

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)
autor(a), o texto completo desta tese
será disponibilizado somente a partir
de 06/09/2024.

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**DIVERSIDADE GENÉTICA, ESTRUTURA
POPULACIONAL E MAPEAMENTO ASSOCIATIVO EM
POPULAÇÕES DE RILs DE SOJA TROPICAL**

Dardânia Soares Cristeli
Engenheira Agrônoma

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**DIVERSIDADE GENÉTICA, ESTRUTURA
POPULACIONAL E MAPEAMENTO ASSOCIATIVO EM
POPULAÇÕES DE RILs DE SOJA TROPICAL**

Discente: Dardânia Soares Cristeli

Orientadora: Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp, Campus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutora em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

C933d Cristeli, Dardânia Soares
Diversidade genética, estrutura populacional e mapeamento associativo em populações de RILs de soja tropical / Dardânia Soares Cristeli. -- Jaboticabal, 2024
65 f. : il., tabs.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal
Orientadora: Sandra Helena Unêda - Trevisoli

1. Melhoramento genético de plantas. 2. Mapeamento associativo. 3. Diversidade genética. 4. Estrutura populacional.
I. Título.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: DIVERSIDADE GENÉTICA, ESTRUTURA POPULACIONAL E MAPEAMENTO ASSOCIATIVO EM POPULAÇÕES DE RILs DE SOJA TROPICAL

AUTORA: DARDÂNIA SOARES CRISTELI

ORIENTADORA: SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Doutora em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), pela Comissão Examinadora:

Profa. Dra. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI (Participação Presencial)
Departamento de Produção Vegetal / FCAV UNESP Jaboticabal


Pesquisador Dr. IVAN SCHUSTER (Participação Presencial)
Longping High-Tech, Pesquisa e Desenvolvimento / Cravinhos/SP


Prof. Dr. JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE (Participação Virtual)
Departamento de Biologia e Zootecnia / FEIS UNESP Ilha Solteira


Prof. Dr. GLAUCO VIEIRA MIRANDA (Participação Virtual)
Departamento de Agronomia / Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR) - Santa Helena/PR


Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO (Participação Presencial)
Departamento de Produção Vegetal / FCAV UNESP Jaboticabal


Jaboticabal, 06 de setembro de 2024

Documento assinado digitalmente
 **GLAUCO VIEIRA MIRANDA**
Data: 13/09/2024 12:47:42-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Documento assinado digitalmente
 **JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE**
Data: 20/09/2024 10:34:15-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Documento assinado digitalmente
 **IVAN SCHUSTER**
Data: 20/09/2024 17:48:25-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Documento assinado digitalmente
 **GUSTAVO VITTI MORO**
Data: 23/09/2024 11:43:44-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Documento assinado digitalmente
 **SANDRA HELENA UNEDA TREVISOLI**
Data: 23/09/2024 17:18:41-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

DADOS CURRICULARES DA AUTORA

Dardânia Soares Cristeli, natural de Sete Lagoas – Minas Gerais, é Engenheira Agrônoma graduada pela Universidade Federal de São João Del Rei, campus de Sete Lagoas em 2016. Filha de José João Cristeli e Glaucia Aparecida Teixeira Soares Cristeli, sempre contou com o apoio de sua família em sua trajetória acadêmica e profissional. Durante a graduação, realizou iniciação científica na Embrapa Milho e Sorgo, onde se dedicou ao melhoramento genético de milho, aprofundando seus conhecimentos em técnicas de seleção e desenvolvimento de novas cultivares. Concluiu o mestrado em Agronomia (Sistemas de Produção) pela Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (UNESP), campus de Ilha Solteira, em 2018. Posteriormente, ingressou no programa de doutorado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) pela UNESP, campus de Jaboticabal, sob a orientação da Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli, onde desenvolveu pesquisas focadas no melhoramento genético da soja, com ênfase em características agronômicas relevantes, como produtividade e adaptação a diferentes ambientes. Sua pesquisa de doutorado foi financiada pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES). Durante sua trajetória acadêmica, a autora colaborou em publicações científicas e participou de projetos de pesquisa em parceria com empresas do setor agrícola e centros de pesquisa. Atualmente, a autora se dedica à pesquisa e desenvolvimento no setor agrícola, com especial interesse em mapeamento associativo, melhoramento de plantas e biotecnologia, buscando contribuir para a inovação e sustentabilidade no campo.

“Educação não transforma o mundo,
educação muda as pessoas,
pessoas transformam o mundo.”

(Paulo Freire)

AGRADECIMENTOS

A Deus, que em nenhum momento me deixou desistir! Sabemos que o caminho até aqui não é fácil para aqueles que o escolhem, mas a sensação de dever cumprido é a maior recompensa... E, sem manter a fé, concluir esta etapa de minha formação seria impossível.

Aos meus pais, José João Cristeli e Glaucia Aparecida Teixeira Soares Cristeli, que são o meu porto seguro. Ao meu irmão, Rodrigo Soares Cristeli, que, mesmo à distância, sempre se dispôs a me ajudar nos momentos de dificuldade.

Ao meu esposo, Rafael Silva Ramos dos Anjos, que foi uma fonte inesgotável de amor durante todo esse processo.

A todos os familiares e amigos que torceram por mim.

À Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli pela orientação e amizade durante todos esses anos.

Ao Prof. Dr. Glauco Vieira Miranda, por todo o auxílio durante a fase de escrita deste trabalho.

Aos amigos do Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento de Plantas, serei eternamente grata por todos os dias de convivência e momentos de troca.

Aos funcionários da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão, minha eterna gratidão pelo empenho e auxílio para que este trabalho se tornasse possível.

À empresa LongPing High-Tech e aos funcionários que prontamente nos ajudaram na execução deste trabalho, obrigada por tornarem esta conquista possível.

Às amigas que me acolheram quando cheguei a Jaboticabal, foram minha família e continuam sendo.

Aos colegas de pós-graduação de outros programas da UNESP/FCAV, sou grata pelos momentos de partilha.

À Paróquia Santa Teresa de Jesus de Jaboticabal, por sempre ter sido abrigo e fonte de renovação da fé e coragem.

Este trabalho foi realizado com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

A todos, de forma muito especial,

Obrigada!

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais	1
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	3
2.1 Fotoperíodo e adaptação latitudinal	3
2.2 Marcadores moleculares SNP no melhoramento genético.....	6
2.3 Estrutura e diversidade genética de populações.....	8
2.4 Mapeamento associativo	9
REFERÊNCIAS	11
CAPÍTULO 2 – Diversidade genética e estrutura populacional entre populações de soja adaptadas a regiões tropicais.....	16
1 INTRODUÇÃO	17
2 MATERIAL E MÉTODOS	18
2.1 Obtenção das populações	18
2.2 Genotipagem com marcadores SNP.....	19
2.3 Diversidade genética	19
2.4 Análise de estrutura populacional	20
3 RESULTADOS	21
3.1 Diversidade genética	21
3.2 Estrutura populacional	23
4 DISCUSSÃO	25
5 CONCLUSÕES	29
REFERÊNCIAS	30
CAPÍTULO 3 – Associação genômica de caracteres ligados à sensibilidade ao fotoperíodo em uma população de linhagens tropicais de soja	33
1 INTRODUÇÃO	34
2 MATERIAL E MÉTODOS	36
2.1 Material genético e avaliação fenotípica	36
2.2 Genotipagem, estudo de associação e pesquisa de genes candidatos	38
3 RESULTADOS	39
3.1 Análise fenotípica	39
3.2 Estrutura populacional	42
3.3 <i>Loci</i> e genes candidatos	42
4 DISCUSSÃO	47
5 CONCLUSÕES	51
REFERÊNCIAS	52

DIVERSIDADE GENÉTICA, ESTRUTURA POPULACIONAL E MAPEAMENTO ASSOCIATIVO EM POPULAÇÕES DE RILs DE SOJA TROPICAL

RESUMO - A soja é uma cultura de dias curtos e sensível ao fotoperíodo, cuja adaptação a diferentes latitudes é crucial para a expansão do cultivo e aumento da produtividade. Esta tese foca em dois principais aspectos do melhoramento genético da soja: a estrutura populacional e o mapeamento associativo de características agronômicas. O primeiro capítulo abrange o estado geral da arte, uma introdução aos principais tópicos que serão abordados. O segundo capítulo aborda a diversidade genética e a estrutura populacional de três populações de linhagens de soja adaptadas a regiões tropicais. Foram genotipadas 405 linhagens, pertencentes a três populações distintas resultantes de cruzamentos biparentais. Utilizando 2.924 marcadores *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), a análise de componentes principais (PCA) e a análise bayesiana foram capazes de distinguir e agrupar as linhagens quanto ao seu grupo ancestral. Os resultados indicam a importância de considerar a constituição genética e a adaptação latitudinal em programas de melhoramento genético de soja. O terceiro e último capítulo trata do mapeamento associativo de características agronômicas diretamente afetadas pela sensibilidade ao fotoperíodo em linhagens de soja tropical. Dados fenotípicos da população sul composta por 150 linhagens foram avaliados na safra 2022/23. Utilizando marcadores SNP e o método Blink (*Bayesian-information and Linkage-disequilibrium Iteratively Nested Keyway*), foram identificados 12 SNPs associados a altura de plantas no florescimento (APF), altura de plantas na maturidade (APM) e número de dias para maturidade (NDM). Onze genes candidatos foram identificados, podendo ser utilizados para o melhoramento genético da soja. A identificação de marcadores SNP e genes associados a características agronômicas de interesse poderão auxiliar na seleção *in silico* e no desenvolvimento de cultivares mais adaptadas a diferentes regiões, contribuindo para a eficiência e sustentabilidade do cultivo da soja.

Palavras-chave: fotoperíodo; florescimento; maturidade; genes candidatos; SNP

GENETIC DIVERSITY, POPULATION STRUCTURE AND ASSOCIATION MAPPING IN TROPICAL SOYBEAN RIL POPULATIONS

ABSTRACT - Soybean is a short-day crop sensitive to photoperiod, and its adaptation to different latitudes is crucial for expanding cultivation and increasing productivity. This thesis focuses on two main aspects of soybean breeding: population structure and association mapping of agronomic traits. The first chapter covers the general state of the art, introducing the main topics to be addressed. The second chapter examines the genetic diversity and population structure of three populations of soybean lines adapted to tropical regions. A total of 405 lines, belonging to three distinct populations resulting from biparental crosses, were genotyped. Using 2,924 Single Nucleotide Polymorphism (SNP) markers, Principal Component Analysis (PCA) and Bayesian analysis were able to distinguish and group the lines according to their ancestral group. The results highlight the importance of considering genetic constitution and latitudinal adaptation in soybean breeding programs. The third and final chapter deals with the association mapping of agronomic traits directly affected by photoperiod sensitivity in tropical soybean lines. Phenotypic data from the southern population, consisting of 150 lines, were evaluated during the 2022/23 growing season. Using SNP markers and the Blink method (Bayesian-information and Linkage-disequilibrium Iteratively Nested Keyway), 12 SNPs associated with plant height at flowering (PHF), plant height at maturity (PHM), and number of days to maturity (NDM) were identified. Eleven candidate genes were identified, which may be used for soybean genetic improvement. The identification of SNP markers and genes associated with agronomic traits of interest could aid in in silico selection and the development of cultivars better adapted to different regions, contributing to the efficiency and sustainability of soybean cultivation.

Keywords: photoperiod; flowering; maturity; candidate genes; SNP

CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais

1 INTRODUÇÃO

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma cultura de grande relevância econômica, destacando-se como a principal cultura do agronegócio brasileiro. Sua importância se deve ao fato de ser uma excelente fonte de óleo e proteína vegetal. Atualmente, o Brasil é o maior produtor mundial do grão, com uma produção estimada em cerca de 147 milhões de toneladas no ano agrícola 2023/2024. Segundo dados do primeiro semestre de 2024, o estado do Mato Grosso se manteve como o maior produtor brasileiro de soja, com uma produção estimada em 39 milhões de toneladas. Em seguida, destacam-se os estados do Rio Grande do Sul, com 20 milhões de toneladas, e o Paraná, produzindo 18 milhões de toneladas do grão. Juntos, esses três estados representam mais da metade da produção nacional de soja (CONAB, 2024).

As cultivares modernas de soja foram domesticadas a partir de seu progenitor selvagem, *Glycine soja* Sieb. & Zucc., há cerca de 5.000 anos em regiões temperadas da China, entre as latitudes 32° N e 40° N. Atualmente, a soja é cultivada em uma ampla faixa de latitudes ao redor do mundo, de 53° N a 35° S (Li et al., 2024). Por ser uma planta de dias curtos, a soja domesticada é altamente sensível ao fotoperíodo e às condições de temperatura. A sua ampla adaptação às diversas faixas latitudinais é atribuída, em grande parte, aos avanços nas pesquisas fisiológicas, genéticas e moleculares relacionadas à sensibilidade ao fotoperíodo da espécie (Zhang et al., 2020).

A variabilidade genética obtida por programas de melhoramento e seleção de cultivares com alta adaptabilidade e estabilidade sob diversas condições edafoclimáticas, permitiram considerável avanço em termos de caracteres fisiológicos, morfológicos e agronômicos para a cultura da soja. Os programas de melhoramento genético buscam a introdução e ampliação da variabilidade genética pela incorporação de genes de interesse a partir de cruzamentos artificiais.

Compreender a estrutura populacional e as variantes genéticas presentes em uma população proporciona um conhecimento aprofundado sobre a relação entre características complexas e o fenótipo em diferentes genótipos. Em programas de melhoramento, essa prática pode otimizar o tempo necessário para a obtenção de cultivares com desempenhos superiores, além de auxiliar a traçar estratégias eficazes para explorar a variabilidade genética da espécie.

Tanto em coleções de acessos de bancos de germoplasma, quanto em populações de cruzamentos controlados, a localização e isolamento de genes que estão envolvidos no controle de caracteres de interesse têm aumentado significativamente. Esses processos têm sido realizados de forma eficiente com o uso de marcadores moleculares que proporcionam ampla cobertura genômica. Com os avanços do sequenciamento de nova geração (NGS), os marcadores de polimorfismo único, *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) são utilizados para identificar *loci* ou possíveis genes associados à várias características quantitativas, tais como o número de dias necessários para florescimento e maturidade em soja (Guo et al., 2024; Wang et al., 2024).

Os métodos de detecção de associação entre marcadores e genes têm sido aprimorados e se tornaram mais precisos em suas análises. O método 'Blink' (*Bayesian-information and Linkage-disequilibrium Iteratively Nested Keyway*) proposto por Huang et al. (2018) capta os efeitos das características quantitativas pelo desequilíbrio de ligação. Este método elimina a exigência de que os genes estejam distribuídos igualmente no genoma devido à condução iterativa de dois modelos de efeito fixo obtidos por esta metodologia. Um modelo testa um marcador por vez com vários marcadores associados ajustados como covariáveis e o outro modelo seleciona marcadores de covariáveis para controlar diretamente a associação existente. Esta metodologia propõe a diminuição de erros, falsos positivos e falsos negativos na associação entre SNPs e características fenotípicas analisadas (Huang et al., 2018; Wang e Zhang, 2021).

Mediante o exposto, os objetivos do presente trabalho foram: i) verificar a diversidade genética e a estrutura populacional entre três populações de linhagens obtidas de cruzamentos biparentais de soja adaptadas à regiões tropicais; e ii) identificar *loci* e genes associados a características agronômicas influenciadas pela sensibilidade

ao fotoperíodo em soja. Esses objetivos visam contribuir para avanços significativos na seleção assistida em programas de melhoramento genético da soja tropical.

5 CONCLUSÕES

O estudo das 150 linhagens evidenciou variação fenotípica entre os caracteres avaliados, com diferenças significativas nas alturas das plantas no florescimento e na maturidade.

Foram identificados 12 SNPs associados a características sensíveis ao fotoperíodo neste estudo e 11 genes candidatos. Isto irá colaborar com o avanço de estratégias de seleção em programas de melhoramento genético de soja podendo ser utilizados para seleção de materiais superiores *in silico*.

Este estudo destaca a importância de considerar a adaptação ao fotoperíodo e a utilização de ferramentas moleculares combinadas com técnicas de fenotipagem para otimizar o desenvolvimento e a produtividade das cultivares em diferentes regiões.

REFERÊNCIAS

- Amaral, L.O.; Miranda, G.V.; Val, B.H.P.; Silva, A.P.; Moitinho, A.C.R.; Trevisoli, S.H.U. (2022). Artificial neural network for discrimination and classification of tropical soybean genotypes of different relative maturity groups. **Frontiers in Plant Science**, v.13, 814046.
- Aravind, J.; Sankar, M.S.; Wankhede, D.P.; Kaur, V. (2023). **augmentedRCBD: Analysis of Augmented Randomised Complete Block Designs**. R package version 0.1.9000.
- Bradbury, P.J.; Zhang Z.; Kroon, D.E.; Casstevens T.M.; Ramdoss Y.; Buckler E.S. (2007) TASSEL: Software for association mapping of complex traits in diverse samples. **Bioinformatics**, v.23, p.2633-2635.
- Carretero-Paulet, L.; Galstyan, A.; Roig-Villanova, I.; Martínez-García, J.F.; Bilbao-Castro, J.R.; Robertson, D.L. (2010). Genome-wide classification and evolutionary analysis of the bHLH family of transcription factors in *Arabidopsis*, poplar, rice, moss, and algae. **Plant Physiology**, v.153, p.1398–1412.
- Contreras-Soto, R.I.; Mora, F.; Lazzari, F.; Oliveira, M.A.R.; Scapim, C.A.; Schuster, I. (2017). Genome-wide association mapping for flowering and maturity in tropical soybean: implications for breeding strategies. **Breeding Science**, v.67, p.435:449.
- Copley, T.R.; Duceppe, M.; O'donoghue, L. (2018). Identification of novel *loci* associated with maturity and yield traits in early maturity soybean plant introduction lines. **BMC Genomics**, v.19:167.
- Cruz, C.D. (2016). GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v.35, n.3, p.271-276.
- Curtolo, M. (2018). **Desequilíbrio de ligação, análise de associação genômica ampla e sinais de seleção em soja**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, São Paulo, 104p.
- Dong, L.; Fang, C.; Cheng, Q.; Su, T.; Kou, K.; Kong, L.; Zhang, C.; Li, H.; Hou, Z.; Zhang, Y.; Chen, L.; Yue, L.; Wang, L.; Wang, K.; Li, Y.; Gan, Z.; Yuan, X.; Weller, J.L.; Lu, S.; Kong, F.; Liu, B. (2021). Genetic basis and adaptation trajectory of soybean from its temperate origin to tropics. **Nature Communications**, 12, 5445.
- Federer, W.T. (1956). Augmented (hoonuiaku) designs. Hawaiian Planter's Record, **Aica**, v.55, p.191-208.
- Fox, C.M.; Cary, T.R.; Nelson, R.L.; Diers, D.W. (2015). Confirmation of a seed yield QTL in Soybean. **Crop Science**, v.55, p.992-998.

- Hare, R.C. (1964). Indoleacetic acid oxidase. **The Botanical Review**, v.30, p.129-165.
- Huang, M.; Liu, X.; Zhou, Y.; Summers, R.M.; Zhang, Z. (2018). BLINK: a package for the next level of genome-wide association studies with both individuals and markers in the millions. **Giga Science**, v.8, p. 1-12.
- Jaworski, C.J., Moreira, E., Li, A., Lee, R., Rodriguez, I.R., 2001. A family of 12 human genes containing oxysterol-binding domains. **Genomics**, v.78, p.185–196.
- Kavas, M.; Baloglu, M.C.; Atabay, E.S.; Ziplar, U.T.; Dasgan, H.Y.; Ünver, T. (2016). Genome-wide characterization and expression analysis of common bean bHLH transcription factors in response to excess salt concentration. **Molecular Genetics and Genomics**, v.291, p.129–143.
- Kim, K.S.; Diers, B.W.; Hyten, D.L.; Mian, M.A.R.; Shannon, J.G.; Nelson, R.L. (2012). Identification of positive yield QTL alleles from exotic soybean germplasm in two backcross populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v.125, p.1353-1369.
- Lee, S.H.; Bailey, M.A.; Mian, M.A.R.; Carter, T.E.; Ashley, D.A.; Hussey, R.S. et al. (1996). Molecular markers associated with soybean plant height, lodging, and maturity across locations. **Crop Science**, v. 36, p.728-735.
- Lee, S.; Jun, T.H.; Michel, A.P. Mian, M.A.R. (2015). SNP markers linked to QTL conditioning plant height, lodging, and maturity in soybean. **Euphytica**, v.203, p.521-532.
- Lin, X.; Liu, B.; Weller James, L.; Abe, J.; Kong, F. (2021). Molecular mechanisms for the photoperiodic regulation of flowering in soybean. **Journal of Integrative Plant Biology**. v.63, p.981–994.
- Li, D.Y.; Inoue, H.; Takahashi, M.; Kojima, T.; Shiraiwa, M.; Takahara, H. (2008). Molecular characterization of a novel salt-inducible gene for an OSBP (oxysterol-binding protein)-homologue from soybean. **Gene**, v. 407, p. 12-20.
- Li, L.; Gao, W.; Peng, Q.; Zhou, B.; Kong, Q.; Ying, Y.; et al. (2018) Two soybean bHLH factors regulate response to iron deficiency. **Journal of Integrative Plant Biology**, 29p.
- Li, X.; Duan, X.; Jiang, H.; Sun, Y.; Tang, Y.; Yuan, Z. et al. (2006). Genome-wide analysis of basic/helix-loop-helix transcription factor family in rice and *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, v. 141, p. 1167-1184.
- Liu, W.; Wang, Y.; Zhang, Y.; Li, W.; Wang, C.; Xu, R. et al. (2024). Characterization of the pyruvate kinase gene family in soybean and identification of a putative salt responsive gene GmPK21. **BMC Genomics**, v. 25, n. 88, 17p.

Lopes, A.C.A.; Vello, N.A.; Pandini, F.; Rocha, M.M.; Tsutsumi, C.Y. (2002). Variabilidade e correlação entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, v.59, n.2, p.341-348.

Lu, S.; Dong, L.; Fang, C.; Liu, S.; Kong, L.; Cheng, Q. et al. (2020). Stepwise selection on homeologous PRR genes controlling flowering and maturity during soybean domestication. **Nature Genetics**, v.52, p.428-436.

Magalhães, G.C. (2002). **Análise da atividade de algumas enzimas antioxidantes em plantas de soja (*Glycine max* L. Merr.) sob níveis de manganês, em função da micorriza arbuscular**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, São Paulo, 122p.

Nogueira, A.P.O.; Sedyama, T.; Sousa, L.B.; Hamawaki, O.T.; Cruz, C.D.; Pereira, D.G. et al. (2012). Análise de trilha e correlações entre caracteres de soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v.28, n.6, p. 877-888.

Priyanatha, C.; Torkamaneh, D.; Rajcan, I. (2022). Genome-wide association study of soybean germplasm derived from Canadian x Chinese crosses to mine for novel alleles to improve seed yield and seed quality traits. **Frontiers in Plant Science**, v.13, 10p.

Quan, X.; Meng, C.; Zhang, N.; Liang, X.; Li, J.; Li, H. et al. (2023). Genome-Wide Analysis of Barley bHLH Transcription Factors and the Functional Characterization of HvbHLH56 in Low Nitrogen Tolerance in *Arabidopsis*. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 24, n. 11, p. 9740.

R Core Team. (2023). R: A language and environment for statistical computing. Version 4.3.1. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria.

Riechmann, J.L.; Heard, J.; Martin, G.; Reuber, L.; Jiang, C.Z.; Keddie, J. et al. (2000). *Arabidopsis* Transcription Factors: Genome-Wide Comparative Analysis Among Eukaryotes, **Science**, v.190, p.2105-2110.

Rogowska, A.; Szakiel, A. (2020). The role of sterols in plant response to abiotic stress. **Phytochemistry Reviews**, v.19, p.1525-1538.

Schuster, I. (2011) Marker-assisted selection for quantitative traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, S1: p.50–55.

Schuster, I. (2017). Soybean genetic mapping. In.: Silva, F.L; Borém, A.; Sedyama, T.; Ludke, W.H. (Eds.). **Soybean breeding**. 1.ed. Viçosa: UFV, p.293-310.

Schneider, E.A.; Wightman, F. (1974). Metabolism of auxin in higher plants. **Annual Review Plant Physiology**, v.25, p.487-513.

Staniak, M.; Szpunar-Krok, E.; Kocira, A. (2023). Responses of soybean to selected abiotic stresses-photoperiod, temperature and water. **Agriculture**, v.13:146, 28p.

Takahashi, H. (2010). Regulation of sulfate transport and assimilation in plants. **International Review of Cell and Molecular Biology**, v. 281, p. 129-159.

Takahashi, H. (2019). Sulfate transport systems in plants: functional diversity and molecular mechanisms underlying regulatory coordination. **Journal of Experimental Botany**, v. 70, n.16, p.4075–4087.

Wang, Y.; Li, Y.; Wu, H.; Hu, B.; Zheng, J.; Zhai, H. et al. (2018). Genotyping of soybean cultivars with medium-density array reveals the population structure and QTNs underlying maturity and seed traits. **Frontiers in Plant Science**, v.9:610.

Wang, F.; Nan, H.; Chen, L.; Fang, C.; Zhang, H.; Su, T. et al. (2019). A new dominant *locus*, E11, controls early flowering time and maturity in soybean. **Molecular Breeding**, v.39, n.70.

Wang, J.; Zhang, Z. (2021). GAPIT Version 3: Boosting Power and Accuracy for Genomic Association and Prediction. **Genomics, Proteomics & Bioinformatics**, v.19, p.629-640.

Wen, Z.; Boyse, J.F.; Song, Q.; Cregan, P.B.; Wang, D. (2015). Genomic consequences of selection and genome-wide association mapping in soybean. **BMC Genomics**, v.16:671.

Zhang, W.K.; Wang, Y.J.; Luo, G.Z.; Zhang, J.S.; He, C.Y.; Wu, X.L. et al. (2004). QTL mapping of ten agronomic traits on the soybean (*Glycine max* L. Merr.) genetic map and their association with EST markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, p.1131-1139.

Zhao, X.; Li, H.; Wang, L.; Wang, J.; Huang, Z.; Du, H. et al. (2024). A critical suppression feedback loop determines soybean photoperiod sensitivity. **Developmental Cell**, v.59, 14p.

Zimmer, G.; Miller, M.J.; Steketee, C.J.; Jackson, S.A.; Tunes, L.V.M.; Li, Z. (2021). Genetic control and allele variation among soybean maturity groups 000 through IX. **Plant Genome**, 25p.