

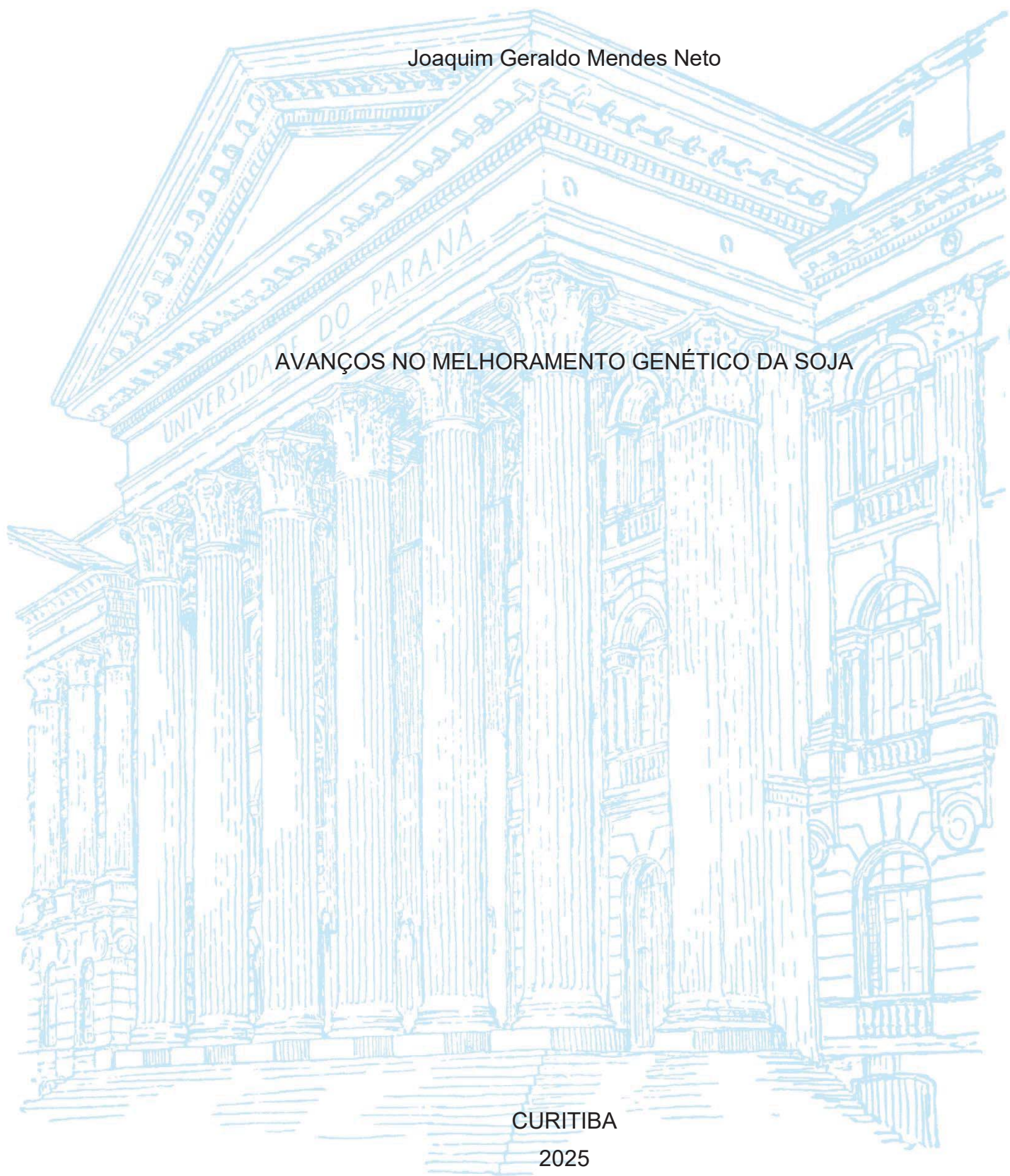
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

Joaquim Geraldo Mendes Neto

AVANÇOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA

CURITIBA

2025



Joaquim Geraldo Mendes Neto

AVANÇOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA

Trabalho de conclusão de curso, apresentada ao curso de Graduação, em Curitiba-PR, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial à obtenção do título de Engenheiro Agrônomo.

Orientador: Prof. Dr. João Carlos Bespalhok Filho

CURITIBA

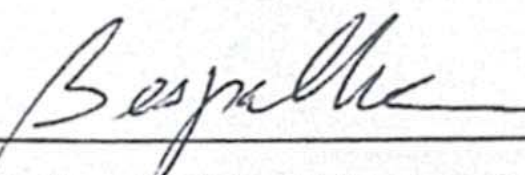
2025

TERMO DE APROVAÇÃO

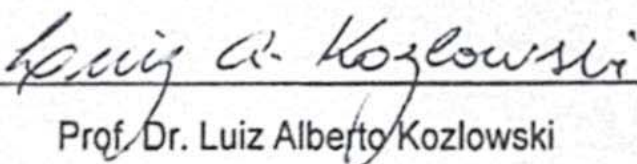
JOAQUIM GERALDO MENDES NETO

AVANÇOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA

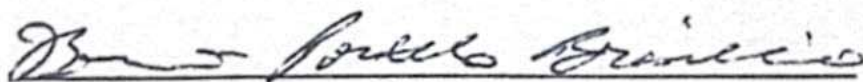
Trabalho apresentado como requisito parcial à obtenção do grau de Engenheiro(a) Agrônomo(a) no Curso de Graduação em Agronomia, pela seguinte banca examinadora:



Orientador Prof. Dr. João Carlos Bessalho Filho
Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade
Setor de Ciências Agrárias



Prof. Dr. Luiz Alberto Kozlowski
Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade
Setor de Ciências Agrárias



Prof. Dr. Bruno Portela Brasileiro
Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade
Setor de Ciências Agrárias

Curitiba, 10 de julho de 2025.

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar, agradeço a Deus, fonte de força, sabedoria e inspiração, por me guiar e sustentar em todos os momentos desta jornada.

Aos meus pais e ao meu irmão, minha gratidão eterna pelo amor, apoio incondicional e por sempre acreditarem em mim.

À minha noiva, pelo companheirismo, paciência e incentivo constantes, que foram essenciais para a realização deste trabalho.

Aos meus amigos, que estiveram ao meu lado ao longo dessa caminhada, compartilhando desafios, aprendizados e conquistas — obrigado por tornarem essa trajetória mais leve e significativa.

Agradeço também à Universidade Federal do Paraná, pela formação acadêmica sólida e pelas oportunidades de crescimento.

E, de maneira especial, ao professor João Carlos Bessalho Filho, meu orientador, por sua orientação dedicada, pelos ensinamentos e pela confiança durante todo o desenvolvimento deste trabalho.

A todos, o meu mais sincero muito obrigado.

RESUMO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) destaca-se mundialmente por seu elevado valor nutricional, sua ampla utilização industrial e sua relevância econômica. O melhoramento genético da espécie tem evoluído significativamente nas últimas décadas, incorporando desde métodos convencionais de seleção até modernas técnicas de engenharia genética e edição genômica, como o sistema CRISPR/Cas9. Esses avanços possibilitaram o desenvolvimento de cultivares com maior produtividade, resistência a pragas e doenças, tolerância a herbicidas e melhoria da qualidade nutricional. Além disso, a identificação de genes de interesse agrônômico e a seleção assistida por marcadores moleculares têm potencializado a eficiência dos programas de melhoramento, contribuindo para superar as limitações impostas pela baixa variabilidade genética da soja cultivada. O futuro do melhoramento da soja aponta para o empilhamento de genes e o desenvolvimento de cultivares mais resilientes às mudanças climáticas, o que representa uma oportunidade promissora para atender à crescente demanda global por alimentos e insumos de origem vegetal. Este trabalho apresenta uma revisão atualizada das principais ferramentas, resultados e perspectivas do melhoramento genético da soja, evidenciando sua importância estratégica para a sustentabilidade e a segurança alimentar mundial.

Palavras-chave: *Glycine max*; melhoramento genético; biotecnologia;

ABSTRACT

Soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) stands out worldwide for its high nutritional value, broad industrial applications, and economic importance. The genetic improvement of this species has advanced significantly in recent decades, incorporating both conventional breeding methods and modern techniques such as genetic engineering and genome editing tools like the CRISPR/Cas9 system. These advances have enabled the development of cultivars with higher yield potential, resistance to pests and diseases, herbicide tolerance, and improved nutritional quality. Furthermore, the identification of agronomically important genes and the application of marker-assisted selection (MAS) have enhanced the efficiency of breeding programs, helping to overcome limitations imposed by the narrow genetic variability of cultivated soybean. The future of soybean breeding points to gene stacking and the development of cultivars more resilient to climate change, representing a promising strategy to meet the growing global demand for food and plant-based products. This work presents an updated review of the main tools, findings, and perspectives in soybean genetic improvement, highlighting its strategic role in sustainability and global food security.

Keywords: *Glycine max*; genetic improvement; biotechnology.

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1 - IMAGEM ILUSTRATIVA DA SOJA	16
FIGURA 2 - PRODUÇÃO MUNDIAL DE SOJA	20
FIGURA 3 - MÉTODOS DE TRANSFORMAÇÃO GENÉTICA DISPONÍVEIS ATUALMENTE PARA SOJA.....	28
FIGURA 4 - MAPA MENTAL REPRESENTANDO AS PRINCIPAIS FERRAMENTAS, CARACTERÍSTICAS APRIMORADAS, RESULTADOS OBTIDOS E PERSPECTIVAS FUTURAS DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA.....	40

LISTA DE ABREVIATURAS OU SIGLAS

CRISPR/Cas9 – *Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats/CRISPR-associated protein 9*

DNA – Ácido Desoxirribonucleico

EG – Engenharia Genética

FAO – *Food and Agriculture Organization* (Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura)

GMO – *Genetically Modified Organism* (Organismo Geneticamente Modificado)

MAS – *Marker-Assisted Selection* (Seleção Assistida por Marcadores)

NPBTs – *New Plant Breeding Techniques* (Novas Técnicas de Melhoramento de Plantas)

QTL – *Quantitative Trait Loci* (Locus de Característica Quantitativa)

RNA – Ácido Ribonucleico

USA – *United States of America* (Estados Unidos da América)

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	16
1.1 PROBLEMA.....	17
1.2 OBJETIVOS.....	18
1.2.1 Objetivo geral	18
1.2.2 Objetivos específicos	18
1.3 JUSTIFICATIVA	19
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	16
2.1 ORIGEM E DOMESTICAÇÃO DA SOJA.....	16
2.2 IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA E SOCIOECONÔMICA DA SOJA	19
2.3 BASES GENÉTICAS E VARIABILIDADE DA SOJA	22
3 MATERIAL E MÉTODOS	24
APRESENTAÇÃO DOS RESULTADOS	25
3.1 MELHORAMENTO GENÉTICO CONVENCIONAL DA SOJA.....	25
3.2 MELHORAMENTO ASSISTIDO POR MARCADORES MOLECULARES	26
3.3 BIOTECNOLOGIA E TRANSGENIA NA SOJA	27
3.4 MELHORAMENTO PARA TOLERÂNCIA A ESTRESSES BIÓTICOS E ABIÓTICOS	30
3.5 MELHORAMENTO VISANDO SUSTENTABILIDADE E PRODUTIVIDADE.....	32
3.6 IMPORTÂNCIA DO MELHORAMENTO GENÉTICO PARA A CULTURA DA SOJA	33
3.7 PERSPECTIVAS FUTURAS E DESAFIOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA.....	41
4 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	44
4.1 RECOMENDAÇÕES PARA TRABALHOS FUTUROS	45
REFERÊNCIAS	47

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill), pertencente à família Fabaceae, é uma das espécies cultivadas de maior importância global, destacando-se tanto pelo seu elevado conteúdo nutricional quanto por sua versatilidade como matéria-prima para indústrias alimentícia, oleoquímica e de biocombustíveis. A espécie é originária do leste da Ásia, tendo sido domesticada há cerca de 3 mil anos na região nordeste da China, a partir da espécie silvestre *Glycine soja*. Sua introdução no Ocidente ocorreu de forma gradual, inicialmente por meio de missões diplomáticas e comerciantes, consolidando-se na América do Norte e, posteriormente, na América do Sul, principalmente a partir da segunda metade do século XX (Kumar et al., 2021; Kumari et al., 2025; Mishra et al., 2024; Zhang et al., 2018).

No Brasil, a cultura da soja foi introduzida no final do século XIX, mas foi apenas na década de 1970, com o desenvolvimento de cultivares adaptadas ao Cerrado, que o país passou a figurar como um dos principais produtores mundiais da oleaginosa. Atualmente, o Brasil ocupa posição de liderança global na produção e exportação de soja, sendo responsável por cerca de 35% da produção mundial. Tal desempenho é atribuído a uma série de fatores, entre os quais se destacam as condições edafoclimáticas favoráveis, a adoção de tecnologias agrícolas modernas e os avanços contínuos no melhoramento genético da cultura (Bacaxixi et al., 2011; Martinelli et al., 2017; Lima et al., 2019; Holkem et al., 2022; Milioli et al., 2022; Mishra et al., 2024; Kumari et al., 2025; Silva et al., 2025).

A relevância econômica da soja transcende sua contribuição para o Produto Interno Bruto (PIB) do agronegócio. A cultura gera milhões de empregos diretos e indiretos, movimenta cadeias produtivas de insumos, logística e exportações, além de ser um dos principais produtos da balança comercial brasileira. A soja também desempenha papel fundamental na nutrição humana e animal, sendo a principal fonte de proteína vegetal do mundo e fornecendo aproximadamente 70% da matéria-prima para a produção de farelo proteico e óleo vegetal (Bacaxixi et al., 2011; Martinelli et al., 2017; Hamawaki et al., 2019; Lima et al., 2019; Holkem et al., 2022; Milioli et al., 2022; Koltun et al., 2023; Silva et al., 2025).

O expressivo crescimento da produção de soja observado nas últimas décadas está diretamente relacionado aos avanços obtidos por meio do melhoramento genético, que visa selecionar genótipos superiores quanto à produtividade, qualidade de grãos, resistência a doenças, pragas e tolerância a

estresses abióticos. O melhoramento da soja no Brasil teve início com o desenvolvimento de programas de cruzamento e seleção de linhagens com características agronômicas desejáveis, utilizando técnicas como seleção massal, retrocruzamentos e seleção recorrente. Com a evolução das ferramentas moleculares, o melhoramento genético da soja passou a incorporar marcadores moleculares, mapeamento de genes de interesse, genômica assistida e, mais recentemente, técnicas de edição gênica, como o sistema CRISPR/Cas9 (Bacaxixi et al., 2011; Martinelli et al., 2017; Hamawaki et al., 2019; Lima et al., 2019; Sheteiwy et al., 2021; Holkem et al., 2022; Milioli et al., 2022; Koltun et al., 2023; Ruffo, 2023; Silva et al., 2025).

Essas tecnologias vêm permitindo maior precisão e rapidez na seleção de características complexas, como resistência à seca e à ferrugem asiática da soja (*Phakopsora pachyrhizi*), bem como a incorporação de eventos transgênicos para resistência a herbicidas e insetos. A biotecnologia moderna ampliou significativamente a base genética disponível para o melhoramento, superando limitações impostas pela estreita variabilidade genética da soja cultivada. Além disso, o emprego da genômica funcional e de ferramentas de fenotipagem de alto rendimento tem possibilitado avanços na compreensão dos mecanismos fisiológicos e moleculares envolvidos na expressão de traços agronômicos desejáveis (Bacaxixi et al., 2011; Bao et al., 2020; Gupta & Manjaya, 2022; Kim et al., 2021; Koltun et al., 2023; Lu et al., 2020; Rahman et al., 2023; Shelke et al., 2023; Vargas-Almendra et al., 2024).

Diante dos desafios impostos pelas mudanças climáticas, pela crescente demanda por alimentos e pela necessidade de uma agricultura mais sustentável, o melhoramento genético da soja assume papel estratégico. A busca por cultivares mais adaptadas a sistemas de produção integrados, com maior eficiência no uso de recursos naturais e menor impacto ambiental, torna-se cada vez mais necessária. Nesse sentido, a sistematização e atualização do conhecimento científico sobre as abordagens e tendências do melhoramento genético da soja são fundamentais para orientar novas pesquisas, subsidiar políticas públicas e fortalecer a competitividade do agronegócio brasileiro (Bacaxixi et al., 2011; Hamawaki et al., 2019; Koltun et al., 2023; RUFFO, 2023).

1.1 PROBLEMA

Apesar dos avanços tecnológicos e científicos no melhoramento genético da soja nas últimas décadas, a produtividade da cultura ainda apresenta limitações quando comparada a outras espécies agrícolas de relevância econômica, como evidenciado por incrementos genéticos anuais relativamente modestos. Além disso, fatores como a estreita variabilidade genética da soja cultivada, a emergência de novas doenças, pragas e estresses abióticos associados às mudanças climáticas representam desafios adicionais ao desenvolvimento de cultivares superiores. A necessidade crescente por uma agricultura mais sustentável, que concilie alta produtividade com menor impacto ambiental, impõe a adoção de estratégias inovadoras no melhoramento genético da soja. Contudo, ainda existem lacunas no entendimento sobre a aplicação integrada e eficaz das modernas ferramentas de biotecnologia, como a edição gênica via CRISPR/Cas9, bem como sobre sua aceitação pública, aspectos regulatórios e impactos a longo prazo. Assim, questiona-se: como as diferentes abordagens de melhoramento genético da soja podem ser otimizadas para superar essas limitações e atender simultaneamente às demandas produtivas, ambientais e mercadológicas atuais?

1.2 OBJETIVOS

1.2.1 Objetivo geral

Realizar uma revisão bibliográfica sobre os principais métodos e avanços tecnológicos no melhoramento genético da soja, abordando desde as técnicas convencionais até as inovações moleculares e biotecnológicas aplicadas ao desenvolvimento de cultivares superiores.

1.2.2 Objetivos específicos

- Discutir a origem, evolução e importância econômica da soja;
- Apresentar os métodos tradicionais de melhoramento utilizados na cultura;
- Analisar os avanços obtidos com o uso de ferramentas moleculares e biotecnológicas;
- Refletir sobre os desafios e perspectivas do melhoramento genético da soja frente às demandas atuais da agricultura sustentável.

1.3 JUSTIFICATIVA

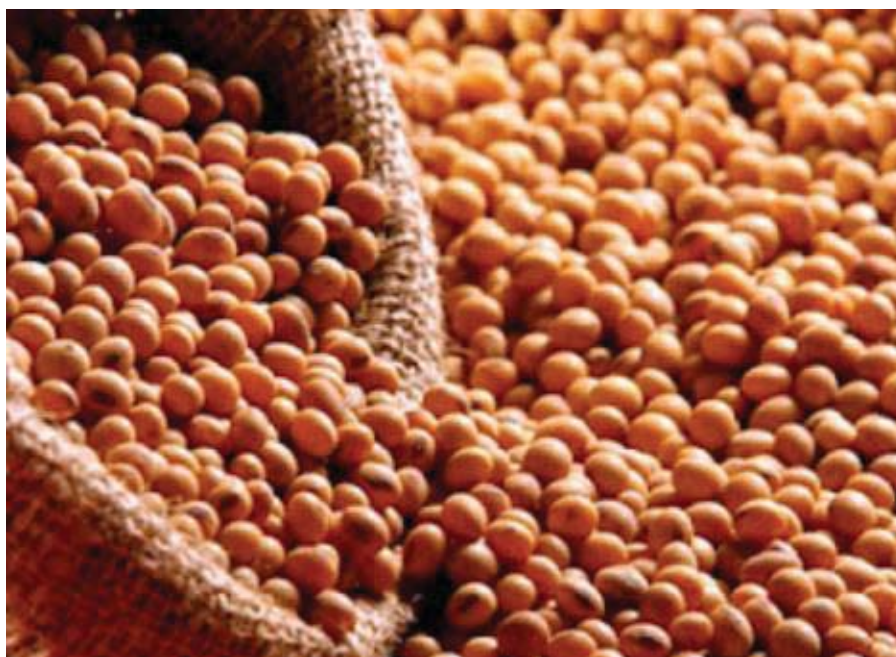
A escolha do tema “melhoramento genético da soja” se justifica pela extrema importância agronômica, econômica e científica desta cultura, fundamental para a segurança alimentar global, para a sustentabilidade dos sistemas agrícolas e para a competitividade do agronegócio brasileiro. O contínuo crescimento da demanda mundial por soja e seus derivados reforça a necessidade de se desenvolver cultivares mais produtivas, nutritivas e resilientes a condições adversas. Os avanços nas ferramentas biotecnológicas, como o uso de marcadores moleculares, mapeamento genômico e edição gênica de precisão, abrem novas perspectivas para a superação dos desafios históricos do melhoramento da soja, especialmente aqueles relacionados à variabilidade genética restrita e à vulnerabilidade a estresses bióticos e abióticos. Além disso, a compreensão aprofundada dessas estratégias contribui para a formulação de políticas públicas voltadas à inovação tecnológica no campo, bem como para a capacitação de profissionais atuantes nas diferentes etapas da cadeia produtiva da soja. Dessa forma, este trabalho visa sistematizar o conhecimento atualizado sobre as principais abordagens e resultados do melhoramento genético da soja, evidenciando seu potencial para impulsionar a produção sustentável e atender às exigências do mercado global.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 ORIGEM E DOMESTICAÇÃO DA SOJA

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) (FIGURA 1) é uma leguminosa pertencente à família Fabaceae e ao subgrupo Papilionoideae, reconhecida mundialmente como uma das culturas mais importantes no contexto agroalimentar, energético e industrial. Sua domesticação é considerada um dos marcos da agricultura asiática, especialmente no leste do continente, com origens que remontam há aproximadamente 5.000 anos na região do atual nordeste da China. Estudos arqueobotânicos identificaram vestígios de sementes de soja em sítios neolíticos chineses datados de cerca de 3.000 a.C., sugerindo que a espécie foi uma das primeiras leguminosas domesticadas pela agricultura asiática tradicional (Hildebrand et al., 1986; Anderson et al., 2019; Mishra et al., 2024; Kumari et al., 2025).

FIGURA 1 - IMAGEM ILUSTRATIVA DA SOJA



FONTE: EMBRAPA (2016).

A domesticação da *Glycine max* ocorreu a partir de sua espécie selvagem ancestral, *Glycine soja*, que ainda ocorre em estado silvestre em regiões do nordeste da China, Coreia, Japão e extremo leste da Rússia. A *Glycine soja* é uma planta de hábito de crescimento prostrado, altamente ramificada, com sementes pequenas e de coloração escura, características essas que contrastam com o fenótipo da *Glycine*

max, que apresenta porte ereto, vagens menos deiscente, sementes maiores e com coloração mais variada, e ausência de dormência (Hildebrand et al., 1986; Anderson et al., 2019; Mishra et al., 2024; Kumari et al., 2025).

Do ponto de vista genético, a *Glycine max* apresenta uma estrutura genômica altamente conservada em relação à *Glycine soja*, com cerca de 97% de similaridade genômica. Entretanto, eventos de seleção artificial direcionados durante a domesticação resultaram na fixação de loci associados a características agronomicamente desejáveis, como menor deiscência das vagens, aumento do tamanho das sementes e redução da dispersão natural, características típicas da “síndrome da domesticação”. Estudos de genômica comparativa indicam que o processo de domesticação reduziu significativamente a diversidade genética da soja cultivada em relação à sua progenitora silvestre, o que impõe desafios ao melhoramento genético, especialmente em relação à resistência a estresses bióticos e abióticos (Hildebrand et al., 1986; Bacaxixi et al., 2011; Anderson et al., 2019; Mishra et al., 2024; Kumari et al., 2025).

A introdução da soja fora do continente asiático teve início no século XVIII, quando sementes foram levadas para a Europa e posteriormente para os Estados Unidos. No entanto, sua expansão como cultura de importância econômica global ocorreu somente no século XX. No Brasil, a introdução da soja ocorreu em 1882, no estado da Bahia, mas foi somente a partir da década de 1960 que a cultura passou a ser explorada comercialmente com maior intensidade, impulsionada por programas de pesquisa e adaptação da cultura às condições edafoclimáticas do Cerrado. Assim, a adaptação da soja ao cerrado brasileiro exigiu ajustes fisiológicos e genéticos, especialmente em relação ao fotoperíodo. A soja cultivada originalmente no Sul do país apresentava um ciclo inadequado às condições de luz do Cerrado, o que comprometia seu florescimento e produtividade. A partir da década de 1970, com o avanço do melhoramento genético, foram desenvolvidas variedades com sensibilidade ao fotoperíodo reduzida, permitindo o cultivo em latitudes mais baixas. Essa adaptação foi determinante para o sucesso da cultura nas regiões Centro-Oeste e Norte do país, transformando o Brasil no maior produtor mundial. (Mishra et al., 2024; Kumari et al., 2025; Silva et al., 2025).

O sucesso da soja no Brasil está intimamente ligado ao desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições tropicais, incluindo modificações no fotoperíodo, ciclo reprodutivo e tolerância ao alumínio presente em solos ácidos. A introdução de germoplasmas adaptados, seguida de cruzamentos com linhagens elite norte-

americanas, permitiu a formação de uma base genética sólida que impulsionou a expansão da cultura, consolidando o Brasil como um dos maiores produtores e exportadores de soja do mundo. Ademais, o desenvolvimento de novas técnicas de manejo tem sido essencial para a expansão da soja em diferentes regiões do Brasil. Tem-se a adoção de sistemas de plantio direto, a rotação de culturas, o uso racional de defensivos e fertilizantes, além da recomendação de cultivares específicas para cada região, com base na época de plantio, resistência a doenças e pragas, e exigências nutricionais. Essas práticas visam aumentar a produtividade, conservar o solo, reduzir custos e minimizar impactos ambientais, tornando o cultivo da soja mais eficiente e sustentável. (Mishra et al., 2024; Kumari et al., 2025; Silva et al., 2025).

Assim, a domesticação da soja representa um processo evolutivo e agrônomico complexo, marcado por alterações fenotípicas profundas e redução da diversidade genética, o que reforça a importância de programas de melhoramento genético que integrem germoplasmas selvagens (*Glycine soja*) e ferramentas modernas de biotecnologia para ampliação da base genética da cultura e desenvolvimento de cultivares mais resilientes e sustentáveis. No Brasil, as primeiras variedades de soja introduzidas e cultivadas com fins comerciais incluíram cultivares norte-americanas como *Lincoln*, *Semmes*, *Hood* e *Davi*'. A partir dessas linhagens, pesquisadores iniciaram cruzamentos e adaptações visando à formação de variedades mais apropriadas às condições tropicais, o que levou à criação de cultivares como *UFV-1*, *IAC-8* e posteriormente a pioneira tropical *Doko R*', amplamente adotada no Cerrado nas décadas de 1970 e 1980. Essas variedades foram fundamentais para a expansão da cultura no país e ainda hoje são utilizadas como base em programas de melhoramento genético (Cattelan & Dall'Agnol, 2018; Corassa et al., 2019; Umburanas et al., 2022).

O melhoramento genético da soja no Brasil é liderado por importantes empresas públicas e privadas. Entre as mais relevantes estão a Embrapa, a Fundação MT, a Coodetec, a TMG (Tropical Melhoramento e Genética), a Bayer, a BASF, a Corteva e a Syngenta. Essas instituições desenvolvem cultivares com alta produtividade, resistência a doenças como ferrugem asiática e nematoides, tolerância a estresses abióticos e compatibilidade com sistemas biotecnológicos. Entre as variedades atualmente mais cultivadas no Brasil destacam-se a BRS 1010 IPRO, TMG 7062 IPRO, BMX Bônus IPRO, Syn 1361 IPRO e M 6410 IPRO, que combinam alto potencial produtivo e características agrônomicas desejáveis para diferentes regiões (EMBRAPA, 2025).

Os primeiros programas de melhoramento genético da soja no Brasil foram estabelecidos nas décadas de 1970 e 1980, com forte atuação da Embrapa, em especial da Embrapa Soja (fundada em 1975). Esses programas visavam a adaptação da cultura às condições tropicais, por meio da seleção de linhagens com melhor resposta ao clima do Cerrado e resistência a pragas e doenças. Entre as primeiras variedades lançadas destacam-se a Doko, Cristalina, UFV-1 e BR-4, que desempenharam papel fundamental na consolidação da cultura no país. Esses esforços permitiram a expansão da soja para além das regiões tradicionalmente produtoras, impulsionando o desenvolvimento agrícola do Brasil (EMBRAPA, 2025).

Antes de abordar as estratégias de melhoramento genético da soja, tem-se a necessidade de compreender alguns conceitos fundamentais que sustentam essa área do conhecimento. O genótipo refere-se ao conjunto de genes que um organismo possui, enquanto o fenótipo corresponde às características observáveis resultantes da interação entre o genótipo e o ambiente (Bromham, 2025). A variabilidade genética é a base do melhoramento, representando as diferenças genéticas existentes entre os indivíduos de uma população e possibilitando a seleção de características superiores (Kofsky et al., 2018). A herdabilidade, por sua vez, indica a proporção da variação fenotípica que é atribuída à variação genética, sendo crucial para prever o sucesso da seleção (Schmidt et al., 2019). A seleção natural consiste no processo pelo qual os indivíduos mais adaptados ao ambiente têm maior probabilidade de sobreviver e reproduzir-se, enquanto a seleção artificial é conduzida pelo ser humano, que escolhe deliberadamente os indivíduos com características desejáveis para a reprodução (Sanchez, 2019). Além disso, distingue-se o melhoramento convencional, baseado em cruzamentos e seleção fenotípica ao longo de gerações, do melhoramento assistido por biotecnologia, que emprega ferramentas como marcadores moleculares, transformação genética e edição gênica para acelerar e refinar o processo seletivo (Lamichhane & Thapa, 2022). O entendimento desses conceitos é essencial para a análise crítica das metodologias aplicadas no desenvolvimento de novas cultivares de soja.

2.2 IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA E SOCIOECONÔMICA DA SOJA

Compreender as estratégias de melhoramento genético da soja requer, antes de tudo, reconhecer a relevância dessa cultura no cenário agrônomo e socioeconômico global. Conforme discutido no tópico anterior, os avanços no

melhoramento genético da soja têm sido fundamentais para o incremento da produtividade, adaptação a diferentes condições edafoclimáticas e resistência a estresses bióticos e abióticos. Esses avanços sustentam, direta e indiretamente, a posição estratégica da soja nas dinâmicas econômicas nacionais e internacionais, tornando indispensável a análise de sua importância como commodity agrícola e agente de desenvolvimento socioeconômico (Boerema et al., 2016; Martinelli et al., 2017; Wójcik-Gront et al., 2022; Kumari et al., 2025).

A soja desempenha um papel central na agricultura global. Trata-se da oleaginosa mais cultivada no mundo, com mais de 130 milhões de hectares destinados ao seu cultivo em 2023, representando cerca de 60% da produção mundial de grãos oleaginosos. Além disso, a soja responde por mais de 70% da produção de farelo proteico destinado à alimentação animal e cerca de 30% da produção mundial de óleo vegetal. Essa versatilidade a torna uma cultura estratégica para a segurança alimentar e energética global, bem como uma importante matéria-prima para indústrias de biocombustíveis, produtos farmacêuticos e cosméticos (Boerema et al., 2016; Martinelli et al., 2017; Wójcik-Gront et al., 2022; Kumari et al., 2025).

O Brasil tem se consolidado como um dos maiores protagonistas do mercado mundial de soja. Em 2022, o país ultrapassou os Estados Unidos em volume total de produção e exportação, atingindo cerca de 154 milhões de toneladas de grãos produzidos e mais de 90 milhões de toneladas exportadas, com destaque para os mercados da China, União Europeia e Sudeste Asiático. A expansão da soja brasileira foi possibilitada pela combinação de políticas públicas de incentivo à pesquisa agropecuária (especialmente via EMBRAPA), investimentos em infraestrutura logística e o desenvolvimento de cultivares adaptadas ao Cerrado, região que atualmente responde por mais de 50% da área cultivada no país. A cadeia produtiva da soja no Brasil tem um papel determinante na geração de renda, empregos e divisas (

FIGURA 2). Estima-se que o setor movimenta anualmente mais de R\$ 600 bilhões, abrangendo desde a produção primária até os segmentos de transporte, armazenagem, beneficiamento, industrialização e exportação (Boerema et al., 2016; Martinelli et al., 2017; Wójcik-Gront et al., 2022; Nair et al., 2023; Kumari et al., 2025).

FIGURA 2 - PRODUÇÃO MUNDIAL DE SOJA

World		391,169,000	388,008,000	(3,161,000)
Rank	Country	December	January	Difference
1	Brazil	152,000,000	153,000,000	1,000,000
2	United States	118,266,000	116,377,000	(1,889,000)
3	Argentina	49,500,000	45,500,000	(4,000,000)
4	China	18,400,000	20,328,000	1,928,000
5	India	12,000,000	12,000,000	0
6	Paraguay	10,000,000	10,000,000	0
7	Canada	6,543,000	6,543,000	0

FONTE: FAZ/USDA (2024).

De acordo com a EMBRAPA (2025), Na safra 2024/2025, o Brasil consolidou-se como o maior produtor mundial de soja, alcançando uma produção de 169,49 milhões de toneladas, cultivadas em uma área de 47,61 milhões de hectares, com produtividade média de 3.560 kg/ha, superando os Estados Unidos, que produziram 118,84 milhões de toneladas em 34,82 milhões de hectares (produtividade de 3.410 kg/ha), conforme dados da CONAB e do USDA/PSD (07/2025). Entre os Estados brasileiros, o Mato Grosso lidera com 50,59 milhões de toneladas colhidas, seguido pelo Paraná com 21,48 milhões de toneladas e Goiás com 20,42 milhões de toneladas. Embora o Rio Grande do Sul possua uma das maiores áreas cultivadas, com 6,85 milhões de hectares, a produtividade no Estado foi significativamente inferior (2.084 kg/ha), resultando em uma produção de 14,28 milhões de toneladas. Essa distribuição regional reflete as diferenças climáticas, tecnológicas e de manejo agrícola, que influenciam diretamente a eficiência produtiva entre as principais regiões sojeiras do país.

No Brasil, a produção de soja é fortemente influenciada pela escolha dos materiais genéticos utilizados, com destaque para cultivares que aliam elevado potencial produtivo, resistência a doenças e adaptação às condições edafoclimáticas de cada região. Na safra 2023/2024, segundo dados da Embrapa e de levantamentos regionais, as cultivares mais utilizadas incluíram aquelas desenvolvidas por empresas como a Monsoy, Brasmax, Nidera e TMG, sendo recorrente o uso de variedades com tecnologia Intacta RR2 PRO®, que oferece proteção contra lagartas e tolerância ao glifosato. Entre os materiais mais cultivados destacam-se a Monsoy M 6410 IPRO, a Brasmax Bônus IPRO e a TMG 7062 IPRO, que apresentam ciclo precoce, bom teto produtivo e ampla adaptabilidade. A escolha do cultivar adequado considera ainda

fatores como o grupo de maturação, o porte da planta, a sanidade foliar e a estabilidade produtiva ao longo das safras, sendo fundamental para a maximização da produtividade e sustentabilidade da lavoura.

No que se refere à utilização, a soja apresenta uma ampla gama de aplicações. Na alimentação humana, seus derivados – como o óleo refinado, a proteína isolada, a lecitina e o leite de soja – são amplamente utilizados na produção de alimentos industrializados, produtos veganos e dietéticos, além de comporem parte significativa da dieta de populações asiáticas. Na alimentação animal, o farelo de soja é o principal insumo proteico para rações de suínos, aves e bovinos, sendo insubstituível na maioria das formulações devido ao seu alto valor biológico e digestibilidade. Além disso, a soja tem importância crescente na indústria, sendo empregada na produção de tintas, plásticos biodegradáveis, biolubrificantes, solventes ecológicos e, especialmente, no biodiesel, em conformidade com políticas de transição energética e sustentabilidade ambiental (Chua & Liu, 2019; Lima et al., 2019; Sassi et al., 2021; zaaboul et al., 2022; Zhao et al., 2023).

Portanto, a importância da soja transcende os limites da produção agrícola, assumindo um papel multifacetado nas dimensões econômica, ambiental e social. A contínua valorização da cultura no mercado global exige o aprimoramento constante de estratégias de melhoramento genético, sustentabilidade produtiva e agregação de valor à cadeia, de forma a garantir sua permanência como insumo estratégico e pilar do agronegócio contemporâneo.

2.3 BASES GENÉTICAS E VARIABILIDADE DA SOJA

Diante da elevada importância agronômica, econômica e estratégica da soja, como explorado no item anterior, torna-se essencial compreender as bases genéticas que sustentam sua capacidade adaptativa e produtiva. O sucesso da soja como uma das principais commodities agrícolas do planeta está intrinsecamente ligado ao desenvolvimento de cultivares geneticamente superiores, o que, por sua vez, depende da existência e manejo adequado da variabilidade genética disponível. A conservação e o uso eficiente dessa variabilidade são fatores cruciais para a sustentabilidade dos programas de melhoramento e para a superação de desafios agrônômicos e ambientais emergentes (Bacaxixi et al., 2011; Silva et al., 2025).

A soja cultivada é uma espécie autógama de genoma complexo, com 20 pares de cromossomos ($2n = 40$), totalizando aproximadamente 1,1 gigabases. Possui um

genoma paleopoliplóide, resultante de eventos de duplicações genômicas antigas que originaram regiões homólogas amplamente distribuídas. Essa estrutura genômica fornece oportunidades para a evolução funcional de genes relacionados à tolerância a estresses, à produtividade e à composição química das sementes. A autogamia, embora favoreça a fixação de genótipos superiores, impõe um desafio à ampliação da variabilidade genética, visto que o cruzamento natural é limitado, reduzindo o fluxo gênico espontâneo (Milioli et al., 2022; Tripathi & Khare, 2016; Vargas-Almendra et al., 2024).

Os programas de melhoramento da soja dependem fortemente de recursos genéticos conservados em bancos de germoplasma. Globalmente, estima-se que mais de 200 mil acessos de soja estejam conservados em bancos como o USDA Soybean Germplasm Collection (EUA), o National Genebank of China e a Embrapa Soja (Brasil). Esses acessos incluem variedades tradicionais, cultivares modernas, linhagens elite e espécies selvagens, principalmente *Glycine soja*, o ancestral silvestre da soja cultivada. *G. soja* possui uma base genética mais ampla, com alelos que conferem resistência a pragas, doenças e condições ambientais adversas, sendo, portanto, uma importante fonte de genes para a introgressão em cultivares modernas (Dong et al., 2021; Li et al., 2024).

Apesar dessa ampla coleção, a base genética efetivamente utilizada nos programas de melhoramento é restrita. Estudos demonstram que menos de 10% da variabilidade total disponível é explorada nas cultivares comerciais, o que torna a soja vulnerável à erosão genética e a surtos epidêmicos de doenças ou estresses climáticos. Essa limitação é reflexo do chamado "gargalo genético" ocorrido durante os processos de domesticação e seleção intensiva de genótipos com características agrônomicas desejáveis, o que levou à perda de alelos raros e redução da diversidade alélica (Dong et al., 2021; Li et al., 2024).

Diante dessas limitações, diferentes estratégias vêm sendo adotadas para ampliar a variabilidade genética da soja. Uma das abordagens mais promissoras é o uso de cruzamentos interespecíficos com *Glycine soja* e outras espécies selvagens do gênero *Glycine*, visando à introgressão de alelos benéficos relacionados à resistência a doenças e tolerância a estresses abióticos. Além disso, o emprego de ferramentas moleculares, como marcadores SNPs, seleção genômica ampla (GS) e edição gênica por CRISPR/Cas9, tem permitido a identificação e manipulação precisa de genes de interesse, acelerando o ganho genético e permitindo o resgate de alelos

perdidos (Tripathi & Khare, 2016; Dong et al., 2021; Li et al., 2024; Milioli et al., 2022; Vargas-Almendra et al., 2024).

Outro avanço significativo é a aplicação da genômica comparativa e da fenotipagem de alta precisão (high-throughput phenotyping), que têm contribuído para a caracterização detalhada dos acessos conservados e sua incorporação racional aos programas de melhoramento. Tais tecnologias possibilitam identificar loci de interesse adaptativo, além de facilitar a seleção assistida por marcadores (MAS), otimizando o uso da diversidade genética disponível (Tripathi & Khare, 2016; Dong et al., 2021; Li et al., 2024; Milioli et al., 2022; Vargas-Almendra et al., 2024).

Portanto, ampliar a base genética da soja é um imperativo estratégico para garantir resiliência produtiva e competitividade no mercado global. A integração entre recursos genéticos, ferramentas biotecnológicas e conhecimentos agrônômicos avançados representa o caminho para a construção de cultivares mais produtivas, adaptadas e sustentáveis.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Este trabalho constitui uma revisão bibliográfica narrativa, com abordagem qualitativa e exploratória, fundamentada em publicações científicas e técnicas que tratam do melhoramento genético da soja. A seleção das fontes foi realizada por meio da consulta a bases de dados como Scielo, Google Acadêmico, CAPES Periódicos, ScienceDirect e Scopus. Foram utilizados os seguintes descritores: “melhoramento genético da soja”, “soja transgênica”, “edição gênica em soja”, “cultivares de soja”, “resistência genética em soja” e “biotecnologia vegetal”. Os critérios de inclusão envolveram a atualidade (priorizando publicações dos últimos 10 anos), a relevância científica e a credibilidade das fontes. O conteúdo foi analisado de forma crítica e organizado tematicamente, de modo a contemplar os principais enfoques do tema proposto

APRESENTAÇÃO DOS RESULTADOS

3.1 MELHORAMENTO GENÉTICO CONVENCIONAL DA SOJA

Conforme discutido anteriormente, a variabilidade genética da soja é o alicerce fundamental para o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas, produtivas e resistentes. Essa diversidade, embora limitada na base atual das cultivares comerciais, tem sido habilmente explorada por meio de estratégias de melhoramento genético, principalmente aquelas de natureza convencional, que durante décadas impulsionaram os avanços agronômicos da cultura no Brasil e no mundo. O melhoramento genético convencional da soja baseia-se no cruzamento controlado entre genitores com características agronômicas desejáveis, seguido pela seleção dos descendentes superiores ao longo de gerações segregantes (Orf et al., 2016; Gupta & Manjaya, 2022; Rahman et al., 2023; Vargas-Almendra et al., 2024).

Entre os métodos clássicos utilizados no melhoramento de plantas autógamas como a soja, destacam-se a seleção massal, o método do pedigree e os retrocruzamentos. A seleção massal consiste na coleta e cultivo de sementes de plantas selecionadas com base em características fenotípicas desejáveis, permitindo a manutenção da variabilidade genética inicial, mas com baixo controle genético individual. Já o método do pedigree é amplamente adotado em programas públicos e privados, pois permite o acompanhamento genealógico dos indivíduos ao longo das gerações, possibilitando a seleção dos melhores genótipos com base em informações familiares e individuais. Os retrocruzamentos, por sua vez, são utilizados especialmente quando se deseja introduzir um gene específico, como resistência a determinada doença, em um cultivar elite já adaptado, garantindo que a maior parte do genoma da cultivar original seja mantida (Orf et al., 2016; Gupta & Manjaya, 2022; Rahman et al., 2023; Vargas-Almendra et al., 2024).

Esses métodos têm sido adaptados para a realidade da soja brasileira desde a década de 1970, quando os primeiros programas sistemáticos de melhoramento foram implantados. A autogamia da soja facilita a fixação de genótipos superiores, permitindo a obtenção de cultivares com alta uniformidade genética, estabilidade e desempenho agronômico consistente. O processo, contudo, exige ciclos longos, com 8 a 10 anos desde o cruzamento até o lançamento comercial da cultivar, o que demanda estratégias de manejo eficiente do tempo e dos recursos (Orf et al., 2016; Gupta & Manjaya, 2022; Rahman et al., 2023; Vargas-Almendra et al., 2024).

Cabe ressaltar que, embora os métodos tradicionais continuem sendo pilares nos programas de melhoramento, as exigências contemporâneas, como a sustentabilidade ambiental e a necessidade de resposta rápida a mudanças climáticas e fitossanitárias, têm impulsionado a integração entre abordagens convencionais e modernas, como a seleção assistida por marcadores moleculares e a edição genômica.

3.2 MELHORAMENTO ASSISTIDO POR MARCADORES MOLECULARES

Como discutido no tópico anterior, o melhoramento genético convencional da soja tem contribuído significativamente para o aumento da produtividade e da adaptação da cultura às condições edafoclimáticas brasileiras. No entanto, a crescente complexidade das demandas agrícolas e a necessidade de maior precisão e agilidade nos programas de melhoramento tornaram indispensável a incorporação de ferramentas biotecnológicas modernas. Entre essas, destaca-se o melhoramento assistido por marcadores moleculares (MAS, do inglês *Marker-Assisted Selection*), que permite a seleção indireta de características de interesse com base em marcadores de DNA associados a loci de interesse agrônomo (Gao & Li, 2025; Tripathi & Khare, 2016b).

Os marcadores moleculares são segmentos específicos de DNA que indicam a presença de alelos em regiões genômicas ligadas a características fenotípicas. Entre os tipos mais utilizados estão os microssatélites (SSR – *Simple Sequence Repeats*), os polimorfismos de nucleotídeo único (SNP – *Single Nucleotide Polymorphisms*) e os polimorfismos de fragmentos amplificados ao acaso (AFLP – *Amplified Fragment Length Polymorphism*). Os marcadores SSR, por exemplo, são codominantes, altamente polimórficos e reproduzíveis, sendo amplamente aplicados no mapeamento genético e em estudos de diversidade. Os SNPs, por sua vez, representam o tipo de marcador mais abundante no genoma e são especialmente úteis para análises de alta densidade e genotipagem em larga escala, com elevada acurácia e custo-benefício favorável (Gao & Li, 2025; Tripathi & Khare, 2016b).

O mapeamento de QTLs (*Quantitative Trait Loci*) tem sido essencial para a identificação de regiões genômicas associadas a características agrônomicas complexas, como produtividade, tolerância a estresses bióticos e abióticos, teor de óleo e proteína, altura de planta e ciclo reprodutivo (SONG et al., 2020). A construção de mapas genéticos saturados e a utilização de populações segregantes permitiram

a localização precisa de QTLs, abrindo caminho para a seleção assistida. Por exemplo, QTLs para resistência à ferrugem asiática, ao nematoide de cisto da soja (*Heterodera glycines*) e à podridão radicular causada por *Phytophthora sojae* já foram mapeados e validados em diferentes backgrounds genéticos (Tripathi & Khare, 2016c; Zhang et al., 2018; Kumar et al., 2021).

A seleção assistida por marcadores permite que genótipos portadores de alelos favoráveis sejam identificados e selecionados nas fases iniciais do ciclo de melhoramento, muitas vezes antes da manifestação fenotípica da característica. Essa abordagem reduz significativamente o tempo e os custos do processo, aumenta a eficiência da seleção e possibilita a piramidação de genes de interesse. Na soja, a MAS tem sido aplicada com sucesso em programas de introgressão de resistência a doenças e pragas, bem como na seleção para qualidade de grãos e tolerância ao déficit hídrico (Tripathi & Khare, 2016c; Zhang et al., 2018; Kumar et al., 2021).

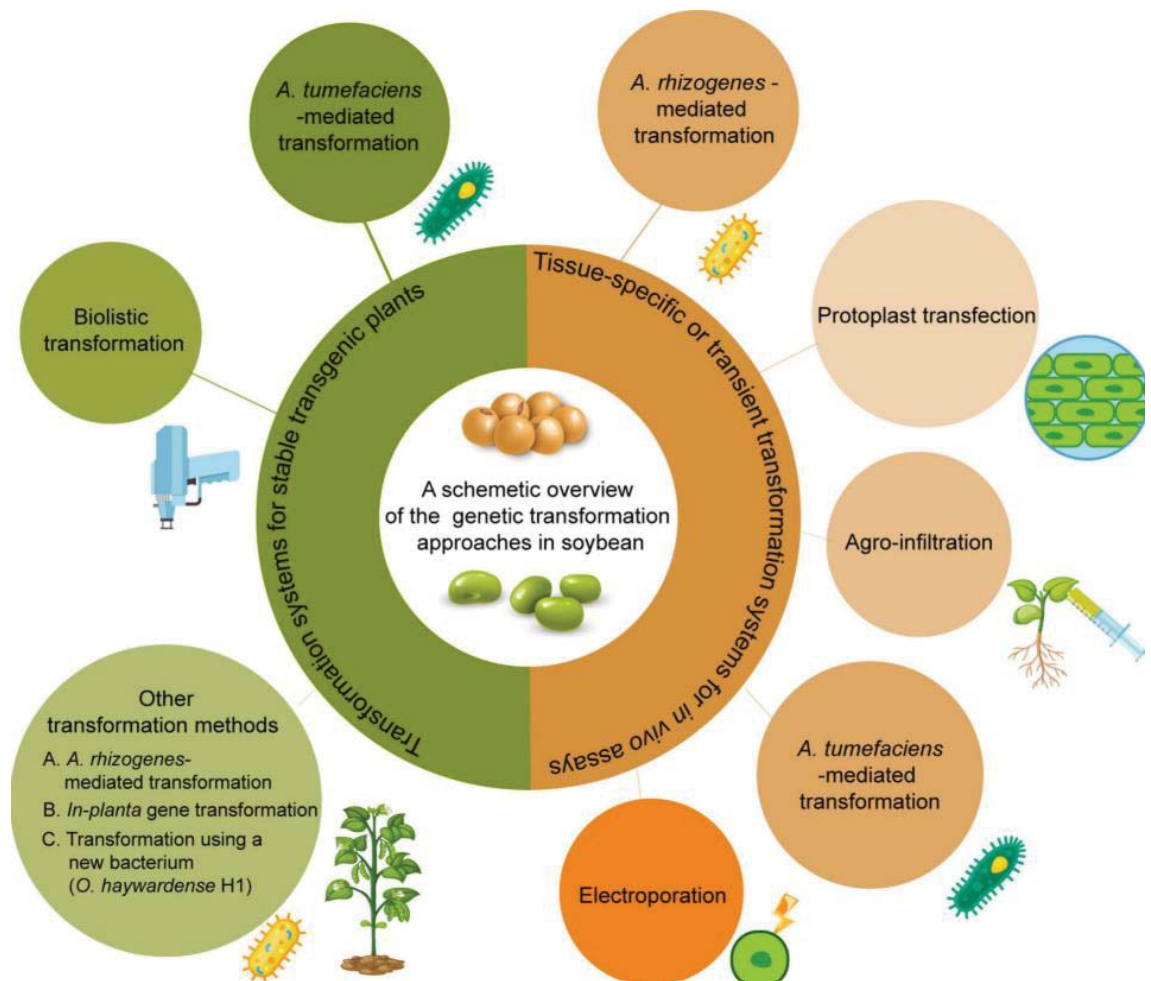
Portanto, o melhoramento assistido por marcadores moleculares representa uma das ferramentas mais promissoras da agricultura moderna. Ao integrar dados genômicos aos métodos tradicionais, essa abordagem aumenta a precisão da seleção, acelera o ganho genético e contribui para a sustentabilidade e competitividade da cadeia produtiva da soja.

3.3 BIOTECNOLOGIA E TRANSGENIA NA SOJA

A incorporação de marcadores moleculares revolucionou os programas de melhoramento da soja, permitindo ganhos genéticos mais rápidos e precisos. No entanto, a biotecnologia moderna vai além da seleção assistida, abrangendo também a manipulação direta do genoma vegetal por meio da engenharia genética. A FIGURA 3 apresenta os métodos de transformação genética atualmente disponíveis para a soja, divididos em duas categorias principais. No lado esquerdo, destacado em verde, estão os métodos utilizados para produzir plantas inteiras estáveis, como a transformação mediada por *A. tumefaciens* e *A. rhizogenes* (ambas bactérias fitopatogênicas pertencentes ao gênero *Agrobacterium*, conhecidas por sua capacidade natural de transferir DNA para células vegetais), a transformação biolística, e outras abordagens, incluindo a transformação *in-planta* e o uso de novas bactérias como *O. haywardense H1*, pertencente ao gênero *Ochrobactrum*, que tem emergido como alternativa promissora na entrega de material genético sem causar danos significativos ao tecido vegetal. No lado direito, em amarelo, são apresentadas

técnicas para ensaios transitórios, como a transformação tecido-específica ou transitória, a transfecção de protoplastos, a agroinfiltração e a eletroporação. Essa divisão ilustra as diferentes estratégias disponíveis para a introdução de genes em soja, seja para obter plantas geneticamente modificadas estáveis ou para estudos temporários de expressão gênica (Xu et al., 2022).

FIGURA 3 - MÉTODOS DE TRANSFORMAÇÃO GENÉTICA DISPONÍVEIS ATUALMENTE PARA SOJA



FONTE: Xu et al. (2022).

Neste contexto, a transgenia representa um dos avanços mais impactantes da ciência agrícola nas últimas décadas, promovendo transformações significativas na produtividade, resistência e sustentabilidade da cultura da soja (Kumar et al., 2021; Rahman et al., 2023b; Y. Zhang et al., 2018).

O desenvolvimento de eventos transgênicos na soja teve início nos anos 1990, com o objetivo de introduzir características ausentes na variabilidade genética

natural da espécie. O primeiro evento comercializado globalmente foi a soja tolerante ao glifosato (Roundup Ready, ou RR), desenvolvido pela empresa Monsanto e aprovado nos Estados Unidos em 1996. Esse evento expressa o gene *cp4 epsps*, proveniente da bactéria *Agrobacterium sp.* cepa CP4, conferindo tolerância ao herbicida glifosato. Posteriormente, surgiram eventos com características empilhadas, como a soja Intacta RR2 PRO que, além da tolerância ao glifosato, incorpora o gene *cry1Ac*, oriundo de *Bacillus thuringiensis*, conferindo resistência a lagartas (Bøhn & Millstone, 2019; Holkem et al., 2022).

Mais recentemente, foram aprovados novos eventos no Brasil, como a soja Enlist E3, que combina tolerância a três herbicidas (glifosato, glufosinato e 2,4-D), representando uma alternativa para o manejo da resistência de plantas daninhas (CIB, 2024). Tais eventos são resultados de sofisticadas técnicas de inserção gênica, geralmente por meio de transformação mediada por *Agrobacterium tumefaciens* ou por bombardeamento de partículas de DNA (gene gun), e demandam rigorosos processos de validação e testes em múltiplas gerações até sua liberação comercial (Frene et al., 2018; R. Garcia et al., 2020).

Os genes introduzidos em eventos transgênicos de soja visam majoritariamente duas finalidades: (i) resistência a herbicidas, facilitando o manejo de plantas daninhas de difícil controle e possibilitando a adoção do sistema de plantio direto; e (ii) resistência a insetos-praga, reduzindo o uso de inseticidas e aumentando a proteção contra perdas de produtividade. Diversos estudos relatam que, em muitos contextos agrícolas, essas tecnologias têm contribuído para a redução de custos de produção, maior eficiência no controle de pragas e plantas daninhas e, potencialmente, menor impacto ambiental, especialmente quando associadas a boas práticas agrícolas. No entanto, os efeitos podem variar conforme o sistema produtivo, o manejo adotado e fatores socioeconômicos regionais (Kumar et al., 2021; Rahman et al., 2023b; Y. Zhang et al., 2018).

No entanto, os impactos econômicos, ambientais e sociais dos cultivos transgênicos são amplamente debatidos. Economicamente, a adoção da soja transgênica gerou aumento na rentabilidade dos produtores e consolidou o Brasil como líder na produção mundial. Ambientalmente, estudos indicam redução no uso de defensivos químicos e na emissão de gases do efeito estufa devido à menor necessidade de operações mecânicas no campo. Por outro lado, o uso continuado de um único herbicida contribuiu para a evolução de resistência em espécies de plantas

daninhas, demandando estratégias integradas de manejo (Kumar et al., 2021; Rahman et al., 2023b; Y. Zhang et al., 2018).

Socialmente, a transgenia na soja suscitou debates sobre monopólio de sementes, dependência de tecnologias de empresas multinacionais e exclusão de pequenos produtores do acesso às inovações, embora políticas públicas e programas de licenciamento tentem mitigar esses efeitos. No Brasil, a introdução de cultivares transgênicas se deu de forma acelerada a partir dos anos 2000, especialmente após a regulamentação pela Lei de Biossegurança (Lei nº 11.105/2005), que criou a Comissão Técnica Nacional de Biossegurança (CTNBio), responsável pela avaliação da segurança ambiental e da saúde humana dos OGMs (BRASIL, 2005).

A legislação e a biossegurança constituem pilares essenciais para o uso responsável da biotecnologia. No Brasil, o marco regulatório impõe que cada novo evento transgênico seja avaliado individualmente quanto a sua segurança e eficácia. A CTNBio atua de forma multidisciplinar, exigindo estudos sobre a estabilidade da inserção gênica, toxicidade, alergenicidade e possíveis impactos ambientais, antes da aprovação para cultivo e comercialização (CTNBio, 2024).

Assim, a transgenia tem consolidado seu papel como ferramenta complementar ao melhoramento convencional e ao uso de marcadores moleculares, sendo responsável por ganhos substanciais na produtividade, sustentabilidade e competitividade da cultura da soja.

3.4 MELHORAMENTO PARA TOLERÂNCIA A ESTRESSES BIÓTICOS E ABIÓTICOS

A crescente adoção de tecnologias de transgenia e edição genômica tem ampliado significativamente o escopo de características que podem ser inseridas ou aprimoradas na cultura da soja. Entretanto, diante dos desafios impostos pelas condições adversas do ambiente e pelas pressões causadas por patógenos, o melhoramento genético para tolerância a estresses bióticos e abióticos tem se tornado uma prioridade nos programas de desenvolvimento de cultivares, integrando recursos da biotecnologia, seleção convencional e práticas de manejo agrícola (Kim et al., 2021; Koltun et al., 2023; Rahman et al., 2023a, 2023b).

Os estresses bióticos referem-se à presença de organismos vivos que prejudicam a planta, como fungos, bactérias, vírus e insetos. Na soja, destacam-se doenças como a ferrugem asiática da soja (*Phakopsora pachyrhizi*), considerada uma

das mais destrutivas, capaz de causar perdas superiores a 75% em condições severas. Além dela, a mancha-alvo (*Corynespora cassiicola*), o mofo-branco (*Sclerotinia sclerotiorum*) e a podridão radicular de fitóftora (*Phytophthora sojae*) são igualmente preocupantes. O controle dessas doenças tem sido baseado, em parte, na resistência genética, por meio da incorporação de genes de resistência (genes *R*) nos programas de melhoramento, como os genes *Rpp1* a *Rpp7*, para ferrugem, e *Rps1* a *Rps8*, para podridão de fitóftora.

O desenvolvimento de cultivares resistentes é realizado tanto por métodos convencionais como pela utilização de marcadores moleculares ligados a genes de resistência, permitindo a piramidação de genes e a obtenção de plantas com resistência mais durável. A resistência genética, no entanto, precisa ser acompanhada de estratégias complementares de manejo, uma vez que a variabilidade patogênica das populações de fungos pode levar à quebra de resistência em poucos anos (Edwards Molina et al., 2022; Hale et al., 2023; Hossain et al., 2024; Ranjan et al., 2018).

Paralelamente, os estresses abióticos — como déficit hídrico (seca), salinidade, acidez do solo e toxidez por alumínio — também impactam significativamente a produtividade da soja, especialmente em regiões de expansão agrícola no Cerrado brasileiro. O déficit hídrico, por exemplo, é um dos fatores mais limitantes da produtividade, principalmente nas fases reprodutivas da cultura, afetando a fixação de vagens e o enchimento de grãos (Khan et al., 2019; Sheteiwy et al., 2021).

A tolerância à seca tem sido alvo de programas de melhoramento que buscam identificar QTLs associados à manutenção do rendimento sob déficit hídrico, bem como características morfofisiológicas como maior profundidade radicular, fechamento estomático eficiente e acúmulo de osmólitos. A salinidade e a toxidez por alumínio, por sua vez, são desafios importantes em solos degradados ou naturalmente ácidos, exigindo a seleção de genótipos com maior capacidade de exclusão de íons tóxicos ou de sequestro intracelular, além do uso de práticas como a correção do solo com calcário (Khan et al., 2019; Sheteiwy et al., 2021).

O sucesso do melhoramento para estresses depende de uma integração entre genética e práticas de manejo agrônomo, especialmente considerando a complexidade dos mecanismos de tolerância e sua interação com o ambiente. Assim, além da seleção genética, é necessário adotar sistemas de cultivo resilientes, que incluam rotação de culturas, uso de cultivares adaptadas localmente, inoculação eficiente de rizóbios, correção do solo e manejo integrado de doenças e pragas (Khan

et al., 2019; Ranjan et al., 2018; Sheteiwy et al., 2021; Edwards Molina et al., 2022; Hossain et al., 2024).

Dessa forma, o melhoramento voltado à tolerância a estresses bióticos e abióticos é um componente estratégico para garantir a estabilidade da produção de soja frente às mudanças climáticas, expansão para novas fronteiras agrícolas e aumento da demanda global por alimentos.

3.5 MELHORAMENTO VISANDO SUSTENTABILIDADE E PRODUTIVIDADE

A intensificação do melhoramento genético voltado à tolerância a estresses bióticos e abióticos tem evidenciado o papel central da genética na resiliência da cultura da soja frente aos desafios ambientais. No entanto, para atender às crescentes demandas por sistemas agrícolas mais sustentáveis, é necessário que o melhoramento também incorpore critérios que promovam a eficiência no uso de recursos naturais e a redução dos impactos ambientais, além de manter ou aumentar os patamares de produtividade (Frene et al., 2018; R. Garcia et al., 2020; Kim et al., 2021; Rahman et al., 2023b).

A eficiência no uso da água e de nutrientes é um dos pilares da agricultura sustentável e está diretamente relacionada à performance genética da planta. A soja é particularmente sensível ao déficit hídrico em fases críticas, como florescimento e enchimento de grãos, e por isso, a seleção de genótipos com maior eficiência no uso da água (WUE – *Water Use Efficiency*) tem sido um dos focos de melhoramento nas últimas décadas. Essa característica pode ser avaliada por meio de marcadores fisiológicos, como condutância estomática, potencial hídrico foliar e biomassa radicular. Do mesmo modo, a eficiência na absorção e uso de nutrientes, especialmente nitrogênio e fósforo, é fundamental, tanto do ponto de vista econômico quanto ambiental. Linhagens mais eficientes no uso de fósforo, por exemplo, podem reduzir a dependência de adubação fosfatada, minimizando a contaminação de corpos hídricos por eutrofização (Bacaxixi et al., 2011; Boerema et al., 2016; Hamawaki et al., 2019; Lima et al., 2019).

Além disso, o melhoramento genético tem buscado desenvolver cultivares adaptadas a sistemas integrados de produção, como integração lavoura-pecuária-floresta (ILPF), e a sistemas de produção orgânica, que impõem desafios específicos, como maior competição com plantas daninhas, necessidade de resistência genética elevada a pragas e doenças, e adaptação a solos com menor aporte químico.

Cultivares para sistemas orgânicos precisam, por exemplo, apresentar maior vigor vegetativo inicial, maior capacidade competitiva e arquitetura adequada de plantas (Frene et al., 2018; R. Garcia et al., 2020; Kim et al., 2021; Rahman et al., 2023b).

No contexto da sustentabilidade, destaca-se ainda a importância da relação entre melhoramento genético e redução do impacto ambiental. O desenvolvimento de cultivares com ciclo mais curto, por exemplo, permite otimizar o uso da terra e reduzir o uso de insumos por unidade de produção. Da mesma forma, cultivares com resistência genética a pragas e doenças contribuem para a redução do uso de defensivos agrícolas, com benefícios diretos à biodiversidade e à saúde humana. O melhoramento genético também pode mitigar emissões de gases de efeito estufa por meio do aumento da eficiência na fixação biológica do nitrogênio, o que reduz a necessidade de fertilizantes nitrogenados (Frene et al., 2018; R. Garcia et al., 2020; Kim et al., 2021; Rahman et al., 2023b).

Portanto, o avanço no melhoramento da soja com foco em sustentabilidade e produtividade requer uma abordagem holística, que considere não apenas o desempenho agrônômico, mas também a interação da cultivar com o ambiente e com o sistema de produção. A integração de ferramentas como seleção genômica, fenotipagem de alta precisão e inteligência artificial ao processo de melhoramento tem ampliado o potencial para alcançar cultivares mais produtivas e sustentáveis.

3.6 IMPORTÂNCIA DO MELHORAMENTO GENÉTICO PARA A CULTURA DA SOJA

Conforme discutido anteriormente, a busca por cultivares superiores de soja é uma atividade que remonta a várias décadas, refletindo o contínuo esforço dos programas de melhoramento genético em superar as limitações produtivas da espécie. De acordo com Frederick & Hesketh (1993), uma das hipóteses propostas para justificar o modesto avanço na produtividade da soja ao longo dos anos está relacionada à elevada concentração de proteínas nos grãos, característica que acarreta uma demanda substancial de nitrogênio pela planta durante o enchimento das sementes. Estudos prévios, como o de Jeppson et al. (apud (Frederick & Hesketh, 1993)), demonstraram que o índice de nitrogênio na colheita de cultivares de soja apresenta estreita correlação com o índice de colheita aparente de matéria seca, mas não com a produtividade de sementes, o que pode indicar um fator limitante para o incremento dos rendimentos.

Além disso, resultados de experimentos conduzidos por Frederick & Hesketh (1993), sugerem que os ganhos genéticos anuais na produtividade da soja situam-se entre 10 e 18 kg/ha, valores modestos se comparados a outras culturas agrícolas de importância econômica. Os autores também observaram que o índice de colheita aparente possui menor variabilidade interanual do que a produtividade de sementes, independentemente das linhagens de soja ou dos grupos de maturação analisados. Em experimentos realizados na Universidade de Illinois, cultivares antigas e modernas de soja indeterminada foram submetidas a estresse hídrico durante os estágios vegetativo e reprodutivo inicial, de forma a restringir o desenvolvimento de biomassa vegetativa. Os resultados demonstraram que, apesar das melhorias alcançadas nas últimas décadas, os incrementos na produtividade da soja ainda são inferiores aos observados em outras espécies cultivadas, evidenciando as dificuldades inerentes ao melhoramento genético dessa cultura (Frederick & Hesketh, 1993).

Na revisão de Bao e colaboradores (2020), foram destacados diversos avanços na aplicação de tecnologias de edição genômica na soja. Dentre eles, foi relatado que a superexpressão dos reguladores morfogênicos *Baby boom* e *Wuschel* resultou em aumento da eficiência e facilidade na transformação genética da planta. Além disso, o uso de replicons baseados em geminivírus demonstrou ser uma estratégia eficaz para a entrega de nucleases específicas de sítio (SSNs), como ZFNs, TALENs e CRISPR/Cas9, promovendo aumento das frequências de direcionamento gênico. Outro método promissor relatado consistiu no uso de partículas de carbono revestidas com plasmídeo, que proporcionaram um meio rápido para mediar a edição genética via pulverização em trigo, tecnologia com potencial de aplicação futura em soja (Bao et al., 2020).

O trabalho também destacou dois métodos de entrega não transgênicos, HI-Edit e IMGE, que associam a tecnologia CRISPR/Cas9 com indução haploide, permitindo a edição direta do genoma em plantas sem a necessidade de transformação genética convencional ou retrocruzamentos repetidos. Estes métodos viabilizam a obtenção de plantas haploides editadas, as quais podem ser convertidas em diploides editados por duplicação cromossômica natural ou induzida. Além disso, a viabilidade da construção de bibliotecas de mutantes baseadas em CRISPR/Cas, ainda que em escala reduzida e direcionada a funções específicas, foi reconhecida como ferramenta útil para triagens genéticas de perda de função (Bao et al., 2020).

Por fim, os autores ressaltaram que o sistema CRISPR/Cas9 apresenta eficiência elevada, capacidade de edição multiplex e mutagênese de alto rendimento,

consolidando-se como a ferramenta mais madura e amplamente utilizada no melhoramento genético da soja até o momento. Entretanto, outras variantes da tecnologia CRISPR, como CRISPR/Cas12a e bases editors (BEs), vêm ampliando as opções para futuras aplicações em edição genômica na cultura (Bao et al., 2020).

No estudo de Lu et al. (2020), foram destacados os efeitos de duas variantes gênicas, Tof12 e Tof11, na regulação do tempo de floração da soja durante o processo de domesticação. Os autores demonstraram que esses genes atuam sequencialmente através de homólogos de LHY (LATE ELONGATED HYPOCOTYL) para promover a expressão do gene E1, específico de leguminosas, resultando no retardo da floração sob condições de fotoperíodo longo. Os resultados mostraram que a aceleração da maturidade dependente de Tof12 ocorreu juntamente com a redução da dormência e da dispersão de sementes, características associadas à domesticação da soja. Esse conjunto de alterações genéticas possivelmente favoreceu a expansão geográfica da soja em diferentes latitudes, tornando-a mais adaptável a regiões variadas. Assim, o trabalho revelou que modificações nos loci Tof12 e Tof11 foram fundamentais para moldar o ciclo fenológico da soja domesticada, diferenciando-a de seus ancestrais selvagens, e que a exploração dessa variação genética pode ser útil no resgate de características perdidas e no melhoramento de cultivares adaptadas a novas condições ambientais (Lu et al., 2020).

No estudo de Zhang et al. (2020), foi elucidada a base genética e molecular associada à variação no conteúdo de óleo e proteína das sementes de soja. Utilizando uma combinação de mapeamento de ligação biparental de alta confiança com análise de associação genômica baseada em 631 genomas de soja sequenciados, os autores identificaram que os principais QTLs para teor de proteína e óleo no cromossomo 15 estão relacionados ao gene transportador de açúcar GmSWEET39. Os resultados demonstraram que uma deleção de dois nucleotídeos (deleção CC) que trunca a extremidade C-terminal da proteína GmSWEET39 está fortemente associada a elevado teor de óleo e baixo teor de proteína nas sementes, evidenciando o efeito pleiotrópico desse gene sobre esses dois caracteres. Além disso, verificou-se que o GmSWEET39 é altamente expresso no parênquima e no tegumento das sementes, locais onde influencia o acúmulo de óleo e proteína ao modular o fornecimento de açúcares do tecido materno para o embrião (H. Zhang et al., 2020).

Os autores também relataram a existência de dois haplótipos principais: o H1, contendo a deleção CC, selecionado intensamente durante a domesticação e amplamente fixado em cultivares de soja norte-americanas devido ao seu efeito no

aumento do teor de óleo; e o H3, sem a deleção (CC+), associado ao teor elevado de proteína e ainda sob processo de seleção, refletindo seu potencial no melhoramento para aumento da proteína na semente (H. Zhang et al., 2020). Esses achados fornecem uma compreensão detalhada da base molecular dos principais QTLs de óleo e proteína, além de revelar o papel funcional dual do gene GmSWEET39 no controle desses dois traços, o que poderá ser explorado em estratégias de melhoramento molecular e biotecnológico para o desenvolvimento de cultivares com qualidade de sementes otimizada.

Na pesquisa conduzida por Jin et al. (2021), foram identificados 34 acessos de soja selvagem (*Glycine soja*) com alta tolerância à salinidade, a partir de uma triagem de germoplasma. O principal achado foi uma variação natural no promotor do gene GsERD15B, representada por uma deleção de 7 pares de bases (7 pb), que resultou em um aumento significativo da tolerância ao estresse salino. A superexpressão de GsERD15B elevou os níveis de transcrição de genes associados à resposta ao estresse abiótico, especialmente genes envolvidos na via do ácido abscísico (ABA) e no controle osmótico, incluindo GmABI1, GmABI2, GmbZIP1, GmP5CS, GmCAT4, GmPIP1:6, GmMYB84 e GmSOS1. O aumento desses genes contribuiu para a elevação do conteúdo de prolina, atividade de catalase e peroxidase, resposta à desidratação e transporte de cátions — mecanismos centrais para a melhoria da tolerância ao sal. Dessa forma, o estudo demonstra que a variação natural identificada no promotor de GsERD15B pode ser explorada para o desenvolvimento de cultivares de soja com maior resistência ao estresse salino, aproveitando o potencial genético presente em acessos de soja selvagem (Jin et al., 2021).

A revisão de Vogel et al. (2021) aborda de maneira abrangente o potencial e os desafios do melhoramento genético de precisão, especialmente no contexto da soja, como uma estratégia promissora para o aprimoramento da produtividade e de seus componentes relacionados. Os autores destacam que o sucesso dessa abordagem demanda uma integração multidisciplinar envolvendo avanços em tecnologia de edição genômica, ferramentas de aprendizado de máquina, desenvolvimento de novas plataformas de fenotipagem e geração de dados biológicos robustos, como a identificação detalhada de genes associados a características agrônômicas e seus mecanismos moleculares subjacentes (Vogel et al., 2021).

Entre os principais desafios técnicos discutidos, estão a necessidade de melhorar a multiplexação de edições gênicas, a eficiência da edição e os métodos de entrega dos componentes de edição nas células vegetais. Além disso, há barreiras

práticas relativas à incorporação da edição genômica nos pipelines tradicionais de melhoramento, já bem estabelecidos nas culturas agrícolas, exigindo adaptações e inovações nos processos convencionais (Vogel et al., 2021).

No entanto, o artigo ressalta que, mesmo com o avanço das tecnologias de edição, há um obstáculo inerente à biologia das plantas: a tendência natural de compensação fisiológica. Na soja, que apresenta um período de floração prolongado, essa capacidade de ajuste pode dificultar a obtenção de ganhos líquidos em rendimento, uma vez que melhorias em um componente do rendimento (como o número de sementes) podem ser neutralizadas por reduções em outro (como o peso das sementes). Essa característica representa um desafio adicional para a aplicação efetiva da edição genômica na modificação de características relacionadas à produtividade (Vogel et al., 2021).

Outro ponto destacado refere-se à natureza poligênica da produtividade e seus componentes, o que significa que múltiplos loci e suas interações genéticas e ambientais ($G \times E \times M$) determinam o desempenho agrônomo final. Portanto, qualquer edição genômica aplicada a um gene específico deve ser avaliada em um contexto mais amplo, considerando a rede de interações gênicas e o ambiente de cultivo, para assegurar efeitos positivos consistentes na produtividade global. Além dos desafios técnicos e biológicos, o estudo enfatiza a importância das questões regulatórias e da aceitação pública da tecnologia de edição genômica, que variam significativamente entre os países e representam um fator crucial para a adoção e comercialização de cultivares editadas (Vogel et al., 2021).

Apesar das dificuldades, Vogel et al. (2021) mantêm uma perspectiva otimista quanto ao papel da edição genômica no futuro do melhoramento vegetal. Os autores consideram que, com o uso integrado de todas as ferramentas disponíveis — desde a modificação genômica precisa até a seleção assistida por marcadores e fenotipagem avançada —, será possível gerar cultivares de soja com maior rendimento, menor dependência de insumos e melhor adaptação às mudanças climáticas globais. Este avanço permitirá atender às crescentes demandas por alimentos, rações e bioprodutos de maneira sustentável e eficiente (Vogel et al., 2021).

Lin et al. (2022) destacaram que a adoção rotineira da seleção assistida por marcadores (MAS) tem permitido a introgressão eficiente de genes de resistência vertical a patógenos em programas de melhoramento genético de soja públicos e privados. Além disso, enfatizaram a importância de se investigar genes de pequeno

efeito cumulativo, associados à resistência horizontal, para garantir durabilidade e amplitude da resistência (Lin et al., 2022).

O estudo também ressalta a necessidade de explorar fontes genéticas alternativas, especialmente por meio da triagem de acessos da Coleção de Germoplasma do USDA (GRIN), que reúne mais de 20.000 acessos globais, com potencial para identificar novas fontes de resistência. Germoplasmas e cultivares elite com múltiplas resistências e elevado potencial produtivo estão sendo desenvolvidos, visando não só a resistência a patógenos, mas também boas características agrônômicas (Lin et al., 2022).

Avanços em genômica, como o uso de sequenciamento de próxima geração (NGS), permitiram a identificação de inúmeras regiões genômicas associadas à resistência a diferentes patógenos, revelando que muitos caracteres, antes considerados qualitativos, apresentam natureza quantitativa com influência de alelos de efeitos variados. O uso crescente de agricultura digital, aprendizado de máquina e inteligência artificial tem aprimorado a caracterização fenotípica das respostas das linhagens de soja a patógenos, substituindo métodos subjetivos por métricas quantitativas precisas (Lin et al., 2022).

A aplicação de análises preditivas baseadas em megadados ambientais e genômicos foi apontada como promissora para prever o comportamento de linhagens frente a doenças e estresses abióticos, permitindo a antecipação no lançamento de cultivares mais adaptadas (Lin et al., 2022).

Apesar de centenas de QTLs de resistência já mapeados, os autores ressaltam lacunas no entendimento da dinâmica patógeno-hospedeiro, regulação gênica e surgimento de novas raças virulentas que podem superar genes de resistência validados, além de efeitos pleiotrópicos desses genes sobre produtividade e interação ambiental (Lin et al., 2022).

O resequenciamento de genomas completos tem possibilitado a identificação de haplótipos e alelos superiores em germoplasmas pouco explorados, viabilizando sua utilização em estratégias como seleção recorrente assistida por marcadores (MARS), retrocruzamento assistido por marcadores (MABC), melhoramento baseado em haplótipos e seleção genômica (GS). Técnicas modernas como TILLING, Eco-TILLING, MAGIC e edição gênica (GE), especialmente via CRISPR/Cas9 e Cas12a-RNP, são mencionadas como ferramentas promissoras, embora a soja ainda apresente limitações na eficiência dos protocolos de transformação genética (Lin et al., 2022).

Por fim, o trabalho conclui que a combinação da vasta diversidade genética disponível, avanços genômicos e analíticos, bem como a adaptação dinâmica aos desafios ambientais e patogênicos, será fundamental para assegurar a sustentabilidade e o crescimento da produção global de soja nas próximas décadas (Lin et al., 2022).

Rahman et al. (2023) destacaram que entre as principais abordagens biotecnológicas, destaca-se o uso de técnicas de engenharia genética (EG), como transgênese e silenciamento gênico, que auxiliam na redução de riscos bióticos e no aumento da adaptabilidade das plantas. O trabalho também enfatiza o surgimento das Novas Técnicas de Melhoramento Genético (NPBTs), incluindo nucleases de dedo de zinco (ZFNs); nucleases TALENs (Transcription Activator-Like Effector Nucleases) e CRISPR/Cas9. Estas tecnologias viabilizam a modificação genômica de precisão, promovendo melhorias direcionadas em características agronômicas relevantes. As NPBTs têm se mostrado promissoras não apenas para alterar características desejáveis na soja de forma eficiente, mas também por abordarem preocupações éticas e de aceitação pública relacionadas ao uso de transgênicos tradicionais (Rahman et al., 2023c).

Vargas-Almendra et al. (2024) destacaram que a transformação genética da soja permitiu o desenvolvimento de cultivares com maior resistência a pragas e doenças, o que resultou na redução da necessidade de aplicação de pesticidas químicos. Além disso, a introdução de genes responsáveis pela tolerância a herbicidas específicos facilitou o manejo mais eficiente de plantas daninhas, contribuindo para o aumento da produtividade das lavouras e para a diminuição dos custos de produção. Os autores também relataram modificações genéticas que proporcionaram melhoria na qualidade nutricional das sementes, incluindo aumento no teor de proteínas, alteração nos perfis de ácidos graxos e redução de compostos antinutricionais, beneficiando tanto a nutrição humana quanto a animal. Apesar desses avanços, o estudo aponta a existência de limitações, como restrições regulatórias, questões de aceitação pública e possíveis impactos ambientais que ainda precisam ser solucionados. Além disso, os autores ressaltam a necessidade de otimizar a eficiência das técnicas de transformação genética e explorar de forma mais abrangente o genoma da soja, visando o aprimoramento de características agronomicamente desejáveis, como tolerância à seca, resistência a pragas e doenças e melhoria da qualidade das sementes, com a perspectiva de combinar esses traços em uma única

cultivar para maximizar o desempenho agrícola em diferentes condições ambientais (Vargas-Almendra et al., 2024b).

A FIGURA 4 ilustra de forma esquemática os principais avanços e perspectivas do melhoramento genético da soja, sistematizando as ferramentas utilizadas, as características agronômicas aprimoradas, os resultados alcançados e as tendências futuras identificadas na literatura científica analisada. O mapa mental destaca a evolução das abordagens, desde o melhoramento convencional até as modernas técnicas de edição genômica, como o CRISPR/Cas9, bem como os ganhos obtidos em termos de resistência a pragas e doenças, tolerância a herbicidas e estresses abióticos e melhoria da qualidade nutricional. Além disso, evidencia o papel das tecnologias moleculares na identificação de genes e QTLs de interesse, na seleção assistida por marcadores e no potencial de empilhamento de genes, consolidando o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, adaptáveis e sustentáveis. Por fim, aponta as principais direções futuras para o aprimoramento da cultura, incluindo o aproveitamento da diversidade genética e o aumento da resiliência das plantas frente às adversidades climáticas.

FIGURA 4 - MAPA MENTAL REPRESENTANDO AS PRINCIPAIS FERRAMENTAS, CARACTERÍSTICAS APRIMORADAS, RESULTADOS OBTIDOS E PERSPECTIVAS FUTURAS DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA



FONTE: O autor (2025).

Dessa maneira, os avanços biotecnológicos aplicados à cultura da soja têm proporcionado expressivos ganhos agronômicos, nutricionais e ambientais, refletindo-se diretamente no desenvolvimento de cultivares mais produtivas, resistentes e adaptadas às crescentes demandas globais. As tecnologias de engenharia genética, incluindo transgênese e silenciamento gênico, e as novas técnicas de melhoramento genético, como o sistema CRISPR/Cas9, demonstraram potencial para superar limitações impostas por estresses bióticos e abióticos, melhorar a qualidade nutricional das sementes e reduzir fatores antinutricionais, como evidenciado pelos resultados obtidos em diferentes estudos analisados. Além disso, a possibilidade de empilhar características desejáveis em uma única cultivar abre caminho para o desenvolvimento de plantas mais resilientes, produtivas e adequadas às mudanças climáticas. Contudo, os desafios relacionados à eficiência das técnicas de transformação, regulamentação, biossegurança e aceitação pública ainda persistem e precisam ser enfrentados por meio de contínuo investimento em pesquisa e inovação. Dessa forma, a integração de abordagens convencionais e biotecnológicas no melhoramento genético da soja se mostra promissora para atender às exigências da produção agrícola sustentável e à segurança alimentar global.

3.7 PERSPECTIVAS FUTURAS E DESAFIOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA

Os avanços recentes no desenvolvimento de cultivares de soja com maior produtividade, sustentabilidade e tolerância a estresses representam um marco importante no progresso agrícola. No entanto, as demandas ambientais, sociais e econômicas têm se intensificado, exigindo abordagens inovadoras e cada vez mais integradas. Nesse contexto, o melhoramento genético da soja enfrenta novos desafios e se encontra em um ponto de inflexão, no qual a incorporação de tecnologias emergentes poderá redefinir os paradigmas atuais (Anderson et al., 2019; Lima et al., 2019; Mishra et al., 2024).

Uma das perspectivas mais promissoras reside na adoção da seleção genômica (GS – *Genomic Selection*), que permite prever o valor genético de indivíduos com base em milhares de marcadores moleculares dispersos ao longo do genoma, mesmo antes da manifestação fenotípica. Essa abordagem aumenta significativamente a acurácia da seleção e reduz o ciclo de melhoramento, proporcionando ganhos genéticos cumulativos mais rápido. Além disso, a fenotipagem

de alta precisão por meio de sensores remotos, imagens multiespectrais e plataformas robóticas tem fornecido dados fenotípicos em larga escala e com alta resolução, o que é essencial para alimentar modelos preditivos robustos e acelerar a seleção (Orf et al., 2016; Tripathi & Khare, 2016a; Li et al., 2024).

Outro avanço disruptivo é a aplicação das novas ferramentas de edição genômica, com destaque para a tecnologia CRISPR/Cas9, que permite realizar modificações específicas no DNA de forma precisa, sem a introdução de genes exógenos. Essa técnica tem sido utilizada para editar genes associados à resistência a doenças, qualidade dos grãos, tolerância a estresses e eficiência no uso de nutrientes, podendo superar algumas limitações da transgenia tradicional. No entanto, a aplicação ampla da edição gênica ainda enfrenta desafios regulatórios e éticos, especialmente no que se refere à sua aceitação por consumidores e mercados internacionais (Hamawaki et al., 2019; Koltun et al., 2023).

O desenvolvimento de cultivares adaptadas às mudanças climáticas é outro desafio central. Estima-se que a variabilidade climática poderá afetar significativamente a estabilidade da produção de soja, exigindo genótipos mais resilientes a flutuações de temperatura, déficit hídrico e eventos extremos. O uso de modelagem computacional integrando genótipo, ambiente e manejo tem se mostrado uma estratégia eficaz para prever o desempenho de genótipos em diferentes cenários futuros e orientar programas de melhoramento com maior precisão (Khan et al., 2019; Sheteiwy et al., 2021).

Adicionalmente, o melhoramento participativo e inclusivo surge como uma necessidade social, especialmente para atender pequenas propriedades, sistemas agroecológicos e comunidades com acesso limitado a tecnologias. Para isso, é essencial integrar conhecimentos tradicionais, demandas regionais e aspectos socioeconômicos locais ao processo de desenvolvimento de novas cultivares (Orf et al., 2016; Tripathi & Khare, 2016a; Li et al., 2024).

Por fim, os principais desafios que se impõem ao futuro do melhoramento genético da soja incluem: restrição da base genética das cultivares comerciais, complexidade genética de caracteres quantitativos, regulamentações para biotecnologia e edição gênica, e necessidade de maior integração entre instituições de pesquisa, setor produtivo e políticas públicas. Enfrentar esses desafios exige investimentos contínuos em pesquisa, formação de recursos humanos especializados e políticas agrícolas que incentivem a inovação e a sustentabilidade (Orf et al., 2016; Tripathi & Khare, 2016a; Li et al., 2024).

Portanto, o futuro do melhoramento genético da soja será cada vez mais marcado pela interdisciplinaridade, uso de ferramentas digitais, biotecnologia avançada e sensibilidade socioambiental, consolidando-se como um pilar estratégico para garantir a segurança alimentar, a competitividade econômica e a sustentabilidade ambiental no século XXI.

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Com base na revisão realizada sobre as principais estratégias, avanços e desafios do melhoramento genético da soja, é possível concluir que, embora os progressos alcançados nas últimas décadas tenham contribuído de forma significativa para o desenvolvimento de cultivares com maior produtividade, resistência a pragas, doenças e tolerância a estresses abióticos, ainda existem limitações a serem superadas. Os ganhos genéticos anuais relativamente modestos em produtividade, aliados à estreita base genética da espécie cultivada e às novas pressões bióticas e abióticas decorrentes das mudanças climáticas, evidenciam a complexidade inerente ao processo de melhoramento desta cultura.

As abordagens tradicionais de melhoramento, como seleção massal e retrocruzamentos, evoluíram com a incorporação de marcadores moleculares, mapeamento de QTLs e identificação de genes relacionados a características agrônômicas de interesse, aumentando a eficiência dos programas de seleção. Mais recentemente, o uso de ferramentas avançadas, como a edição gênica por CRISPR/Cas9 e outras NPBTs (Novas Técnicas de Melhoramento de Plantas), abriu novas possibilidades para a engenharia genômica de precisão, permitindo o desenvolvimento de cultivares com características combinadas, como resistência múltipla a estresses bióticos e abióticos, maior qualidade nutricional e adaptação a diferentes condições edafoclimáticas.

Apesar desse avanço tecnológico, os resultados evidenciam que é necessário um esforço contínuo na integração de diferentes ferramentas de melhoramento, associando métodos convencionais, moleculares e de edição gênica de maneira sinérgica. Além disso, aspectos como regulamentação, aceitação pública e avaliação de impactos ambientais precisam ser considerados para garantir a adoção ampla e segura dessas inovações. O equilíbrio entre inovação e biossegurança permanece como um desafio central.

Portanto, em resposta à problemática inicialmente proposta, verifica-se que a otimização do melhoramento genético da soja para atender simultaneamente às demandas produtivas, ambientais e de mercado requer a aplicação combinada de diferentes estratégias biotecnológicas, aliada ao aprofundamento do conhecimento sobre o genoma da espécie, às condições específicas de cultivo e às exigências da sustentabilidade agrícola moderna. O futuro do melhoramento da soja dependerá da capacidade dos programas de pesquisa em incorporar inovações tecnológicas de

forma integrada e eficiente, promovendo o desenvolvimento de cultivares superiores que assegurem produtividade elevada, estabilidade em diferentes ambientes e menor impacto ambiental.

4.1 RECOMENDAÇÕES PARA TRABALHOS FUTUROS

Com base na presente revisão sobre o melhoramento genético da soja, observa-se a necessidade de direcionar futuros estudos para algumas lacunas e desafios ainda presentes na área. Em primeiro lugar, recomenda-se o aprofundamento da investigação sobre o empilhamento gênico de características agrônômicas relevantes, como tolerância simultânea a estresses bióticos e abióticos, qualidade nutricional aprimorada e maior eficiência no uso de recursos hídricos e nutrientes. Essa abordagem integrativa poderá proporcionar o desenvolvimento de cultivares mais adaptáveis às condições adversas impostas pelas mudanças climáticas, assegurando produtividade estável em diferentes ambientes de cultivo.

Adicionalmente, sugere-se a ampliação dos estudos de caracterização funcional de genes relacionados a traços complexos, por meio do uso de tecnologias ômicas (genômica, transcriptômica, proteômica e metabolômica), visando à elucidação dos mecanismos moleculares subjacentes à expressão dessas características. Tais investigações podem subsidiar a seleção assistida por marcadores (MAS) com maior precisão e eficiência.

Outro ponto que merece atenção é a avaliação dos impactos ambientais e ecológicos decorrentes da liberação comercial de cultivares geneticamente modificadas, com foco na análise de possíveis efeitos sobre a biodiversidade, dinâmica populacional de pragas e resistência cruzada de patógenos. Paralelamente, é essencial desenvolver pesquisas de aceitação pública e percepção do consumidor em relação aos produtos derivados de soja transgênica ou editada por CRISPR/Cas9, a fim de subsidiar estratégias de comunicação e regulamentação adequadas.

Por fim, recomenda-se o investimento em estudos que explorem novas ferramentas de edição gênica de última geração, superando as limitações atuais do sistema CRISPR/Cas9, bem como a integração dessas tecnologias com práticas sustentáveis de manejo agrícola. A combinação de melhoramento genético com práticas de agricultura de precisão e sistemas de produção integrados poderá contribuir significativamente para a sustentabilidade da cadeia produtiva da soja.

REFERÊNCIAS

- Anderson, E. J., Ali, M. L., Beavis, W. D., Chen, P., Clemente, T. E., Diers, B. W., Graef, G. L., Grassini, P., Hyten, D. L., McHale, L. K., Nelson, R. L., Parrott, W. A., Patil, G. B., Stupar, R. M., & Tilmon, K. J. (2019). Soybean [Glycine max (L.) Merr.] Breeding: History, Improvement, Production and Future Opportunities. In *Advances in Plant Breeding Strategies: Legumes* (pp. 431–516). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-23400-3_12
- Bacaxixi, P., Rodrigues, L. R., Brasil, E. P., Bueno, C. E. M. S., Ricardo, H. A., Epiphany, P. D., Silva, D. P., Barros, B. M. C., Silva, T. F., & Bosquê, G. G. (2011). *A SOJA E SEU DESENVOLVIMENTO NO MELHORAMENTO GENÉTICO*. www.revista.inf.br-www.editorafaef.com.br-www.faef.edu.br.
- Bao, A., Zhang, C., Huang, Y., Chen, H., Zhou, X., & Cao, D. (2020). Genome editing technology and application in soybean improvement. *Oil Crop Science*, 5(1), 31–40. <https://doi.org/10.1016/j.ocsci.2020.03.001>
- Boerema, A., Peeters, A., Swolfs, S., Vandevenne, F., Jacobs, S., Staes, J., & Meire, P. (2016). Soybean Trade: Balancing Environmental and Socio-Economic Impacts of an Intercontinental Market. *PLOS ONE*, 11(5), e0155222. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0155222>
- Bøhn, T., & Millstone, E. (2019). The Introduction of Thousands of Tonnes of Glyphosate in the food Chain—An Evaluation of Glyphosate Tolerant Soybeans. *Foods*, 8(12), 669. <https://doi.org/10.3390/foods8120669>
- BRASIL. Lei nº 11.105, de 24 de março de 2005. Regulamenta os incisos II, IV e V do §1º do art. 225 da Constituição Federal, estabelece normas de segurança e mecanismos de fiscalização de atividades que envolvam organismos geneticamente modificados - OGMs. *Diário Oficial da União*, Brasília, DF, 28 mar. 2005. Disponível em: < https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2004-2006/2005/lei/l11105.htm >. Acesso em 10 de maio de 2025.
- Chua, J.-Y., & Liu, S.-Q. (2019). Soy whey: More than just wastewater from tofu and soy protein isolate industry. *Trends in Food Science & Technology*, 91, 24–32. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2019.06.016>
- Crop Prophet. **Top 10 Soybean Producing Countries**. 2019. Disponível em:< <https://www.cropprophet.com/top-10-global-soybean-producers/> >. Acesso em 08 de maio de 2025.
- CTNBio – Comissão Técnica Nacional de Biossegurança. *Regulamentação e segurança no uso de OGMs no Brasil*. Brasília, DF, 2024. Disponível em:< <http://ctnbio.mctic.gov.br/a-ctnbio> >. Acesso em 10 de maio de 2025.
- 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., ... Liu, B. (2021). Genetic basis and adaptation trajectory of soybean from its temperate origin to tropics. *Nature Communications*, 12(1), 5445. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-25800-3>

Edwards Molina, J. P., Navarro, B. L., Allen, T. W., & Godoy, C. V. (2022). Soybean target spot caused by *Corynespora cassiicola*: a resurgent disease in the Americas. *Tropical Plant Pathology*, 47(3), 315–331. <https://doi.org/10.1007/s40858-022-00495-Z>

EMBRAPA. AGRO ATLAS. **Soja - Origens**. Disponível em:< <https://agroatlas.blogspot.com/2016/11/soja-origens.html>>. Acesso em 06 de maio de 2025.

EMBRAPA SOJA. **Soja em números (safra 2024/25)**. (2025). Disponível em:< <https://www.embrapa.br/soja/cultivos/soja1/dados-economicos>>. Acesso em 19 de julho de 2025.

Gao, H., & Li, H. (2025). Marker-Assisted Selection (MAS) in Soybean Breeding. *Molecular Plant Breeding*. <https://doi.org/10.5376/mpb.2025.16.0004>

Gupta, S. K., & Manjaya, J. G. (2022). Advances in improvement of soybean seed composition traits using genetic, genomic and biotechnological approaches. *Euphytica*, 218(7), 99. <https://doi.org/10.1007/s10681-022-03046-4>

Hale, B., Brown, E., & Wijeratne, A. (2023). An updated assessment of the soybean *Phytophthora sojae* pathosystem. *Plant Pathology*, 72(5), 843–860. <https://doi.org/10.1111/ppa.13713>

Hamawaki, O. T., Hamawaki, R. L., Nogueira, A. P. O., Glasenapp, J. S., Hamawaki, C. D. L., & Silva, C. O. da. (2019). Evaluation of soybean breeding lineages to new sources of root-knot nematode resistance. *Ciência e Agrotecnologia*, 43. <https://doi.org/10.1590/1413-7054201943009519>

Holkem, A. S., Silva, A. L. da, Bianchi, M. A., Corassa, G., & Ulguim, A. R. (2022). Weed management in Roundup Ready® corn and soybean in Southern Brazil: survey of consultants' perception. *Advances in Weed Science*, 40. <https://doi.org/10.51694/AdvWeedSci/2022;40:00003>

Hossain, Md. M., Sultana, F., Yesmin, L., Rubayet, Md. T., Abdullah, H. M., Siddique, S. S., Bhuiyan, Md. A. B., & Yamanaka, N. (2024). Understanding *Phakopsora pachyrhizi* in soybean: comprehensive insights, threats, and interventions from the Asian perspective. *Frontiers in Microbiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1304205>

Jin, T., Sun, Y., Shan, Z., He, J., Wang, N., Gai, J., & Li, Y. (2021). Natural variation in the promoter of *GsERD15B* affects salt tolerance in soybean. *Plant Biotechnology Journal*, 19(6), 1155–1169. <https://doi.org/10.1111/pbi.13536>

Khan, M. A., Asaf, S., Khan, A. L., Adhikari, A., Jan, R., Ali, S., Imran, M., Kim, K.-M., & Lee, I.-J. (2019). Halotolerant Rhizobacterial Strains Mitigate the Adverse Effects of NaCl Stress in Soybean Seedlings. *BioMed Research International*, 2019, 1–15. <https://doi.org/10.1155/2019/9530963>

Kim, D. Y., Heo, J. H., Pack, I. S., Park, J.-H., Um, M. S., Kim, H. J., Park, K. W., Nam, K.-H., Oh, S. D., Kim, J. K., Seo, J. S., & Kim, C.-G. (2021). Natural

hybridization between transgenic and wild soybean genotypes. *Plant Biotechnology Reports*, 15(3), 299–308. <https://doi.org/10.1007/s11816-021-00685-2>

Koltun, A., Silva, N. V. e, Angelotti-Mendonça, J., Marin, S. R. R., Gonçalves, L. S. A., Nepomuceno, A. L., & Mertz-Henning, L. M. (2023). CRISPR-transient expression in soybean for simplified gRNA screening in planta. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 58. <https://doi.org/10.1590/s1678-3921.pab2023.v58.03000>

Kumar, V., Vats, S., Kumawat, S., Bisht, A., Bhatt, V., Shivaraj, S. M., Padalkar, G., Goyal, V., Zargar, S., Gupta, S., Kumawat, G., Chandra, S., Chalam, V. C., Ratnaparkhe, M. B., Gill, B. S., Jean, M., Patil, G. B., Vuong, T., Rajcan, I., ... Sonah, H. (2021). Omics advances and integrative approaches for the simultaneous improvement of seed oil and protein content in soybean (*Glycine max* L.). *Critical Reviews in Plant Sciences*, 40(5), 398–421. <https://doi.org/10.1080/07352689.2021.1954778>

Kumari, S., Dambale, A. S., Samantara, R., Jincy, M., & Bains, G. (2025). Introduction, History, Geographical Distribution, Importance, and Uses of Soybean (*Glycine max* L.). In *Soybean Production Technology* (pp. 1–17). Springer Nature Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-97-8677-0_1

Li, W., Wang, L., Xue, H., Zhang, M., Song, H., Qin, M., & Dong, Q. (2024). Molecular and genetic basis of plant architecture in soybean. *Frontiers in Plant Science*, 15. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1477616>

Lima, M., Silva Junior, C. A. da, Rausch, L., Gibbs, H. K., & Johann, J. A. (2019). Demystifying sustainable soy in Brazil. *Land Use Policy*, 82, 349–352. <https://doi.org/10.1016/j.landusepol.2018.12.016>

Lin, F., Chhapekar, S. S., Vieira, C. C., Da Silva, M. P., Rojas, A., Lee, D., Liu, N., Pardo, E. M., Lee, Y.-C., Dong, Z., Pinheiro, J. B., Ploper, L. D., Rupe, J., Chen, P., Wang, D., & Nguyen, H. T. (2022). Breeding for disease resistance in soybean: a global perspective. *Theoretical and Applied Genetics*, 135(11), 3773–3872. <https://doi.org/10.1007/s00122-022-04101-3>

Lu, S., Dong, L., Fang, C., Liu, S., Kong, L., Cheng, Q., Chen, L., Su, T., Nan, H., Zhang, D., Zhang, L., Wang, Z., Yang, Y., Yu, D., Liu, X., Yang, Q., Lin, X., Tang, Y., Zhao, X., ... Kong, F. (2020). Stepwise selection on homeologous PRR genes controlling flowering and maturity during soybean domestication. *Nature Genetics*, 52(4), 428–436. <https://doi.org/10.1038/s41588-020-0604-7>

Martinelli, L., Batistella, M., Silva, R., & Moran, E. (2017). Soy Expansion and Socioeconomic Development in Municipalities of Brazil. *Land*, 6(3), 62. <https://doi.org/10.3390/land6030062>

Milioli, A. S., Meira, D., Panho, M. C., Madella, L. A., Woyann, L. G., Todeschini, M. H., Zdziarski, A. D., Ramos Campagnolli, O., Menegazzi, C. P., Colonelli, L. L., Fernandes, R. A. T., Melo, C. L. P. de, Fernandes de Oliveira, M., Bertagnolli, P. F., Arias, C. A. A., Giasson, N. F., Matsumoto, M. N., Quiroga, M., Rossi Silva, R., ... Benin, G. (2022). Genetic improvement of soybeans in Brazil: South and Midwest regions. *Crop Science*, 62(6), 2276–2293. <https://doi.org/10.1002/csc2.20820>

Mishra, R., Tripathi, M. K., Sikarwar, R. S., Singh, Y., & Tripathi, N. (2024). Soybean (*Glycine max* L. Merrill): A Multipurpose Legume Shaping Our World. *PLANT CELL BIOTECHNOLOGY AND MOLECULAR BIOLOGY*, 25(3–4), 17–37. <https://doi.org/10.56557/pcbmb/2024/v25i3-48643>

National Beef Wire. World Soybean Production (Ranking By Country). 2024. Disponível em:< <https://www.nationalbeefwire.com/world-soybean-production-ranking-by-country-the-world-is-projected-to-produce-388-0-million-metric-tons-of-soybeans-down-3-161-million-metric-tons-from-last-month>>. Acesso em 08 de maio de 2025.

Orf, J. H., Diers, B. W., & Boerma, H. R. (2016). *Genetic Improvement: Conventional and Molecular-Based Strategies* (pp. 417–450). <https://doi.org/10.2134/agronmonogr16.3ed.c9>

PRESSY. APROSOJA BRASIL. **A Soja**. 2019. Disponível em:< <https://aprosojabrasil.com.br/a-soja/>>. Acesso em 08 de maio de 2025.

R. Garcia, J., M. Vargas, A. A., T. Perboni, L., A. Souza, E., Tessaro, D., R. Lucio, F., & Agostinetto, D. (2020). Physiological attributes of Enlist E3™ soybean seed submitted to herbicides application. *Planta Daninha*, 38. <https://doi.org/10.1590/s0100-83582020380100088>

Rahman, S. U., McCoy, E., Raza, G., Ali, Z., Mansoor, S., & Amin, I. (2023a). Improvement of Soybean; A Way Forward Transition from Genetic Engineering to New Plant Breeding Technologies. *Molecular Biotechnology*, 65(2), 162–180. <https://doi.org/10.1007/s12033-022-00456-6>

Rahman, S. U., McCoy, E., Raza, G., Ali, Z., Mansoor, S., & Amin, I. (2023c). Improvement of Soybean; A Way Forward Transition from Genetic Engineering to New Plant Breeding Technologies. *Molecular Biotechnology*, 65(2), 162–180. <https://doi.org/10.1007/s12033-022-00456-6>

Ranjan, A., Jayaraman, D., Grau, C., Hill, J. H., Whitham, S. A., Ané, J., Smith, D. L., & Kabbage, M. (2018). The pathogenic development of *Sclerotinia sclerotiorum* in soybean requires specific host NADPH oxidases. *Molecular Plant Pathology*, 19(3), 700–714. <https://doi.org/10.1111/mpp.12555>

Ruffo, Gustavo Caséca. Desenvolvimento e otimização de protocolo para edição de genomas livre de DNA em soja via bombardeamento de ribonucleoproteínas do sistema CRISPR/cas9. 2023. 67 f. Dissertação (Programa Stricto Sensu em Ciências Genômicas e Biotecnologia) - Universidade Católica de Brasília, Brasília, 2023.

Sassi, S., Wan-Mohtar, W. A. A. Q. I., Jamaludin, N. S., & Ilham, Z. (2021). Recent progress and advances in soy sauce production technologies: A review. *Journal of Food Processing and Preservation*, 45(10). <https://doi.org/10.1111/jfpp.15799>

Sheteiwy, M. S., Ali, D. F. I., Xiong, Y.-C., Brestic, M., Skalicky, M., Hamoud, Y. A., Ulhassan, Z., Shaghaleh, H., AbdElgawad, H., Farooq, M., Sharma, A., & El-Sawah, A. M. (2021). Physiological and biochemical responses of soybean plants inoculated with Arbuscular mycorrhizal fungi and *Bradyrhizobium* under drought stress. *BMC Plant Biology*, 21(1), 195. <https://doi.org/10.1186/s12870-021-02949-z>

- Silva, A. C. da, Gregorio da Silva, D. C., Ferreira, E. G. C., Abdelnoor, R. V., Borém, A., Arias, C. A., Oliveira, M. F., Oliveira, M. E. F. de, & Marcelino-Guimarães, F. C. (2025). Genetic diversity, population structure in a historical panel of Brazilian soybean cultivars. *PLOS ONE*, 20(1), e0313151. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0313151>
- Tripathi, N., & Khare, D. (2016a). Molecular approaches for genetic improvement of seed quality and characterization of genetic diversity in soybean: a critical review. *Biotechnology Letters*, 38(10), 1645–1654. <https://doi.org/10.1007/s10529-016-2154-8>
- Vargas-Almendra, A., Ruiz-Medrano, R., Núñez-Muñoz, L. A., Ramírez-Pool, J. A., Calderón-Pérez, B., & Xoconostle-Cázares, B. (2024a). Advances in Soybean Genetic Improvement. *Plants*, 13(21), 3073. <https://doi.org/10.3390/plants13213073>
- Vogel, J. T., Liu, W., Olhoft, P., Crafts-Brandner, S. J., Pennycooke, J. C., & Christiansen, N. (2021). Soybean Yield Formation Physiology – A Foundation for Precision Breeding Based Improvement. *Frontiers in Plant Science*, 12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.719706>
- Wójcik-Gront, E., Gozdowski, D., Derejko, A., & Pudelko, R. (2022). Analysis of the Impact of Environmental and Agronomic Variables on Agronomic Parameters in Soybean Cultivation Based on Long-Term Data. *Plants*, 11(21), 2922. <https://doi.org/10.3390/plants11212922>
- Xu, H., Guo, Y., Qiu, L., & Ran, Y. (2022). Progress in Soybean Genetic Transformation Over the Last Decade. *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.900318>
- zaaboul, F., Zhao, Q., Xu, Y., & Liu, Y. (2022). Soybean oil bodies: A review on composition, properties, food applications, and future research aspects. *Food Hydrocolloids*, 124, 107296. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2021.107296>
- Zhang, H., Goettel, W., Song, Q., Jiang, H., Hu, Z., Wang, M. L., & An, Y. C. (2020). Selection of GmSWEET39 for oil and protein improvement in soybean. *PLOS Genetics*, 16(11), e1009114. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1009114>
- Zhang, Y., Li, W., Lin, Y., Zhang, L., Wang, C., & Xu, R. (2018). Construction of a high-density genetic map and mapping of QTLs for soybean (*Glycine max*) agronomic and seed quality traits by specific length amplified fragment sequencing. *BMC Genomics*, 19(1), 641. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-5035-9>
- Zhao, Y., Tian, R., Xu, Z., Jiang, L., & Sui, X. (2023). Recent advances in soy protein extraction technology. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, 100(3), 187–195. <https://doi.org/10.1002/aocs.12676>