos de soja, com enfoque no desempenho agrônômico em condição de estresse a altas temperaturas em baixas latitudes. Para tanto, foram utilizados 16 marcadores morfoagronômicos, avaliados em campo e os dados submetidos a análises multivariadas para estimar a diversidade genética. Foram formados seis grupos no dendrograma gerado pelo método UPGMA, a partir da matriz de distância euclidiana média. Os descritores relacionados ao ciclo e à produção de grãos evidenciam maior contribuição para a variabilidade genética. As PI's: 165524, 407744, 205912, 381660, 203400, 281911 e 203404, e a cultivar brasileira Sambaíba possuem potencial para a tolerância a alta temperatura em baixa latitude, podendo ser utilizados na ampliação da base genética em programas de pré-melhoramento e melhoramento de soja do Brasil, sobretudo para regiões do nordeste.

Palavras-chave: *Glycine max*; *Plant introduction*; Recursos genéticos; Variabilidade genética; Análises multivariadas

ABSTRACT

Soybean (*Glycine max*) stands out for being one of the most important crops in the world, mainly for its nutritional value. Soybean germplasm used for the development of new cultivars is characterized by having a narrow genetic base, which causes serious problems such as reduction of productivity levels and genetic vulnerability, making it important to study exotic germplasm for identifying new sources of genes to be inserted in breeding programs. Therefore, this paper aims to make the evaluation of the genetic divergence among 93 soybean accessions, focusing on agronomic performance under stress conditions at high temperatures at low latitudes. Therefore, we used 16 morphological markers evaluated in the field and the data subjected to multivariate analysis to estimate genetic diversity. six groups were formed in the dendrogram generated by UPGMA method, from the average distance Euclidean matrix. The descriptors related to the cycle and the production of grains show greater contribution to the genetic variability. The PI's: 165524, 407744, 205912, 381660, 203400, 281911 and 203404, and the Brazilian cultivar Sambaíba have the potential for high temperature tolerance in low latitude and can be used to expand the genetic basis of pre-breeding and breeding programs soy in Brazil, especially for the northeastern regions.

Keywords: *Glycine max*; *Plant introduction*; Genetic resources; Genetic variability; Drought tolerance; Multivariate analyzes

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Distribuição geográfica dos 93 acessos de soja avaliados (77 *plants introductions* de 32 países diferentes e 16 cultivares de diferentes regiões do Brasil), por país de origem, 2014, Teresina..... 37
- Figura 2 - Variabilidade existente no germoplasma avaliado. A – Alguns dos acessos usados no experimento: A – Variação para cor do tegumento: A1 - PI 148260, A2 - PI 204340, A3 - PI 159927 e A4 - PI 222397. B – variação para cor do hilo: B1 - PI 204340, B2 - PI 159927, B3 - PI 148260, B4 - Conquista e B5- PI 222397. C – variação para cor da flor: C1 - A 7002 e C2 - Potencia..... 38
- Figura 3 - Variação da temperatura máxima diária durante a condução do experimento em Teresina, 2014..... 41
- Figura 4 - Dendrograma da análise de agrupamento hierárquico UPGM utilizando a distância euclidiana média, para os 16 descritores morfoagronômicos entre 93 genótipos de soja. A linha azul contínua indica a distância abaixo da qual foram considerados os seis grupos, Teresina, 2014... 49
- Figura 5 - Distribuição geográfica dos grupos 1, 2, 3, 4, 5 e 6, formados a partir da análise agrupamento para os 16 marcadores morfoagronômicos entre 93 genótipos de soja, Teresina, 2014.....50
- Figura 7 – Gráfico bidimensional com dispersão dos 93 acessos e projeções dos vetores dos 12 descritores avaliado em 77 acessos de soja e 16 cultivares brasileiras. Teresina, PI, 2014, UFPI..... 58

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Relação dos 93 acessos avaliados (77 plant introduction de 32 países diferentes e 16 cultivares de diferentes regiões do Brasil), com seus respectivos número de registro (PI) e país/região de origem, Teresina, 2014, UFPI.	36
Tabela 2 - Distribuição das frequências dos caracteres qualitativos e quantitativos nos 93 acessos de soja sob condições de estresse térmico, avaliados em Teresina, 2014, UFPI.....	43
Tabela 3 - Médias dos descritores avaliados considerando os 6 grupos de genótipos discriminados pela análise de agrupamento, Teresina, 2014, UFPI	51
Tabela 4 - Autovalores de cada componente e sua importância em relação à variância total entre os 93 genótipos de soja, Teresina, 2014, UFPI.....	57
Tabela 5 - Conjunto de autovetores associados aos caracteres e a cada componente principal avaliado entre os 93 genótipos de soja, Teresina, 2014, UFPI.....	57
Tabela 6 - Contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética entre os 93 genótipos de soja, Teresina, 2014, UFPI.....	59

1 INTRODUÇÃO

A soja *Glycine max* possui um elevado potencial de uso a nível mundial, devido à importância dos seus produtos, utilizados o consumo animal, por meio do farelo da soja, para alimentação humana, por meio dos seus subprodutos (óleo e proteína), bem como para a produção de biocombustíveis (DALL'AGNOL, 2008).

A área de produção da soja no Brasil aumentou em 9% no ano de 2014, estando entre os três principais produtos agrícolas, juntamente com o milho e o arroz (IBGE, 2015). O aumento da produção de soja no Brasil fez do país o segundo maior produtor de soja no mundo, perdendo apenas para os Estados Unidos, e o maior exportador de soja dentre os maiores produtores (FAO, 2014).

Em 2014, a produção nacional da soja atingiu 7,4 milhões de toneladas, sendo superada em 1 milhão em 2015, o que representa um crescimento de 3,9% em relação ao ano anterior. O sucesso na produção de soja se deu pelo incremento de novas áreas nos maiores estados produtores, especialmente, Mato Grosso e Paraná, primeiro e segundo maiores produtores nacionais respectivamente (IBGE, 2015).

Por outro lado, é importante destacar que a agricultura de uma maneira geral ainda possui grandes e novos desafios, principalmente o que se relaciona à produção de grãos que pode sofrer quedas devido a efeitos adversos, a exemplo da redução da precipitação pluviométrica e a elevação da temperatura, que afetam diretamente no crescimento e produtividade das plantas (RAMALHO et al., 2009).

Considerando que as mudanças climáticas afetem a agricultura, faz-se necessário o uso de novas cultivares de soja com potencial para produtividade e que sejam tolerantes a diferentes tipos de estresses abióticos, tais como as altas temperaturas, seca e fotoperíodo (PELEGRINO et al., 2007).

Além dos efeitos adversos do ambiente, o germoplasma de soja brasileira apresenta uma base genética estreita. Segundo Wysmierski e Vello (2013), tal estreitamento é ocasionado pelo uso de poucos genitores no início dos programas de melhoramento genético no Brasil que, em longo prazo, pode

ocasionar riscos como a vulnerabilidade genética e redução nos patamares de produtividade.

O uso de germoplasma exótico é uma das formas eficiente para ampliar a variabilidade genética, havendo diferentes tipos de estratégias de introdução desse tipo de germoplasma possíveis de serem aplicadas tanto em programas de pré-melhoramento genético quanto nos programas de melhoramento genético, dentre as quais se destacam: uso direto na produção; uso direto em cruzamento para a produção; uso direto em programas de pesquisa; avaliação preliminar do germoplasma exótico *per se* e avaliação preliminar do germoplasma em cruzamento (NASS et al., 2001).

Para tanto, se faz necessário o acúmulo de informações sobre os acessos, pertencente aos bancos de germoplasmas, por permitir a identificação de características úteis em genitores específicos (RIBEIRO, 2011).

Desta forma, objetivou-se estudar a diversidade genética em acessos de soja (77 *Plant Introduction* e 16 cultivares brasileiras) e selecionar os que apresentaram o potencial para tolerância a altas temperaturas em região de baixa latitude, que servirão como fonte de genes para os programas de melhoramento.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 *Glycine max* (L.) Merrill

2.1.1 Classificação botânica

O gênero *Glycine*, constituído por dois subgêneros: *Glycine* e *Soja*, pertence à família Fabaceae, que é uma das maiores famílias botânicas, apresentando uma ampla distribuição com mais de 650 gêneros e 18.000 espécies já catalogadas (CHUANG; SINGH, 2008).

O subgênero *Glycine* é composto por 26 espécies perenes silvestres, as quais se destacam: *Glycine canescens* e *Glycine tomentella* Hayata, encontradas na Austrália e em Nova Guiné, respectivamente. O subgênero *Soja* inclui a soja cultivada e a soja silvestre, ambas anuais (SAMMOUR, 2014).

A soja *Glycine max* (L.) Merrill pertencente à divisão Magnoliophyta, à classe Magnoliopsida, subclasse Rosidae, ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Papilionoideae, tribo Phaseoleae e gênero *Glycine*. Consiste, pois, em uma planta autógama, de dia curto e diploide, cujo número cromossômico predominante é $2n=40$ (BERNARD; WEISS, 1973).

2.1.2 Origem e dispersão

A soja *G. max* foi domesticada a partir do seu parente anual silvestre *Glycine soja* Sieb & Zucc entre os períodos de 1700 a 1000 anos a.C. na China, país considerado o centro de origem e de diversidade da soja (CHUANG; SINGH, 2008). O centro de origem chinês está dividido em dois subcentros: primário e secundário, sendo que o centro de origem primário está localizado no centro-sul da China e o centro secundário na região da Manchúria (LI et al., 2008).

A dispersão da soja do Oriente para o Ocidente se deu por meio de navegadores e missionários, no final do século XV e início do século XVI. Durante esse período, pesquisadores europeus obtiveram sementes e as distribuíram para os jardins botânicos e estações experimentais da Alemanha, Inglaterra, Áustria, Holanda, Suíça, Polônia, França, Itália e Hungria. Esses

materiais foram usados para diversos estudos científicos, em busca de conhecimentos sobre o desenvolvimento e a produtividade da planta (HYROMWITZ; NEWELL, 2004).

Em 1765, a soja foi introduzida nos Estados Unidos para fins de cultivo forrageiro e reintroduzida várias vezes à medida que aumentava a sua importância econômica. A partir de 1941, com o aumento do uso da soja para produção de grãos ocorreu o aumento da área destinada à produção e diminuição da área destinada a forragem (MIYASAKA; MEDINA, 1981).

No Brasil, a soja, oriunda dos Estados Unidos, foi introduzida em 1882 no estado da Bahia por Gustavo D'utra, professor da Escola de Agronomia da Bahia. Em 1891, foram realizados testes de adaptação de cultivares no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), estado de São Paulo (SP), semelhantes aos conduzidos por Dutra. Em 1908, novas variedades de soja foram trazidas do Japão para São Paulo, pelos imigrantes japoneses (WYSMIERSKI, 2010).

Entre 1900 e 1901, o IAC promoveu a distribuição das sementes oriundas dos EUA para produtores paulistas, e nessa mesma data, há registro do primeiro cultivo de soja no Rio Grande do Sul. A partir dos anos 1980, a fronteira agrícola da soja foi expandida para os cerrados, nos estados de Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso e Goiás. Na década de 1990, se expandiu para a região tropical do Brasil, nos estados do Tocantins, sul do Maranhão, sul do Piauí e oeste da Bahia (ROCHA, 2009).

A expansão da soja no Brasil se deu, basicamente, devido aos estudos de fertilização dos solos do cerrado, à sua topografia plana e favorável à mecanização, e ao desenvolvimento de novas cultivares adaptadas à região (WYSMIERSKI, 2010). Segundo dados da FAO (2014), a soja continua sendo bastante cultivada em vários países como: Paraguai, Canadá, Índia, África do Sul, Nigéria, Uganda, Itália e França.

2.1.3 Estágio de desenvolvimento

A determinação dos estágios de desenvolvimento da soja é essencial para aplicar as práticas de manejo e também para determinar o controle preciso da perda potencial de rendimento devido a fatores bióticos e abióticos (WRIGHT; LENSSEN, 2013).

Na prática, o crescimento, o desenvolvimento e o rendimento da soja resultam da interação entre o potencial genético de uma determinada cultivar com o ambiente, de maneira que, quando ocorrem mudanças no ambiente, também ocorrem no desenvolvimento da planta. As combinações de práticas de manejos, tais como: cultivo e adubação criteriosa do solo, seleção das cultivares e densidade de plantas mais adequada, controle das plantas daninhas e das pragas, além de muitas outras, variam em diferentes situações de produção e níveis de manejo. Independente de uma situação específica, o produtor precisa saber como a soja cresce e se desenvolve, para usar de maneira mais eficiente as práticas de manejo e, desta forma, obter maior rendimento e lucro (POTAFOS, 1997).

O sistema de identificação do ciclo de desenvolvimento mais usual foi descrito primeiramente por Fehr e Caviness (1977), que divide o desenvolvimento da planta em duas fases: vegetativo (V) e reprodutivo (R). A fase vegetativa é subdividida em subfases: emergência (VE), estágio de cotilédone (VC), V1, V2, V3, até Vn, em que n representa o número do último nó vegetativo formado por uma cultivar específica (FEHR; CAVINESS, 1977; POTAFOS, 1997).

Em média, demoram dez dias até a emergência (VE), principalmente por causa do tempo que a semente leva para absorver 50% do seu peso em água para germinar e alongar a raiz e hipocótilo. Após a emergência, a soja irá desenvolver um nó, aproximadamente, a cada cinco dias, ao longo da fase de crescimento vegetativo (POTAFOS, 1997).

No entanto, sob condições ambientais desfavoráveis, pode chegar a até 10 dias o período entre as fases de crescimento, as quais podem variar em campo, sendo essas diferenças, geralmente, causadas por estresses abióticos como alta temperatura, déficit hídrico, competição com ervas daninhas, nematoides e insetos (WRIGHT; LENSSEN, 2013).

Já a fase reprodutiva é dividida em oito etapas designadas numericamente, caracterizada a partir do surgimento da primeira flor até o amadurecimento do fruto, distribuída da seguinte forma: R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7 e R8. Esses estádios correspondem respectivamente ao início do florescimento, florescimento pleno, início da formação das vagens, plena formação das vagens, início do enchimento das sementes, pleno enchimento

das vagens, início da maturação e maturação plena (POTAFOS, 1997; WRIGHT; LENSSEN, 2013).

2.2 Importância econômica da soja

A soja é uma das leguminosas mais importantes para o agronegócio, pois movimenta mais de 220 milhões de dólares na economia mundial (FAO, 2015). De modo que, a principal utilidade dessa leguminosa é fornecer óleo e farelo utilizados na alimentação humana, ração animal e produção de biodiesel (WYSMIERSKI, 2010).

Segundo dados da FAO (2014), os principais produtores de soja são Estados Unidos, Brasil, Argentina e China, que em conjunto correspondem a 87% da produção mundial. Segundo dados da USDA (2014), o Brasil ocupa a segunda posição como maior produtor mundial de soja, com uma área plantada de 24,2 milhões de hectares, perdendo apenas para os Estados Unidos.

O sucesso da produção de soja no Brasil ocorreu devido à expansão do cultivo em novas áreas, à demanda internacional por grãos e seus derivados que se constituem como fatores imprescindíveis para entender o crescimento do plantio dessa oleaginosa no território nacional (CAMPOS, 2010). Outros fatores preponderantes para o sucesso dessa *commodities* foram: o desenvolvimento de novas tecnologias e o melhoramento genético, que desenvolvem e disponibilizam aos produtores novas cultivares com elevada produtividade de grãos e adaptadas a diferentes condições de estresse (SOUSA, 2013).

A expansão da fronteira agrícola da soja ocorre de forma muito rápida, principalmente, nas regiões de baixa latitude do Brasil, fator este que contribui para manter o país como o segundo maior produtor, sendo responsável por mais de 20% da produção mundial, ou até mesmo de superar a produção dos Estados Unidos (CONAB, 2015).

Segundo o IBGE (2015), o Brasil apresenta muitas áreas que ainda não foram exploradas, ou que não foram suficientemente exploradas pela agropecuária, principalmente, pela soja, o que aumenta ainda mais a possibilidade do Brasil se tornar o maior produtor de soja do planeta.

2.3 Recursos genéticos vegetais

Os recursos genéticos são definidos como a variabilidade de espécies de plantas, animais e microrganismos integrantes da biodiversidade, de interesse socioeconômico atual e potencial para a utilização em programas de melhoramento genético, biotecnologia e outras ciências afins (NASS et al., 2001), podendo ser caracterizados como um conjunto de combinações de genes resultantes da evolução da espécie, e constituem a base da segurança alimentar por ter potencial de uso na agricultura atual e futura (JARAMILLO; BAENA, 2000).

São considerados recursos genéticos vegetais (RGV): variedades comerciais de plantas disponíveis atualmente, e aquelas desenvolvidas no passado, bem como as variedades tradicionais ou crioulas, material silvestre e linhagens (ANNAMAA; KUKK, 2013).

Esses recursos são o combustível para o melhoramento genético que, na busca por genótipos mais produtivos e adaptados, manipulam genes a fim de atender às necessidades dos agricultores e, principalmente, do mercado atual (NASS et al., 2012), tornando-se necessário que sejam devidamente preservados e caracterizados para a demanda atual e futura, uma vez que servem como matéria-prima para o melhoramento de plantas (ANNAMAA; KUKK, 2013).

No entanto, esses recursos são pouco utilizados, principalmente por problemas práticos no processamento e transporte de amostras, pelos aspectos jurídicos e questões relacionadas com a quarentena, pela falta de informação e descrição de acessos dos bancos de germoplasma, pela adaptabilidade dos acessos restritos, pelo número insuficiente de curadores para atender a grande quantidade de culturas ou de espécies de plantas no país (mesmo tendo uma coleção de germoplasma disponível), pela baixa qualidade das sementes e/ou número insuficiente de sementes mantidas em coleções e a pela dificuldade no intercâmbio de germoplasma exótico e genótipos melhorados (NASS et al., 2012).

A proteção eficaz e eficiente do germoplasma, bem como o acesso fácil e as informações relacionadas às amostras devem ser os principais objetivos de todos os programas de conservação de recursos genéticos, tendo que estar

fundamentado em bases sólidas de planejamento e com perspectivas de execução a longo prazo (NASS et al., 2001). De forma que, para ampliar essa eficácia, faz-se necessário identificar corretamente as espécies de interesse; conhecer a área de distribuição da espécie; definir os limites do banco de genes de interesse e utilizar a melhor técnica de conservação possível ou uma combinação de estratégias, *in situ*, *ex situ* ou *on farm*, dependendo do tipo de material que se quer conservar (FRESE, 2011).

A Convenção sobre Diversidade Biológica define esses três tipos de estratégia da seguinte forma: *in situ* é definida como sendo a conservação dos ecossistemas e dos *habitats* naturais e a manutenção e a reconstituição de populações viáveis de espécies nos seus ambientes naturais e, no caso de espécies domesticadas e cultivadas, nos ambientes onde desenvolveram seus caracteres distintos; a conservação *on farm* é considerada uma estratégia complementar à conservação *in situ*, pois permite que as espécies continuem o seu processo evolutivo e apresenta como particularidade o fato de envolver recursos genéticos, especialmente, variedades crioulas, cultivadas por pequenos agricultores, comunidades locais tradicionais ou não e populações indígenas e a conservação *ex situ*, por sua vez, é definida como a manutenção, fora do habitat natural, de uma representatividade da biodiversidade, de importância científica ou econômico-social, inclusive para o desenvolvimento de programas de pesquisa, particularmente aqueles relacionados ao melhoramento genético podendo ser feito por meio de coleções permanente de polens, cultura e tecidos, bancos de sementes e coleções de plantas mantidas em campo (MMA, 2016).

Como exemplo de conservação *ex situ*, têm-se os bancos de germoplasma, que apresentam como finalidade principal reunir em um mesmo local, parte da variabilidade genética (germoplasma), visando evitar a perda de genes ou de combinações gênicas (erosão genética), e assegurar ampla base genética para programas de melhoramento, constituído, geralmente, por variedades antigas, melhoradas e silvestres, do mesmo gênero da cultivar (VIEIRA et al., 2008).

De uma maneira geral, as principais atividades inseridas na conservação de germoplasma *ex situ* são: prospecção e coleta; introdução, por intercâmbio e quarentena; caracterização e avaliação; documentação e informação,

visando à utilização em programas de melhoramento, biotecnologia e outras áreas afins (NASS et al., 2001).

Para que seja eficientemente utilizada, uma coleção de germoplasma deve ser conservada de forma adequada e estar devidamente caracterizada e avaliada (SILVA, 2011). Segundo Nass et al., (2001), estas duas práticas são importante para o conhecimento e uso do germoplasma conservado, que em termos gerais, podem ser morfológica, reprodutiva, agrônômica, bioquímica, citogenética e molecular, de forma que a caracterização leva em consideração os caracteres qualitativos e a avaliação soo caracteres quantitativos.

O uso de marcadores morfoagronômicos é importante na caracterização da diversidade genética e por isso útil para o melhoramento. Assim, a partir do uso de marcadores citados anteriormente e com a aplicação de metodologias genético-estatísticas, é possível estimar a diversidade genética dos diferentes acessos e avaliar seu potencial de uso em programas de melhoramento (GRIFFIN; PALMER, 1995; JARAMILLO; BAENA, 2000).

A identificação e utilização de germoplasma é um ponto fundamental para o melhoramento de plantas. As avaliações de características morfoagronômicas, genealogia, origem geográfica, isoenzimas e marcadores moleculares vêm sendo usadas para acessar a diversidade genética em soja (PERRY; MCINTOSH, 1991; BERNARD et al., 1998; DONG et al., 2004; NASS et al., 2012).

O uso dos recursos genéticos disponíveis em bancos de germoplasma é uma estratégia importante para a introdução de variabilidade em programas de melhoramento, podendo gerar cultivares com o aumento da base genética e gerar novas combinações alélicas (McCOUCH, 2005).

Segundo dados do *Bioversity International*, cerca de 70 países mantêm mais de 170 mil acessos que são preservados por mais 160 instituições. Com destaques para as seguintes instituições: *Institute of Crop Germoplasm Resources of the Chinese Academy of Agriculture Science; United States Departament of Agriculture, Soybean Germoplasm Collection; Asian Vegetable Research and Development Center; Soybean Research Institute e Departament of Genetic Resources I, National Institute of Agrobiological Resources*, todos classificados de acordo com o tamanho do banco de germoplasma e da quantidade de coleções (FAO, 2014), no Brasil os principais institutos

responsáveis pela conservação dos germoplasmas de soja são Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e Embrapa Soja (EMBRAPA, 2015).

A China, atualmente, tem a maior coleção do gênero *Glycine* (subgênero *Soja*), cerca de 26 mil acessos de soja cultivada e 6.200 acessos de soja silvestre, localizados no Instituto de Colheita de Germoplasma da Academia Chinesa de Ciências Agrícolas, em Pequim.

Os Estados Unidos, por meio do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), possuem o segundo maior banco de germoplasma de soja do mundo, com 16.999 acessos, sendo: 1.116 acessos de soja silvestre e 919 acessos de espécies perenes (USDA, 2014).

No Brasil, a coleção de germoplasma de soja possui aproximadamente 14.961 acessos. Esse germoplasma é conservado em câmaras frias pela Embrapa Recursos Genético e Biotecnologia (CENARGEN) (EMBRAPA, 2015).

O acesso à variabilidade genética é fundamental para o melhoramento de plantas, enquanto que a implantação de novos bancos de conservação de germoplasma é importante para preservar a variabilidade genética disponível antes de ser perdida devido ao uso generalizado de cultivares melhoradas (OLIVEIRA et al., 2010).

Destaca-se que a preservação de germoplasma é relevante pela grande variabilidade genética que possui, apesar de ser pouca aproveitada, devido, principalmente, ao uso e à acessibilidade ser inversamente proporcional ao tamanho das amostras e também porque estes acessos não são adequadamente avaliados, diminuindo a eficácia de uso nos programas de melhoramento (NASS et al., 2012).

Desta forma, tomando por base a diversidade genética, torna-se possível sugerir os prováveis cruzamentos entre acessos, determinar a importância dos caracteres na avaliação da diversidade existente e realizar eventuais descartes de caracteres; determinar a relação entre os caracteres e elaborar coleção nuclear (KOTTAPALLI et al., 2007).

O uso de introdução contínua de novas características, como estratégia para o melhoramento genético de plantas cultivadas, aumenta a diversidade genética nos programas de melhoramento. Entretanto, o gerenciamento e a utilização das coleções presentes em bancos de germoplasmas são os dois

grandes desafios para os curadores e para os produtores (UPADHYAYA et al., 2011).

É importante destacar que, apesar dos avanços, deve-se reconhecer que a conservação dos recursos genéticos no Brasil está longe da condição ideal, pois falta infraestrutura suficiente para a manutenção em cada coleção existente, o nível de uso e intercâmbio de recursos genéticos são relativamente baixo, bem como informações sobre as necessidades e as medidas necessárias para a conservação desses materiais a curto, médio e longo prazos (MMA, 2016).

2.4 Base genética

O melhoramento de plantas tem sido essencial para atender às demandas por alimentos, energia e fibras. A necessidade de aumentar a produtividade de grãos está cada vez maior, devido, principalmente, ao aumento da população, à limitada área de cultivo, a mudanças climáticas e a diferentes tipos de pragas e doenças (WYSMIERSKI, 2010).

No Brasil, os programas de melhoramento de soja destacam-se pela busca incessante de cultivares mais resistentes a doenças, com alto potencial produtivo, com período juvenil longo e ciclos adequados à exploração em ambientes específicos (GIZLICE et al., 1993). Entretanto, uma vez incrementadas essas características, ganhos adicionais tornam-se mais difíceis de serem conseguidos, representando uma uniformidade genética muito delicada. Por conseguinte, a maioria das cultivares dentro de uma região torna-se geneticamente similar, com uma base genética mais restrita (MUNIZ, 2007).

A base genética pode ser definida como o número de ancestrais e a contribuição genética relativa de cada um dos ancestrais para cada cultivar (CUI et al., 2000). A contribuição genética pode ser obtida por meio do coeficiente de parentesco (f) entre os ancestrais e as cultivares (WYSMIERSKI; VELLO, 2013). Esse coeficiente, por sua vez, é definido como a probabilidade de dois indivíduos apresentarem alelos idênticos por descendência em locos homólogos, no qual, quanto maior o coeficiente, maior o parentesco entre as cultivares (FALCONER; MACKAY, 1996).

A identificação da base genética por meio da ancestralidade é importante para mapear dentre as linhagens aquelas que mais contribuíram e/ou ainda contribuem para o desenvolvimento de novas cultivares (ZHOU et al., 2000).

Segundo Cui et al (2000), no germoplasma chinês, a base genética é distribuída da seguinte forma: dos 339 ancestrais pesquisados, 35 deles contribuíram com 50% e 190 contribuíram com 80% da base genética com ocorrência de aumento da variabilidade genética ao longo dos tempos, por meio da introdução de novos ancestrais, para a estruturação da base genética dessas linhagens.

Já, a base genética do germoplasma de soja do Japão está distribuída da seguinte forma: das 86 cultivares analisadas foram identificados 74 ancestrais, um total de 85%, sendo que, 18 ancestrais representam 50%, e os outros 53 restantes representam 80% da base genética desse germoplasma, indicando uma base mais ampla que o germoplasma brasileiro e norte-americano, ficando atrás apenas da China (ZHOU et al., 2000).

O germoplasma dos Estados Unidos teve sua base genética caracterizada por Delannay et al. (1983), Gizlice et al. (1993) Kisha et al., (1998) e Sneller (2003), que apontaram para a presença de base genética estreita com uma diversidade restrita, ocasionado por uso de poucos ancestrais tanto por empresas privadas quanto por empresas pública dos programas de melhoramento norte americano.

Estimativas sobre a variabilidade genética da soja têm destacado que o germoplasma brasileiro provém de base genética restrita, em que poucas linhagens ancestrais contribuíram com a maioria de seus alelos para a constituição da base genética das cultivares atuais, diminuindo a diversidade genética existente e tornando-as extremamente uniformes (MUNIZ, 2007).

O germoplasma de soja do Brasil apresentou apenas 14 genótipos ancestrais que contribuíram com mais de 80% de seus alelos na composição genotípica das cultivares de soja brasileira (HYROMOTO; VELLO, 1986). Em 2013, estudo mostrou que apenas 60 genótipos ancestrais contribuem para a constituição de 444 cultivares, um número proporcionalmente baixo em relação à quantidade de cultivares envolvidas (WYSMIERSKI; VELLO, 2013).

O estreitamento da base genética pode representar uma limitação para o desenvolvimento de programas de melhoramento, como a indisponibilidade de alelos para características de resistências a estresses bióticos e de tolerância a estresses abióticos (MIRANDA et al., 2007).

Assim, ressalta-se que o uso de germoplasma exótico para ampliar a base genética dentro de programas de melhoramento pode ser considerado como uma medida mitigadora importante (MULATO, 2009).

2.5 Uso de *Plant Introduction* em programas de melhoramento

A diversidade genética das principais autógamias é reduzida pela prática frequente da utilização de um subconjunto de variedades comerciais elite a cada ciclo de cultivo (HOLLAND, 2004).

Os critérios para o uso de germoplasma são predominantemente baseados no mérito agrônomico. Esta estratégia é utilizada porque a experiência tem demonstrado que a recombinação de germoplasma elite aumenta a probabilidade de desenvolver descendência melhorada, porém, esta abordagem poderá conduzir para um estreitamento da base genética (MIKEL et al., 2010). Contudo, a base genética pode ser restaurada por meio de métodos de melhoramento genético, como a introdução de germoplasma exótico que apresentam genes específicos para condições ambientais específicas e independentes às cultivares (THOMPSON et al., 1998).

O termo germoplasma exótico refere-se ao uso de variedades que não são adaptadas ao ambiente de destino de um determinado produtor ou também melhorista. Os genes desses germoplasmas são passíveis de expressar características que podem aumentar a resistência das cultivares em relação aos estresses bióticos e a tolerância a estresses abióticos, ou mesmo, podem apresentar alelos exclusivos para a produtividade que está ausente nos conjuntos genéticos das cultivares elite e, por ser uma fonte natural de diversidade genética, pode ser usado para ampliar a base genética das cultivares (HOLLAND, 2004).

Entretanto, mesmo sendo alto o potencial de melhoramento de soja, se comparado com outras culturas, apenas uma pequena fração dos acessos

existentes nas coleções de germoplasma contribui para a base genética das cultivares usadas no mercado (WYSMIERSKI, 2010).

A incorporação de germoplasma exótico é uma das alternativas para ampliar a base genética das culturas modernas substancialmente, porém, não é fácil e tão pouco rápido. Esta incorporação é ainda mais difícil de ser realizada em culturas geneticamente melhoradas, pois, geralmente, os germoplasmas exóticos são espécies silvestres e com características agrônômicas desfavoráveis (HOLLAND, 2004).

A seleção dentro de população semiexótica criada pelo cruzamento entre germoplasma exótico e adaptado a diversos tipos de estresses é outra estratégia adequada para introduzir alelos em muitos *loci* nos conjuntos genéticos estreitos de culturas autógamas (MARCONATO, 2014; HOLLAND, 2004).

A importância e o potencial de germoplasma exótico têm sido enfatizados em alguns trabalhos, nos quais pesquisadores tentaram incorporá-los em cultivares adaptadas para aumentar a variabilidade genética e melhorar resistência a doenças e pragas, potencializar a tolerância a estresses abióticos e para obtenção de maior rendimento (SANTOS et al., 2000; MULATO et al., 2010; QIU et al., 2013; MARCONATO, 2014).

Contudo, os principais entraves para o uso de germoplasma exótico em programas de melhoramento se dá porque estes germoplasmas apresentam capacidade de adaptação restrita; pela presença de características agronomicamente indesejáveis, bem como pela falta de informações e descrição nos bancos de germoplasmas e número insuficiente de pesquisadores para atender à grande quantidade de espécie existente no país (NASS et al., 2012).

2.6 Estudo da diversidade genética em programas de melhoramento

A diversidade genética é a variação entre indivíduos ou grupos de indivíduos ou populações sendo obtida por um método específico ou uma combinação de métodos (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003).

A diversidade genética é considerada como um meio de adaptação para a sobrevivência, em consequência das mudanças ambientais, sendo

importante na escolha do método de conservação de germoplasma e também por permitir uma maior eficiência nos programas de melhoramento genético através da quantificação e da avaliação dos recursos presentes em bancos de germoplasma (QIU et al., 2013).

A análise da diversidade genética em coleções de germoplasma pode facilitar a classificação confiável dos acessos e a identificação de subconjuntos de acessos com possível utilidade para fins específicos em programas de melhoramento genético (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003).

A avaliação precisa da diversidade genética pode ser valiosa para várias aplicações, dentre as quais se destacam: a identificação de diversas combinações parentais para criar progênies segregantes com variabilidade genética máxima para posterior seleção e a introgressão de genes desejáveis de germoplasma exótico na base genética disponível, tornando-as mais adaptadas e eficientes para características de importância agrônômica (WOREDE et al., 2014).

Diversos conjuntos de dados têm sido utilizados por pesquisadores para analisar a diversidade genética entre plantas cultivadas (NASS et al., 2012). Esses dados implicam frequentemente em medições numéricas e, em muitos casos, em combinações de diferentes tipos de variáveis (QIU et al., 2013).

Uma vez que cada dado fornece diferentes tipos de informação, a escolha do método a ser utilizado na análise de diversidade depende do objetivo, da experiência, do nível de resolução necessário, dos recursos e das infraestruturas tecnológicas disponíveis, bem como das limitações operacionais, do tempo disponível e das relações genéticas, se forem o caso (BAR-HEN et al., 1995; HAMRICK; GODT, 1997; KARP et al., 1997).

A análise das relações genéticas é um componente importante dos programas de melhoramento, uma vez que pode fornecer informações sobre a diversidade genética, sendo uma plataforma para a amostragem estratificada de populações reprodutoras (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003).

Na cultura da soja, quer seja de cultivares elites ou de germoplasma pertencentes a bancos de conservação *ex situ*, há relatos demonstrando que aqueles que foram utilizados em programas de melhoramento no Brasil, não só preservaram um nível de diversidade genética constante, como também apresentaram uma heterogeneidade relativa dentro de alguns desses

programas, sendo, portanto, uma possível fonte de germoplasma com prováveis características de interesse para a soja (PRIOLLI et al., 2004; BOMMI; FERGUSON, 2005; BONATO et al., 2006; MIRANDA et al., 2007; MULATO, 2009; VIEIRA et al., 2009; MULATO et al., 2010; ALCÂNTARA NETO et al., 2011; PRIOLLI et al., 2013; LOPES et al., 2014; SAMMOUR, 2014).

O uso de métodos estatísticos multivariados, para a análise de diversidade genética, apresenta-se bastante vantajosa por considerarem as correlações existentes entre inúmeras variáveis simultaneamente e a importância de cada caráter avaliado em relação à divergência total (MOURA et al., 1999).

A estatística multivariada se divide em dois grupos. O primeiro consiste em técnicas que simplificam a estrutura de variabilidade dos dados e o segundo, em técnicas de inferência estatística (CRUZ et al., 2012).

O primeiro grupo é constituído por métodos que incluem análise de agrupamentos, análise de componentes principais, análise fatorial, análise de correlações canônicas, análise discriminante e análise de correspondência. O segundo grupo é composto pelos métodos de estimação de parâmetros, teste de hipóteses, análises de variância, de covariância e de regressão multivariada (MINGOTI, 2004).

A análise de agrupamento é um conjunto de procedimento numéricos simples que classifica indivíduos, objetos, processos, métodos ou características em categorias distintas. Este método multivariado classifica observações ou variáveis de uma matriz de dados, utilizando algoritmos que se baseiam em distâncias ou parecidos entre os casos ou variáveis. Entre as principais medidas de dissimilaridades estão: a distância euclidiana; distância euclidiana média; a distância generalizada de Mahalanobis e distância de Minkowsky (GONÇALVES; FRITSCHÉ-NETO, 2012).

O método de agrupamento envolve duas etapas. A primeira está relacionada à estimação da medida de similaridade ou dissimilaridade entre as amostras, enquanto que a segunda, à adoção de uma técnica de agrupamento, dentre os quais os mais utilizados são os métodos de agrupamentos hierárquicos e os de otimização (CRUZ et al., 2012).

Os principais métodos hierárquicos usados nas análises multivariadas são: método da ligação simples ou do vizinho mais próximo ou da distância mínima; método da ligação completa ou do vizinho mais distante ou da distância máxima; método da ligação média entre grupo ou UPGMA e o proposto por Ward em 1963. O método de otimização mais usual é o algoritmo de Tocher (MINGOTI, 2004).

A análise de componentes principais tem como propósito analisar as estruturas de correlações. Neste método, as variáveis originais são substituídas por novas variáveis abstratas, os componentes principais, esperando que os primeiros componentes guardem em si quase toda a variação que as variáveis originais possuem (GONÇALVES; FRITSCHÉ-NETO, 2012).

O conhecimento da diversidade genética entre grupos de progenitores é de grande importância para qualquer programa de melhoramento, por permitir a identificação de combinações híbridas de maior efeito heterótico, com maior probabilidade de recuperação de genótipos superiores (CRUZ et al., 2012).

Além disso, as análises multivariadas tem se mostrado úteis para a avaliação de acessos em bancos de germoplasma, no estabelecimento das relações entre diversidade genética e distribuição geográfica entre os acessos e na prevenção da vulnerabilidade genética (NASCIMENTO FILHO et al., 2001).

Assim, o uso da diversidade genética é importante em programas de pré-melhoramento e melhoramento genético por ser uma forma de manter a capacidade natural das plantas de responderem positivamente a vários tipos de estresses bióticos e abióticos, além da sua utilização na identificação de genitores adequados para obter uma população segregante com maior variabilidade genética e com maior possibilidade de surgimento de segregantes transgressivos (CRUZ et al., 2012).

2.7 Tolerância ao estresse por altas temperaturas

A seca, as altas salinidades, bem como as baixas ou altas temperaturas são consideradas fatores severamente limitantes da produção vegetal. De forma que, quando tais estresses abióticos ocorrem, várias respostas bioquímicas e fisiológicas são induzidas nas plantas, propiciando a tolerância

ou aumentando as chances de sobrevivência às condições adversas (BENKO-ISEPPON et al., 2011).

Na agricultura, esses estresses provocados pelas alterações climáticas impõem condições desfavoráveis às plantas, como: redução da expressão do potencial genético relacionado à produção de grãos, de fibras e de frutos, que podem ser amenizados por meio da criação de novas cultivares selecionadas sob condições de altas temperaturas, seca e salinidade, o que torna o melhoramento genético a estratégia mais eficiente para que as plantas suportem os efeitos provocados por tais mudanças (RAMALHO et al., 2009).

O estresse provocado por altas temperaturas é um problema agrícola na maioria das regiões do mundo, já que as temperaturas transitórias ou constantemente elevadas causam uma série de alterações morfológicas, fisiológicas e bioquímicas em plantas, afetando o crescimento e desenvolvimento da planta e levando a uma redução drástica do rendimento econômico (WAHID et al., 2007).

Várias alterações, tanto morfológicas quanto fisiológicas em plantas, foram observadas sob temperaturas elevadas, tais como murcha em folhas e caules, enrolamento e senescência da folha, inibição do crescimento de raiz ou danos ao fruto, o que, conseqüentemente, leva a uma diminuição da produtividade da planta (THUZAR et al., 2010). Ademais, as altas temperaturas reduzem o crescimento da planta, afetando as taxas de assimilação líquida e, portanto, o peso seco total da sua produção (PUTEH et al., 2013).

Sabe-se que as plantas mais adaptadas a tais estresses, mesmo que ocorram em diferentes continentes, apresentam frequentemente estratégias semelhantes de sobrevivência, incluindo succulência, dormência, folhas com camadas cerosas ou ainda a capacidade de armazenar água e nutrientes em estruturas específicas das raízes, as quais dificilmente podem ser transferidas de uma planta a outra, por meio de cruzamento natural ou até mesmo com o uso de técnicas biotecnológicas (BENKO-ISEPPON ET AL., 2011).

Tal estresse tem um modo independente de ação sobre a fisiologia e o metabolismo das células vegetais, além do mais, quando são adicionados outros estresses abióticos, tais como a seca e salinidade, aumenta ainda mais os impactos na produção final da cultura (BARNABÁS et al, 2008).

Entender a ação independente e suas consequências biológicas é importante para amenizar esses efeitos combinados. Os efeitos dos estresses sob as plantas variam dentro e entre espécies e com estágio de desenvolvimento, podendo afetar a planta em determinados pontos do seu desenvolvimento, no estágio vegetativo e nos estágios reprodutivos ou em ambos, concomitantemente. Entretanto, a intensidade desses efeitos depende de espécies e genótipos, com variações inter e intraespecíficas (SAKATA; HIGASHITANI, 2008).

As altas temperaturas afetam negativamente vários processos fisiológicos, incluindo a fotossíntese, o metabolismo primário e secundário ou as alterações na estrutura dos lipídios ou da sinalização hormonal, modificando também as atividades das enzimas do metabolismo de carbono, afetando a acumulação de amido e a síntese de sacarose. Além disso, induz mudanças nas taxas de respiração e fotossíntese, diminui o ciclo de vida da planta e, conseqüentemente, sua produtividade (BITA; GERATS, 2013).

As respostas às altas temperaturas nas plantas são complexas, por afetar as reações fotossintéticas, principalmente, nas taxas de fixação do CO₂, ocasionando efeitos negativos importantes sobre a capacidade da planta de sobreviver em habitats diversos (TAIZ; ZEIGER, 2004).

Na cultivar de soja, os termos relacionados com o clima global que afetam a produtividade são temperatura, precipitação e umidade do solo. Quando a soja é submetida a condições ambientais desfavoráveis, temperatura e precipitação, durante a fase reprodutiva, pode reduzir o rendimento dos grãos, bem como afetar processos bioquímicos e celulares, tendo em vista que esse tipo de estresse afeta principalmente as taxas de fotossínteses e respiração celular (AYDINALP; CRESSER, 2008; THANACHAROENCHANAPHAS; RUGCHAT, 2011).

A extensão desses danos é influenciada pela duração da exposição da planta durante os estágios reprodutivos, principalmente de R1 até R5, isto é, da floração até o total enchimento dos grãos, sendo que o maior impacto se dá no início de R1 até R2 (PUTEH et al., 2013).

Além de afetar negativamente o sistema reprodutivo, o estresse provocado pelas altas temperaturas na soja causa a senescência foliar precoce, diminuindo assim a taxa de fotossíntese. Essa senescência foliar

prematura é causada pelo aumento da produção de espécies reativas de oxigênio (AYDINALP; CRESSER, 2008).

Ao nível celular, modificações estruturais ocorrem principalmente nos cloroplastos e mitocôndrias, o que contribui para mudanças significativas na taxa de fotossíntese. Além do cloroplasto, já foram identificadas modificações nos tilacoides e na membrana plasmática das células. Quando ocorre esse tipo de alteração, percebem-se os seguintes efeitos: diminuição no tamanho celular, fechamento dos estômatos e maior densidade estomática. Ocorrem, ainda, danos nas células mesofílicas, aumento da permeabilidade da membrana plasmática, aumento da perda água, afetando completa ou parcialmente o desenvolvimento da planta (DJANAGUIRAMAN et al., 2011).

Nas leguminosas, o desenvolvimento durante a fase de crescimento reprodutivo é sensível à temperatura, apresentando durante este estágio uma redução no tamanho da vagem e no desenvolvimento dos frutos, afetando o rendimento dos grãos (OMAE et al., 2012).

A produção de sementes depende do desenvolvimento e crescimento vegetativo, do desenvolvimento do pólen e do óvulo, da polinização e da fertilização e, quando as plantas são submetidas à condição ambiental desfavorável antes da mudança para o desenvolvimento reprodutivo, o potencial local de frutificação é afetado, o que prejudica o desenvolvimento do fruto e das sementes (THUZAR et al., 2010).

Estudos sobre estresse a térmico em soja são pouco abordados na literatura científica, principalmente pela dificuldade de avaliação dos genótipos em campo, fazendo-se necessárias pesquisas que objetivam a seleção de genótipos tolerantes às altas temperaturas e em diferentes regiões de cultivo (SOUSA, 2015).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Caracterização da área experimental

O experimento foi instalado na área experimental do Colégio Técnico de Teresina da Universidade Federal do Piauí (UFPI), em Teresina, PI, no ano agrícola de 2014. O referido colégio técnico está localizado na latitude 05°02'39,95" S, longitude 42°47'03,70" O e altitude de 72 m.

O clima do município é dividido em duas estações definidas: seca, de junho a novembro e chuvosa, de dezembro a maio, sendo do tipo Aw, conforme a classificação climática de Köppen. Por sua vez, o solo da área experimental é argissolo vermelho-amarelo, distrófico e de relevo plano.

Essa região se caracteriza por apresentar precipitação média anual de 1.377mm, sendo mais elevadas nos meses de março e abril. Apresenta evapotranspiração potencial média anual de 2.973mm, umidade relativa do ar 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 minutos/dia, com mínimo de 11 horas e 46 minutos/dia e máximo de 12 horas e 29 min/ dia (MEDEIROS, 2006).

Durante o período em que foi realizado o experimento, 07/02/2014 a 27/05/2014, conforme dados da estação meteorológica do Instituto Nacional de Meteorologia – INMET, a temperatura média foi de 26,09 °C, com mínima de 29°C e máxima de 34,3 °C. A umidade relativa média do ar foi de 83,9%. As precipitações pluviais diárias variaram de 0 a 77,2 mm, com um total acumulado médio de 832,5 mm durante o experimento. A insolação total foi de 728,3 horas, com uma média de 184,58 horas por mês, variando de 116 a 2218,5 horas por mês, durante todo o período de cultivo.

A análise de somatório térmico foi realizada por meio do método desenvolvido por McMaster e Wilhelm (1997), que consiste no somatório de graus-dia acumulados (GDA):

$$GDA = \sum_{i=1}^n \left(\frac{T_{max} + T_{min}}{2} - TB \right)$$

em que:

GDA - total de graus-dia acumulado;

Tmax - temperatura do ar máxima diária (°C);

Tmin - temperatura do ar mínima diária (°C);

TB - temperatura-base (°C);

n - número de dias do período da semeadura até a colheita.

3.2 Instalação e condução do experimento em campo

A área foi preparada sete dias antes da semeadura com aplicação do herbicida Glifosate (N-fosfometil) glicina, (C₃H₈NO₅P), na dose de 2,0 l.ha⁻¹, para eliminação das plantas invasoras na área e, dias depois foi realizada uma gradagem, deixando a área livre para o plantio. Os restos vegetais foram removidos da área antes da semeadura para facilitar esta operação e a própria germinação.

As sementes foram inoculadas com bactérias pertencentes à espécie *Bradyrhizobium japonicum*, para permitir a fixação de N₂ e tratadas com fungicida (MAXIM XL, 100 ml.100⁻¹kg de sementes). A semeadura foi realizada no dia 07 de fevereiro de 2014.

O preparo do solo constituiu de uma aração e uma gradagem. A adubação de fundação foi feita com NPK (nitrogênio, fósforo e potássio) na formulação 5-30-15. O sistema de irrigação foi aspersão fixa, com espaçamento entre aspersores de 12m x 12m e com intensidade de aplicação de 5mm/h.

Os tratos culturais exigidos pela cultura foram realizados quando necessários, foram aplicados conforme as instruções do sistema de tecnologia de produção de soja para região central do Brasil de 2004, desenvolvido pela Embrapa Soja (Embrapa, 2015).

A colheita foi realizada durante todo o mês de maio, quando cada parcela foi colhida manualmente de acordo com o grau de umidade apresentado pelos grãos.

O delineamento utilizado para a instalação do experimento foi o de blocos incompletos, com três repetições. Cada parcela foi constituída de uma fileira de plantas com 5,0 m de comprimento e distância entre elas de 0,50 m.

Foi eliminado em cada linha 0,5 m de cada extremidade, utilizando-se uma área útil de 2,5m² em cada parcela.

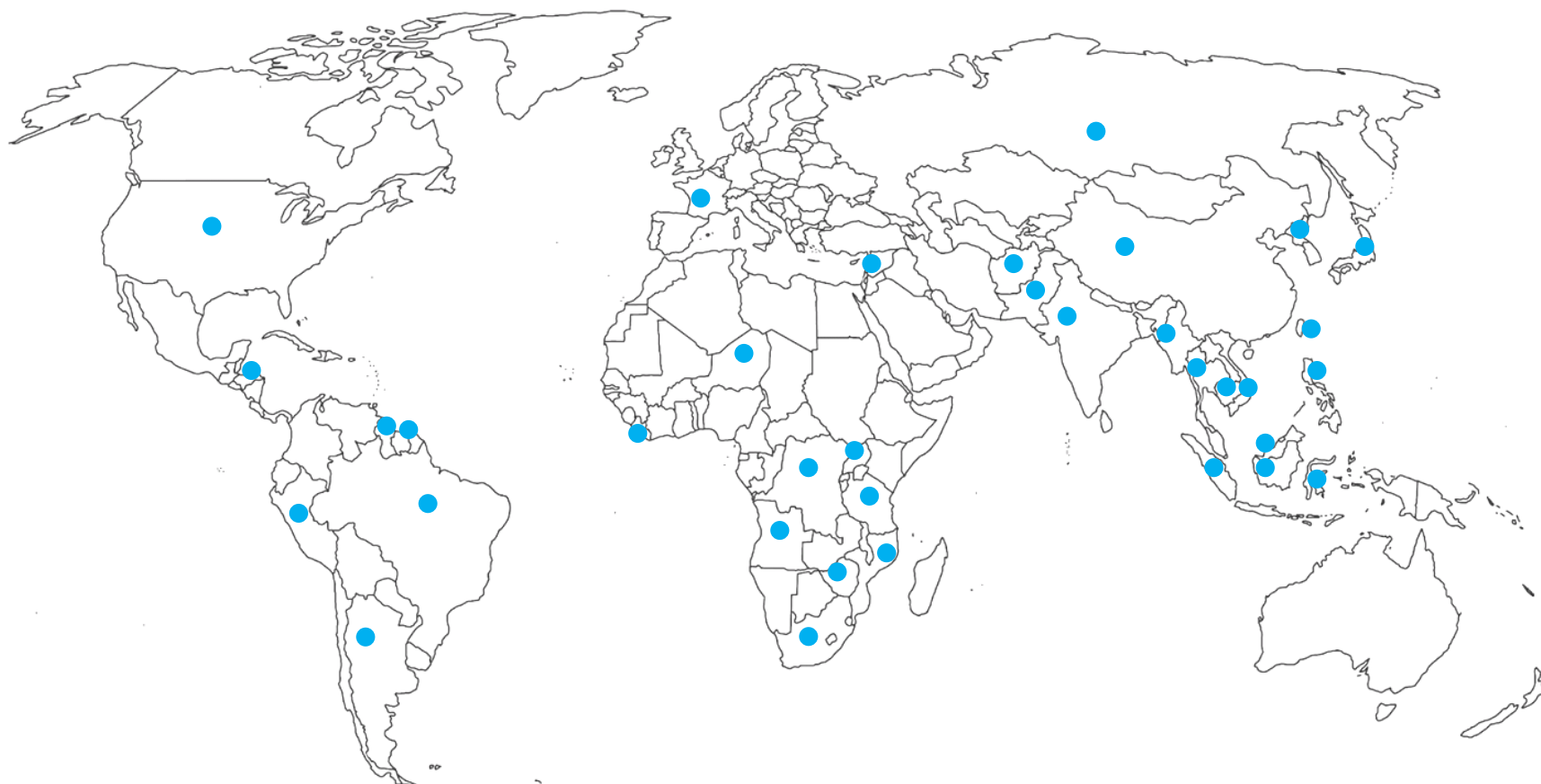
Ressalta-se que, diante dos estresses abióticos encontrados durante a condução do experimento, houve mortalidade de plantas, o que causou perdas de dados. Assim, resolveu-se utilizar apenas os dados das médias para a continuidade da pesquisa e análise dos dados.

3.3 Material genético vegetal

O germoplasma utilizado foi constituído por 77 acessos de soja (*Plant Introduction* – PI), além de 16 cultivares comerciais, representando diferentes regiões de produção do Brasil (Tabela 1) (Figura 1). Todo o material usado neste experimento é proveniente do programa de melhoramento de soja do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – USP/ESALQ.

Tabela 1 - Relação dos 93 acessos avaliados (77 *plant introduction* de 32 países diferentes e 16 cultivares de diferentes regiões do Brasil), com seus respectivos número de registro (PI) e país/região de origem, Teresina, 2014, UFPI

PI	Origem	PI	Origem
36906	Manchúria (China)	341264	Libéria
79861	China	360851	Japão
84910	Coréia do Norte	377573	China
90251	Coréia do Sul	381660	Uganda
133226	Indonésia	381680	Uganda
145079	Zimbábue	398493	Coréia do Sul
148259	Indonésia	407744	China 12 – Centro
148260	África do Sul	407764	China 13 – Sul
153681	El Salvador	416828	Japão
159097	África do Sul	417563	Vietnã
159927	Peru	417581	EUA – S
164885	Guatemala	417582	EUA – S
165524	Índia	427276	China – S
166141	Nepal	438301	Coréia do Norte
170889	África do Sul	90577	China – NE
171437	China	159922	Peru
172902	Turquia	209839	Nepal
189402	Guatemala	222546	Argentina
200832	Burma Mianmar	240665	Filipinas
203400	França	281898	Malásia
204333	Suriname	281911	Filipinas
204340	Suriname	284816	Malásia
205912	Tailândia	306712	Tanzânia
210178	Taiwan	281907	Malásia
210352	Moçambique	Dowling	EUA
212606	Afeganistão	Kinoshita (PI200487)	Japão
215692	Israel	Orba (PI471904)	Indonésia
222397	Paquistão	Bignam	EUA
222550	Argentina	227687	Japão
229358	Japão	171451	Japão
239237	Tailândia	IAC100	Brasil
253664	China	Paranagoiana	Brasil
259540	Nigéria	A7002	Brasil
265491	Peru	CD215	Brasil
265497	Colômbia	Conquista	Brasil (TMG)
274454-A	Japão	Pintado	Brasil (TMG)
274454-B	Japão	Sambaíba	Brasil (EMBRAPA)
274507	China	VMáx	Brasil
283327	Taiwan	Potência	Brasil
285095	Venezuela	JAB 00-05-6/763D	Brasil
297550	Rússia	JAB 00-02-2/2J3D	Brasil
306702	Tanzânia	LQ 1050	Brasil
315701	EUA	LQ 1505	Brasil
322695	Angola	LQ 1421	Brasil
331793	Vietnã	LQ 1413	Brasil
331795	Vietnã	203404	Brasil
341254	Sudão		

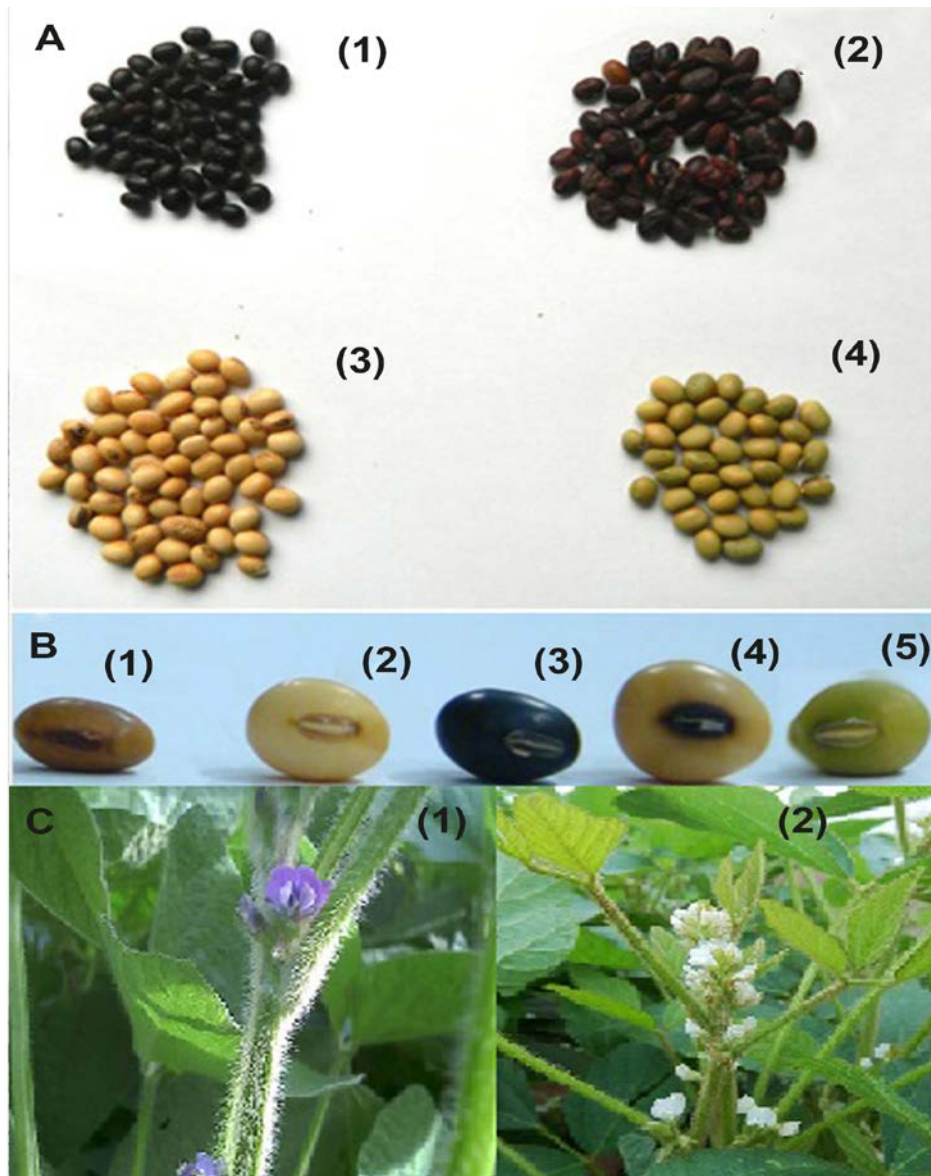


Fonte: (Assunção, 2016).

Figura 1 - Distribuição geográfica dos 93 acessos de soja avaliados (77 *plants introductions* de 32 países diferentes e 16 cultivares de diferentes regiões do Brasil), por país de origem, 2014, Teresina.

3.4 Descritores morfoagronômicos

A caracterização e avaliação dos acessos foram realizadas de acordo com descritores morfoagronômicos indicados pelas instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de soja (*G. max*) do Ministério da Agricultura e da Agropecuária (MAPA), avaliados durante o desenvolvimento da planta e posteriormente à colheita (Figura 2) (MAPA, 2015).



Fonte: (Assunção, 2016).

Figura 2 - Variabilidade existente no germoplasma avaliado. A – Alguns dos acessos usados no experimento: A – Variação para cor do tegumento: A1 - PI 148260, A2 - PI 204340, A3 - PI 159927 e A4 - PI 222397. B – variação para cor do hilo: B1 - PI 204340, B2 - PI 159927, B3 - PI 148260, B4 - Conquista e B5- PI 222397. C – variação para cor da flor: C1 - A 7002 e C2 - Potencia.

Foram avaliados 16 caracteres, sendo quatro qualitativos (1 a 4) e doze quantitativos (5-16):

1. Cor da flor (CF): refere-se à cor da flor avaliada em R2. Caráter obtido por uma escala de notas visuais, variando entre 1 (flor branca) e 2 (flor roxa ou púrpura);
2. Cor da pubescência (CP): caráter avaliado por meio de escala de nota, 1 e 2, sendo cinza ou marrom respectivamente.
3. Cor do tegumento (CT): avaliado por meio de escala de notas, que variam de 1 a 4, para os padrões de cor amarelo, verde, marrom e preto, respectivamente.
4. Cor do hilo (CH): avaliado por meio de escala de notas, variando de 1 a 4, para as cores cinza, amarelo, marrom e preto, respectivamente.
5. Número de dias para o florescimento (NDF): número de dias contados a partir da data de emergência das plântulas até a ocorrência de 50% de florescimento das plantas, na parcela (estágio R2);
6. Período de granação e enchimento dos grãos (PGE): compreende ao início do enchimento dos grãos (grãos com 3 mm no terço superior da planta na parcela);
7. Número de dias para maturação (NDM): número de dias desde a data de emergência até a maturação fisiológica da planta, ou seja, quando ocorre uma vagem madura e a maioria das vagens amarelas no terço superior da planta;
8. Altura da planta na maturidade (APM): distância, medida em cm, desde a superfície do solo até o último nó da haste principal;
9. Altura de inserção da primeira vagem (AIV): distância, medida em cm, desde a superfície do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal;
10. Número de vagens por planta (NVP): contagem realizada após a colheita correspondendo ao número de vagens produzidas pela planta, determinado em cinco plantas por parcela;
11. Comprimento da vagem (CV): média de dez vagens, com paquímetro (mm);
12. Massa da vagem (MV): massa média de dez amostras de vagens secas. (g);
13. Massa de 100 sementes (M100S): massa em gramas, obtido de uma amostra de 100 sementes, após a debulha das vagens, em g;

14. Massa total de grãos (MGrãos): corresponde à massa total das sementes produzidas na parcela, convertida em g;
15. Acamamento (AC): caráter obtido por uma escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas da parcela estão eretas) a 5 (todas as plantas da parcela estão acamadas), sendo as notas transformadas $\sqrt{(x + 1)}$.
16. Valor agrônômico (VA): caráter avaliado em uma escala de notas visuais, variando de 1 (parcela com plantas de baixo valor experimental) a 5 (parcela com plantas de excelente valor experimental), sendo a nota representativa de um conjunto de caracteres visuais adaptativos, tais como: arquitetura da planta, quantidade de vagens cheias, vigor, sanidade da planta, debulha prematura das vagens, acamamento e retenção foliar na maturidade, sendo as notas transformadas $\sqrt{(x + 1)}$.

3.5 Análises Estatístico-Genéticas

Para o estudo da divergência genética entre os acessos foi estimada a distância euclidiana média, cuja matriz foi empregada para gerar o dendrograma pelo método de agrupamento da ligação média entre os grupos não ponderados ou UPGMA.

A análise de componentes principais (ACP) foi realizada com base na matriz original das médias dos 93 acessos avaliados entre os doze descritores quantitativos. Para a seleção dos componentes que mais contribuíram para a variabilidade foi adotado o critério proposto por Kaiser (1960).

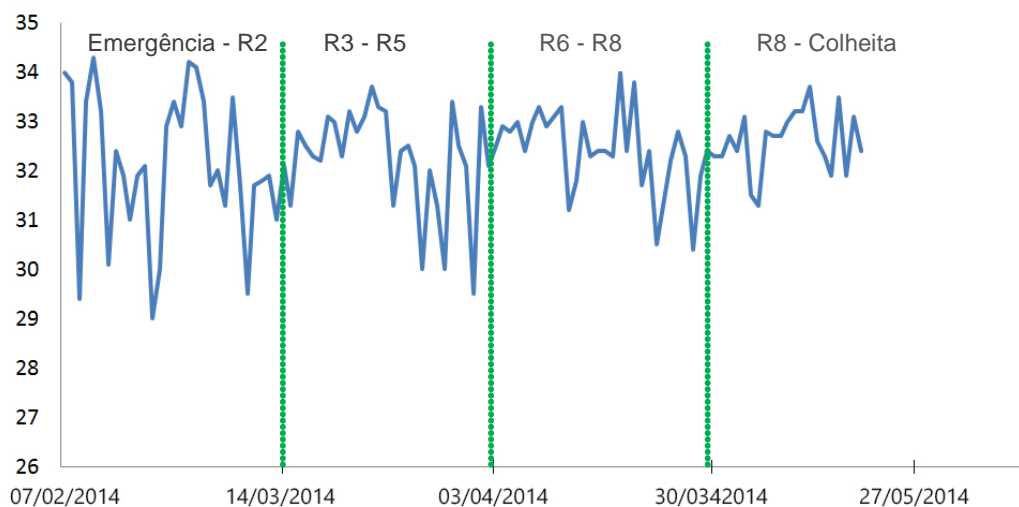
A importância relativa dos caracteres para a divergência genética foi realizada conforme o método proposto por Singh (1981).

As análises estatístico-genéticas foram realizadas por meio do programa Genes (CRUZ, 2013).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Caracterização do ambiente de condução do experimento

No período de condução do experimento, aproximadamente 110 dias, a temperatura média variou de 29°C a 34,3°C (Figura 3), sendo possível observar que a temperatura média foi superior a 30°C, que é a máxima exigida pela cultura, o que demonstra a ocorrência de estresse térmico.



Fonte: (INMET, 2014).

Figura 3 - Variação da temperatura máxima diária durante a condução do experimento, Teresina, 2014.

Verificou-se que, durante o período de condução do experimento, parte do desenvolvimento da planta foi afetado na maioria dos acessos avaliados, indicando que as condições de temperatura do ar estiveram desfavoráveis ao crescimento e desenvolvimento da soja. Segundo Liu et al. (2008), a soja necessita de temperaturas que variam de 15 a 30°C para um bom desempenho de desenvolvimento e reprodução. No entanto, quando as temperaturas se mantêm elevadas, acima do valor máximo exigido pela cultura durante todas as fases fenológicas, pode ocasionar alterações tanto na morfologia como na fisiologia da planta.

Os dados observados referentes à temperatura corroboram as análises realizadas por Farias et al. (2007), que verificaram que os ciclos fenológicos da soja são completamente afetados quando as temperaturas ultrapassam o valor limite superior de 30° C.

A umidade relativa média do ar foi de 83,9%. As precipitações pluviais diárias variaram de 0 a 77,2mm, com um total acumulado de 832,5mm. Já a insolação média foi de 184,58 horas por mês.

O valor da soma térmica encontrado foi de 1526,17 graus dias acumulado (GDA) para o ciclo de cultivo dos acessos avaliados. Toledo et al. (2010), trabalhando com modelo fototérmico de estimativa do desenvolvimento da soja e do índice da área foliar, obtiveram um valor máximo da soma térmica igual a 1228,2 GDA, bem abaixo do encontrado em Teresina. Os autores verificaram que apenas a temperatura foi suficiente para alterar os ciclos fenológicos da soja e, assim, diminuir a qualidade das sementes. Fato este também observado entre os genótipos avaliados em Teresina, PI, que tiveram os ciclos reduzidos.

4.2 Diversidade genética entre acessos de soja com base em descritores morfoagronômicos

4.2.1 Caracterização de acessos com base em descritores morfoagronômicos

As análises dos acessos foram divididas em dois grupos para facilitar a discussão dos dados. O primeiro grupo compreendeu quatro descritores de caráter qualitativo, enquanto que no segundo foram incluídos os 12 descritores quantitativos (Tabela 2).

Em geral, os acessos apresentaram variabilidade para todos os descritores avaliados (Tabela 2), o que é fundamental para o êxito em programas de melhoramento que visam o incremento de novas características ou mesmo potencializar uma já existente, como o aumento da produtividade, tolerância a estresses abióticos e resistência a estresses bióticos.

Tabela 2 – Distribuição das frequências dos caracteres qualitativos e quantitativos nos 93 acessos de soja sob condições de estresse térmico, avaliados em Teresina, 2014, UFPI.

Tipo de descritores	Descritor	Identificação do descritor	%	
Descritores Qualitativos	Cor da flor – CF	Branca	33,68	
		Roxa	66,32	
	Cor do Tegumento – CT	Amarelo	82,10	
		Marrom	1,06	
		Preto	16,84	
	Cor do Hilo – CH	Amarelo	18,95	
		Branco	6,32	
		Cinza	2,11	
		Marrom	48,42	
		Preto	21,10	
	Cor da pubescência - CP	Verde	3,10	
		Marrom	69,47	
	Descritores Quantitativos	Número de dias para o florescimento - NDF	Branco	30,53
Amarelo			62,10	
Amplitude: 26 à 48 dias		35 a 48 dias	30,52	
		Período de granação e enchimento dos grãos - PGE	Após 40 dias	7,38
Amplitude: 42,67 à 72,33 dias		40 a 60 dias	75,79	
		61 a 80 dias	24,21	
		Após 80 dias	0,00	
Número de dias para a maturação - NDM		60 a 80 dias	34,74	
		81 a 100 dias	65,26	
Amplitude: 66 à 97 dias		Após 100 dias	0,00	
		Altura da planta na maturidade - APM	26 a 60cm	57,00
		Amplitude: 26,67 cm à 91,67 cm	61cm a 90 cm	42,00
maior que 90			1,00	
Inserção da primeira vagem - IPV		6cm a 9,99 cm	22,56	
		Amplitude: 6 cm à 39,67 cm	10cm a 15cm	45,16
			Maior que 15cm	32,28
Número de vagens por planta - NVP		8 a 20 vagens/planta	25,26	
		Amplitude: 8 à 92,33 vagens/plantas	20 a 30 vagens/planta	33,68
			30 a 93 vagem/planta	38,06
		Maior que 5cm	4,21	
Massa da vagem - MV		Até 0.4g	29,47	
		Amplitude: 0,16 g à 1,45 g	0,41g a 0,99g	67,5
			maior que 1g	3,16
Comprimento de vagem		2,26cm a 3cm	4,30	
		Amplitude: 2,26 cm à 5,03 cm	3,01cm a 3,49cm	30,12
			superior a 3,49cm	65,58
Massa de 100 sementes - M100S	A partir de 4 à 10g	31,59		
	Amplitude: 4,89 g à 20,10 g	A partir de 10.1 a 12g	20,00	
		Maior que 12g	51,59	
Massa total de grãos - MGrãos	ate 100g	11,58		
	Amplitude: 15,55 g à 2018 g	101 a 1000g	68,42	
		superior a 1000g	20,00	
Acamamento	Notas 1 e 2	62,11		
	Amplitude: 1 à 5	Notas 3	34,74	
		Notas 4 e 5	3,15	
Valor agrônômico - VA	Notas 1 e 2	38,95		
	Amplitude: 1 à 5	Notas 3	50,53	
		Notas 4 e 5		

As características qualitativas predominantes foram: flores de cor roxa (66,32%), cor do tegumento amarelo (82,10%), cor do hilo marrom (48,42%), cor da pubescência marrom (69,47%) (Tabela 2). Os descritores qualitativos são importantes por permitir a identificação e também a classificação de diferentes genótipos de uma coleção, além de serem caracteres de alta herdabilidade, sendo assim, muito utilizados para descrição de acessos e também para uso em teste de distinguibilidade (VERNETTI; VERNETTI JR, 2009).

Quanto ao número de dias para o florescimento, a maioria dos genótipos, 62,10%, apresentou ciclos que variaram de 26 a 34 dias (Tabela2), demonstrando que alguns tiveram o ciclo de floração antecipado, devido, provavelmente, à diferença de latitude e também às altas temperaturas às quais as plantas foram submetidas durante o cultivo. Entretanto, 30,52% tiveram ciclo entre 35 à 48 dias (Tabela 2), o que representa a presença de genótipos tolerantes a tais condições edafoclimáticas.

No período que corresponde à granação e ao enchimento dos grãos, o ciclo variou de 42 a 73 dias. Em média, os acessos levaram 55 dias para a formação e enchimento dos grãos. A soja em condições favoráveis necessita de aproximadamente 63 dias para atingir esse ciclo (FEHR; CALVINESS, 1977), demonstrando que houve uma boa resposta dos acessos às condições de latitude e climáticas de Teresina, em vista que 75,79% do material analisado obteve ciclo que variou entre 40 a 60 dias, e apenas 7% dos genótipos avaliados tiveram ciclo precoces (Tabla 2).

Quanto ao número de dias para a maturação, o ciclo variou de 66 a 97 dias. Em média, os acessos necessitaram de 82 dias para atingirem esse estágio. Um total de 65,26% dos acessos teve uma duração de até 97 dias para atingir a maturação plena dos frutos. Os demais 34,74% apresentaram-se bem abaixo desse valor (Tabela 2). Entre cultivares diferentes ou em uma mesma, esse ciclo pode variar de 75 a 210 dias, conforme a latitude, temperatura e época de semeadura (CARPENTIERI-PIPOLO et al., 2000; COSTA et al., 2001; PELÚZIO et al., 2005).

A redução nos dois ciclos (enchimento de grãos e maturação plena dos frutos) se deu, possivelmente, pela resposta fotoperiódica da cultura, pela latitude na qual o material foi avaliado e pelas condições desfavoráveis de temperaturas. Além disso, segundo Carpentieri-Pipolo et al. (2000) e Costa et al. (2001), a soja , quando

submetida a baixas latitudes, em condições de dias curtos e altas temperaturas, resulta em plantas menores, precoces e de baixos rendimentos.

Com relação à altura das plantas na maturidade, 57% dos acessos não ultrapassaram 60 cm de altura e 42% deles atingiram altura de 61 a 90 cm (Tabela 2). As cultivares modernas de soja apresentam altura final entre 60,0 a 110,0 cm (SHIGIHARA; HAMAWAKI, 2005), o que coloca 39 dos genótipos testados na condição de satisfatória.

É importante destacar que a altura da planta na maturidade é essencial para a determinação da cultivar a ser introduzida em uma região, uma vez que se relaciona com o rendimento de grãos, controle de plantas daninhas e com as perdas durante a colheita mecanizada. As variações na altura das plantas podem ser influenciadas pela época de semeadura, espaçamento entre e dentro das fileiras, suprimento de umidade, temperatura, fertilidade do solo, resposta fotoperiódica da cultivar e entre outras (ROCHA, 2009).

A altura da inserção da primeira vagem variou entre 6 a 39,67 cm. Boa parte dos genótipos, 45,16%, apresentou altura da inserção da primeira vagem entre 10 a 15 cm; 22,56% não atingiram 10 cm de altura da inserção e 32,28% apresentaram alturas superiores a 18 cm (Tabela 2). Genótipos que apresentam altura de inserção da primeira vagem entre 10 a 15 cm são os recomendados para um elevado rendimento operacional da colheitadeira, associado à minimização de perdas de colheita. Segundo Rocha (2009), a cultivar deve apresentar uma altura de inserção da primeira vagem entre 10 a 12 cm, entretanto, essa altura pode ser elevada a 15cm no máximo, dependendo das condições de lavoura da soja.

Tanto a altura da planta quanto à inserção da primeira vagem são fundamentais para o aumento de produtividade, como também para facilitar a colheita mecanizada, pois, geralmente, plantas mais baixas produzem menos vagens e plantas com altura reduzida da inserção da primeira vagem, não são interessantes para a colheita mecanizada (MIRANDA et al., 2001).

Os valores encontrados para o número de vagens por plantas, comprimento das vagens e massa de cem sementes foram baixos. A maioria dos acessos apresentou-se da seguinte forma com relação a essas características: 38,06% com número de vagem variando entre 20 a 30 vagens/plantas, 67,5% das vagens com massa variando entre 0,41 g a 0,99 g; 30,12%, com comprimento de vagem variando entre 3,01 cm a 3,49 cm, e 51,59% com massa de cem sementes variando

entre 12,1 g a 20,10 g (Tabela 2). Os resultados encontrados podem ter sido influenciados por diversos fatores, dentre eles: condições de temperatura, fotoperíodo, características genéticas de cada acesso e a interação genótipo x ambiente.

A fase de desenvolvimento das sementes dentro da vagem é afetada quando as plantas são submetidas a condições de estresse no início da floração, o que prejudica o desenvolvimento e enchimento do grão (PRASSAD et al., 2003; HU; WIATRAK, 2012; PUTEH et al., 2013).

A massa total de grãos por genótipo foi baixa, variando de 15 g a 2018 g (Tabela 2). Não obstante, foi observado que, das 77 PI's avaliadas, 36 superaram a média de massa total de grãos das 16 cultivares brasileira, isto é, tiveram rendimentos bem acima de 600g, apesar do estresse ocorrido, indicando que há acessos com potencial para incrementar a produtividade em programas de pré-melhoramento e melhoramento genético.

Segundo Rocha (2009), bons rendimentos na produtividade final da soja são obtidos quando as condições ambientais são satisfatórias em todos os estádios de desenvolvimento da cultura, de forma que a cultivar apresenta um potencial de produção maior no ambiente ao qual está adaptada, sem limitações edafoclimáticas e nutricionais, livre de ação de pragas e doenças e com demais estresses que podem ser devidamente controlados nesse contexto. Então, pode-se afirmar que as altas temperaturas aliadas à baixa latitude podem ter influenciado negativamente na produção final dos acessos em Teresina, PI.

O acamamento apresenta papel importante na produção de soja, visto que pode dificultar a colheita e provocar perdas na produção final do cultivo. Verificou-se que 62,11% dos genótipos apresentaram notas que variaram entre 1 e 2 e apenas 3,15% apresentaram um índice de acamamento superior a 3 (Tabela 2).

Esses resultados se deram, principalmente, devido à altura da planta, pois a maioria delas não atingiu altura superior a 60 cm, além disso, a densidade de plantas por parcelas foi alta, o que dificulta a ocorrência de acamamento. Segundo Mauad et al. (2010), o acamamento é uma característica bastante influenciada pelo genótipo, pelo meio (latitude e altitude da região, condições climáticas durante o cultivo e tipo de solo), época de semeadura e densidade de população de plantas na parcela. Quando a densidade dentro da parcela é alta possibilita um maior

desenvolvimento de plantas de porte ereto e de alta estatura, geralmente com redução do diâmetro da haste principal.

Vale ressaltar que o acamamento é muito importante, pois pode influenciar positiva ou negativamente na produtividade da cultura. Segundo Cruz et al. (2010), plantas não acamadas ocupam menor área de plantio, facilita o manejo e são menos susceptíveis a doenças e ao apodrecimento do fruto.

O valor agrônômico médio foi de apenas 2,39, com notas que variaram de 1 a 5. Ao todo, 23 PI's apresentaram médias acima de 3. As notas baixas obtidas para valor agrônômico foram consequência da redução do porte, no qual predominaram plantas de baixa estatura, pois aquelas que atingiram uma altura considerável acamaram.

Portanto, é possível verificar que quando as condições não são favoráveis, características como: número de dias para o florescimento, dias para a maturidade, porte e estatura são afetadas (TOLEDO et al., 2010), corroborando com as observações realizadas em Teresina, onde as altas temperaturas aliadas à baixa latitude influenciaram nos ciclos de desenvolvimento e reprodução dos acessos, afetando diretamente a sua produtividade.

Com relação aos caracteres comprimento de vagem e massa de vagens, predominaram plantas com comprimento superior a 3,49 cm, 65,58%, e vagens com massa superior a 12 g, 51,59%. Considerando que a soja produz em média de 2 a 3 sementes por vagem (TANAKA et al., 2010; SHURTLEFF; AOYAGI, 2013), quanto maior a quantidade de vagens e a sua massa, maior será a produção final.

4.2.2 Agrupamento pelo método UPGMA

O dendrograma pelo método UPGMA, com base na distância euclidiana média, considerando todos os 93 acessos, para 12 caracteres quantitativos (Figura 3), cujas médias estão listadas no Anexo A, mostra grande variabilidade genética entre os genótipos avaliados.

Obteve-se um coeficiente de correlação cofenética de 0,79. Esse coeficiente é usado para avaliar a consistência do padrão de agrupamento, validar a capacidade do dendrograma em reproduzir as matrizes de dissimilaridade (CARGNELUTTI FILHO et al., 2009; CRUZ et al., 2012).

A similaridade média entre os genótipos estudados foi de 0,4, a qual foi utilizada como ponto de corte do dendrograma. Assim, foram formados seis grupos (Figura 4) (Tabela 3).

Avaliando os mesmos acessos utilizados em Teresina, Marconato (2014), com o Método Ward observou a formação de oito grupos em Jaboticabal, SP, já Mulato (2009), utilizando o método de agrupamento de Tocher, Mulato (2009), avaliando esses mesmos acessos em Piracicaba, SP, encontrou 16 grupos para análise morfológica, que foi discordante da análise molecular realizada no mesmo trabalho, demonstrando que cada tipo de abordagem acessa diferentemente a variabilidade existente no germoplasma de soja.

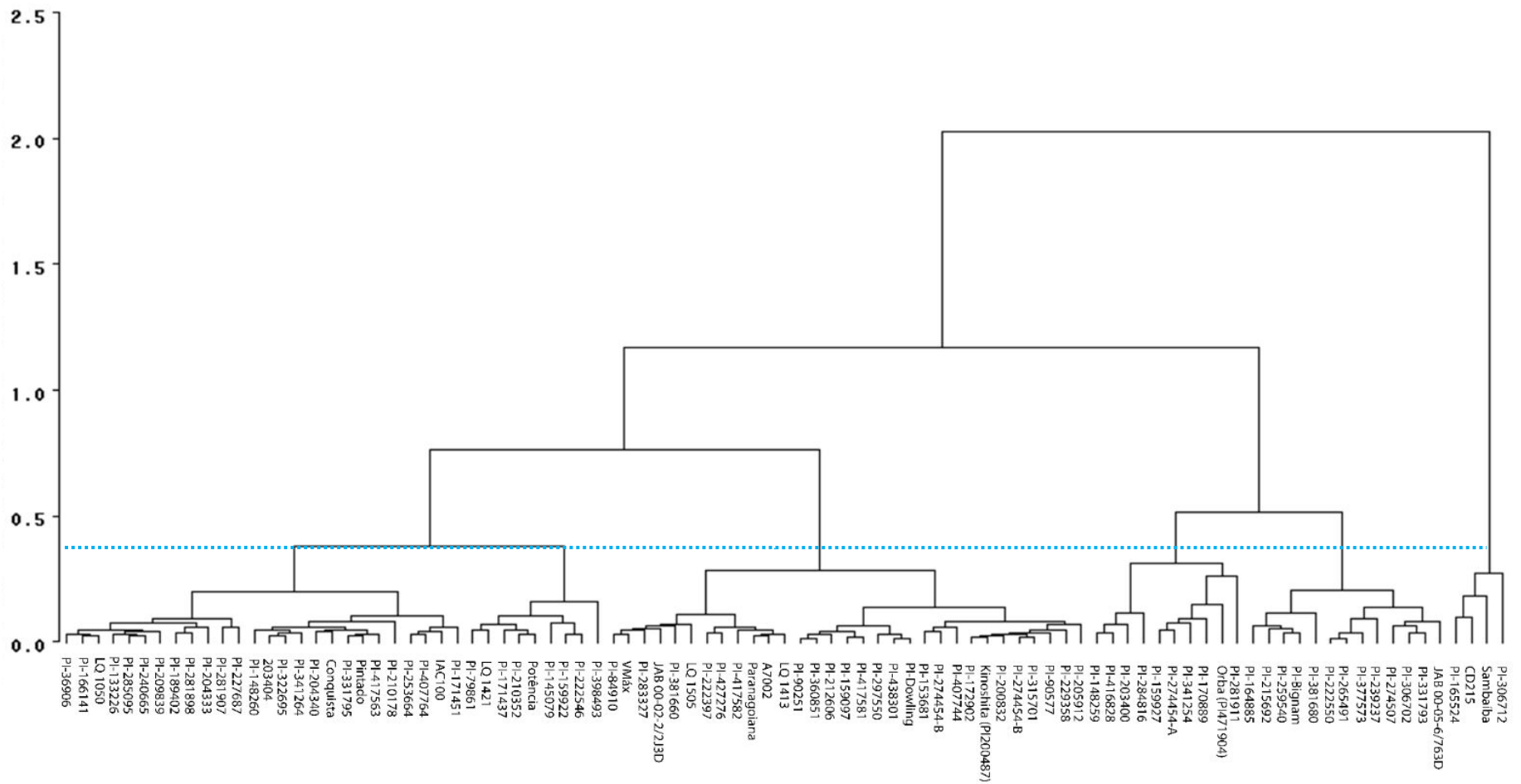
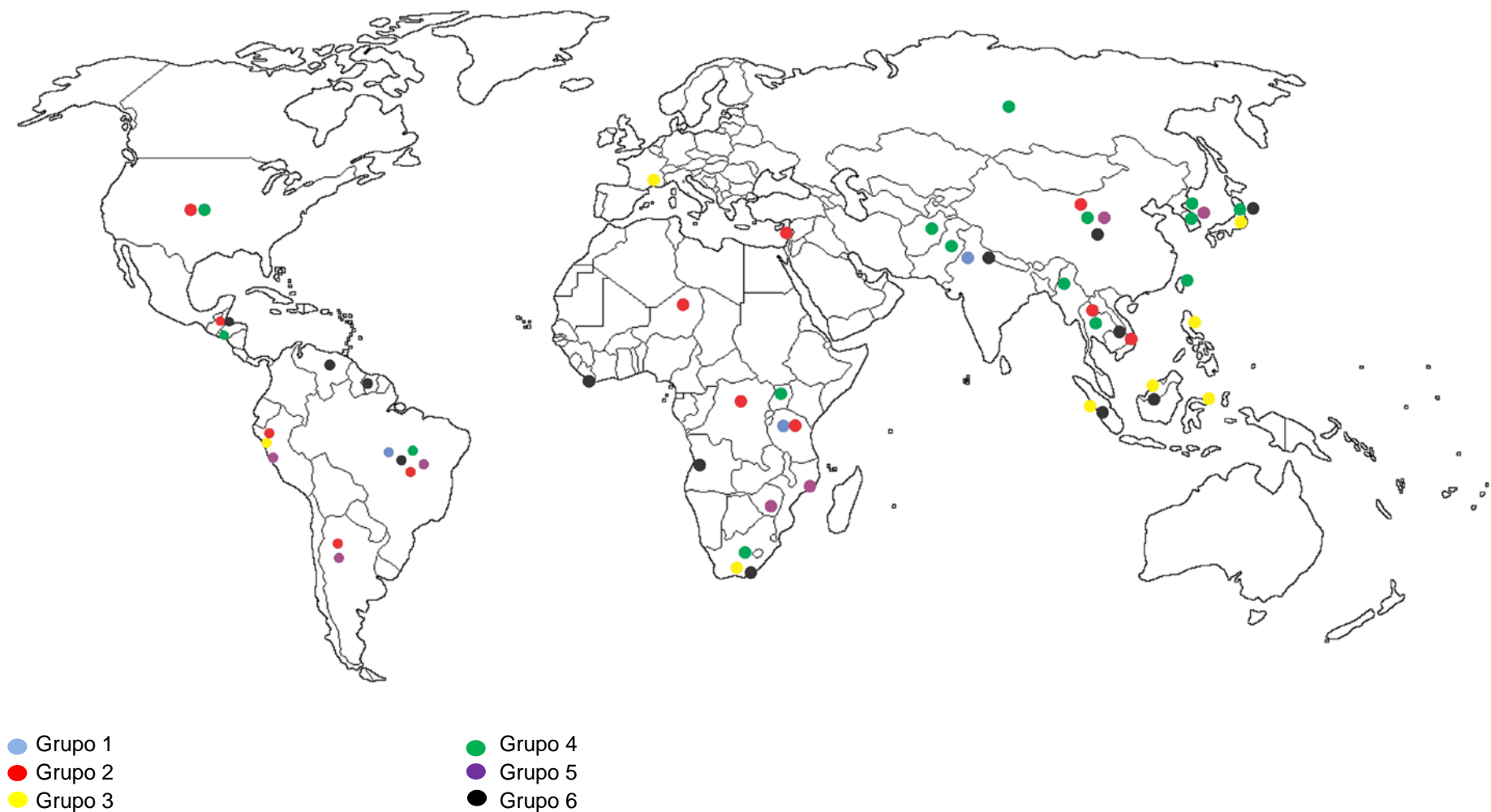


Figura 4 - Dendrograma da análise de agrupamento hierárquico UPGM utilizando a distância euclidiana média, para os 16 descritores morfoagronômicos entre 93 genótipos de soja. A linha azul contínua indica a distância abaixo da qual foram considerados os seis grupos, Teresina, 2014.



Fonte: (Assunção, 2016).

Figura 5 - Distribuição geográfica dos grupos 1, 2, 3, 4, 5 e 6, formados a partir da análise agrupamento para os 16 marcadores morfoagronômicos entre 93 genótipos de soja, Teresina, 2014.

Tabela 3 - Médias dos descritores avaliados considerando os 6 grupos de genótipos discriminados pela análise de agrupamento, Teresina, 2014

Grupo I	Origem	NDF	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	M100S	MGrãos	CV	MV
306712	Tanzânia	48,0	22,0	64,0	71,7	90,0	77,3	3,12	3,1	12,0	2018,1	3,4	0,4
Sambaiba	Brasil	38,0	16,7	21,7	66,0	97,0	71,0	3,0	2,5	14,7	1776,2	4,9	0,6
CD215	Brasil	30,0	9,7	23,5	44,3	83,3	41,0	2,7	2,2	12,8	1897,3	3,8	0,4
165524	Índia	32,0	14,3	74,9	63,3	93,0	66,7	2,9	2,8	8,3	1881,6	3,2	0,3
Média do grupo		37,0	15,7	46,0	61,3	90,8	64,0	2,9	2,7	12,0	1893,3	3,8	0,4
Grupo II	Origem	NDF	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	M100S	MGrãos	CV	MV
JAB00-05-6/763D	Brasil	37,7	17,7	44,2	71,0	95,7	85,0	2,7	2,7	11,2	934,8	3,6	0,3
PI331793	Vietnã	38,0	14,0	37,2	68,0	93,0	70,3	3,5	3,3	9,5	996,9	3,2	0,4
PI306702	Tanzânia	35,3	17,7	80,9	69,3	88,7	81,0	3,0	3,0	10,6	1031,5	2,8	0,4
PI274507	China	36,0	17,7	28,7	61,0	89,0	71,7	3,0	3,7	9,8	937,7	3,0	0,4
PI239237	Tailândia	38,0	19,3	39,5	64,7	91,7	73,0	3,5	4,3	7,9	989,9	3,1	0,3
PI377573	China	34,3	16,3	63,4	59,0	80,3	86,3	3,0	2,7	9,8	1073,6	3,5	0,4
PI265491	Peru	29,3	14,3	48,8	54,0	79,7	48,3	2,5	1,7	13,7	1080,0	4,4	0,5
PI222550	Argentina	32,3	11,0	35,0	53,3	80,7	57,0	3,5	2,0	8,9	1061,8	3,8	0,5
PI381680	Uganda	33,3	15,3	43,5	55,0	84,7	69,3	3,3	1,7	12,4	979,2	3,7	1,5
Bignam	EUA	37,0	15,7	46,8	66,3	93,0	71,0	3,0	3,7	7,3	862,8	3,9	0,4
PI259540	Nigéria	36,0	12,7	24,1	54,7	84,0	58,0	3,3	2,0	16,7	952,4	4,3	0,6
PI215692	Israel	32,3	10,0	21,0	53,7	85,7	54,0	4,0	1,0	12,4	1108,9	4,1	0,5
PI164885	Guatemala	36,0	16,7	26,9	60,0	89,0	82,0	3,3	3,7	9,2	903,8	3,2	0,3
Média do grupo		35,0	15,3	41,4	60,8	87,3	69,8	3,2	2,7	10,7	993,3	3,6	0,5
Grupo III	Origem	NDF	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	M100S	MGrãos	CV	MV
PI281911	Filipinas	41,7	18,7	43,6	61,3	91,7	69,7	3,0	2,3	6,9	1202,3	3,6	0,3
Orba (PI471904)	Indonésia	37,0	18,3	34,6	62,0	93,0	70,3	3,3	2,0	17,4	1335,9	3,7	0,6
PI170889	África do Sul	31,7	38,3	12,3	45,7	80,3	30,7	4,0	2,0	13,5	1344,4	4,9	0,5
PI341254	Libéria	35,3	18,3	28,9	53,0	90,3	80,0	3,3	3,0	19,2	1157,5	4,4	0,8
PI274454-A	Japão	36,0	14,3	45,7	53,0	85,0	81,0	4,0	3,7	10,3	1314,5	3,5	0,4
PI159927	Peru	36,0	20,3	12,9	61,3	88,7	77,3	4,0	2,7	8,2	1361,3	3,3	0,5
PI284816	Malásia	34,0	14,7	51,6	54,7	90,0	62,0	4,0	3,7	9,4	1185,5	3,3	0,4
PI203400	França	45,7	26,3	35,8	72,3	94,3	91,7	4,0	3,3	9,8	1520,7	3,4	0,5
PI416828	Japão	40,3	21,3	92,3	71,0	94,3	79,0	3,7	2,3	12,5	1230,9	2,3	0,4
PI148259	Indonésia	32,7	13,0	49,8	56,3	75,0	51,3	3,5	1,7	9,6	1426,1	3,5	0,5
Média do grupo		37,0	20,4	40,8	59,1	88,3	69,3	3,7	2,7	11,7	1307,9	3,6	0,5
Grupo IV	Origem	NDF	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	M100S	MGrãos	CV	MV
205912	Tailândia	36,7	9,3	37,0	54,0	87,7	72,0	2,0	2,7	17,7	104,8	5	0,5
229358	Japão	34,0	10,3	35,4	51,0	74,3	35,3	2,0	2,2	7,6	100,0	3,4	0,5
90577	China-NE	34,0	10,3	18,4	49,0	73,7	47,3	2,0	2,2	8,6	130,7	3,9	0,5
315701	EUA	33,3	9,0	15,6	50,0	72,0	29,7	2,0	2,4	4,89	106,2	4,0	0,2
265497	Colômbia	33,7	8,7	17,0	45,0	77,3	28,7	2,0	2,3	9,7	112,4	5,0	0,4
200832	Burma Mianmar	28,7	8,0	19,5	45,7	86,3	40,3	2,0	2,4	12,76	115,5	4,0	0,5
Kinoshita (PI200487)	Japão	32,0	11,0	16,8	47,0	78,7	36,0	2,0	2,3	9,75	125,6	3,4	0,4
172902	Turquia	26,0	8,0	11,5	48,3	76,7	27,7	2,0	2,3	14,27	122,5	4,0	0,5
407744	China	31,7	39,0	14,0	42,7	68,3	43,7	2,0	2,4	15,79	154,1	4,0	0,5
274454-B	Japão	38,0	14,0	20,3	61,7	94,3	41,3	2,0	2,4	10,7	164,9	3,5	0,3
153681	El Salvador	31,0	10,0	28,2	50,0	78,0	47,7	2,2	2,2	15,1	153,6	3,9	0,6
Dowling	EUA	30,3	8,3	10,0	52,0	85,0	28,0	2,0	2,4	12,3	15,6	4,0	0,5
438301	Coreia do Norte	28,3	9,7	13,1	48,0	80,0	27,7	2,0	2,3	8,5	21,5	3,9	0,4
297550	Rússia	26,0	7,0	8,0	43,0	66,0	29,0	2,0	2,0	11,4	25,6	4,2	0,5
417581	EUA	33,3	8,0	12,8	52,7	80,0	26,7	2,0	2,2	11,3	45,7	3,9	0,4
159097	África do Sul	32,3	8,7	23,9	47,7	75,0	27,0	2,0	2,3	10,2	44,5	4,3	0,4
212606	Afganistão	34,7	7,3	20,0	49,0	66,7	33,7	2,0	2,3	7,6	64,8	4,4	0,4
360851	Japão	32,3	8,3	15,7	50,7	84,3	30,7	2,0	2,3	10,7	70,4	3,4	0,4
90251	Coreia do Sul	31,3	11,0	11,3	48,7	82,7	35,0	2,0	2,3	13,8	67,4	4,5	0,6
LQ 1413	Brasil	32,7	10,7	17,8	55,7	93,0	49,7	2,3	2,4	18,0	290,0	3,6	0,5
A7002	Brasil	34,0	11,7	30,5	63,0	94,3	58,3	2,3	2,5	15,5	299,5	3,5	0,5
Paranagoiana	Brasil	34,3	11,3	29,7	56,3	82,0	56,0	2,4	2,3	12,9	301,0	3,6	0,6
417582	EUA	30,7	12,7	24,0	47,0	82,0	56,7	2,3	2,3	13,3	273,0	4,0	0,4
427276	China	31,7	12,7	16,2	43,7	70,7	44,0	2,3	2,2	16,8	312,0	4,2	0,5
222397	Paquistão	26,7	6,3	23,3	53,3	79,0	38,0	2,2	2,4	7,4	324,4	3,8	0,3
LQ 1505	Brasil	33,3	39,7	22,4	55,0	85,0	41,0	2,3	2,4	12,7	259,1	3,3	0,4
381660	Uganda	41,7	23,3	14,6	56,7	89,0	80,0	2,0	2,4	13,4	232,0	4,3	0,5

Tabela 3 – Médias dos descritores avaliados considerando os seis grupos de genótipos discriminados pela análise de agrupamento, Teresina, 2014
(Conclusão)

Grupo IV	Origem	NDF	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	M100S	MGrãos	CV	MV
JAB 00-02-2/2J3D	Brasil	35,0	10,0	25,0	58,0	89,0	48,0	2,3	2,4	11,1	216,3	3,9	0,4
283327	Taiwan	35,3	9,7	54,2	54,0	74,3	56,7	2,2	2,6	6,45	232,6	3,4	0,3
VMáx	Brasil	32,3	13	29,3	49,7	84,3	56,0	2,2	2,6	13,0	253,0	4,5	0,5
84910	Coreia do Norte	33,0	9,0	29,87	45,7	81,3	43,7	2,3	2,6	11,8	238,1	4,0	0,5
	Média do grupo	32,9	12,8	23,0	52,0	81,5	44,1	2,2	2,4	12,0	374,5	4,0	0,4
Grupo V	Origem	NDF	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	M100S	MGrãos	CV	MV
79861	Coréia-Sul	31,7	11,7	35,77	52,7	72,0	67,3	3,5	2,7	10,5	440	4,0	0,4
145079	Argentina	30,3	10,0	21,0	47,7	79,0	37,0	3,0	2,2	20,1	526	3,3	0,6
171437	Peru	30,0	6,0	23,2	48,7	74,3	28,0	2,0	1,7	6,51	478,3	3,4	0,3
210352	Zimbábue	32,3	12,7	28,47	54,7	85,3	40,7	2,0	2,0	10,4	471,7	3,4	0,4
398493	Brasil	32,3	11,0	16,1	50,0	74,3	41,0	2,0	1,7	12,7	380	4,7	0,5
159922	Moçambique	35,3	17,7	39,9	64,0	89,0	73,0	2,0	3,0	9,94	503,7	3,9	0,4
222546	China	42,7	16,0	27,6	72,0	87,0	63,7	3,0	1,7	10,1	503,9	3,5	0,4
Potência	Brasil	30,7	12,3	20,4	49,3	86,7	56,0	2,0	2,0	19,00	465,3	3,7	0,5
LQ 1421	China	35,0	9,3	20,87	54,7	86,3	47,0	1,7	2,0	13,6	426,3	3,5	0,4
	Média do grupo	33,4	11,9	25,9	54,9	81,6	50,4	2,4	2,1	12,5	466,1	3,7	0,4
Grupo VI	Origem	NDF	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	M100S	MGrãos	CV	MV
171451	China	33,7	8,0	37,0	46,7	75,3	30,7	2,6	2,6	12,3	783,7	4,3	0,5
IAC100	Brasil	34,7	11,3	29,73	56,7	83,0	47,7	2,6	2,5	10,2	804,2	3,5	0,4
407764	China	29,0	13,7	19,27	43,7	70,0	54,3	2,83	2,4	18,1	809,0	4,5	0,7
253664	China	28,7	12,0	11,4	45,3	69,0	39,0	2,73	2,4	9,2	813,2	3,2	0,2
210178	Taiwan	42,0	18,7	46,87	63,7	86,7	80,7	2,73	3,1	7,6	780,6	3,0	0,3
417563	Vietnã	33,3	16,0	32,2	50,3	78,3	70,7	2,5	2,7	11,8	745,8	3,8	0,4
Pintado	Brasil	37,0	13,7	37,93	57,3	93,0	60,3	2,73	2,4	15,7	758,5	3,9	0,6
331795	Vietnã	34,3	15,0	43,6	54,7	80,3	66,3	2,73	2,4	10,8	757,3	3,4	0,5
Conquista	Brasil	36,0	16,0	8,4	59,0	90,3	52,0	2,73	2,4	16,5	751,3	4,5	0,6
204340	Suriname	36,0	15,7	22,5	67,7	97,0	70,3	2,5	2,9	10,2	757,8	3,4	0,4
341264	Libéria	33,7	11,0	25,2	49,7	74,3	66,0	2,6	2,5	12,6	713,0	4,2	0,5
322695	Angola	33,0	11,0	36,5	56,0	76,0	64,7	2,6	2,4	16,3	730,6	4,8	0,5
203404	Brasil	35,3	13,3	41,5	56,3	88,7	62,7	2,73	2,5	16,8	726,3	4,6	0,8
148260	África-Sul	32,3	12,0	23,2	47,0	77,3	43,7	2,73	2,4	13,5	739,4	4,4	0,6
227687	Japão	37,0	15,7	52	58,3	84,7	57,7	2,73	2,5	17,9	689,5	3,2	0,5
281907	Malásia	42,0	21,0	45,7	72,3	94,3	75,3	2,6	2,6	10,7	663,1	3,3	0,4
204333	Suriname	38,0	15,3	19	59,0	81,7	58,0	2,5	2,4	12,7	586,0	3,6	0,5
281898	Malásia	33,3	13,0	30,85	66,0	93,0	51,0	2,6	2,4	16,2	612,4	3,3	0,5
189402	Guatemala	35,0	17,0	46,7	61,0	88,7	65,3	2,5	2,9	12,8	617,3	2,3	0,4
209839	Nepal	31,0	7,7	40,2	48,7	72,7	48,0	2,6	2,4	13,7	633,2	3,8	0,4
240665	Filipinas	36,0	14,0	26,3	56,7	88,0	72,3	2,5	2,5	9,8	630,9	3,5	0,5
285095	Venezuela	31,7	11,7	31,5	52,0	77,3	62,0	2,5	2,6	12,7	629,6	4,2	0,5
133226	Indonésia	34,3	14,7	25,8	54,7	77,3	73,0	2,6	2,5	17,5	643,6	3,9	0,5
LQ 1050	Brasil	35,3	9,0	20,4	54,3	84,3	49,7	2,6	2,4	12,2	656,6	4,1	0,4
166141	Nepal	32,3	10,3	33,3	52,0	80,7	52,3	2,5	2,4	9,2	653,1	3,7	0,4
36906	China	32,0	13,0	36,2	54,0	80,3	65,3	2,6	2,4	12,1	660,4	3,9	0,4
	Média do grupo	34,5	13,5	31,7	55,5	82,4	59,2	2,6	2,5	13,0	705,6	3,8	0,5

Número de dias para o florescimento (NDF); inserção da primeira vagem (IPV); número de vagem por planta (NVP); período de granação e enchimento dos grãos (PGE); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturidade (APM); valor agrônômico (VA); acamamento (AC); massa de 100 sementes (P100S); massa total dos grãos (PGrãos); comprimento de vagem (CV); massa da vagem (PV).

O grupo I foi formado por dois genótipos brasileiros, um da Índia e outro da África do Sul (Tabela 3). Destaca-se que a associação entre genótipos brasileiros com os de origem africana e indiana foi encontrada por Perry e McIntosh (1991) que,

quando avaliaram genótipos da coleção de germoplasma da USDA, atribuíram o fato a uma forte similaridade morfológica entre os genótipos.

Esse grupo teve o maior valor médio entre os grupos para os descritores: número de dias para a maturação (90,8 dias), número de vagens por plantas (46) e massa total dos grãos (1983,3 g), indicando a presença de genótipos mais tardios e mais produtivos. As plantas apresentaram uma altura média na maturidade igual a 64 cm, um pouco acima do mínimo exigido para a soja que é de 60 cm, e uma altura da inserção da primeira vagem (15,7 cm) acima do máximo exigido (Tabela 3). Entretanto, isso não influenciou na produtividade total, o que provavelmente se deu porque os genótipos apresentaram hábito de crescimento indeterminado, diminuindo a altura e mantendo a produção elevada.

O grupo II, formado por 13 genótipos, apresentou a seguinte distribuição: 46,2% pertencem ao continente Americano (quatro pertencem a América do Sul e os outros dois América Central e do Norte); 38,5% pertencem ao continente Asiático e 15,4% pertencem ao continente Africano (Tabela 3). O subgrupo asiático foi formado por países de regiões insulares, com bastante trânsito humano e com facilidade de dispersão destes acessos para regiões distintas como Brasil, Israel e outros.

Os genótipos do grupo II foram os mais precoces, apresentando as seguintes médias: número de dias para o florescimento (35 dias), período de granação e enchimento (60,8 dias) e número de dias para a maturidade (87,3 dias). Conseqüentemente, apresentaram os menores valores para a altura da planta na maturidade (69,8 cm), afetando na produção total, visto que a média para a massa total dos grãos foi de 993,3 g (Tabela 3).

O grupo III foi formado por 11 genótipos, com a seguinte distribuição: 60% asiático, 20% africano, 10% americano e 10% europeu (Tabela 3). Ambos os grupos II e III apresentaram genótipos dos continentes americano, asiático e africano. Assim como o grupo II, o terceiro grupo formou um subgrupo asiático de regiões insulares, porém com vasta formação montanhosa, com uma possível seleção de genótipos mais adaptados para essas características edafoclimáticas, o que também pode explicar a presença de países como Peru, Malásia, França e África do Sul.

Esse grupo se caracterizou por apresentar também genótipos precoces com valores médios para dia para o florescimento (37 dias), período de granação e enchimento (59,1 dias) e número de dias para a maturação (88,3 dias). Apresentou uma altura média para inserção da primeira vagem de 20,3 cm, muito acima do

esperado para a soja e altura da planta na maturidade igual 69,3, um pouco acima da altura mínima exigida pela cultura. Porém, apresentou o segundo maior desempenho na produção total dos grãos (1307,9 g), que se deu porque os genótipos desse grupo apresentaram um valor agrônômico de 3,7 e uma quantidade de vagem por planta também alta, se comparado aos demais grupos. (Tabela 3).

O grupo IV reuniu a maioria dos acessos, 31 ao todo, havendo maior concentração das cultivares brasileiras, seis ao total. A distribuição geográfica dos genótipos se deu da seguinte forma: 38,71% pertencente ao continente americano (58,33% da América do Sul, 28,57 na 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 (Tabela 3).

No grupo quatro, os valores médios para todas as variáveis foram baixos, com exceção da massa da vagem (4,0 g). Os genótipos foram os mais precoces, de menor estatura e de menor rendimento. Por apresentar um maior número de cultivares brasileiras, sete ao todo, era esperado que o desempenho fosse melhor, mas, foram os mais afetados pelas condições de temperatura e latitude de Teresina.

Uma associação importante no grupo quatro foi a que ocorreu entre o acesso da Rússia, Coreia e Estados Unidos, pois a Rússia e a maioria dos países da Ásia oriental, como Japão, China, Coreia do Norte e do Sul, dentre outros, possuem posições geográficas muito próximas, e, provavelmente, os acessos destes países têm uma constituição gênica e origem bastante similar (ABE et al., 2003). De forma que possa ter ocorrido uma possível introdução de genes dos países da Ásia oriental e do leste da Europa na soja americana. Resultado semelhante foi encontrado por Mulato (2009), em que observou a associação de dois acessos russos com de origem coreana e também com um do sul dos Estados Unidos (GRIFFIN; PALMER 1995; ABE et al., 2003).

O grupo V foi formado por nove acessos, dentre os quais quatro são sul americanos, e os demais asiáticos e africanos. Os genótipos africanos apareceram, geralmente, distribuídos em grupos definidos, formando pequenos subgrupos, evidenciando uma variação nos conjuntos gênicos desses materiais. Este grupo apresentou também um desempenho abaixo da média, com genótipos de pequeno porte e poucos produtivos (Tabela 3).

O grupo VI, segundo maior entre os demais, também foi o segundo em quantidade de cultivares brasileiras, seis no total. A distribuição dos genótipos nesse grupo, de acordo com os continentes aos quais pertencem, foi 53,45% Asiático, 34,62% Sul Americano e 11,93% Africano (sendo a maioria localizada na parte sul do continente).

O grupo seis apresentou um desempenho agrônômico baixo em relação aos grupos I, II e III, com genótipos precoces, com porte baixo e pouco produtivo. A quantidade de vagem por planta, quando se compara aos valores médios encontrados nos grupos quatro e cinco, foi maior, apesar da baixa estatura. Isso se deu, provavelmente, pelo tipo de hábito de crescimento desses genótipos, já que a maioria dos genótipos apresentou crescimento semideterminado (Tabela 3).

A formação de subgrupos asiáticos expressivos em quatro dos seis grupos era esperada, devido à posição geográfica, pelo comércio local e a distribuição de genótipos de soja entre esses.

É importante ressaltar também que os genótipos chineses apareceram em cinco dos seis grupos formados. Resultado semelhante foi observado por Mulato (2009) e Marconato (2014), que destacaram uma possível explicação para fato a China ser o centro de origem da soja.

Houve associação de genótipos melhorados brasileiros com os chineses nos grupos IV, V e VI. Marconato (2014) encontrou resultados semelhantes quando avaliou os mesmos genótipos em Jaboticabal, SP, tendo observado associação de genótipos do Brasil com os da China, em quatro dos seis grupos formados. Mulato (2009), avaliando esses genótipos em Piracicaba, SP, verificou que os acessos chineses aparecem também agrupados com genótipos americanos.

Perry e McIntosh (1991) encontraram acessos de países pertencentes ao continente americano, inclusive uma cultivar brasileira associadas aos acessos chineses. Eles atribuíram esse fato a uma similaridade morfológica entre os dois grupos.

É oportuno frisar que dentre todos os grupos houve formação de subgrupos entre os genótipos originários dos seguintes países: China, Taiwan, Filipinas, Tailândia e Indonésia, que são regiões litorâneas e insulares. Essas mesmas formações podem ser encontradas em trabalhos de Hymowitz e Kaizuma (1981), Griffin e Palmer (1995), Mulato (2009) e Oliveira et al. (2010), demonstrando a coerência nos grupos formados pela análise dos dados coletados em Teresina, PI.

Outro fato importante foi que os genótipos sul-americanos estiveram juntos em quase todos os grupos, com exceção do grupo I, em que os genótipos brasileiros estiveram associados aos asiáticos e africanos.

4.2.3 Análise de componentes principais

Na análise de componentes principais, os três primeiros valores acumularam 69,34% da variância original (Tabela 4), pois segundo Kaiser (1960), devem ser considerados os autovalores $>1,0$, que são os que apresentam componentes com quantidade relevante de informação das variáveis originais. O primeiro componente principal (CP1) reteve um autovalor acumulado de 44,25%, o segundo componente principal (CP2), por sua vez, reteve 15,84% e o terceiro componente (CP3) 9,25% da variância da variância, com o autovalor acumulado nos três componentes de 69,34% da variância total.

Tabela 4 - Autovalores de cada componente e sua importância em relação à variância total entre os 93 genótipos de soja, Teresina, 2014, UFPI

Componentes	Variância	Autovalores (%)	Acumulados
CP1	5,31	44,25	44,25
CP2	1,90	15,84	60,09
CP3	1,11	9,25	69,34
CP4	0,84	6,97	76,31
CP5	0,65	5,45	81,76
CP6	0,55	4,58	86,34
CP7	0,53	4,41	90,75
CP8	0,38	3,18	93,93
CP9	0,31	2,55	96,48
CP10	0,22	1,81	98,29
CP11	0,13	1,10	99,39
CP12	0,07	0,61	100,00

Segundo Cruz et al. (2012), o ideal é a utilização dos primeiros componentes principais que envolvem pelo menos 80% da variação total. No entanto, há estudos mostrando que a análise pelo critério de Kaiser (1960) é eficaz na avaliação da diversidade genética, mesmo não atingindo esse limite. Dentre os quais: Marconato (2014), ao avaliar a diversidade genética de acessos de soja, verificou variações acumuladas nos três primeiros componentes principais de 71,07%; Ferreira (2015) observou uma variação acumulada de 71,53% da variação fenotípica total nos três primeiros componentes, avaliando a diversidade genética e estrutura populacional

de germoplasma exótico de soja e Sousa (2015), encontrou 74,38% nos três componentes ao avaliar diversidade genética em germoplasma de soja para estresse a altas temperaturas. Os escores desses componentes quando utilizados em métodos de agrupamentos hierárquicos, possibilitaram distinguir os grupos das variedades estudadas.

De acordo com os autovetores associados em cada um dos componentes principais (Tabela 5), verificou-se que os caracteres período de granação e enchimento (0,38), altura da planta na maturidade (0,37), acamamento (0,34), número de dias para o florescimento (0,33) foram os mais influentes na formação do primeiro componente. No componente principal 2, percebeu-se a elevada influência dos caracteres peso de cem sementes (0,57), peso de vagem (0,60) e comprimento de vagem (0,37). Para o componente principal 3, os caracteres mais dominantes foram número de dias para a maturação(0,43), número de dias para o florescimento (0,37) e período de granação e enchimento (0,28).

Tabela 5 - Conjunto de autovetores associados aos caracteres e a cada componente principal avaliado entre os 93 genótipos de soja, Teresina, 2014, UFPI

Componentes	Variáveis											
	NDF	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	M100S	MGrãos	CV	MV
CP1	0,33	0,22	0,30	0,38	0,31	0,37	0,32	0,34	-0,06	0,32	-0,23	-0,04
CP2	-0,02	0,15	-0,08	-0,09	0,07	0,12	0,25	-0,12	0,57	0,21	0,37	0,60
CP3	0,37	0,21	-0,31	0,28	0,43	0,03	-0,45	-0,02	0,21	-0,46	0,07	0,01
CP4	0,05	0,79	-0,33	-0,20	-0,25	-0,06	0,08	0,11	-0,12	0,14	0,17	-0,28
CP5	0,29	-0,38	-0,24	0,08	0,05	0,09	0,09	0,10	-0,36	0,18	0,71	-0,11
CP6	0,28	0,16	0,49	-0,07	-0,48	0,28	-0,26	0,05	-0,20	-0,30	0,19	0,32
CP7	-0,21	-0,15	0,08	-0,18	-0,08	0,26	-0,09	0,62	0,47	-0,17	0,18	-0,37
CP8	-0,15	-0,07	-0,47	-0,15	0,02	0,16	0,06	0,49	-0,34	-0,15	-0,26	0,51
CP9	-0,49	0,25	0,36	-0,01	0,48	-0,23	-0,25	0,18	-0,27	0,07	0,32	0,14
CP10	-0,44	0,07	-0,13	0,11	0,06	0,75	-0,02	-0,41	-0,14	-0,08	0,05	-0,14
CP11	-0,28	0,06	-0,04	0,73	-0,31	-0,22	0,32	0,10	0,03	-0,32	0,15	0,04
CP12	-0,10	-0,05	-0,15	0,36	-0,30	0,04	-0,61	0,10	0,10	0,58	-0,08	0,10

Número de dias para o florescimento (NDF); inserção da primeira vagem (IPV); número de vagem por planta (NVP); período de granação e enchimento dos grãos (PGE); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturidade (APM); valor agrônômico (VA); acamamento (AC); massa de 100 sementes (M100S); massa total dos grãos (MGrãos); comprimento de vagem (CV) e massa da vagem (MV).

Considerando, os três primeiros componentes principais, CP1 (35,29%), CP2(15,84%) e CP3 (9,25%) (Tabela 4), os dados foram analisados em plano tridimensional em um gráfico *Biplot*, permitindo visualizar as principais associações entre as variáveis e os acessos avaliados (Figura 6).

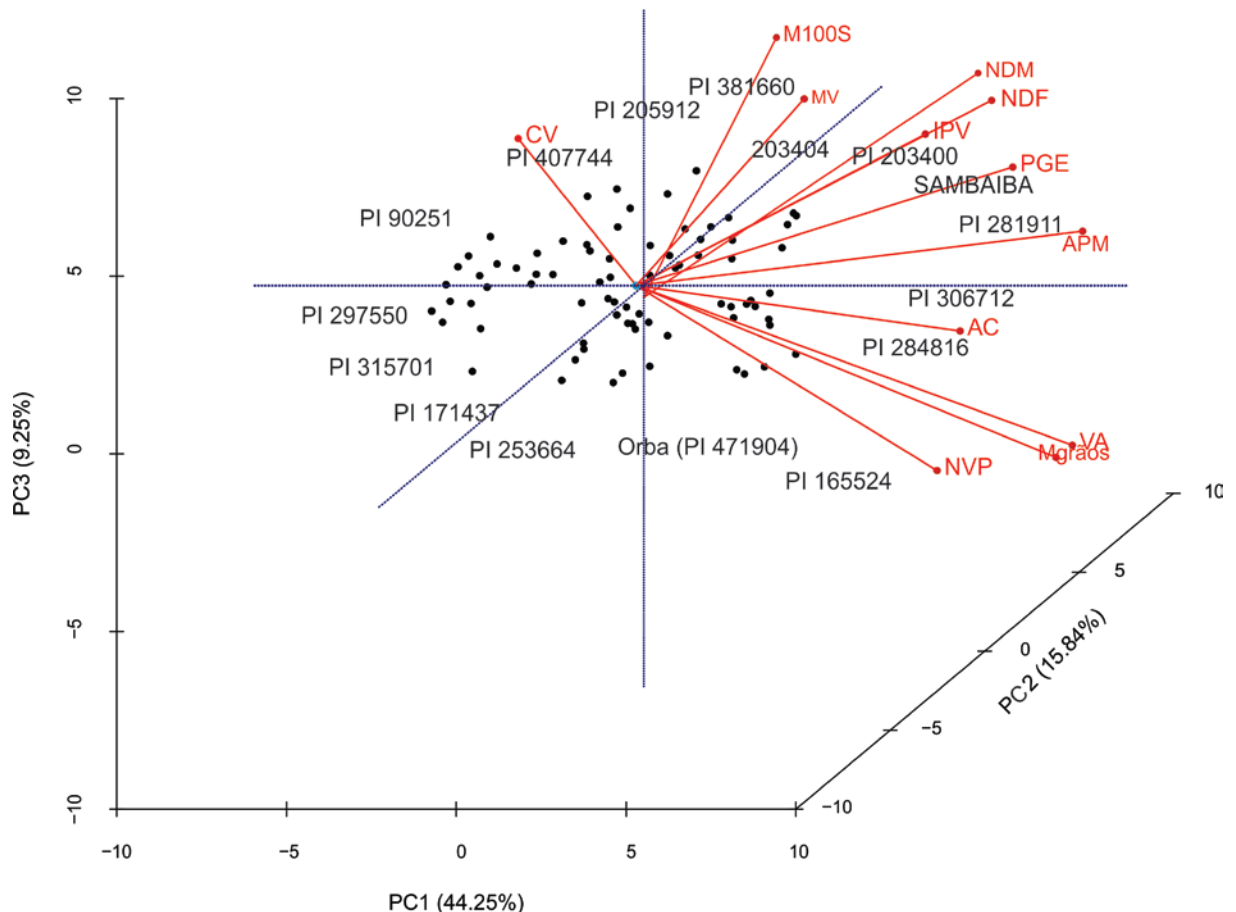


Figura 6 - Gráfico tridimensional com dispersão dos 93 acessos e projeções dos vetores dos 12 descritores avaliado em 77 acessos de soja e 16 cultivares brasileiras. Teresina, PI, 2014, UFPI

Observou-se que os genótipos que mais se destacaram foram as PI's: 165524, 407744, 205912, 381660, 203400 e 281911, e as cultivares brasileiras Sambaíba e 203404. Foram também os mais divergentes para as características altura da planta na maturidade, número de dias para o florescimento, período de granação e enchimento, número de dias para a maturação, massa da vagem, comprimento de vagem e massa de cem sementes.

A contribuição relativa de cada caráter para a dissimilaridade genética mostrou que os caracteres: valor agrônômico (15,2%), altura da planta na maturidade (11,8%), período de enchimento e granação (11,3%) e número de dias

para a maturação (10,4%), foram os mais eficientes em explicar a dissimilaridade entre os acessos, respondendo por 48,7% da diversidade total (Tabela 6), podendo ser priorizadas na escolha de genótipos para fins de cruzamentos.

Tabela 6 - Contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética entre os 93 genótipos de soja, Teresina, 2014, UFPI

Descritores	S _i	%
Número de dias para o florescimento	263,2	5,2
Inserção da primeira vagem	283,7	5,6
Número de vagem por planta	300,8	6,0
Período de granação e enchimento	568,4	11,3
Número de dias para a maturação	520,1	10,4
Altura da planta na maturidade	594,9	11,8
Valor agrônômico	762,9	15,2
Acamamento	424,2	8,4
Massa de cem sementes	404,8	8,0
Massa total dos grãos	475,1	9,4
Comprimento de vagem	321,5	6,4
Massa da vagem	113,3	2,3

Entretanto, a importância desses descritores para a contribuição na variabilidade genética, pode mudar de acordo com a natureza da população em estudo e do ambiente, tendo em vista que são altamente influenciados pelo ambiente.

5 CONCLUSÕES

Houve diversidade genética entre os genótipos investigados com formação de seis grupos com elevada associação entre divergência genética e origem geográfica.

Os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética foram: número de dias para o florescimento, período de granação e enchimento, número de dias para a maturação, altura da planta na maturidade, massa de cem sementes, massa da vagem, comprimento de vagem e valor agronômico.

As PI's: 165524, 407744, 205912, 381660, 203400, 281911 e 203404, e as cultivares brasileiras Sambaíba apresentaram potencial para a tolerância ao estresse a altas temperaturas e baixas latitudes.

REFERÊNCIAS

- ABE, J.; XU, D.H.; SUZUKI, Y.; KANAZAWA, A.; SHIMAMOTO, Y. Soybean germplasm pools in Asia revealed by nuclear SSRs. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 106, n. 3, p. 445-453, 2003.
- ALCÂNTARA NETO, F. **Caracterização genético-molecular de um banco ativo de germoplasma de soja**. 2005. 75p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- ALCANTARA NETO; GRAVINA, G. de A.; MONTEIRO, M. M. de S.; MORAIS, F. B. de; PETTER, F. A.; ALBUQUERQUE, J. A. A. de. Análise de trilha do rendimento de grãos de soja na microrregião do Alto Médio Gurguéia. **Comunicata Scientiae**, v. 2, n. 2, p. 107-112, 2011.
- ANNAMAA, K.; V. KUKK. Collection and Conservation of Plant Genetic Resources for Food and Agriculture in Estonia. **Russian Journal of Genetics: Applied Research**, v. 3, n. 1, p. 17–20, 2013.
- AYDINALP, C.; CRESSER, M. S. The effects of global Climate Change on agriculture. **Journal of Agriculture and Environmental Sciences**, v. 3, p. 672-676, 2008.
- BAR-HEN, A.; CHARCOSSET, A.; BOURGOIN, M.; CUIARD, J. Relationships between genetic markers and morphological traits in a maize inbred lines collection. **Euphytica**, v. 84, p. 145-154, 1995.
- BARNABÁS, B.; JÄGER, K; FEHÉR, A. The effect of drought and heat stress on reproductive processes in cereals. **Plant, Cell & Environment**, v. 31, p.11-38, 2008.
- BENKO-ISEPPON, A.; SOARES-CAVALCANTI, N. M.; BERLARMINO, L. C.; BEZERRA NETO, J. P.; AMORIM, L. L. B.; FERREIRA NETO, J. R. C.; PANDOLFI, V.; AZEVEDO, H. M. de A.; SILVA, R. L. de O.; SANTOS, M. G. dos; ALVES, M. V. da S.; KIDO, E. A. Prospecção de Genes de Resistência à Seca e à Salinidade em Plantas Nativas e Cultivadas (Exploration of Genes for Resistance to Drought and Salinity in Native and Cultivated Plants). **Revista Brasileira de Geografia Física**, 2011.
- BERNARD, R. L.; CREMEENS, C. R.; COOPER, R. L.; COLLINS, F. L.; KROBER, O. A.; ATHOW, K. L.; LAVIOLETTE, F. A.; COBLE, C. J.; NELSON, R. L. **Evaluation of the USDA Soybean germplasm collection: Maturity groups 000 to IV (FC 01.547-PI 266.807)**. U.S. Department of Agriculture, Tech Bull. 1844, 1998.
- BERNARD, R. L.; M. G. WEISS. Qualitative Genetics. **Soybeans, Production and Uses**. B. E. Caldwell (ed.). Agronomy Series, American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin, USA. pp. 117-154, 1973.
- BITA, C. E.; GERATS, T. Plant tolerance to high temperature in a changing environment: scientific fundamentals and production of heat stress-tolerant crops. **Frontiers in Plant Science**, v. 4, n. 273, 2013.
- BOMMI, P.; FERGUSON, D. L. Soybean cultivar identification within a selected group using only an agarose gel system with simple sequence repeat DNA markers. **Soybean Genetics Newsletter**, v. 32, p.1-7, 2005.

BONATO, A. L. V.; CALVO, E. S.; GERALDI, I. O.; ARIAS, C. A. A. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 29, p. 692-704, 2006.

CAMPOS, M. de C. Expansão da soja no território nacional: o papel da demanda internacional e da demanda interna. **Revista GEografares**, n. 8 p. 1- 19, 2010.

CARGNELUTTI FILHO, A. C.; RIBEIRO, N. D.; JOST, E. Número necessário de experimentos para a análise de agrupamento de cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 2, p. 371-378, 2009.

CARPENTIERI-PIPOLO, V.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; ROSOLEM, C. A. Inheritance of long juvenile period under short day conditions for BR80-6778 soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) line. **Euphytica**, Holanda, v. 112, p. 203-209, 2000.

CARTER JR., T. E.; TODD, S. M.; GILLEN, A. M. Registration of N6001 Soybean Germplasm with Enhanced Yield Derived from Japanese Cultivar Suzuyutaka. **Journal of Plant Registrations**, v. 9, p. 216-221, 2015.

CHUANG, G.; SINGH, R. J. Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach. **Critical Reviews in Plant Science**, v. 27, p. 295-341, 2008.

CONAB – **ACOMPANHAMENTO DA SAFRA BRASILEIRA GRÃOS 2012/2013**, CONAB 2014 disponível < www.conab.com.br > acesso em 26/05/2015.

COSTA, N. P. da; MESQUITA, C. de M.; MAURINA, A. C.; FRANÇA-NETO, J. de B.; PEREIRA, J. E.; BORDINGNON, J. R.; KRZYZANOWSKI, F. C.; HENNING, A. A. Efeito da colheita mecânica da soja nas características físicas, fisiológicas e químicas das sementes em três estados brasileiros. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 23, n. 01, p. 140-145, 2001.

CRUZ, T. V. da; PEIXOTO, C. P.; MARTINS, M. C. Crescimento e produtividade de soja em diferentes épocas de semeadura no oeste da Bahia. **Scientia Agraria**, v. 11, n. 01, p. 033-042, 2010.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Ed. 4. Viçosa, 2012. 514 p.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CUI, Z.; CARTER Jr, T. E.; BURTON, J. W. Genetic base of 651 Chinese soybean cultivars released during 1923 to 1995. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 5, p. 1470-1481, 2000.

DELANNAY, X.; RODGERS, D. M.; PALMER, R. G. Relative genetic contribution among ancestral lines to North American soybean cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 23, n. 5, p. 944-949, 1983.

DJANAGUIRAMAN, M.; PRASAD, P. V. V.; BOYLE, D. L.; SCHAPAUGH, W. T. High-Temperature Stress and Soybean Leaves: Leaf Anatomy and Photosynthesis. **Crop Science**, v. 51, p. 2125-2131, 2011.

DALL'AGNOL, A. **Soja: o fenômeno brasileira**. Londrina: Embrapa, 2008.

- DONG, Y. S.; ZHAO, L. M.; LIU, B.; WANG, Z. W.; JIN, Z. Q.; SUN, H. The genetic diversity of cultivated soybean grow in china. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 108, n. 5, p. 931-936, 2004.
- EMBRAPA, **Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisa de Soja**. Disponível em: <<http://www.cnpso.embrapa.br>> Acesso em: 23 maio 2015.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4ª Ed., Harlow, Longman Group Limited. 1996. 464p.
- FAO – **Food and Agriculture Organization** – FAO, 2014 - Disponível no site www.fao.org.br. Acessado em: 20/10/2014.
- FARIAS, J. R. B.; NEPOMUCENO, A. L.; NEUMAIER, N. Ecofisiologia da soja. Londrina: **Embrapa Soja**, 2007. 9p. (Embrapa Soja, Circular Técnica, 48).
- FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. Stages of soybean development. Iowa State University Cooperative Extension Service, **Special Report 80**, 1977.
- FERREIRA, M. C. **Mapeamento associativo e estrutura populacional em germoplasma exótico de soja**. 2015. 107p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2015.
- FILHO, J. M.; KIKUTI, A. L. P.; LIMA, L. B. de. Métodos para avaliação do vigor de sementes de soja, incluindo a análise computadorizada de imagens. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 31, n. 1, p. 102-112, 2009.
- FRESE, L. Conservation and Access to Sugarbeet Germplasm. **Society for Sugar Research & Promotion**, v. 12, n. 3, p. 207–219, 2011.
- GIZLICE, Z.; CARTER Jr, T. E.; BURTON, J. W. Genetic diversity in North America soybean: I. Multivariate analysis of founding stock and relation to coefficient of parentage. **Crop Science**, v. 33, p. 614 - 620, 1993.
- GONÇALVES, M. C.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Tópicos especiais de biometria no melhoramento de plantas**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011, 282p.
- GRIFFIN, J. D.; PALMER, R. G. Variability of thirteen isozyme loci in the USDA soybean germplasm collection. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 3, p. 897-904, 1995.
- HAMRICK, J. L.; GODT, M. J. W. Allozyme diversity in cultivated crops. **Crop Science**, v. 37, p.26-30, 1997.
- HIROMOTO, D. M., VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 2, p. 295-306, 1986.
- HOLLAND, J. B. Breeding: Incorporation of Exotic Germplasm. **Encyclopedia of Plant and Crop Science**, New York, p. 222-224, 2004.
- HU, M.; WIATRAK, P. Effect of Planting Date on Soybean Growth, Yield, and Grain Quality: Review. **Agronomy journal**, v. 104, p. 785-790, 2012.
- HYTEN, D. L.; SONG, H. Q.; ZHU, Y.; CHOI, I. Y.; NELSON, R. L.; COSTA, J. M.; SPECHT, J. E.; SHOEMAKER, R. C.; CREGAN, P. B. Impacts of genetic

bottlenecks on soybean genome diversity. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 103, n. 45, p. 16666-16671, 2006.

HYROMWITZ, T.; NEWELL, C. A. Taxonomy of the genus *Glycine*, domestication and uses of soybeans. **Economic Botany**, Vol. 35, n. 3, p 272-288, 1981.

IBGE - **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Levantamento sistemático da produção agrícola. Rio de Janeiro: IBGE, v. 28, 2015.

JARAMILLO, S.; BAENA, M. Conservación ex situ de recursos fitogenéticos. Roma: **International Plant Genetic Resources Institute**, 2000. 209p.

KAISER, H. F. The application of electronic computers to factor analysis. **Educational and Psychological Measurement**, v. 20, p. 141-151, 1960.

KARP, A.; KRESOVICH, S.; BHAT, K. V.; AYAD, W. G.; HODGKIN, T. Molecular tools in plant genetic resources conservation: A guide to the technologies. **IPIGRI**, Rome. 1997.

KISHA, T.; DIERS, B. W.; HOYT, J.M.; SNELLER, C. H. Genetic diversity among soybean plant introductions and north American germoplasm. **Crop Science**, v. 38, p. 1669-1680, 1998.

KOTTAPALLI, K. R.; BUROW, M. D.; BUROW, G.; BURKE, J.; PUPPALA, N. Molecular characterization of the U. S. peanut mini core collection using microsatellite markers. **Crop Science**, v. 47, p.1718-1727, 2007.

LI, Y.; LIU, R.; LIU, Z.; MA, Y.; WANG, L.; LI, L.; LIN, F.; LUAN, W.; CHEN, P.; YAN, G.; YUAN, Z.; GUAN, Z. L.; NING, X.; SMULDERS, M. J. M.; LI, W.; PIAO, R.; CUI, Y.; YU, Z.; GUAN, M.; CHANG, R.; HOU, A.; SHI, A.; ZHANG, B.; ZHU, S.; QIU, L. Genetic structure and diversity of cultivated soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) landraces in China. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 117, n. 6, p. 857-871, 2008.

LIU, X.J.; JIAN, W.; GUANGHUA, S.J.H. Soybean yield physiology and development of high- yielding practices in Northeast China. **Field Crops Research**, v. 105, p. 157-171, 2008.

LOPES, L. A.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; CARVALHO, E. V. de. Variabilidade genética entre cultivares de soja, quanto ao rendimento de óleo, no estado do Tocantins. **Comunicata Scientiae**, v. 5, n. 3, p. 279-285, 2014.

MAPA, **Ministério da Agricultura e Agropecuária e Abastecimento**. Instruções para execução de ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merril]. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/>> Acesso em: 23 de maio de 2015.

MARCONATO, M. B. **Diversidade fenotípica por meio de caracteres agrônômicos em acessos de soja**. 2014. 50 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade de São Paulo, 2014.

MAUAD, M.; SILVA, T. L. B.; NETO, A. I. A.; ABREU, V. G. The influence of sowing density on agronomic characteristics of soybean crop. **Revista Agrarian**, v. 3, n. 9, p.175-181, 2010.

MCCOUCH, S. R. Diversifying selection in plant breeding. **Plos Biology**, San Francisco, v. 2, p.1507-1512, 2005.

- MCMASTER, G. S.; WILHELM, W. W. Growing degree-days: one equation two interpretations. **Agricultural and Forest Meteorology**, v. 87, p. 291-300, 1997.
- MEDEIROS, R. M. **Climatologia do município de Teresina**. Teresina: Secretaria do Meio Ambiente e Recursos Naturais do Estado do Piauí, 2006, 28p.
- MIKEL, M. A.; DIERS, B. W.; NELSON, R. A.; SMITH, H. H. Genetic diversity and agronomic improvement of North American soybean germplasm. **Crop Science**, v. 50, p. 1219-1229, 2010.
- MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada**: uma abordagem aplicada. Belo Horizonte: UFMG, 2004, 295p.
- MIRANDA, G. V.; SEDIYAMA, C. S.; Reis, M. S.; CRUZ, C. D. Genetic diversity among elite soybean cultivars whit narrowgenetic base. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 2, p. 115-123, 2001.
- MIRANDA, Z. F. S.; ARIAS, C. A. A.; PRETE, C. E. C.; KIHIL, R. A. de S.; ALMEIDA, L. A. de A.; TOLEDO, J. F. F. de; DESTRO, D. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, p.363-396, 2007.
- MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. (Ed.). **A soja no Brasil**. Campinas: ITAL, 1981. 1062 p.
- MOURA, W. de M.; CASALI, V. W. D; CRUZ, DC. D.; LIMA, P. C. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, n. 2, p. 217-224,1999.
- MMA – **Ministério do Meio Ambiente**. Convenção da diversidade biológica. 2016. Disponível em: <http://www.mma.gov.br/biodiversidade/convencao-da-diversidade-biologica>. Acessado em: 20/02/2016.
- MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants-Salient Statistical Tools and Considerations. **Crop Science**, v. 43, p. 1235-1248, 2003.
- MULATO, B. M. **Diversidade genética em germoplasma de soja identificada por marcadores SSR, EST-SSR e caracteres agromorfológicos**. 2009. 86 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2009.
- MULATO, B. M., MÖLLER, M.; ZUCCHI, M. I.; QUECINI, V.; PINHEIRO, J. B. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 3, p. 276-283, 2010.
- MUNDSTOCK, C. M.; THOMAS, A. L. **Soja**: fatores que afetam o crescimento e o rendimento de grãos. Porto Alegre: Departamento de Plantas de Lavoura da Universidade Federal do Rio Grande do Sul: Evangraf, p. 31, 2005.
- MUNIZ, F. R. S. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja**. 2007, 94f. Tese (Doutorado em Agronomia/ Genética e Melhoramento de Plantas)- Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias do Campus de Jaboticabal - UNESP, Jaboticabal, São Paulo, Brasil, 2007.
- NASCIMENTO FILHO, F. J.; ATROCH, A. L.; SOUSA, N. R. de; GARCIA, T. B.; CRAVO, M. da S.; COUTINHO, E. F. Divergência genética entre clones de guaranazeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, p. 501-506, 2001.

- NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C., ITAMAR, S. de M.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento** - plantas. Rondonópolis: Fundação MT, p. 1183, 2001.
- NASS, L. L.; SIGRIST, M. S.; RIBEIRO, C. S. da C.; REIFSCHNEIDER, F. J. B. Genetic resources: the basis for sustainable and competitive plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** [online], v. 12, p. 75-86. 2012.
- OLIVEIRA, M. F.; NELSON, R. L.; GERALDI, I. O. Establishing a soybean germplasm core collection. **Field Crops Research**, v. 119, p. 277–289, 2010.
- OMAE, H.; KUMAR, A.; SHONO, M. Adaptation to High Temperature and Water Deficit in the Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) during the Reproductive Period. **Journal of Botany**, v. 2012, p. 1-6, 2012.
- PELEGRINO, G.Q; ASSAD, E.D.; MARIN, F.R. Mudanças climáticas globais e a agricultura no Brasil. **Revista Multiciência**, Campinas, n. 8, p. 139-162, 2007.
- PELÚZIO, J. M.; JUNIOR, D. A.; FRANCISCO, E. R.; RICHTER, C. A. M.; BARBOSA, V. S. Comportamento de cultivares de soja no sul do estado do Tocantins. **Bioscience Journal**, v. 21, n. 3, p. 113-118, 2005.
- PERRY, M. C.; McINTOSH, M. S. Geographical patterns of variation in the USDA soybean germplasm collection: I. Morphological traits. **Crop Science**, Madison, v. 31, n. 5, p. 1350-1355, 1991.
- POTAFOS - **Associação Brasileira para a Pesquisa da Potassa e do Fosfato**. Como a planta de soja se desenvolve. Piracicaba. 1997. 20 p.
- PRASSAD, P. V. V.; BOOTE, K. J.; ALLEN, L. H.; THOMAS, J. M. G. Super optimal temperatures are detrimental to Peanut (*Arachis hypogaea* L.) reproductive processes and yield at both ambient and elevated carbon dioxide. **Global Change Biology**, Malden, v. 9, p. 1775-1787, 2003.
- PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; SOUSA, S. M. B.; ARANTES, N. E.; CONTEL, E. P. B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004.
- PRIOLLI, R. H. G.; WYSMIERSKI, P. T.; CUNHA, S. P. da; PINHEIRO, J. B.; VELLO, N. A. Genetic structure and a selected core set of Brazilian soybean cultivars. **Genetics Molecular Biology**, v. 36, n. 3, p. 382–390, 2013.
- PUTEH, A. B.; THUZAR, M. ; MONDAL, M. M. A.; ABDULLAH, N. A. P. B.; HALIM, M. R. A. Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] seed yield response to high temperature stress during reproductive growth stages. **Australian Journal of Crop Science**, v. 7, n. 10, p.1472-1479, 2013.
- QIU, L. J.; XING, L. L.; GUO, Y.; WANG, J.; JACKSON, S. A.; CHANG, R. Z. A platform for soybean molecular breeding: the utilization of core collections for food security. **Plant Molecular Biology**, v. 83, p. 41-50, 2013.
- RAMALHO, M. A. P.; SILVA, G. S. da; DIAS, L. A. S. Genetic plant improvement and climate changes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v 9, p. 189-195, 2009.

- RIBEIRO, K. de O. **Caracterização de germoplasma de soja quanto aos teores de proteína, óleo e ácidos graxo**. 2011, 151f. Tese (Doutorado em Agronomia)-Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Goiás, 2011.
- ROCHA, R. S. **Avaliação de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude**. 2009. 59 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Universidade Federal do Piauí, 2009.
- SAKATA, T.; HIGASHITANI, A. Male sterility accompanied with abnormal anther development in plants—genes and environmental stresses with special reference to high temperature injury. **International Journal of Plant Biology**. v. 2, p. 42-51, 2008.
- SAMMOUR, R. H. Morphological, cytological and biochemical characterization of soybean germplasm. **Trade Science Inc**, v. 8, n. 7, p. 277-284, 2014.
- SANTOS, M. X. dos; POLLAK, L. M.; PACHECO, C. A. P.; GUIMARÃES, P. E. O.; PETERNELLI, L. A.; PARENTONI, S. N.; NASS, L. L. Incorporating different proportions of exotic maize germplasm into two adapted populations. **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 2, p. 445-451, 2000.
- SHIGIHARA, D; HAMAWAKI, O. T. Seleção de Genótipos para Juvenildade em Progênes de soja [*Glycine max* (L.) Merrill]. **Bioscience Journal**, p. 01-26, 2005.
- SHURTLEFF, W.; AOYAGI, A. **History of soy flour, grits and flakes (510 CE to 2013): Extensively Annotated Bibliography And Sourcebook**. Soyinfo Center, p. 2053, 2013.
- SILVA, R. N. O. **Diversidade genética em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) por marcadores morfoagronômicos e moleculares**. 2011, 175f. Dissertação (Mestrado/Genética e Melhoramento) – UFPI, Teresina, 2011.
- SIMMONDS, N. W. Introgression and incorporation. Strategies for the use of crop genetic resources. **Biological Reviews**. v. 68, p.539-562, 1993.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**, New Delhi, v. 41, p. 237-245, 1981.
- SNELLER, C. H. Impact of transgenic genotype an subdivision on diversity withing elite Norte American soybean germoplasma. **Crop Science**, v. 43, p. 409-414, 2003.
- SOUSA, L. B. **Diversidade fenotípica e molecular, correlações entre caracteres, adaptabilidade e estabilidade de genótipo de soja**. 2013, 142f. Tese (Doutorado em Agronomia/ Fitotecnia)-Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil, 2013.
- SOUSA, C. C. de. **Mapeamento associativo para tolerância a altas temperaturas em germoplasma exótico de soja (*Glycine max*)**. 2015. 97p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2015.

TANAKA, Y.; FUJII, K.; SHIRAIWA, T. Variability of Leaf Morphology and Stomatal Conductance in Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] Cultivars. **Crop Science**, v. 50, p. 2525-2532, 2010.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia Vegetal**. 3ed. Porto Alegre: Artmed, 2004. 719p.

THANACHAROENCHANAPHAS, K.; RUGCHATI, O. Simulation of climate variability for assessing impacts on yield and genetic change of Thai soybean. **World Academy of Science, Engineering and Technology**, v. 59, p. 1484-1488, 2011.

THOMPSON, J. A.; NELSON, R. L.; VODKIN, L. O. Identification of diverse soybean germoplasm using RAPD markers. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 5, p. 1348-1355, 1998.

THUZAR, M; PUTEH, A. B.; ABDULLAH, N. A. P.; LASSIM, M. B. Mohd; JUSOFF, Kamaruzaman. The Effects of Temperature Stress on the Quality and Yield of Soya Bean [*Glycine max* (L.) Merrill.]. **Journal of Agricultural Science**, v. 2, n.1, p. 172-179, 2010.

TOLEDO, N. T.; MULLER, A. G.; BERTO, J. L.; MALMANN, C. E. S. Ajuste do modelo fototérmico de estimativa do desenvolvimento e do índice de área foliar de soja. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 14, n. 3, 2010.

UDE, G. N.; KENWORTHY, W. J.; COSTA, J. M. ; CREGAN, P. B.; ALVERNANZ, J. Genetic Diversity of Soybean Cultivars from China, Japan, North America, and North American Ancestral Lines Determined by Amplified Fragment Length Polymorphism. **Science Society of America**, v. 43, p. 1858-1867, 2003.

UPADHYAYA, H. D.; DWIVEDI, S. L.; AMBROSE, M.; ELLIS, N.; BERGER, J.; SMYKAL, P.; DEBOUCK, D.; DUC, G.; DUMET, D.; FLAVELL, A.; SHARMA, S. K.; MALLIKARJUNA, N.; GOWDA, C. L. L. Legume genetic resources: management, diversity assessment, and utilization in crop improvement. **Euphytica**, v. 47, p. 27-47, 2011.

USDA, **United States Department of Agriculture**, 2014 – Disponível em: <http://www.usda.gov/wps/portal/usda>. Acessado em: 20/11/2014.

VERNETTI, F. de J.; VERNETTI JR, F. de J. **Genética da soja: caracteres qualitativos e diversidade genética**. DF: Embrapa, 2009. 221p.

VIEIRA, Eduardo Alano; FIALHO, Josefino de Freitas; SILVA, Marília Santos; FUKUDA, Wania Maria Gonçalves; Fábio Gelape Faleiro. Genetic variability of the Embrapa-cerrados cassava germoplasm collection accessed by morphological descriptors. **Científica**, Jaboticabal, v. 36, n.1, p.56 - 67, 2008.

VIEIRA, E. S. N.; SCHUSTER, I.; SILVA, R. B.; OLIVEIRA, M. A. R. de. Variabilidade genética em cultivares de soja determinada com marcadores microssatélites em gel de agarose. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 11, p.1460-1466, 2009.

WAHID A.; GELANI S.; ASHRAF M.; FOOLAD M. Heat tolerance in plants: an overview. **Environmental and Experimental Botany**, v. 61, p. 199–223, 2007.

WOREDE, F.; SREEWONGCHAI, T.; PHUMICHA, C.; SRIPICHITT, P. Multivariate Analysis of Genetic Diversity among some Rice Genotypes Using Morpho-agronomic Traits. **Journal of Plant Sciences**, v. 9, p. 14-24, 2014.

WRIGHT, D.; LENSSEN, A. Soybean growth and development. Department of Agronomy, **Iowa State University Extension**, p. 3044, 2013.

WYSMIERSKI, P. T. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileira**. 2010. 100 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2010.

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

ZHOU, X.; THOMAS, E. C.; ZHANGLIN, C.; SHOJI, M.; JOSEPH, W. Genetic Base of Japanese Soybean Cultivars Released during 1950 to 1988. **Crop Science**, v. 40, n. 6, p. 1794-1802, 2000.

ANEXO A - Média dos 18 descritores morfoagronômicos avaliados em 93 acessos de soja, Teresina, 2014, UFPI.

Acessos	CF	NDF	CT	CHI	CP	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	P100S	PGrãos	CV	PV
36906	1,00	32,00	1,00	5,00	3,00	13,00	36,20	54,00	80,33	65,33	2,67	2,00	12,10	660,42	3,94	0,37
79861	2,00	31,67	1,00	4,50	3,00	11,67	35,77	52,67	72,00	67,33	3,50	2,67	10,53	439,97	3,69	0,43
84910	1,00	33,00	1,00	4,00	3,00	9,00	29,87	45,67	81,33	43,67	1,67	1,33	11,83	238,13	4,02	0,52
90251	1,00	31,33	1,00	3,00	2,00	11,00	11,33	48,67	82,67	35,00	1,00	1,67	13,81	67,43	4,53	0,57
133226	1,00	34,33	1,00	4,00	3,00	14,67	25,75	54,67	77,33	73,00	2,50	2,33	17,50	643,60	3,86	0,46
145079	2,00	30,33	1,00	1,00	3,00	10,00	21,00	47,67	79,00	37,00	3,00	2,00	20,10	526,00	3,30	0,55
148259	2,00	41,67	1,00	4,00	3,00	18,67	43,60	61,33	91,67	69,67	3,00	2,33	6,94	1202,33	3,57	0,31
148260	2,00	32,33	1,00	4,00	2,00	12,00	23,20	47,00	77,33	43,67	3,00	2,00	13,53	739,39	4,35	0,64
153681	1,00	31,00	1,00	4,00	3,00	10,00	28,20	50,00	78,00	47,67	1,33	1,33	15,10	153,57	3,90	0,59
159097	1,00	32,33	1,00	2,00	2,00	8,67	23,87	47,67	75,00	27,00	1,00	1,67	10,19	44,49	4,29	0,37
159927	1,00	37,00	1,00	1,00	2,00	18,33	34,60	62,00	93,00	70,33	3,33	2,00	17,39	1335,90	3,73	0,58
164885	2,00	36,00	3,00	5,00	3,00	16,67	26,93	60,00	89,00	82,00	3,33	3,67	9,15	903,77	3,20	0,29
165524	2,00	32,00	3,00	5,00	3,00	14,33	74,93	63,33	93,00	66,67	3,67	3,33	8,30	1881,63	3,23	0,29
166141	1,00	32,33	3,00	4,00	3,00	10,33	33,27	52,00	80,67	52,33	2,33	2,00	9,24	653,07	3,72	0,38
170889	2,00	31,67	1,00	4,00	2,00	38,33	12,30	45,67	80,33	30,67	4,00	2,00	13,54	1344,40	4,86	0,51
171437	2,00	30,00	1,00	5,00	2,00	6,00	23,20	48,67	74,33	28,00	2,00	1,67	6,51	478,33	3,38	0,30
172902	1,00	26,00	1,00	2,00	3,00	8,00	11,50	48,33	76,67	27,67	1,00	1,67	14,27	122,47	4,03	0,45
189402	2,00	35,00	3,00	5,00	3,00	17,00	46,67	61,00	88,67	65,33	2,33	3,67	12,79	617,33	2,26	0,41
200832	1,00	28,67	1,00	4,00	2,00	8,00	19,50	45,67	86,33	40,33	1,00	2,00	12,76	115,51	4,01	0,46
203400	2,00	35,33	1,00	4,00	2,00	18,33	28,90	53,00	90,33	80,00	3,33	3,00	19,17	1157,53	4,37	0,77
203404	2,00	35,33	1,00	4,00	2,00	13,33	41,50	56,33	88,67	62,67	3,00	2,33	16,82	726,03	4,59	0,78
204333	1,00	38,00	1,00	4,00	2,00	15,33	18,97	59,00	81,67	58,00	2,33	2,00	12,73	586,00	3,62	0,46
204340	2,00	36,00	3,00	5,00	2,00	15,67	22,50	67,67	97,00	70,33	2,33	3,67	10,18	757,80	3,35	0,38
205912	2,00	36,67	1,00	5,00	2,00	9,33	37,00	54,00	87,67	72,00	1,00	3,00	17,74	104,80	5,00	0,45

Cor da flor (CF), número de dias para o florescimento (NDF); cor do tegumento (CT); cor do hilo (CH); cor da pubescência (CP); inserção da primeira vagem (IPV); número de vagem por planta (NVP); período de granação e enchimento dos grãos (PGE); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturidade (APM); valor agrônômico (VA); acamamento (AC); peso de 100 sementes (P100S); peso total de grãos (PGrãos); comprimento de vagem (CV); peso de vagem (PV),

ANEXO A - Média dos 18 descritores morfoagronômicos avaliados em 93 acessos de soja, Teresina, 2014, UFPI. (Continuação)

Acessos	CF	NDF	CT	CHI	CP	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	P100S	PGrãos	CV	PV
210178	2,00	42,00	3,00	5,00	3,00	18,67	46,87	63,67	86,67	80,67	3,00	4,33	7,63	780,63	3,00	0,26
210352	1,00	32,33	1,00	2,50	3,00	12,67	28,47	54,67	85,33	40,67	2,00	2,00	10,36	471,70	3,39	0,44
212606	2,00	34,67	1,00	4,00	3,00	7,33	20,00	49,00	66,67	33,67	1,00	1,67	7,64	64,78	4,37	0,43
215692	2,00	37,67	1,00	1,00	2,00	17,67	44,20	71,00	95,67	85,00	2,67	2,67	11,21	934,83	3,55	0,33
222397	2,00	26,67	2,00	4,00	3,00	6,33	23,30	53,33	79,00	38,00	1,50	2,00	7,40	324,38	3,82	0,29
222550	2,00	38,00	3,00	5,00	3,00	14,00	37,15	68,00	93,00	70,33	3,50	3,33	9,50	996,85	3,24	0,41
229358	2,00	34,00	1,00	4,00	3,00	10,33	35,40	51,00	74,33	35,33	1,00	1,33	7,55	99,99	3,38	0,45
239237	2,00	35,33	3,00	5,00	3,00	17,67	80,87	69,33	88,67	81,00	3,00	3,00	10,64	1031,53	2,83	0,35
253664	1,00	28,67	1,00	4,00	2,00	12,00	11,40	45,33	69,00	39,00	3,00	2,00	9,27	813,20	3,20	0,24
259540	2,00	36,00	3,00	5,00	3,00	17,67	28,70	61,00	89,00	71,67	3,00	3,67	9,83	937,70	3,03	0,36
265491	2,00	38,00	3,00	5,00	3,00	19,33	39,25	64,67	91,67	73,00	3,50	4,33	7,85	989,90	3,14	0,25
265497	2,00	33,67	1,00	6,00	3,00	8,67	17,00	45,00	77,33	28,67	1,00	1,67	9,72	112,36	5,03	0,44
274454-A	2,00	36,00	3,00	5,00	3,00	14,33	45,73	53,00	85,00	81,00	4,00	3,67	10,30	1314,45	3,45	0,42
274454-B	2,00	38,00	1,00	4,00	3,00	14,00	20,30	61,67	94,33	41,33	1,00	2,00	10,71	164,85	3,46	0,34
274507	2,00	34,33	1,00	5,00	3,00	16,33	63,40	59,00	80,33	86,33	3,00	2,67	9,76	1073,60	3,52	0,40
283327	2,00	35,33	1,00	5,00	3,00	9,67	54,20	54,00	74,33	56,67	1,50	2,67	6,45	232,57	3,40	0,30
285095	2,00	31,67	1,00	1,00	3,00	11,67	31,53	52,00	77,33	62,00	2,33	2,67	12,72	629,59	4,16	0,54
297550	1,00	26,00	1,00	2,00	2,00	7,00	8,00	43,00	66,00	29,00	1,00	1,00	11,35	25,55	4,22	0,45
306702	2,00	29,33	1,00	4,00	3,00	14,33	48,80	54,00	79,67	48,33	2,50	1,67	13,65	1080,01	4,43	0,52
315701	1,00	33,33	3,00	4,00	3,00	9,00	15,60	50,00	72,00	29,67	1,00	2,00	4,89	106,19	4,02	0,16
322695	1,00	33,00	1,00	4,00	3,00	11,00	36,53	56,00	76,00	64,67	2,67	2,00	16,30	730,58	4,81	0,49
331793	2,00	32,33	3,00	4,00	3,00	11,00	35,00	53,33	80,67	57,00	3,50	2,00	8,88	1061,75	3,81	0,53
331795	2,00	34,33	1,00	4,00	3,00	15,00	43,60	54,67	80,33	66,33	3,00	2,00	10,77	757,26	3,40	0,47

Cor da flor (CF), número de dias para o florescimento (NDF); cor do tegumento (CT); cor do hilo (CH); cor da pubescência (CP); inserção da primeira vagem (IPV); número de vagem por planta (NVP); período de granação e enchimento dos grãos (PGE); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturidade (APM); valor agrônômico (VA); acamamento (AC); peso de 100 sementes (P100S); peso total de grãos (PGrãos); comprimento de vagem (CV); peso de vagem (PV),

ANEXO A - Média dos 18 descritores morfoagronômicos avaliados em 93 acessos de soja, Teresina, 2014, UFPI. (Continuação)

Acessos	CF	NDF	CT	CHI	CP	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	P100S	PGrãos	CV	PV
341254	2,00	36,00	1,00	4,00	3,00	20,33	12,90	61,33	88,67	77,33	4,00	2,67	8,17	1361,30	3,27	0,45
341264	1,00	33,67	1,00	4,00	3,00	11,00	25,15	49,67	74,33	66,00	2,50	2,33	12,61	713,00	4,16	0,48
360851	2,00	32,33	1,00	1,00	3,00	8,33	15,70	50,67	84,33	30,67	1,00	1,67	10,65	70,35	3,41	0,37
377573	2,00	33,33	1,00	4,00	3,00	15,33	43,47	55,00	84,67	69,33	3,33	1,67	12,42	979,20	3,68	1,45
381660	1,00	41,67	1,00	1,00	2,00	23,33	14,60	56,67	89,00	80,00	1,00	2,00	13,41	232,00	4,28	0,53
381680	2,00	37,00	1,00	4,00	3,00	15,67	46,77	66,33	93,00	71,00	3,00	3,67	7,27	862,77	3,89	0,38
398493	2,00	32,33	1,00	4,00	2,00	11,00	16,05	50,00	74,33	41,00	2,00	1,67	12,73	379,99	4,72	0,52
407744	2,00	31,67	1,00	5,00	3,00	39,00	14,00	42,67	68,33	43,67	1,00	2,00	15,79	154,10	4,00	0,49
407764	2,00	29,00	1,00	2,00	3,00	13,67	19,27	43,67	70,00	54,33	3,33	2,00	18,10	809,00	4,47	0,66
416828	2,00	34,00	3,00	5,00	3,00	14,67	51,60	54,67	90,00	62,00	4,00	3,67	9,36	1185,45	3,26	0,43
417563	2,00	33,33	1,00	4,00	3,00	16,00	32,20	50,33	78,33	70,67	2,33	3,00	11,79	745,81	3,78	0,40
417581	1,00	33,33	1,00	4,00	2,00	8,00	12,80	52,67	80,00	26,67	1,00	1,33	11,32	45,68	3,85	0,43
417582	2,00	30,67	1,00	2,00	2,00	12,67	24,00	47,00	82,00	56,67	1,67	1,67	13,30	273,00	4,00	0,43
427276	2,00	31,67	1,00	5,00	3,00	12,67	16,20	43,67	70,67	44,00	1,67	1,33	16,84	312,03	4,17	0,50
438301	2,00	28,33	1,00	4,00	3,00	9,67	13,13	48,00	80,00	27,67	1,00	1,67	8,52	21,52	3,93	0,35
90577	2,00	34,00	1,00	4,00	3,00	10,33	18,40	49,00	73,67	47,33	1,00	1,33	8,56	130,86	3,91	0,52
159922	2,00	35,33	1,00	4,00	3,00	17,67	39,90	64,00	89,00	73,00	2,00	3,00	9,94	503,70	3,88	0,42
209839	1,00	31,00	1,00	4,00	3,00	7,67	40,15	48,67	72,67	48,00	2,50	2,00	13,69	633,21	3,80	0,47
222546	2,00	42,67	1,00	4,00	3,00	16,00	27,60	72,00	87,00	63,67	3,00	1,67	10,07	503,90	3,48	0,39
240665	2,00	36,00	3,00	5,00	3,00	14,00	26,30	56,67	88,00	72,33	2,33	2,33	9,81	630,85	3,52	0,52
281898	2,00	33,33	1,00	4,00	3,00	13,00	30,85	66,00	93,00	51,00	2,50	2,00	16,19	612,40	3,25	0,46
281911	2,00	45,67	1,00	1,00	3,00	26,33	35,80	72,33	94,33	91,67	4,00	3,33	9,82	1520,70	3,39	0,48
284816	2,00	40,33	1,00	1,00	3,00	21,33	92,33	71,00	94,33	79,00	3,67	2,33	12,54	1230,93	2,30	0,40
306712	2,00	48,00	1,00	1,00	3,00	22,00	64,00	71,67	90,00	77,33	4,50	4,33	12,02	2018,10	3,41	0,37

Cor da flor (CF), número de dias para o florescimento (NDF); cor do tegumento (CT); cor do hilo (CH); cor da pubescência (CP); inserção da primeira vagem (IPV); número de vagem por planta (NVP); período de granação e enchimento dos grãos (PGE); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturidade (APM); valor agrônômico (VA) ; acamamento (AC); peso de 100 sementes (P100S); peso total de grãos (PGrãos); comprimento de vagem (CV); peso de vagem (PV),

ANEXO A - Média dos 18 descritores morfoagronômicos avaliados em 93 acessos de soja, Teresina, 2014, UFPI. (Conclusão)

Acessos	CF	NDF	CT	CHI	CP	IPV	NVP	PGE	NDM	APM	VA	AC	P100S	PGrãos	CV	PV
281907	2,00	42,00	1,00	4,00	3,00	21,00	45,73	72,33	94,33	75,33	2,67	2,67	10,72	663,13	3,32	0,44
IAC100	1,00	34,67	1,00	1,00	3,00	11,33	29,73	56,67	83,00	47,67	2,67	2,33	10,18	804,20	3,49	0,44
Paranagoiana	1,00	34,33	1,00	1,00	3,00	11,33	29,70	56,33	82,00	56,00	2,00	1,67	12,93	301,00	3,57	0,56
A7002	1,00	34,00	1,00	1,00	2,00	11,67	30,53	63,00	94,33	58,33	1,67	2,33	15,48	299,47	3,48	0,54
CD215	2,00	30,00	1,00	2,50	2,00	9,67	23,50	44,33	83,33	41,00	3,00	1,33	12,82	1897,30	3,77	0,42
Conquista	2,00	36,00	1,00	1,00	3,00	16,00	8,40	59,00	90,33	52,00	3,00	2,00	16,49	751,30	4,49	0,63
Pintado	1,00	37,00	1,00	4,00	2,00	13,67	37,93	57,33	93,00	60,33	3,00	2,00	15,69	758,53	3,91	0,61
Sambaíba	1,00	38,00	1,00	4,00	3,00	16,67	21,70	66,00	97,00	71,00	4,00	2,33	14,70	1776,20	4,90	0,60
Dowling	1,00	30,33	1,00	4,00	2,00	8,33	10,00	52,00	85,00	28,00	1,00	2,00	12,31	15,55	3,99	0,51
Kinoshita (PI200487)	2,00	32,00	1,00	4,00	3,00	11,00	16,80	47,00	78,67	36,00	1,00	1,67	9,75	125,60	3,39	0,37
Orba (PI471904)	2,00	32,67	1,00	1,00	3,00	13,00	49,80	56,33	75,00	51,33	3,50	1,67	9,62	1426,05	3,54	0,48
Bignam	2,00	36,00	1,00	4,00	3,00	12,67	24,07	54,67	84,00	58,00	3,33	2,00	16,69	952,43	4,27	0,61
227687	2,00	37,00	3,00	5,00	3,00	15,67	52,00	58,33	84,67	57,67	3,00	2,33	17,90	689,50	3,23	0,54
171451	1,00	33,67	1,00	3,00	3,00	8,00	37,00	46,67	75,33	30,67	2,50	2,67	12,29	783,70	4,33	0,54
VMáx	1,00	32,33	1,00	1,00	2,00	13,00	29,30	49,67	84,33	56,00	1,50	1,33	13,03	252,95	4,49	0,47
Potência	1,00	30,67	1,00	4,00	2,00	12,33	20,40	49,33	86,67	56,00	2,00	2,00	19,04	465,33	3,68	0,51
JAB 00-05-6/763D	1,00	32,33	1,00	4,00	3,00	10,00	21,00	53,67	85,67	54,00	4,00	1,00	12,36	1108,90	4,12	0,47
JAB 00-02-2/2J3D	1,00	35,00	1,00	4,00	2,00	10,00	25,00	58,00	89,00	48,00	1,67	2,00	11,07	216,27	3,86	0,41
LQ 1050	1,00	35,33	1,00	1,00	2,00	9,00	20,35	54,33	84,33	49,67	2,50	2,00	12,24	656,60	4,12	0,42
LQ 1505	2,00	33,33	1,00	4,00	3,00	39,67	22,40	55,00	85,00	41,00	1,67	2,00	12,74	259,12	3,30	0,36
LQ 1421	2,00	35,00	1,00	1,00	3,00	9,33	20,87	54,67	86,33	47,00	1,67	2,00	13,63	426,30	3,52	0,43
LQ 1413	2,00	32,67	1,00	1,00	2,00	10,67	17,80	55,67	93,00	49,67	1,67	2,00	18,03	289,96	3,60	0,48

Cor da flor (CF), número de dias para o florescimento (NDF); cor do tegumento (CT); cor do hilo (CH); cor da pubescência (CP); inserção da primeira vagem (IPV); número de vagem por planta (NVP); período de granação e enchimento dos grãos (PGE); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturidade (APM); valor agrônômico (VA); acamamento (AC); peso de 100 sementes (P100S); peso total de grãos (PGrãos); comprimento de vagem (CV); peso de vagem (PV).