



UNIVERSIDADE
ESTADUAL DE LONDRINA

PATRICIA BRAGA

**ÍNDICES DE VEGETAÇÃO, BANDAS NIR/SWIR E
VARIÁVEIS FISIOLÓGICAS NA FENOTIPAGEM DE
GENÓTIPOS DE SOJA SOB CONDIÇÕES DE DÉFICIT
HÍDRICO**

PATRICIA BRAGA

**ÍNDICES DE VEGETAÇÃO, BANDAS NIR/SWIR E
VARIÁVEIS FISIOLÓGICAS NA FENOTIPAGEM DE
GENÓTIPOS DE SOJA SOB CONDIÇÕES DE DÉFICIT
HÍDRICO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós Graduação em Agronomia da Universidade Estadual de Londrina, como requisito à obtenção do título de Mestre em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Leandro Simões
Azeredo Gonçalves

Co-orientadora: Dra. Liliane Marcia Mertz
Henning

Londrina
2019

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UEL

Braga, Patricia.

Índices de vegetação, bandas NIR/SWIR e variáveis fisiológicas na fenotipagem de genótipos de soja sob condições de déficit hídrico. / Patricia Braga. - Londrina, 2019. 96 f. : il.

Orientador: Leandro Simões Azeredo Gonçalves.

Coorientador: Liliane Marcia Mertz Henning.

Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual de Londrina, Centro de Ciências Agrárias, , 2019.

Inclui bibliografia.

1. *Glycine max* (L) Merrill - Tese. 2. Estresses abióticos - Tese. 3. Fenotipagem de nova geração - Tese. 4. Sensoriamento remoto - Tese. I. Gonçalves, Leandro Simões Azeredo . II. Henning, Liliane Marcia Mertz. III. Universidade Estadual de Londrina. Centro de Ciências Agrárias. . IV. Título.

PATRICIA BRAGA

**ÍNDICES DE VEGETAÇÃO, BANDAS NIR/SWIR E VARIÁVEIS
FISIOLÓGICAS NA FENOTIPAGEM DE GENÓTIPOS DE SOJA SOB
CONDIÇÕES DE DÉFICIT HÍDRICO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós Graduação em Agronomia da Universidade Estadual de Londrina, como requisito à obtenção do título de Mestre em Agronomia.

BANCA EXAMINADORA

Orientador: Prof. Dr. Leandro Simões Azeredo
Gonçalves
Universidade Estadual de Londrina - UEL

Co-orientadora: Dra. Liliane Marcia Mertz
Henning
Embrapa Soja

Prof. Dr. Claudemir Zucareli
Universidade Estadual de Londrina - UEL

Dra. Renata Fuganti Pagliarini

Londrina, 18 de janeiro de 2019

Ao meu pai, por ser meu exemplo e meu porto seguro, e à minha mãe, que foi minha primeira professora e me ensinou muito mais do que o Bê-á-bá. É de vocês meu amor incondicional.

AGRADECIMENTOS

À Deus, por todas as bênçãos recebidas;

À Universidade Estadual de Londrina e ao Programa de Pós-graduação em Agronomia pela oportunidade de realizar o mestrado;

À Emprapa Soja pela infraestrutura e material disponibilizado e pela oportunidade de realizar meu trabalho de mestrado em suas dependências;

Agradeço à CAPES, pela concessão da bolsa de mestrado;

Ao meu orientador, Dr. Leandro Simões Azeredo Gonçalves, pela orientação, disponibilidade e direcionamentos ao longo dos últimos anos. Agradeço também pela amizade, pelas oportunidades oferecidas e principalmente pela confiança no meu trabalho;

À minha co-orientadora, Dra. Liliane Marcia Mertz-Henning, pela orientação, disponibilidade, oportunidades e ensinamentos. Agradeço principalmente pela amizade, apoio, confiança e paciência ao longo de todo esse período;

Agradeço às equipes de ecofisiologia, agrometeorologia e biotecnologia, sem o apoio de vocês a realização deste trabalho não seria possível. Saúdo especialmente Claudinei de Freitas Toledo, Rubson Sibaldelli, Cleber de Oliveira Silva, Axel Menezes e Silvana reconhecendo a amizade e ensinamentos a mim despendidos;

Aos colegas da Universidade Estadual de Maringá, especialmente ao Luis Guilherme Teixeira Crusiol, pela parceria, ajuda e ensinamentos essenciais para a concretização deste trabalho;

Aos pesquisadores Dr. Fernando Augusto Henning e Dr. José Salvador Simoneti Foloni, pelo suporte técnico e de pessoal para o desenvolvimento do trabalho, também pela amizade e incentivo;

Ao colega Willian Giordani, pela amizade, apoio e auxílio no desenvolvimento do trabalho;

À todo o pessoal do Laboratório de Ecofisiologia e Biotecnologia Agrícola da UEL, em especial a Alessandra Koltun, Isabella Mendonça Arruda e Leonel Vinícios Constantino pela amizade, paciência e por toda ajuda e ensinamentos na realização desse trabalho;

Aos meus pais Silvio e Sonia C. S. Braga, e ao meu irmão Luiz Eduardo Braga, pelo amor, cuidado, força e compreensão que dedicam a mim. Sou

muito grata por acreditarem na minha capacidade. Vocês são tudo pra mim;

Ao André L. H. Caranhato, pelo companheirismo em todos os momentos, pelo apoio, incentivo e compreensão;

À todos os meus amigos, àqueles de longa data e aos que conheci durante a realização do mestrado. Em especial à Juliane P. Marinho e Kênia Carvalho pelos conselhos e apoio nos momentos de dificuldade;

Aos meus familiares que sempre me deram força e acreditaram em mim e;

À todos aqueles que de alguma forma contribuíram para que os objetivos propostos fossem alcançados.

BRAGA, Patricia. **Índices de vegetação, bandas NIR/SWIR e variáveis fisiológicas na fenotipagem de genótipos de soja sob condições de déficit hídrico.** 96 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2019.

RESUMO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é um dos grãos mais cultivados no mundo, porém, muitos fatores, oferecem risco à distribuição e produtividade da cultura, dentre os quais podemos destacar a seca. O objetivo deste trabalho foi analisar e validar a utilização de ferramentas de fenotipagem de nova geração em comparação a medidas fisiológicas, além de fenotipar acessos de soja disponíveis no banco de germoplasma da Embrapa soja, incluindo genótipos de cultivares comerciais, linhagens geneticamente modificadas e PIs (*Plant Introductions*) de diversos locais do mundo, para características relacionadas à tolerância a seca. Foram avaliados como ferramenta de fenotipagem de nova geração, valores espectrais utilizados em forma de índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais, obtidos por meio de sensor hiperespectral. O trabalho foi dividido em dois capítulos. No primeiro, os IVs NDWI (*Normalized Difference Water index*)₍₁₀₀₀₋₁₆₀₀₎, NDWI₍₁₀₀₀₋₂₃₀₀₎, NMDI (*Normalized Multi-band Drought Index*), MSI (*Moisture Stress Index*) e as bandas espectrais SWIR₁₆₀₀ (*Short Wave Infra-Red*), SWIR₂₃₀₀, ρ_{1440} , ρ_{1920} , $\rho_{1440}+\rho_{1920}$, $\rho_{1920}-\rho_{1440}$ e SWIR- ρ_{1440} , foram correlacionados com as variáveis fisiológicas teor relativo de água (TRA), temperatura foliar, fotossíntese, transpiração, condutância estomática e conteúdo interno de CO₂, em ensaios conduzidos em ambiente controlado e em condição de campo. No segundo capítulo, foram fenotipados em casa de vegetação, 164 genótipos de soja disponíveis no banco de germoplasma da Embrapa Soja. As variáveis analisadas foram temperatura foliar, teor de clorofila, TRA e as bandas espectrais SWIR₁₆₀₀, SWIR₂₃₀₀, ρ_{1440} e ρ_{1920} . De acordo com os resultados, todos os IVs e bandas se mostraram eficientes para determinação do status hídrico de plantas de soja, apresentando alta correlação com os parâmetros fisiológicos. Entretanto, os índices da região SWIR se mostraram mais adequados para tal finalidade, sendo mais sensíveis que as demais variáveis analisadas e assim, permitindo a diferenciação de um maior número de genótipos. Além de ser uma metodologia não destrutiva, a utilização dos IVs permitiu a avaliação de um grande número de genótipos de forma rápida e precisa, demonstrando seu potencial de uso em experimentos de fenotipagem de soja sob déficit hídrico. Dentre os genótipos analisados, os que se destacaram por manter um melhor status hídrico da planta mesmo sob condições de déficit hídrico foram: PI 603200, R02-1325, PI 416937 e PI 471938.

Palavras-chave: *Glycine max* (L) Merril. Estresses abióticos. Seca. Fenotipagem de nova geração. Sensoriamento remoto.

BRAGA, Patricia. **Vegetation indices, NIR/SWIR bands and physiological variables in the phenotyping of soybean genotypes under water deficit.** 96 p. Dissertation (Master's Degree in Agronomy) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2019.

ABSTRACT

The soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) is one of the most cultivated grains in the world, but, many factors, risk the distribution and productivity of the crop, among them, drought can be highlighted. The aim of this work was to analyze and validate the use of high yield phenotype tools in comparison to physiological measures, besides phenotyping soybean genotypes available in Embrapa soybean germplasm bank, including commercial cultivar genotypes, genetically modified lines and Plant Introductions (PIs) from diverse locations around the world for characteristics related to drought tolerance. Spectral values were evaluated as high-performance phenotyping tool, used in the form of vegetation indexes (VIs) and spectral bands, obtained using a sensor hiperespectral. The present work was divided into two chapters. In the first one, the VIs $NDWI_{(1000-1600)}$, $NDWI_{(1000-2300)}$, NMDI, MSI (Moisture Stress Index) and spectral bands $SWIR_{1600}$, $SWIR_{2300}$, $p1440$, $p1920$, $p1440+p1920$, $p1920-p1440$ and $SWIR-p1440$, were correlated with the physiological variables, relative water content (RWC), leaf temperature, photosynthesis, transpiration, stomatal conductance and internal CO_2 content in experiments conducted in controlled and field conditions. In the second chapter, 164 soybean genotypes available at Embrapa soybean germplasm bank were phenotyped. The analyzed variables were foliar temperature, chlorophyll content, RWC and the spectral bands $SWIR_{1600}$, $SWIR_{2300}$, $p1440$ and $p1920$. All VIs and spectral bands were efficient to determine the water status of soybean plants, presenting a high correlation with the physiological parameters. However, the SWIR indexes were more adequate for the purpose, being more sensitive than the other analyzed variables allowing the differentiation of a greater number of genotypes. In addition, these non-destructive analyzes allow the evaluation of a large number of plants in a fast and precise way demonstrating their potential use in phenotyping experiments. Among the analyzed genotypes, those that stood out for maintaining a better water status of the plant even under conditions of water deficit were: PI 603200, R02-1325, PI 416937 and PI 471938.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill. Abiotic stresses. Drought. Next-generation phenotyping. Remote sensing.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1.	Reflectância espectral de alvos naturais.....	20
Figura 2.	Monitoramento da condutância estomática (gs) da cultivar BR 16 (padrão de referência sensível) com medidor portátil de trocas gasosas.....	28
Figura 3.	Obtenção dos valores espectrais com uso do sensor hiperespectral para posterior cálculo dos índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais.	29
Figura 4.	Abrigos sob os quais as plantas foram cultivadas para serem submetidas ao déficit hídrico (MERTZ-HENNING et al., 2017).	32
Figura 5.	Agrupamento de médias pelo teste Scott-Knott para interação entre os genótipos e as condições controle e déficit hídrico para a variável teor relativo de água (TRA).	34
Figura 6.	Curva espectral das folhas dos genótipos de soja nas condições controle (C) e déficit hídrico (DH).....	35
Figura 7.	Análise de agrupamento de médias pelo teste Scott-knott na interação entre genótipos e condição hídrica para as variáveis SWIR1600, SWIR2300, ρ_{1440} , ρ_{1920} , $\rho_{1440}+\rho_{1920}$ e $\rho_{1920}-\rho_{1440}$	37
Figura 8.	Correlação de Pearson entre o teor relativo de água (TRA) com os índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais avaliados.	38
Figura 9.	Análise de Heatmap para experimento em câmara climática para crescimento de plantas, apresentando o agrupamento das cultivares BR 16, 1Ea2939, BRB14-211566, BRS 388RR, BRS 1001 IPRO, BRS 1003 IPRO, TMG 7062 IPRO, M 6210 IPRO, DM 6563 IPRO e BRS 413 RR nas condições controle e déficit hídrico e das variáveis analisadas: índices de vegetação $NDWI_{(1000-1600)}$, $NDWI_{(1000-2300)}$, NMDI, MSI, $\rho_{1920}-\rho_{1440}$, $\rho_{1440}+\rho_{1920}$ e $SWIR-\rho_{1440}$; bandas espectrais $SWIR_{1600}$, $SWIR_{2300}$, ρ_{1440} e ρ_{1920} ; e teor relativo de água (TRA).	39

Figura 10.	Correlação de Pearson dos índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais para as variáveis fisiológicas. Em A: teor relativo de água na folha (TRA); em B: taxa de fotossíntese (A); em C: transpiração (Tr); em D: conteúdo interno de CO_2 (C_i); em E: temperatura foliar ($T^{\circ}C$), em F: condutância estomática (g_s), e em G: correlações entre as variáveis fisiológicas.	42
Figura 11.	Análise de <i>Heatmap</i> para experimento de campo apresentando o agrupamento das cultivares (1Ea15, BR 16, 2Ia4 e BRS 184) nas condições controle e déficit hídrico e das variáveis analisadas: índices de vegetação $NDWI_{(1000-1600)}$, $NDWI_{(1000-2300)}$, $NMDI$, MSI , $\rho_{1920-p1440}$, $\rho_{1440+p1920}$ e $SWIR-\rho_{1440}$; bandas espectrais $SWIR_{1600}$, $SWIR_{2300}$, ρ_{1440} e ρ_{1920} ; variáveis fisiológicas fotossíntese (A), condutância estomática (g_s), conteúdo interno de CO_2 (C_i), transpiração (Tr), temperatura foliar ($T^{\circ}C$ leaf) e teor relativo de água (RWC).....	43
Figura 12.	Plantas de soja em tubetes com substrato padronizado no estádio V3, já irrigadas no dia anterior ao início do estresse hídrico por suspensão da irrigação.	56
Figura 13.	Monitoramento da temperatura e umidade relativa do ar (UR%) com utilização de registrador de dados de termohigrógrafo (modelo U14-002, Hobo Onset®).....	57
Figura 14.	Monitoramento da condutância estomática (g_s) da cultivar sensível à seca, BR 16 com uso de medidor portátil de trocas gasosas LI-6400 (LiCor, Inc.).....	58
Figura 15.	Obtenção dos valores espectrais com uso do sensor hiperespectral Fieldspec 3 Jr, (ASD, Inc.), em detalhe o acessório plant probe do equipamento.	59
Figura 16.	Correlação de Pearson entre as variáveis analisadas, teor de clorofila (Clor), temperatura foliar ($T^{\circ}C$ foliar), Teor relativo de água (TRA) e bandas espectrais ρ_{1440} , ρ_{1920} , $SWIR_{1600}$ e $SWIR_{2300}$	63

Figura 17. Análise de Componentes Principais (PCA): teor de clorofila (Clor), temperatura foliar (T°C foliar), teor relativo de água (TRA) e bandas espectrais p1440, p1920, SWIR1600 e SWIR2300, componente principal 1 (Dim 1) e componente principal 2 (Dim 2)..... 64

LISTA DE TABELAS

Tabela 1.	Índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais utilizados para avaliação do déficit hídrico na cultura da soja.....	30
Tabela 2.	Análise de agrupamento de médias pelo teste Scott-Knott dos índices NDWI(1000-1600), NDWI(1000-2300), NMDI, MSI e SWIR- ρ 1440, para genótipos e condições hídricas.	38
Tabela 3.	Comparação de médias dos genótipos pelo teste de Tukey para as variáveis teor relativo de água (TRA), temperatura foliar ($T^{\circ}\text{C}$ foliar), condutância estomática (gs), fotossíntese (A), transpiração (Tr) e conteúdo interno de CO_2 (C_i), índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais nas condições hídricas controle (C) e déficit hídrico (DH).	41
Tabela 5.	Bandas espectrais utilizadas para avaliação do déficit hídrico na cultura da soja. e suas fórmulas de cálculo.	60
Tabela 6	Análise de variância das variáveis fisiológicas e bandas espectrais para os tratamentos acesso (A) e condições hídricas (CH) indicando os graus de liberdade (GL), quadrado médio, coeficiente de variação (CV) e média nas condições hídricas controle (C) e déficit hídrico (DH).	61

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	7
2.	REVISÃO DA LITERATURA	9
2.1.	A CULTURA DA SOJA	9
2.2.	DIVERSIDADE GENÉTICA DE CULTIVARES DE SOJA NO MUNDO E NO BRASIL	10
2.3.	DÉFICIT HÍDRICO E SUA IMPORTÂNCIA ECONÔMICA NA SOJICULTURA	12
2.4.	FISIOLOGIA DO ESTRESSE E MECANISMOS DE TOLERÂNCIA À SECA	15
2.5.	FENOTIPAGEM PARA TOLERÂNCIA À DÉFICIT HÍDRICO	17
2.6.	FENOTIPAGEM DE NOVA GERAÇÃO	18
2.4.	SELEÇÃO PRECOCE PARA DÉFICIT HÍDRICO	22
3.	ARTIGO A: ÍNDICES DE VEGETAÇÃO E BANDAS ESPECTRAIS NIR/SWIR COMO FERRAMENTA DE FENOTIPAGEM PARA DETERMINAÇÃO DO STATUS HÍDRICO EM SOJA	24
3.1.	RESUMO.....	24
3.2.	ABSTRACT	24
3.3.	INTRODUÇÃO	25
3.4.	MATERIAL E MÉTODOS	27
3.4.1.	Experimento I	27
3.4.2.	Experimento II	31
3.4.3.	Análise dos dados	33
3.5.	RESULTADOS.....	33
3.5.1.	Experimento I	33
3.5.2.	Experimento II	40
3.6.	DISCUSSÃO.....	44
3.7.	CONCLUSÃO	48
3.8.	REFERÊNCIAS.....	48

4.	ARTIGO B: FENOTIPAGEM DE ACESSOS DE SOJA PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS A TOLERÂNCIA À SECA	52
4.1.	RESUMO.....	52
4.2.	ABSTRACT.....	52
4.3.	INTRODUÇÃO	53
4.4.	MATERIAL E MÉTODOS	55
4.4.1	Escolha dos acessos	55
4.4.2.	Ensaio de fenotipagem	56
4.4.3.	Análise dos dados	60
4.5.	RESULTADOS.....	60
4.6.	DISCUSSÃO.....	64
4.7.	CONCLUSÃO.....	68
4.8.	REFERÊNCIAS.....	68
5.	CONSIDERAÇÕES FINAIS	72
	REFERÊNCIAS	74
	ANEXOS	82
	ANEXO 1. BALANÇO HÍDRICO (WB – <i>WATER BALANCE</i>) CALCULADO DE ACORDO COM THORNTHWAITE & MATHER (40) PARA PERÍODOS DE 10 DIAS (1, 2, 3) AO LONGO DA SAFRA 2017-2018 (DE OUTUBRO A MARÇO) EM LONDRINA, PR, BRASIL.	82
	ANEXO 2: GENÓTIPOS UTILIZADOS NO ESTUDO	83
	ANEXO 3. MÉDIAS DOS GENÓTIPOS AVALIADOS PARA AS VARIÁVEIS TEOR RELATIVO DE ÁGUA (TRA) E CLOROFILA NAS CONDIÇÕES HÍDRICAS CONTROLE E DÉFICIT HÍDRICO (DH).	89
	ANEXO 4. MÉDIAS DOS GENÓTIPOS AVALIADOS PARA A VARIÁVEL FISIOLÓGICA TEMPERATURA FOLIAR (T°C FOLIAR) E AS BANDAS ESPECTRAIS P1440, P1920, SWIR ₁₆₀₀ E SWIR ₂₃₀₀ NAS CONDIÇÕES HÍDRICAS CONTROLE E DÉFICIT HÍDRICO (DH).	93

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é a principal oleaginosa cultivada no mundo. Na safra 2017/2018 o Brasil produziu 118,88 milhões de toneladas, com crescimento de aproximadamente 5% em relação à safra anterior e aumento médio de 6,04 milhões de t ano⁻¹ nos últimos dez anos (CONAB, 2018). Apesar do cenário positivo apresentado pela cultura, fatores bióticos e abióticos provocam grandes preocupações, causando grandes perdas de rendimento e de qualidade dos grãos.

Dentre estes eventos ambientais extremos, a seca e a má distribuição de chuvas vêm apresentando aumentos de frequência, muito provavelmente em decorrência das mudanças climática, fenômeno associado ao conhecido aquecimento global. Além disso, o Brasil possui dimensões continentais e clima diversificado, onde a soja é cultivada nas mais diversas regiões. Esta diversidade de ambientes expõe a cultura frequentemente a períodos de deficiência hídrica, chamados “veranicos”, que mesmo sendo mais curtos, são suficientes para causar impactos negativos ao rendimento da cultura.

Neste contexto, muitas estratégias podem ser utilizadas visando a seleção de plantas mais tolerantes ao déficit hídrico. Cabe ressaltar que esta é uma característica quantitativa que envolve diversos genes de pequena atuação, que resultam em diferentes estratégias a níveis molecular, bioquímico, fisiológico e morfológico. No entanto, nos últimos anos, as tecnologias de sequenciamento de nova geração proporcionaram um maior entendimento genético funcional e estrutural desta característica. Estes estudos têm sido amplamente utilizados em várias culturas, pois facilitam a descoberta de genes e de marcadores associados às características de interesse.

Estes avanços na área da genotipagem precisam ser acompanhados por ferramentas de fenotipagem compatíveis com aplicação em larga escala, o que ainda se constitui em um desafio para a tolerância à seca, em razão da sua complexidade genética e por ser altamente influenciada pelo meio. Uma alternativa é avaliar os diferentes genótipos em ambientes controlados, isolando cada uma das variáveis que compõem a característica, decompondo-os em fatores, e avaliando-os isoladamente. Diversos trabalhos vêm utilizando esta

estratégia, realizando inclusive seleções precoces para características ligadas a tolerância das plantas à seca, como por exemplo, murcha lenta do dossel, geminação sob baixa disponibilidade hídrica, arquitetura de raiz da planta e fixação de nitrogênio durante a seca (ABDEL-HALEEM et al., 2012; MANAVALAN et al., 2015; SABOURI et al., 2012; CEREZINI et al., 2017).

Atualmente, as principais medidas fisiológicas utilizadas para caracterizar genótipos sob déficit hídrico são informações obtidas por metodologias demoradas e laboriosas, inviáveis para aplicações em larga escala. Assim, em programas de melhoramento, onde um grande número de genótipos e linhagens precisam ser avaliados, é importante que a estratégia de fenotipagem seja de baixo custo, fácil e de rápida mensuração, permitindo a avaliação de todo o *background*. Os investimentos em pesquisas e o número de trabalhos na área de fenotipagem de nova geração têm sido cada vez maiores. Trata-se de uma área em expansão, mas que ainda apresenta muitos desafios, principalmente quando se trata de tolerância a fatores abióticos.

Dentre as ferramentas utilizadas pela fenotipagem de nova geração, o uso de sensoriamento remoto tem se mostrado eficiente em programas de melhoramento genético (ARAUS; CAIRNS, 2014). Trata-se de um método de avaliação não destrutivo, rápido, preciso e de baixo custo que pode ser aplicado abrangendo muitas possibilidades. Esses métodos de avaliação podem ser aplicados à programas de melhoramento para seleção de genótipos com superiores ou ainda ser utilizados na caracterização dos acessos presentes em um banco de germoplasma, que é fundamental para a identificação dos genótipos com características de interesse. Esse tipo de informação é muito útil nos programas de melhoramento, pois a partir dela é possível identificar quais dos genótipos podem servir como fonte de alelos de resistência/tolerância visando tanto a introgressão desses genes por meio de cruzamentos como também, a identificação de genes ou de marcadores moleculares associados a essa característica.

Assim, o presente trabalho teve como objetivo analisar e validar a utilização de ferramentas de fenotipagem de nova geração em comparação a medidas fisiológicas, e fenotipar acessos de soja disponíveis no banco de germoplasma da Embrapa soja, incluindo genótipos de cultivares comerciais, linhagens geneticamente modificadas e PIs (*Plant Introductions*) de diversos locais do mundo, para características relacionadas à tolerância a seca.

2. REVISÃO DA LITERATURA

2.1. A CULTURA DA SOJA

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das espécies mais cultivadas no mundo. Na safra 2017/18 foram produzidas mais de 336 milhões de toneladas (t) do grão, dos quais Estados Unidos e Brasil são os principais produtores, cada um contribuindo com pouco mais de 35% deste total (USDA, 2018). Além disso, é reconhecida como uma das mais antigas culturas domesticadas e tem como centro de origem o norte da China (BONATO; BONATO, 1987). Era cultivada há pelo menos cinco mil anos e espalhou-se pelo mundo através de viajantes ingleses e imigrantes chineses e japoneses (MISSÃO, 2008).

Sua importância comercial teve início a partir da introdução da cultura nos Estados Unidos, onde era utilizada como espécie forrageira e planta de cobertura (HYMOWITZ; HARLAN, 1983). Em 1941, a área cultivada com o propósito forrageiro passou a ser inferior à área cultivada para grãos (EMBRAPA, 2004). No Brasil, as pesquisas com soja iniciaram-se na década de 1930 no Rio Grande do Sul e em 1947 as primeiras hibridações foram realizadas, na tentativa de obter novas cultivares (SEDIYAMA et al., 1999). Desde a década de 1930 o avanço na sojicultura levou nosso país a destacar-se entre os maiores produtores mundiais. O crescimento da produção do grão foi de aproximadamente 6 milhões de t ano⁻¹ nos últimos dez anos (CONAB, 2018).

Atualmente, como uma importante *commodity* para o agronegócio nacional, o complexo soja, liderou em 2017, na balança comercial, a pauta das exportações do país com 41.2% sobre o total exportado, com ingresso de mais US\$ 16 bilhões (MAPA, 2017). Cabe ressaltar que o agronegócio como um todo é responsável por cerca de 20% do PIB do Brasil e embora o país seja também exportador mundial de açúcar, café, suco de laranja e carne de frango, e o segundo maior exportador de carne e milho, a soja é a mais economicamente importante commodity agroindustrial produzida e exportada (COLUSSI et al, 2016; VERGARA et al., 2017).

Os resultados positivos do cenário de produção, produtividade e econômico da soja devem-se a diversos fatores, tais como o empreendedorismo dos produtores e principalmente à pesquisa científica, nas áreas de melhoramento de

plantas, solos e nutrição, máquinas agrícolas, entomologia e fitopatologia, entre outras (SILVA NETO, 2016).

Cabe ressaltar que o programa de melhoramento da soja no Brasil desempenhou um papel crucial no desenvolvimento de cultivares adaptadas à latitudes inferiores a 20° por meio da incorporação de genes que atrasam o florescimento, conferindo a característica de período juvenil longo (KIIHL; GARCIA, 1989), possibilitando o lançamento de novas cultivares e, assim, permitindo a expansão da cultura para o norte do país. Esse avanço do grão para o Cerrado e posteriormente para a região Norte, permitiu aumentos significativos na produção nacional (PRIOLLI et. al., 2004).

Apesar dos avanços da soja no País, sua produtividade e distribuição espacial são severamente afetadas por restrições impostas por fatores bióticos e abióticos, gerando novos desafios para as empresas de pesquisa públicas e privadas, que buscam desenvolver cultivares mais adaptadas e tolerantes aos mais variados estresses que acometem a cultura. Para tanto é essencial que haja variabilidade genética para estas características, pois ela é a base do melhoramento.

2.2. DIVERSIDADE GENÉTICA DE CULTIVARES DE SOJA NO MUNDO E NO BRASIL

Pode-se definir biodiversidade como a variedade e variabilidade existentes entre os organismos vivos e as complexidades ecológicas nas quais ocorrem, podendo ser entendida como uma composição de vários elementos hierárquicos: ecossistema, comunidade, espécies, populações e genes em determinada área (BRAMMER, 2000). A partir dessa definição, podemos concluir sobre a diversidade genética como sendo o quanto o material genético difere entre uma população.

A seleção de plantas superiores com características de interesse e a domesticação das plantas pela ação dos seres humanos, é tão, ou mais antiga que o surgimento da agricultura propriamente dita. Embora a seleção natural favoreça mecanismos de adaptação e sobrevivência, a atividade do melhoramento genético orientou a seleção para aumentar o rendimento econômico das espécies cultivadas (CATTIVELLI et al., 2008).

Quando novas populações são formadas a partir de um pequeno número de indivíduos, como ocorre na domesticação e seleção de plantas com características desejadas, observa-se a ação do efeito fundador e da deriva genética, onde os alelos variam ao acaso, e alguns são fixados enquanto outros são perdidos (FUTUYMA, 1992). Assim, formam-se gargalos genéticos que podem reduzir a diversidade genética, alterando as frequências alélicas, elevando o desequilíbrio de ligação e eliminando alelos raros da população (HALLIBURTON, 2004). Pode-se concluir então, que após tantos anos de domesticação, a soja atualmente cultivada, possui uma base genética bastante restrita e estreita. Em uma comparação entre genótipos de soja de linhagens e de cultivares elite, Valliyodan et al. (2016), observaram uma perda de cerca de 27% dos marcadores SNPs observados nos genótipos elite em relação aos das linhagens, mostrando em números, os impactos da seleção intensiva dos programas de melhoramento na obtenção de cultivares modernas.

Avaliando as diferentes variedades de soja presentes no banco de germoplasma nacional da China, Li et al. (2008), encontraram alta diversidade genética em um *cluster* composto por 365 variedades independentes de soja cultivadas nas províncias de Anhui, Fujian, Guangdong, Guangxi, Henan, Hebei, Jiangsu, Jiangxi, Xangai e Zhejiang. Os autores atribuíram a elevada diversidade como resultado de vários fatores, incluindo a ampla distribuição em área (de 100,35 a 121,52° E, 19,42 a 34,50° N), os sistemas de cultivo complexos, os ambientes diversos e os múltiplos tipos de uso.

Hyten et. al. (2006), analisando a diversidade genética de quatro grupos formados por cultivares elite da América do Norte; suas respectivas variedades fundadoras de origem asiática; variedades asiáticas e; acessos das espécies silvestres progenitoras da *G. max*, observaram ampla variação da diversidade genética entre os grupos estudados. Os autores concluíram que 79% das sequências raras (de baixa frequência) presentes nas variedades asiáticas foram perdidas nas cultivares elite. Dos milhares de acessos disponíveis, apenas 17 ancestrais norte americanos contribuem com 86% do parentesco entre as cultivares modernas (HYTEN et. al., 2006). Para a região Sul do Brasil, 70% das cultivares desenvolvidas descendiam de apenas duas linhagens (BONETTI, 1983).

Avaliando a variabilidade das cultivares utilizadas pelos agricultores brasileiros, Priolli et al. (2004) observaram que o índice de variabilidade entre as 184

cultivares, de diversos programas de melhoramento, variou de 0,435 a 0,809, e os maiores índices de diversidade genética foram atribuídos aos programas do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), da Agência Goiana/Emater (GO), da Coodetec, da Monsoy, da Embrapa e da Indusem/RB, respectivamente. Em estudo posterior, com 168 cultivares brasileiras, Priolli et al. (2010), observaram uma base genética estreita. Wysmierski e Vello (2013), observaram que quatro linhagens contribuíam com 55% da base genética das cultivares brasileiras modernas, sendo que destas quatro linhagens, uma principal contribuiu sozinha com 19,2%. Ainda segundo os autores, somente os 14 primeiros antepassados têm uma contribuição relativa média de 1% e sua contribuição genética acumulada é de 92,4%.

Em análise de estrutura de população, desequilíbrio de ligação e diversidade genética de 169 cultivares comerciais brasileiras, Contreras-Soto et al. (2017) observaram alta relação genética e estrutural entre as cultivares, resultando em cruzamentos com elevadas taxas de endogamia, reduzindo a recombinação entre estes, o que pode ter resultado na baixa diversidade genética e no alto desequilíbrio de ligação.

Todos esses relatos indicam a importância de manter em bancos de germoplasma e incluir na base do melhoramento genético de soja, novas linhagens oriundas de diferentes regiões do mundo, comumente chamadas de PIs (*Plant Introductions – Plantas introduzidas*). Estes genótipos passaram por poucos ou nenhum ciclo de melhoramento, e portanto, mantêm uma base genética mais ampla em relação às cultivares modernas (VALLIYODAN et al., 2016).

Além disso, a caracterização dos acessos presentes em um banco de germoplasma é fundamental para a identificação dos genótipos com características de interesse. Esse tipo de informação é muito útil nos programas de melhoramento, pois a partir dela é possível identificar quais dos genótipos podem servir como fonte de alelos de resistência/tolerância visando tanto a introgressão desses genes por meio de cruzamentos como também, a identificação de genes ou de marcadores moleculares associados a essa característica.

2.3. DÉFICIT HÍDRICO E SUA IMPORTÂNCIA ECONÔMICA NA SOJICULTURA

Diversos fatores ambientais podem limitar o desenvolvimento e a produtividade da soja. Estes fatores, bióticos e abióticos, correspondem,

respectivamente, aos pelos organismos presentes no ecossistema (incidência de pragas e doenças, competição inter e intraespecífica, etc) e as aspectos físicos, químicos ou físico-químicos presentes no ecossistema (qualidade de solo, temperatura, umidade, pH, entre outros).

Dentre os elementos climáticos, a temperatura, o fotoperíodo e a disponibilidade hídrica, são os que mais afetam o desenvolvimento e a produtividade da soja, por serem de difícil controle (FARIAS et al., 2007). O déficit hídrico, porém, é a condição abiótica mais limitante, provocando reduções drásticas no rendimento e na qualidade de sementes e grãos (LECOEUR; SINCLAIR, 1996). A imprevisibilidade das variações climáticas com a possibilidade de ocorrência de adversidades é o principal fator de risco e insucesso no cultivo da soja (FARIAS et al. 2001) em muitas áreas produtoras.

Desde 1988, ano de criação do Painel Intergovernamental sobre Mudanças Climáticas (IPCC - *Intergovernmental Panel on Climate Change*), as mudanças climáticas causadas, provavelmente em decorrência do aquecimento global são fonte de discussão e pesquisas de cientistas de todo o mundo. Desde sua criação, o IPCC libera relatórios científicos sobre os riscos de eventos extremos e desastres devido as mudanças climáticas. Em seu quinto relatório publicado em 2014, o IPCC trata o aquecimento global como uma realidade e relata diversos efeitos tais como o aumento das concentrações de CO₂ na atmosfera, a elevação dos níveis do mar, as elevações na temperatura média anual, além de alterações no nível global da água em resposta ao aquecimento no século XXI (IPCC, 2014). Ainda de acordo com esse relatório, o aquecimento se estenderá além de 2100 em praticamente todos os cenários apresentados.

Nosso país não está isento das consequências das mudanças climáticas. Com dimensões continentais e clima diversificado, a soja é cultivada nas mais diversas regiões do Brasil. São mais de 35 milhões hectares da cultura distribuídas ao longo de seu território (CONAB, 2018). Assim, as lavouras encontram-se frequentemente expostas a períodos de deficiência hídrica “veranicos”, os quais mesmo que curtos, são suficientes para causar impactos negativos ao rendimento da cultura. As perdas ocorridas nestes pequenos intervalos de escassez de chuva além de difíceis de ser mensurados ocorrem com muita frequência.

Avaliando o histórico brasileiro de dados climáticos nos últimos 30 anos, têm-se observado um aumento na frequência de eventos extremos, dentre eles secas históricas e episódios de restrição hídrica cada vez mais frequentes, bem como uma alteração na distribuição das chuvas nas diferentes regiões (MARENGO, 2014).

A preocupação com eventos de escassez de chuva é tão grande que existem em diferentes países esforços cada vez maiores em fazer o monitoramento por meio de dados climáticos e o sensoriamento remoto, com o objetivo de prever episódios de seca (PARK et al., 2018). Parte desse interesse se deve aos impactos econômicos e sociais causados pela falta de chuva. No Brasil, o agronegócio contribui com aproximadamente 20% do PIB (CEPEA, 2018). Assim, a ocorrência de períodos de déficit, mesmo que pequenos, acarretam grandes perdas econômicas significativas, dificultando uma mensuração precisa dos prejuízos causados anualmente.

De acordo com Farias et. al. (2001), estresse abióticos como a seca, reduzem os rendimentos das lavouras, e restringem as latitudes e os solos onde as espécies podem ser cultivadas. Os autores relatam ainda, perdas da ordem de 70% no rendimento médio de grãos devido a episódios de seca. Dados registrados durante 38 safras, de 1976/77 a 2013/2014, estimaram que o Brasil deixou de ganhar US\$ 79,62 bilhões em perdas de produção de soja, em especial devido às secas (FERREIRA, 2016). Somente entre os anos de 2004 e 2014, nosso país registrou um prejuízo de aproximadamente 27 bilhões de dólares (EMBRAPA, 2014). No ano de 2012, em decorrência de uma forte estiagem, houve uma redução de 80% da produção de soja esperada pelos EUA, maior produtor mundial da leguminosa, ocasião na qual US\$ 17,3 bilhões foram pagos pelas seguradoras aos agricultores norte-americanos (NRDC, 2013).

No contexto das previsões climáticas para os próximos anos, houveram suposições de que a produtividade de grãos, dentre eles da soja, seria beneficiada com o aumento da concentração de CO₂ na atmosfera, uma das alterações climáticas previstas pelo IPCC (2012). Porém Gray et al. (2016) concluíram em seu trabalho que mesmo as vantagens apresentadas nessas condições, não superam os danos causados pela ocorrência de anos mais quentes e secos. Este cenário ressalta a importância de buscar estratégias que possam minimizar os efeitos do déficit hídrico na produção do grão, assegurando a sustentabilidade da agricultura e garantindo a segurança alimentar mundial.

Franchini (2009), destaca a importância do manejo correto do solo, fundamental no desempenho da cultura quando esta é exposta a longos períodos com ausência de chuvas. Este autor ressalta ainda os benefícios da presença de palhada como cobertura do solo. Franchini também apresenta como alternativa o uso de cultivares com potencial genético para maior eficiência no uso da água, com sistemas radiculares bem desenvolvidos, embora existam outras características, além desta, que podem ser levadas em consideração.

Em outra vertente, a biotecnologia trouxe muitas ferramentas que permitiram o estudo dos genes expressos em condições de déficit hídrico e a identificação de potenciais genes que inseridos em cultivares de interesse, por metodologias de transformação genética poderão ter sua tolerância aumentadas. Assim as plantas geneticamente modificadas (GMs) se apresentam como uma alternativa viável e acessível para o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas a condições de escassez de água (BARBOSA et al., 2012).

2.4. FISILOGIA DO ESTRESSE E MECANISMOS DE TOLERÂNCIA À SECA

A seca, na lavoura, é uma característica altamente influenciada por condições edafoclimáticas, incluindo temperatura, baixa umidade relativa, distribuição e duração de chuvas durante o desenvolvimento das plantas, manejo e textura do solo (SINGH et al., 2015).

De modo geral, as plantas podem ser divididas em três diferentes grupos de quanto a sua adaptação à ambientes com escassez de água: as mais adaptadas a condições de estresse hídrico são conhecidas como xerófitas e são plantas naturais de ambientes áridos; as mesófitas crescem em ambientes semiáridos e sub úmidos; a maioria das plantas de interesse agrônômico, incluindo a soja, se enquadram nesta classificação; e por fim, as hidrófitas, adaptadas a locais úmidos (COWARDIN et al., 1979). Ou seja, durante a evolução, as plantas desenvolveram diversas estratégias de tolerância que permitiram seu crescimento em diferentes locais, de forma a viabilizar seu desenvolvimento (FANG; XIONG, 2015).

Para entender a complexidade das respostas das plantas ao déficit, é fundamental entendermos a fisiologia e a base genética responsável por esta resposta (MIR et al., 2012). A planta pode sentir os efeitos da seca em duas condições, quando a disponibilidade de água às raízes fica escassa ou quando a taxa

de transpiração se torna muito elevada (ANJUM. et al., 2011). Nestas condições uma série de alterações, morfológicas, fisiológicas, bioquímicas e moleculares nas plantas é iniciada em resposta (OSAKABE et al., 2014). A redução da expansão e tamanho foliar, a inibição fotossintética, o fechamento estomático e as alterações na produção de hormônios vegetais são exemplos dos efeitos desse déficit nas plantas.

Diferentes estratégias são utilizadas pelas plantas para sobreviver a seca, algumas envolvem mecanismos de proteção às membranas celulares e organelas, outras empregam um sistema de reparo constitutivo que lhes permite mobilizar rapidamente mecanismos de reparo na célula danificada após a reidratação (LE; MCQUEEN-MASON, 2006). Segundo Fang e Xiong (2015), os mecanismos de tolerância à seca apresentados pelas plantas podem ser classificados como: escape; evitamento; tolerância; e a recuperação dos efeitos sofridos pelo estresse. De acordo com os autores, a recuperação diz respeito a capacidade de retomada de crescimento e rendimento depois de sofrido o déficit; sendo os mecanismos de anulação e de tolerância ao estresse os principais utilizados pelas plantas.

O mecanismo de escape, refere-se ao ajuste do ciclo de crescimento e desenvolvimento da planta durante períodos de disponibilidade de água. Ou seja, algumas plantas buscam acelerar seu desenvolvimento para encerrar seu ciclo antes de serem prejudicadas pelo déficit hídrico (SADRAS et al., 2009). Porém, em culturas de interesse econômico, como é o caso da soja, a estratégia de escape pode ser produzida artificialmente selecionando cultivares cujos ciclos coincidem os estádios de maior demanda-*evapotranspirativa* da planta com períodos de maior disponibilidade hídrica (GIMENO et al., 1989).

As estratégia de evitamento ao déficit hídrico nas plantas, ilustra a capacidade destas em manter suas atividades em níveis normais mesmo sob déficit hídrico brando ou moderado. De acordo com Rauf et al. (2016), o evitamento envolve características morfo-fisiológicas como vigor precoce, raízes profundas, regulação estomática e ajuste osmótico que contribuem para evitar a desidratação dos tecidos pela perda de água para o meio, mantendo assim, o estoque hídrico do solo disponível.

Por sua vez, a estratégia de tolerância ao déficit hídrico é a capacidade que as plantas possuem de manter certo nível de atividade fisiológica sob condição severa de seca. Podem ser considerados como mecanismos de tolerância o acúmulo de protetores moleculares que permitem que a planta mantenha, pelo menos

parcialmente, sua funcionalidade em um estado desidratado, participando da tolerância à desidratação (RAUF et al., 2016).

2.5. FENOTIPAGEM PARA TOLERÂNCIA À DÉFICIT HÍDRICO

Estudos revelam que a tolerância a seca é uma característica quantitativa complexa e governada por muitos genes de pequeno efeito (*Quantitative Trait Loci* – QTLs) de baixa herdabilidade e alta interação com o ambiente (FLEURY et al., 2010), tornando a fenotipagem para esta característica um processo bastante dispendioso. Para Tuberosa (2012), a caracterização fenotípica para tolerância à seca, assim como para estabilidade de rendimento deve ser realizada em uma alta gama de ambientes, pois estas características variam dependendo das condições ambientais às quais são expostas.

Várias características indiretas podem ser utilizadas para observar a tolerância das plantas à seca. De acordo com Rebetzke et al. (2007), o vigor precoce das plantas pode ser usado como indicativo de maior uso eficiente da água. O volume, quantidade e arquitetura do sistema radicular também são indícios potenciais de incremento de tolerância a limitações hídricas e nutricionais (GONCALVES; LYNCH, 2014). Algumas plantas possuem folhas mais espessas e cerosas, diminuindo as perdas de água por evapotranspiração, outras possuem a capacidade de enrolar suas folhas, servindo como um mecanismo de evitamento (RAUF et al., 2016).

Rauf et al. (2016), citam ainda muitos outros mecanismos indiretos que podem indicar maior tolerância à seca em plantas, dentre eles a capacidade de manter-se verde mesmo após desidratação; a redução da temperatura do dossel; indicadores de ajustamento osmótico; a discriminação de isótopos de carbono, entre outros.

Dentre os métodos utilizados para caracterização de genótipos quanto à tolerância ao déficit hídrico podemos citar ainda o uso das escalas visuais (ABDEL-HALEEM et al., 2012; KALER et al., 2017; KING; PURCELL; BRYE, 2009), as quais dependem muito das condições ambientais no momento da avaliação e do avaliador, o que torna essas escalas subjetivas. Temos também o índice de sensibilidade ao déficit hídrico (DU et al., 2009; CHOWDHURY et al., 2016; BHATIA; JUMRANI, 2016),

que estima a adaptabilidade dos genótipos ao ambiente em função do rendimento do mesmo sob o déficit hídrico, descrito por Fischer e Maurer (1978). Ambos os métodos não permitem o isolamento de traços que possam posteriormente ser identificados como pontos de origem da tolerância, ou seja, não é possível, a partir destes identificar quais mecanismos estão atuando e em qual intensidade.

Mesmo com tantas abordagens, a fenotipagem de plantas para tolerância ao déficit hídrico representa um desafio, pois envolvem técnicas detalhadas, sofisticadas e geralmente caras para a fenotipagem, além de ser limitadas a um pequeno número de genótipos (SINCLAIR, 2011), o que é o caso das medidas de trocas gasosas (fotossíntese (A), transpiração (Tr) e condutância estomática (gs)) e teor relativo de água, que são métodos de fenotipagem para tolerância ao déficit hídrico amplamente utilizados (BAGHERZADI et al., 2017; HONNA et al., 2016; MARINHO et al., 2016; FUGANTI-PAGLIARINI et al., 2017). O teor relativo de água envolve a pesagem das amostras frescas, turgidas e posteriormente desidratadas, o que pode levar demasiado tempo dependendo do número de genótipos a ser avaliado. O que também é válido para a mensuração das trocas gasosas, obtida por meio de medidor portátil de trocas gasosas. O aparelho é normalmente utilizado entre 9:00 e 11:00 horas da manhã em condições de céu aberto, somando-se a isso um tempo médio de 3 minutos para estabilização do equipamento em cada leitura, o que limita o número de plantas à ser avaliadas. Estas limitações dos métodos de fenotipagem requerem novas alternativas para avaliação das plantas em condições de déficit hídrico, que permitam a identificação de genótipos superiores, bem como dos mecanismos envolvidos com a maior tolerância destes ao estresse.

2.6. FENOTIPAGEM DE NOVA GERAÇÃO

A partir do desenvolvimento das técnicas da genômica com alta geração de dados com baixo custo, é necessário que os métodos de avaliação do fenótipo das plantas acompanhe esse desenvolvimento. Assim a fenômica, ou fenotipagem de nova geração vêm atender essa demanda. Tardieu et al. (2017) definem o objetivo da fenotipagem de nova geração como o desenvolvimento e aplicação do conjunto de ferramentas e métodos usados para obter informações sobre estrutura, função e desempenho de um grande número de plantas na condição

em que estão inseridas; analisar, organizar e armazenar os conjuntos de dados resultantes; e desenvolver modelos capazes de desvendar e simular o comportamento da planta em diferentes ambientes. Nela estão envolvidas técnicas sofisticadas, com utilização de equipamentos modernos. Entre estas técnicas podemos citar espectroscopia de infravermelho próximo (NIR – *Near infrared*), reflectância espectral do dossel (SR – *Canopy Spectral Reflectance*) e termografia infravermelha (IRT – *Infrared Thermography*), ressonância magnética (MRI - *Magnetic Resonance Imaging*) e tomografia por emissão de positrões (PET – *Pósitron Emission Tomography*), ressonância magnética nuclear (RMN - *Nuclear Magnetic Resonance*) e plataformas integrativas (MIR et al., 2012).

O sensoriamento remoto é utilizado na agricultura de precisão desde a década de 1980 e praticado comercialmente desde os anos 1990. Sua aplicação se baseia na interação da radiação eletromagnética com as plantas ou o solo, onde normalmente se mede a radiação refletida (reflectância) pela superfície do objeto de interesse. De modo geral, estas medições podem ser realizadas por meio de sensores presentes em satélites, aeronaves, tratores ou até mesmo portáteis (MULLA, 2013).

Na agricultura, essa tecnologia vem sendo aplicada com diferentes finalidades dentre elas avaliar a erosão do solo e a presença de carbono orgânico no solo (NOVARA et al., 2018), realizar mapeamento do solo e caracterizar a resposta solo-vegetação à variabilidade climática (MAYNARD; LEVI, 2017), avaliar a biodiversidade de espécies em determinadas áreas (GHOLIZADEH et al., 2018), associado a métodos de *machine learning* (aprendizagem de máquina) para predição de risco de incêndios florestais (YU et al., 2017), e realizar fenotipagem de nova geração para a eficiência do uso da água pelos cultivos (THORP et al., 2018).

Com uso da fenotipagem de nova geração é possível fenotipar um grande número de plantas de forma rápida, precisa e com baixo custo, possibilitando identificar genótipos superiores (ARAUS; CAIRNS, 2014). A precisão dos dados depende do tipo de sensor, pois podem possuir diferentes resoluções espectrais e abranger maiores ou menores faixas do espectro eletromagnético.

Inicialmente as imagens remotas eram obtidas somente por meio de satélites e aeronaves tripuladas, os quais não fornecem resoluções espaciais e temporais adequadas, além de apresentar um alto custo. Porém atualmente, com a adoção do sensoriamento remoto próximo com sensores portáteis e do uso dos

veículos aéreos não tripulados (AUVs - *Autonomous Untripulated Vehicles*), como é o caso dos *drones*, houve uma evolução muito grande na aplicabilidade desta metodologia. O uso de sensores portáteis tem alta utilização na agricultura de precisão pois além de possuir alta resolução, possui menor custo e está menos propenso a problemas de interferência atmosférica (CRUSIOL et al., 2017).

As técnicas de sensoriamento remoto próximo incluem diferentes abordagens, dentre as mais aplicáveis para fenotipagem de campo estão espectrorradiometria (que inclui o sensoriamento remoto hiperespectral), termometria infravermelha e imagem termal, e fotografia digital convencional (ARAUS; CAIRNS, 2014). O sensoriamento remoto hiperespectral permite a avaliação das respostas espectrais das superfícies com alta resolução espectral (~10nm) em ampla faixa espectral, oferecendo imagens contínuas de 380 a 2500 nm (MULLA, 2013).

Cada objeto possui um comportamento distinto diante da radiação eletromagnética, a figura abaixo apresenta reflectância espectral de diferentes alvos naturais ao longo do espectro eletromagnético, conforme descrito por Moraes (2002) (Figura 1). Considerando uma folha sadia, a reflectância observada na região do visível (400 a 720 nm), diz respeito à presença de pigmentos nas folhas como clorofila e carotenoides. Na região do *Near Infra-Red* – NIR (720 a 1000 nm) há pequena absorção da radiação e ocorre o espalhamento interno da radiação na folha, fazendo com que não haja grandes mudanças do comportamento espectral, por estar diretamente ligado à estrutura celular da folha, enquanto na região do Short Wave Infra-Red – SWIR (1000 a 2500 nm) ocorre a absorção da radiação pelo conteúdo de água na folha (PONZONI; SHIMABUKURO; KUPLICH, 2015).

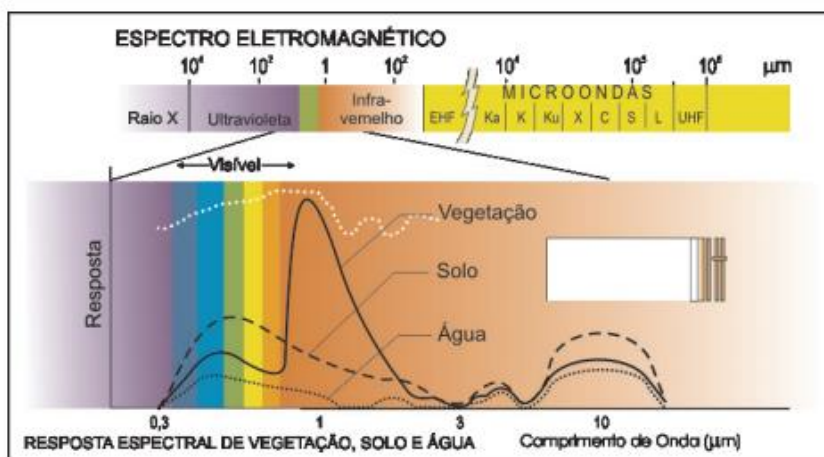


Figura 1. Reflectância espectral de alvos naturais.

Fonte: MORAES, 2002.

A utilização de valores de reflectância tem sido apontado como um método eficiente e não destrutivo para determinação do conteúdo de água nas folhas em diversas culturas tais como arroz, milho, amendoim, trigo e soja (INOUE; MORINAGA; SHIBAYAMA, 1993; KIM et al., 2012; HUNT et al., 2017). Os valores espectrais obtidos podem ser utilizados no cálculo de índices de vegetação (IVs), que nada mais são do que a combinação de diferentes faixas do espectro, com o objetivo de estimar vários parâmetros das plantas como área foliar, cobertura do solo, clorofila, etc. (KHANAL; FULTON; SHEARER, 2017). Chen et al. (2005), utilizaram IVs em avaliações de campos de milho e soja para determinar o conteúdo de água da vegetação. O parâmetro foi considerado eficiente, sugerindo que novos estudos dentro desta abordagem podem resultar em uma técnica robusta para este tipo de estimativa em culturas específicas.

Além dos IVs, as bandas, que compreendem uma faixa do espectro, também podem ser utilizadas com o propósito estimar alguns parâmetros das plantas. Este é o caso da região do visível, que vai de 400 a 700 nm, onde a faixa compreendida entre 430 e 660 nm corresponde à clorofila *a* e entre 450 e 650 nm corresponde a clorofila *b* (MULLA, 2013). Deste modo, faixas espectrais e índices de vegetação que utilizem regiões do espectro do visível como é o caso do NDVI (*Normalized Difference Vegetation Index*) são mais adequados para estimar fatores relacionados a diferenças de pigmentação nas plantas, como estado nutricional, por exemplo (CRUSIOL et al., 2017). Porém considerando o objetivo do trabalho em observar o comportamento das plantas sob déficit hídrico moderado, esse índice não é adequado, pois, de acordo com Crusiol et al. (2017) no caso específico do déficit hídrico as diferenças só são detectadas por esse índice em estádios mais avançados do estresse, dificultando muitas vezes a diferenciação de acessos.

Dentre os IVs, um dos mais utilizados é o NDVI (*Normalized Difference Vegetation Index*), o qual baseia-se em bandas espectrais vermelho (RED) e infravermelho-próximo (NIR – *Near infrared*). Embora seja um parâmetro promissor para avaliações do estado nutricional das plantas, no caso específico do déficit hídrico, as diferenças por esse índice só são detectadas em estádios mais avançados do estresse, dificultando muitas vezes a diferenciação de genótipos (CRUSIOL et al., 2017). Além do NDVI outros IVs e bandas já foram utilizados para determinar as condições hídricas da vegetação, entre eles o MSI (*Moisture Stress Index*) (HUNT JR; ROCK, 1989), NDWI (*Normalized Difference Water Index*) (GAO, 1996), SWIR (*Short-*

Wave Infra-red) (CHEN; HUANG; JACKSON, 2005) e NMDI (*Normalized Multi-band Drought Index*) (WANG; QU, 2007). Embora o potencial dessas ferramentas já tenha sido abordado em vários trabalhos, ainda existe a necessidade de se aprimorar a metodologia para as diferentes culturas, bem como identificar quais são os índices que mais se associam a uma determinada característica de interesse.

2.4. SELEÇÃO PRECOCE PARA DÉFICIT HÍDRICO

Por ser uma característica quantitativa, que envolve diversos genes de pequena contribuição, a tolerância à seca não deve ser avaliada pela produtividade final de genótipos submetidos ao déficit hídrico, uma vez que existe interação entre um grande número de fatores que podem, inclusive, mascarar genótipos promissores. Uma alternativa para evitar uma interpretação errônea é avaliar os diferentes genótipos sob condições ambientais controladas e isolar cada uma das características, decompondo-as em fatores, e avaliando-os isoladamente.

Assim, a taxa de germinação de soja pode ser utilizada para a identificação de QTLs associados a tolerância à salinização (KAN et al., 2016) e ao déficit hídrico. Produtos como NaCl e KCl, têm sido utilizados na avaliação de genótipos quanto ao tratamento salino, enquanto que, substâncias como o Polietileno Glicol (PEG), sorbitol, manitol, são utilizados para simular o déficit hídrico (ALVES BAKKE et al., 2006; BODSWORTH; BEWLEY, 1981; DA SILVA et al., 2006; KHODARAHMPOUR, 2011; QIE et al., 2014; SABOURI et al., 2012). Aspectos da germinação de sementes e de plântulas de gramíneas do gênero *Setaria* também foram avaliadas por Qie et al. (2014), buscando identificar QTLs que contribuam para o incremento da tolerância a seca nestas plantas. Aspectos semelhantes também foram utilizados para culturas tais como sorgo, milho, soja, trigo, entre outras (BODSWORTH; BEWLEY, 1981; KHODARAHMPOUR, 2011; TOBE et al., 2000; VARDHINI; RAO, 2003)

Outra característica que tem sido associada a tolerância à seca, é a maior resistência à murcha. Estes genótipos apresenta uma “murcha lenta” (*slow wilting*). Abdel-Haleem et al., (2012), determinaram como característica a ser avaliada em seu trabalho de mapeamento, a murcha lenta do dossel e identificaram sete QTLs para a característica. Já Dhanapal et al., (2015), buscaram identificar

SNP's associados a taxa de isótopos de carbono ($\delta^{13}\text{C}$) em soja, característica que tem sido associada a maior eficiência do uso da água em plantas.

Em estudo Manavalan et al. (2015), buscaram identificar QTLs associados ao crescimento e desenvolvimento de raízes em plântulas e plantas (V1, V3 e V4) de soja. Os autores obtiveram como resultado a identificação de um grande *locus* identificado no cromossomo oito, abrangendo uma região de 15 cM. Estes resultados, foram empregados para elucidar o valor biológico das sequências candidatas em condições de campo (MANAVALAN et al., 2015).

Para identificação de QTLs promissores é fundamental que a fenotipagem seja bem feita, fiel ao comportamento de cada planta, assegurando a confiabilidade do estudo. A partir da identificação de QTLs é possível, por meio do melhoramento genético assistido por marcadores moleculares, selecionar os cruzamentos que apresentam o maior número de características de interesse, resultando em genótipos superiores para produtividade, por exemplo, em condição de seca, permitindo o lançamento de cultivares com boas perspectivas produtivas e de estabilidade de rendimento em menor período de tempo (ABDEL-HALEEM et al., 2012; KAN et al., 2016). No entanto, após esta etapa é fundamental a validação em ensaio de campo, passo seguinte de estudos deste tipo (DHANAPAL et al., 2015; KAN et al., 2016; SABOURI et al., 2012).

Em outra vertente do uso de parâmetros para associação à características de interesse, Araus e Cairns (2014), apontaram que a fenotipagem de nova geração com uso de sensoriamento remoto pode ser uma ferramenta essencial no aumento da eficiência dos programas de melhoramento genético para satisfazer as necessidades das futuras gerações, dentre elas, o desenvolvimento de cultivares mais tolerantes ao déficit hídrico.

3. ARTIGO A: ÍNDICES DE VEGETAÇÃO E BANDAS ESPECTRAIS NIR/SWIR COMO FERRAMENTA DE FENOTIPAGEM PARA DETERMINAÇÃO DO STATUS HÍDRICO EM SOJA

3.1. RESUMO

A seca é um dos principais fatores limitantes da produção de soja. Uma das principais dificuldades para a seleção de genótipos tolerantes é a fenotipagem, tendo em vista que a maioria dos métodos disponíveis demanda tempo e esforço. Dessa forma, o desenvolvimento de metodologias capazes de determinar o status hídrico das plantas de forma rápida e prática pode ser útil para a distinção de genótipos sob condições de déficit hídrico. O objetivo deste trabalho foi correlacionar variáveis fisiológicas, tais como o teor relativo de água (TRA) e medidas de trocas gasosas, com índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais. Foram utilizados diferentes genótipos de soja, submetidos a condição de déficit hídrico e controle (irrigada). Dois ensaios foram conduzidos, um em câmara de crescimento (10 genótipos) e outro em condições de campo (quatro genótipos). As variáveis medidas foram TRA, temperatura foliar, fotossíntese, transpiração, condutância estomática e conteúdo interno de CO₂. Também foram obtidos, por meio de sensor hiperespectral, os índices de vegetação (IVs) NDWI₍₁₀₀₀₋₁₆₀₀₎, NDWI₍₁₀₀₀₋₂₃₀₀₎, NMDI, MSI e as bandas espectrais SWIR₁₆₀₀, SWIR₂₃₀₀, ρ₁₄₄₀, ρ₁₉₂₀, ρ_{1440+ρ1920}, ρ_{1920-ρ1440} e SWIR-ρ₁₄₄₀. Os resultados mostraram que as medidas fisiológicas, os IVs e as bandas espectrais foram capazes de diferenciar as condições hídricas distintas às quais os genótipos foram submetidos, e em alguns casos, os índices e as bandas foram mais sensíveis que as medidas fisiológicas na diferenciação dos genótipos sensíveis e tolerantes. Todos os índices e bandas se mostraram eficientes para determinação do status hídrico de plantas de soja, apresentando alta correlação com os parâmetros fisiológicos. Entretanto, os índices da região SWIR se mostraram mais adequados para tal finalidade, sendo mais sensíveis que as demais variáveis analisadas e assim, permitindo a diferenciação de um maior número de genótipos.

Palavras-chave: *Glycine max*, seca, trocas gasosas, teor relativo de água, fenotipagem, sensoriamento remoto.

3.2. ABSTRACT

Drought is one of the main limiting factors of soybean production. One of the main difficulties for selection of tolerant genotypes is phenotyping, since most of the available methods demand time and effort. Thus, the development of methodologies capable of determining the water status of plants in a fast and practical way can be useful for distinguishing genotypes under water deficit conditions. The objective of this work was to correlate physiological parameters such as relative water content (RWC) and gas exchange measurements, with vegetation indexes (VIs) and spectral

bands. Different soybean genotypes were used, submitted to water deficit and control (irrigated) conditions. Two assays were carried out, one in a growth chamber (with 12 genotypes) and other in field condition (with four genotypes). The variables measured were RWC, leaf temperature, photosynthesis, transpiration, stomatal conductance and internal CO₂ content. VIs such as NDWI₍₁₀₀₀₋₁₆₀₀₎, NDWI₍₁₀₀₀₋₂₃₀₀₎, NMDI, MSI, $\rho_{1440} + \rho_{1920}$, $\rho_{1920} - \rho_{1440}$ and SWIR- ρ_{1440} and the spectral bands SWIR₁₆₀₀, SWIR₂₃₀₀, ρ_{1440} , ρ_{1920} , ρ_{1440} were also obtained through hyperspectral sensor. Results showed that physiological measurements, VIs and spectral bands were able to differentiate the contrasting water conditions to which the genotypes were submitted, and in some cases the indexes and the bands were more sensitive than the physiological measures .in the differentiation of sensitive and tolerant genotypes. All indexes and bands were efficient to determine the water status of soybean plants, presenting a high correlation with the physiological parameters. However, the SWIR indexes were more adequate for the purpose, being more sensitive than the other analyzed variables allowing the differentiation of a greater number of genotypes.

Keywords: *Glycine max*, drought, correlation, phenotyping, remote sensing.

3.3. INTRODUÇÃO

A soja é considerada a principal oleaginosa cultivada no mundo, com um total de 336.7 milhões de toneladas (t) do grão produzidos no último ano (USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE, 2018). O Brasil, contribuiu com aproximadamente 118.88 milhões de t, com crescimento de 6.04 milhões de t ano⁻¹ nos últimos dez anos (CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2018). Apesar do cenário positivo apresentado pela cultura, fatores bióticos e abióticos geram grandes preocupações, causando enormes perdas de rendimento e de qualidade dos grãos.

Estudos apontam a imprevisibilidade climática como o principal fator de risco para a produção agrícola (BINI; CANEVER, 2015; DO RIO et al., 2016; HAILE et al., 2017), sendo a seca o principal fator limitante à produtividade da soja (BURTON; MIRANDA, 2013; KIRIGA; YU; BILL, 2016; YANG et al., 2010). Na safra 2015/2016, o Brasil chegou a registrar uma redução de até 61% em determinadas regiões (HIRARUKI, 2014). Os danos causados pela seca acarretam grandes prejuízos financeiros ao país. Dados registrados entre as safras de 1976/77 e 2013/14 estimaram uma perda de US\$ 79,62 bilhões em decorrência principalmente de eventos de seca (FERREIRA, 2016). Além do impacto atual na produção, previsões indicam um aumento da ocorrência de fatores extremos e de episódios de restrição hídrica nos próximos anos, o que pode resultar em perdas ainda maiores no futuro

(DOS SANTOS et al., 2011; IPCC - INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE, 2012; MARENGO, 2014). Estes cenários adicionam mais preocupações e reforçam a necessidade de busca por alternativas para o desenvolvimento de cultivares mais tolerantes, visando minimizar os efeitos do déficit hídrico.

Neste sentido, diversos programas de melhoramento têm buscado desenvolver cultivares de soja tolerantes ao déficit hídrico. No entanto, é um trabalho oneroso, principalmente por tratar-se de uma característica governada por grande número de genes e influenciada pelo ambiente (MANAVALAN et al., 2009). Outro desafio é a fenotipagem de genótipos tolerantes devido à diversidade de resposta das plantas a este tipo de estresse. Algumas avaliações baseiam-se apenas em escalas de notas visuais subjetivas (ABDEL-HALEEM et al., 2012; KALER et al., 2017; KING; PURCELL; BRYE, 2009), aumentando a chance de erros. Outros trabalhos realizam avaliações baseadas na determinação de trocas gasosas como taxa de transpiração (Tr), condutância estomática (gs), fotossíntese (A), teor relativo de água da folha (TRA) e testes de sobrevivência (BAGHERZADI et al., 2017; BAI; PURCELL, 2018; CHOWDHURY et al., 2017; MARINHO et al., 2016; MUTAVA et al., 2015). Apesar de úteis para determinação de características associadas à tolerância à seca, tratam-se de métodos demorados e destrutivos, o que os torna limitantes para uso em condição de campo. Por isso a importância do uso de ferramentas alternativas capazes de auxiliar na fenotipagem destes genótipos, que uma vez otimizadas, possam ser aplicados em larga escala.

Neste direcionamento, a utilização de valores de reflectância tem sido apontada como um bom método não destrutivo para determinação do conteúdo de água nas folhas em diversas culturas como arroz, milho, amendoim, trigo e soja (HUNT JR et al., 2017; INOUE; MORINAGA; SHIBAYAMA, 1993; KIM et al., 2012). Chen et al. (2005), também utilizaram índices de vegetação (IVs) em avaliações de campos de milho e soja para determinar o conteúdo de água da vegetação. Este parâmetro foi considerado eficiente pelos autores, sugerindo que novos estudos dentro desta abordagem podem resultar em uma técnica robusta para este tipo de estimativa em culturas específicas.

Dentre os IVs, um dos mais utilizados é o NDVI (*Normalized Difference Vegetation Index*), que se baseia em bandas espectrais vermelho (RED) e infravermelho-próximo (NIR – *Near infrared*). Embora promissor para avaliações do estado nutricional das plantas, no caso específico do déficit hídrico, as diferenças

utilizando estes IVs só são detectadas em estádios mais avançados do estresse, dificultando muitas vezes a diferenciação de genótipos (CRUSIOL et al., 2017). Além do NDVI outros IVs já foram utilizados para determinar as condições hídricas da vegetação, entre esses o MSI (*Moisture Stress Index*) (HUNT JR; ROCK, 1989), NDWI (*Normalized Difference Water Index*) (GAO, 1996), SWIR (*Short-Wave Infra-red*) (CHEN; HUANG; JACKSON, 2005) e NMDI (*Normalized Multi-band Drought Index*) (WANG; QU, 2007). Embora o potencial dessas ferramentas já tenha sido comprovado em vários trabalhos, ainda há necessidade de aprimorar a metodologia para diferentes culturas, como a soja, bem como identificar quais são os índices que mais se associam à característica de interesse.

Considerando estes aspectos, o presente trabalho teve como objetivo correlacionar respostas fisiológicas, como trocas gasosas e TRA, com índices de vegetação e bandas espectrais de diferentes genótipos de soja sob condição de déficit hídrico, visando estabelecer um método rápido e eficaz de fenotipagem para aplicação em condições de campo.

3.4. MATERIAL E MÉTODOS

3.4.1. Experimento I

Foi conduzido em câmara climática para crescimento de plantas com temperaturas mínimas e máximas de 24°C e 30°C, respectivamente, e umidade média de 65%. Para este ensaio, foram utilizados dez genótipos de soja (BR 16, 1Ea2939, BRB14-211566, BRS 388 RR, BRS 1001 IPRO, BRS 1003 IPRO, TMG 7062 IPRO, M 6210 IPRO, DM 6563 IPRO e BRS 413 RR). O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso, em esquema fatorial, com nove repetições, sendo fator 1 genótipo e fator 2 condição hídrica, representada pelos tratamentos controle (C) e déficit hídrico (DH). A cultivar BR 16 e a linhagem geneticamente modificada (GM) 1Ea2939 foram selecionadas por apresentarem respectivamente características de sensibilidade e tolerância ao déficit hídrico (MARINHO et al., 2016; OYA et al., 2004). As sementes foram semeadas em tubetes preenchidos com uma quantidade padronizada de 300 g de substrato:areia (1:1), na qual o substrato foi solo: areia: compostos orgânicos (3:2:2).

Após a germinação, as plantas foram mantidas sob condições ótimas de cultivo até atingirem o estágio de desenvolvimento V3 (FEHR et al., 1971) quando

o tratamento de DH foi iniciado por meio de suspensão da irrigação. Durante o período experimental, as plantas controle continuaram recebendo irrigação normalmente, mantendo-se hidratadas. A temperatura e a umidade relativa (UR%) foram registradas a cada cinco minutos, usando um registrador de dados de termohigrógrafo (modelo U14-002, Hobo Onset®), sendo registradas as médias das temperaturas mínimas e máximas $24,5 \pm 2^\circ\text{C}$ e $29 \pm 2^\circ\text{C}$, respectivamente, e a UR% média de 65%.

Durante o período de duração do tratamento, foi monitorado a condutância estomática (gs) do padrão sensível, com o auxílio de um medidor portátil de trocas gasosas (LI-6400XT, LI-COR) (Figura 2). As medições foram realizadas entre 9 e 11h, com o aparelho nas seguintes condições: radiação fotossinteticamente ativa (PAR), $1000 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$; referência de CO_2 , $400 \mu\text{mol mol}^{-1}$; referência de água, $18\text{-}20 \text{ mmol mol}^{-1}$; fluxo de CO_2 , $400 \mu\text{mol s}^{-1}$. As avaliações foram iniciadas quando a gs encontrava-se abaixo $0,200 \text{ mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$ nas plantas tratadas e $> 0,200 \text{ mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$ nas plantas controle, conforme descrito por Flexas et al. (2004). Para avaliação do experimento, foram coletadas amostras de folhas para o cálculo de teor relativo de água (TRA) por meio da fórmula proposta por Schonfeld et al. (1988):

$$\text{TRA (\%)} = \frac{(\text{Peso fresco} - \text{Peso seco})}{(\text{Peso turgido} - \text{Peso seco})} \times 100.$$



Figura 2. Monitoramento da condutância estomática (gs) da cultivar BR 16 (padrão de referência sensível) com medidor portátil de trocas gasosas.

Os valores de reflectância foram obtidos com uso do sensor hiperespectral Fieldspec 3 Jr, (ASD, Inc.), com resolução espectral de 3 nm na faixa entre 350 e 1400 nm e 30 nm na faixa de 1400 a 2500 nm, equipado com o acessório *plant probe*, que realiza a leitura somente da folha de interesse e elimina a interferência da iluminação externa nos valores obtidos (Figura 3). Os dados obtidos foram coletados em reflectância e avaliados por meio de índices de vegetação (IV) e bandas espectrais. No total, foram utilizados sete IVs e quatro bandas espectrais para determinação de correlação, incluindo índices já conhecidos, adaptações destes e alguns novos IVs, conforme descrito na Tabela 1.



Figura 3. Obtenção dos valores espectrais com uso do sensor hiperespectral para posterior cálculo dos índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais.

Tabela 1. Índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais utilizados para avaliação do déficit hídrico na cultura da soja.

Índices de vegetação (VIs)	NDWI₍₁₀₀₀₋₁₆₀₀₎	$NDWI_{(1000-1600)} = \frac{\lambda_{(761 - 1001nm)} - \lambda_{(1621 - 1661nm)}}{\lambda_{(761 - 1001nm)} + \lambda_{(1621 - 1661nm)}}$
	NDWI₍₁₀₀₀₋₂₃₀₀₎	$NDWI_{(1000-2300)} = \frac{\lambda_{(761 - 1001nm)} - \lambda_{(2131 - 2231nm)}}{\lambda_{(761 - 1001nm)} + \lambda_{(2131 - 2231nm)}}$
	NMDI	$NMDI = \frac{[\lambda_{(761 - 1001nm)} - (\lambda_{(1621 - 1661nm)} - \lambda_{(2131 - 2231nm)})]}{[\lambda_{(761 - 1001nm)} + (\lambda_{(1621 - 1661nm)} - \lambda_{(2131 - 2231nm)})]}$
	MSI	$MSI = \frac{\lambda_{1600nm}}{\lambda_{820nm}}$
	$\rho_{1440} + \rho_{1920}$	$\rho_{1440} + \rho_{1920} = \lambda_{(1436 - 1445nm)} + \lambda_{(1916 - 1925nm)}$
	$\rho_{1920} - \rho_{1440}$	$\rho_{1920} - \rho_{1440} = \lambda_{(1916 - 1925nm)} - \lambda_{(1436 - 1445nm)}$
	SWIR-ρ_{1440}	$SWIR - \rho_{1440} = \lambda_{(2131 - 1925nm)} - \lambda_{(1436 - 1445nm)}$
Bandas espectrais	SWIR₁₆₀₀	$SWIR_{(1600)} = \lambda_{(1621 - 1661nm)}$
	SWIR₂₃₀₀	$SWIR_{(2300)} = \lambda_{(2131 - 2231nm)}$
	ρ_{1440}	$\rho_{1440} = \lambda_{(1436 - 1445nm)}$
	ρ_{1920}	$\rho_{1920} = \lambda_{(1916 - 1925nm)}$

Legenda: NDWI (Normalized Difference Water Index), NMDI (Normalized Multi-band Drought Index), MSI (Moisture Stress Index) e SWIR (Short-Wave Infra-Red).

3.4.2. Experimento II

O segundo experimento foi conduzido a campo na estação experimental da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Soja), localizada em Londrina, Paraná, Brasil (23 ° 11 ' 37 "S, 51 ° 11'03" W; 630 m de altitude). A área está localizada na região Norte Central do estado do Paraná, que apresenta segundo classificação de Köppen clima Cfa (Subtropical úmido com verão quente) e solo classificado como Latossolo Vermelho Distrófico, com 71% de argila.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, em esquema de parcelas subdividas, com quatro repetições. As parcelas completas consistiam-se de duas condições de hídricas, controle (C) e déficit hídrico (DH), e as subparcelas de quatro genótipos de soja, sendo dois deles cultivares comerciais (BR 16 e BRS 184) e duas linhagens geneticamente modificadas com genes para tolerância à seca (1Ea15 e 2Ia4), não comerciais desenvolvidas pela Embrapa. A linhagem 1Ea15 foi obtida pela transformação da cultivar BR 16 com a inserção do gene *AREB1* e a linhagem 2Ia4 pela transformação da BRS 184 com a inserção do gene *AtGols2* (MARINHO et al., 2016; HONNA et al., 2016). Cada subparcela consistia de uma área de 9 m².

A fertilização foi feita com base nos resultados da análise do solo e as práticas culturais foram realizadas conforme recomendações para a cultura da soja (EMBRAPA, 2013). As sementes foram previamente tratadas com fungicida e inseticida (200 g de carboxina e 250 g de fipronil / 100 kg) para prevenir possíveis ataques de pragas de solo. Foi realizada também a inoculação em sulco com as estirpes SEMIA 5079 e SEMIA 5080 de *Bradyrhizobium japonicum*, conforme recomendações para cultura. A implantação do experimento ocorreu no dia 18 de outubro de 2017, e a semeadura foi efetuada de forma a se obter uma densidade de 32 plantas/m², com espaçamento de 0,5 m entre linhas e 16 plantas/m.

No tratamento de déficit hídrico, as plantas foram cultivadas em abrigos que se moviam cobrindo as parcelas correspondentes na ocorrência de chuvas, e movendo-se novamente para descobri-las ao final da precipitação, conforme descrito por Mertz-Henning et al. (2017) (Figura 4). O tratamento foi imposto durante o período reprodutivo nas parcelas na condição DH, tendo início no dia 19 de dezembro de 2017 e as avaliações foram realizadas em estágio R6 (FEHR et al., 1971), 51 dias após o início do tratamento.



Figura 4. Abrigos sob os quais as plantas foram cultivadas para serem submetidas ao déficit hídrico (MERTZ-HENNING et al., 2017).

As leituras de cada variável foram feitas em três plantas escolhidas aleatoriamente em cada subparcela e a média destas leituras caracterizaram uma observação. Foram realizadas medidas de fotossíntese (A), condutância estomática g_s , conteúdo interno de CO_2 (C_i), transpiração (Tr) e temperatura foliar ($T^{\circ}C$ foliar) com o uso de um medidor portátil de trocas gasosas (LI-6400XT, LI-COR). As medições foram realizadas entre 9 e 11h, com o aparelho nas seguintes condições: radiação fotossinteticamente ativa (PAR), $1000 \mu mol m^{-2} s^{-1}$; referência de CO_2 , $400 \mu mol mol^{-1}$; referência de água, $18-20 mmol mol^{-1}$; fluxo de CO_2 , $400 \mu mol s^{-1}$. Os valores de reflectância foram amostrados com o uso de sensor hiperespectral *Fieldspec 3 Jr* (ASD, Inc.). Também foi realizada uma coleta de amostras de folhas para o cálculo de TRA. Os procedimentos para cálculo do TRA e IVs neste segundo ensaio foram os mesmos adotados no experimento I.

Para o ensaio de campo foram realizadas medidas da umidade gravimétrica do solo (UGS) das parcelas completas nas profundidades de 0-20 cm e 20-40 cm. As amostras de solo foram coletadas de forma homogênea e acondicionadas em recipientes de alumínio ($\sim 300 cm^3$), com tampa, previamente pesados e logo em seguida selados e encaminhados para o laboratório de Biotecnologia Vegetal da Embrapa Soja para determinação do peso fresco. Posteriormente, as amostras foram colocadas para secar em estufa a $\pm 105^{\circ}C$ por 48h para a determinação do peso seco. A UGS foi determinada conforme a fórmula descrita por Blake e Hartge

$$(1986): UGS (\%) = \frac{(\text{Peso fresco} - \text{Peso seco})}{\text{Peso seco}} \times 100.$$

3.4.3. Análise dos dados

Todas as variáveis foram submetidas à análise de variância; em seguida foram realizados testes de agrupamento de médias de Scott-Knott para o experimento I e de comparação de médias de Tukey para o experimento II. Posteriormente foi calculado o coeficiente de correlação de Pearson entre as variáveis e os dados foram agrupados por meio de *heatmap*, com base na análise de agrupamento de Ward utilizando distância euclidiana média padronizada. Todas as análises estatísticas foram realizadas pelo software R com a interface “RStudio” (RSTUDIO-TEAM, 2013) e auxílio dos pacotes “ExpDes.pt” (FERREIRA; CAVALCANTI, PORTYA PISCITELLI NOGUEIRA, 2018) e “Pheatmap” (KOLDE, 2018). O Máximo p valor aceito como significativo foi de 0.05.

3.5. RESULTADOS

3.5.1. Experimento I

Pela análise de variância foi observado efeito significativo dos genótipos e da condição hídrica para TRA e os diferentes índices e bandas espectrais. O déficit hídrico proporcionou diferentes respostas na maioria das cultivares, em relação à condição controle, indicando que a metodologia utilizada na indução do estresse foi eficiente para discriminação de genótipos.

Os genótipos 1Ea2939 e BRS 413 obtiveram os maiores valores de TRA (92,45 e 90,57%, respectivamente). Outros genótipos que apresentaram altos valores de TRAs, apesar de diferirem destes últimos, foram os genótipos BRB14-211566 e DM 6563 IPRO, que apresentaram TRA relativamente alto mesmo sob DH (89 e 86,5%, respectivamente). Os menores valores de TRA foram obtidos para as cultivares BRS 388 RR, TMG 72062 IPRO e BR 16 (66,73, 56,73 e 53,53%, respectivamente) (Figura 5).

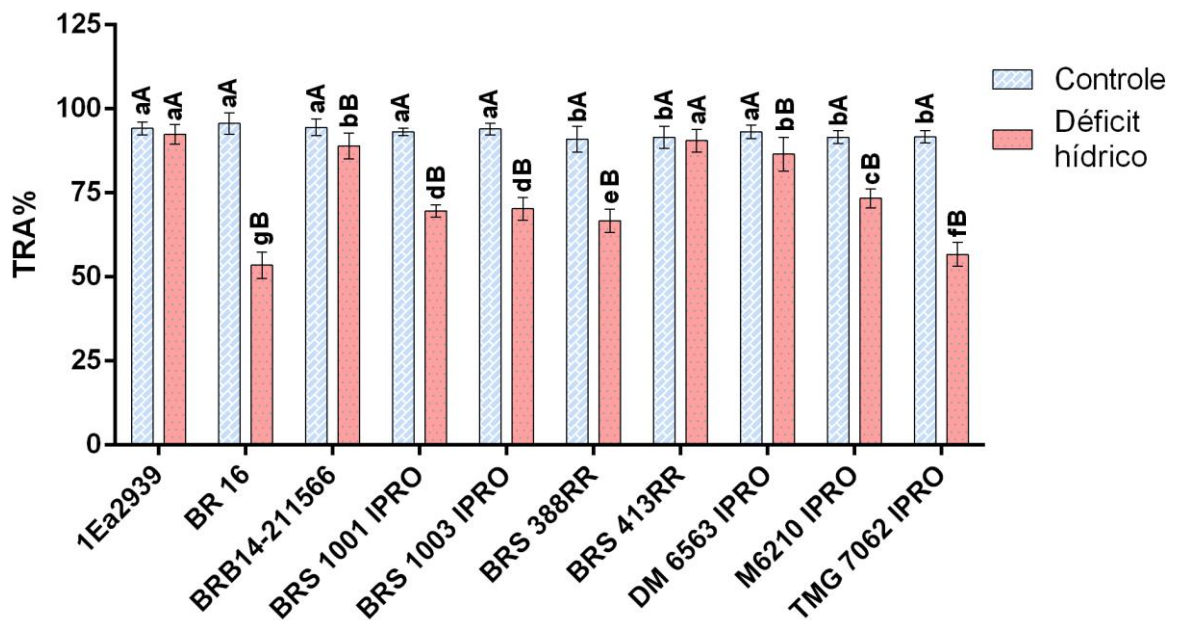


Figura 5. Agrupamento de médias pelo teste Scott-Knott para interação entre os genótipos e as condições controle e déficit hídrico para a variável teor relativo de água (TRA).

*Médias seguidas de mesma letra minúscula não diferem entre si dentro de cada condição hídrica e seguidas de mesma letra maiúscula não diferem entre si em cada genótipo entre as condições hídricas a $p \leq 0,05$.

Os IVs e bandas utilizados foram selecionados com base no comportamento espectral da vegetação. Considerando uma folha sadia, a reflectância observada na região do visível (400 a 720 nm), diz respeito à presença de pigmentos nas folhas como clorofila e carotenoides. Na região do *Near Infra-Red* – NIR (720 a 1000 nm) há pequena absorção da radiação e ocorre o espalhamento interno da radiação na folha, fazendo com que não haja grandes mudanças do comportamento espectral, por estar diretamente ligado à estrutura celular da folha, enquanto na região do Short Wave Infra-Red – SWIR (1000 a 2500 nm) ocorre a absorção da radiação pelo conteúdo de água na folha, resultando em baixos valores de reflectância. Assim, quanto maior o conteúdo de água na folha, menor a reflectância da mesma como podemos observar nas inflexões na faixas de reflectância de ~1440 nm e ~1920 nm (Figura 6).

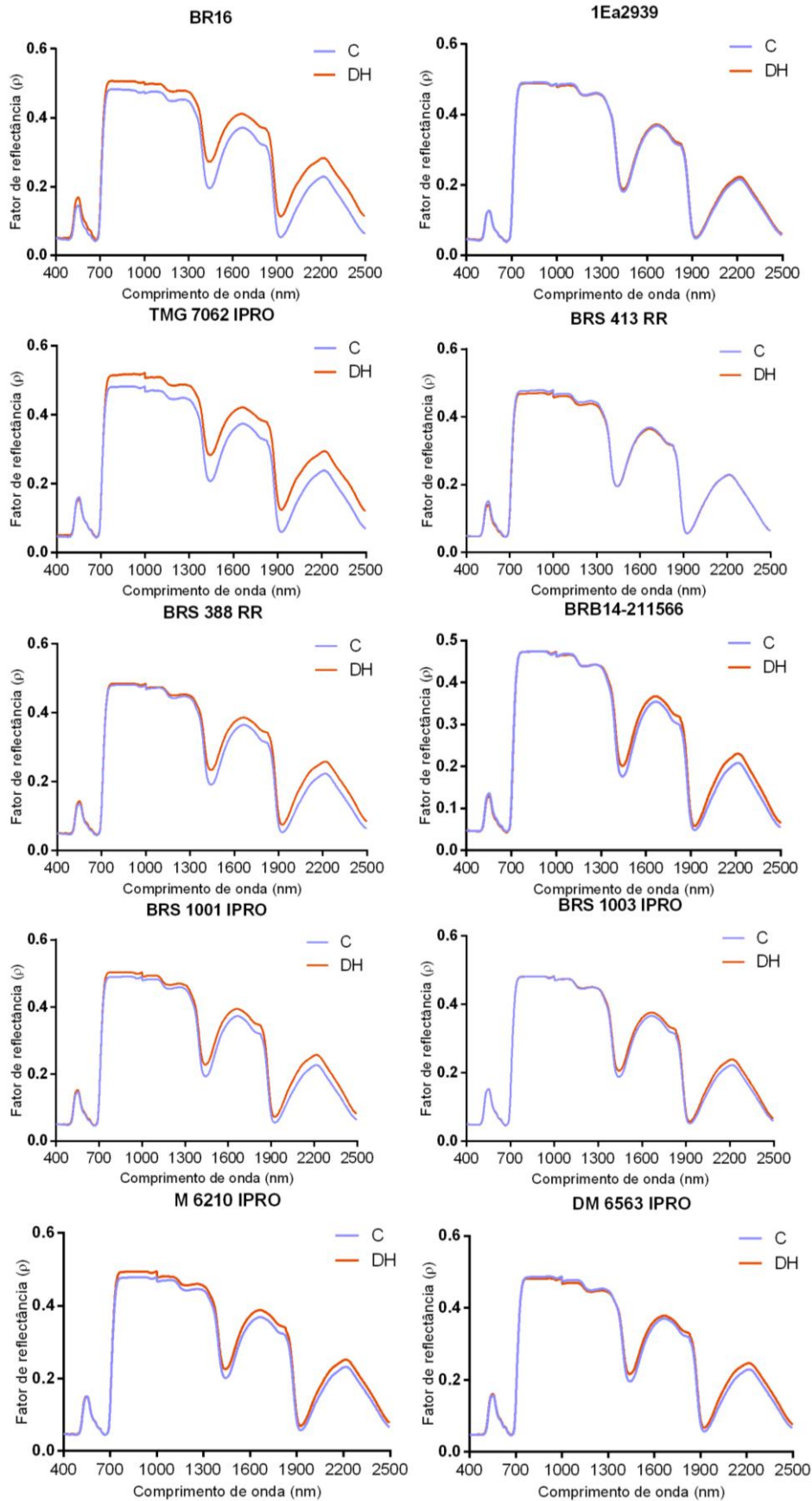


Figura 6. Curva espectral das folhas dos genótipos de soja nas condições controle (C) e déficit hídrico (DH).

Devido ao comportamento espectral da vegetação na porção SWIR, maiores valores dos índices $NDWI_{(1000-1600)}$, $NDWI_{(1000-2300)}$, NMDI, $SWIR-p1440$ e $p1920-p1440$ indicam maior conteúdo de água na folha. Já para os índices MSI e $p1440+p1920$ e bandas $SWIR_{1600}$, $SWIR_{2300}$, $p1440$ e $p1920$ menores valores indicam maior conteúdo de água na folha.

Para os índices $p1440+p1920$ e $p1920-p1440$, e as bandas $SWIR_{(1000-1600)}$, $SWIR_{(1000-2300)}$, $p1440$ e $p1920$, houve interação significativa entre os genótipos e condição hídrica (Figura 7). Esses índices foram concordantes com TRA na diferenciação dos genótipos. Assim, os genótipos que se destacaram como superiores foram a linhagem 1Ea2939 e a cultivar BRS 413 enquanto que as cultivares BR 16, BRS 388 RR e TMG 72062 IPRO, apresentaram desempenho inferior. Os demais genótipos apresentaram comportamentos intermediários. Alguns IVs não apresentaram interação significativa entre fatores, como é o caso do $NDWI_{(1000-1600)}$, $NDWI_{(1000-2300)}$, NMDI, MSI e $SWIR-p1440$ (Tabela 2), entretanto, mostraram efeitos simples estatisticamente significativos.

Com relação aos IVs utilizados foi observado que os resultados seguem a tendência do TRA, onde os genótipos 1Ea2939 e BR 16 encontram-se em diferentes grupos de médias, possuindo os resultados mais divergentes (Figura 7 e Tabela 2). A resposta ao déficit hídrico tão discrepante entre estes genótipos pode ser observada na curva espectral entre 400 e 2500 nm. A partir das curvas espectrais de cada genótipo podemos observar visualmente quais foram mais tolerantes ao déficit hídrico, que se assemelham mais à 1Ea2939 e quais foram mais sensíveis e se assemelham à BR 16, apresentando menor *status* hídrico nas folhas (Figura 6).

Tratando-se dos resultados apresentados pelos genótipos no DH, a cultivar BR 16 encontra-se no grupo com maiores valores de SWIR, juntamente com a cultivar TMG 7062 IPRO, pois possuem menor conteúdo de água na folha de forma que menos radiação é absorvida, elevando os valores de reflectância. Enquanto o genótipo 1Ea2939, juntamente com o genótipo BRB14-211566, apresentam as menores médias para as bandas SWIR, por possuírem mais água presente em seus tecidos (Figura 7).

Pela análise de correlação de Pearson, o maior valor observado entre o TRA e os IVs/bandas foi -0.91 para as bandas $SWIR_{1600}$ e $p1440$, e 0,91 para o IV $p1920-1440$. O menor coeficiente de correlação com o TRA neste ensaio ficou com o IV $SWIR-1440$, 0,74 (Figura 8).

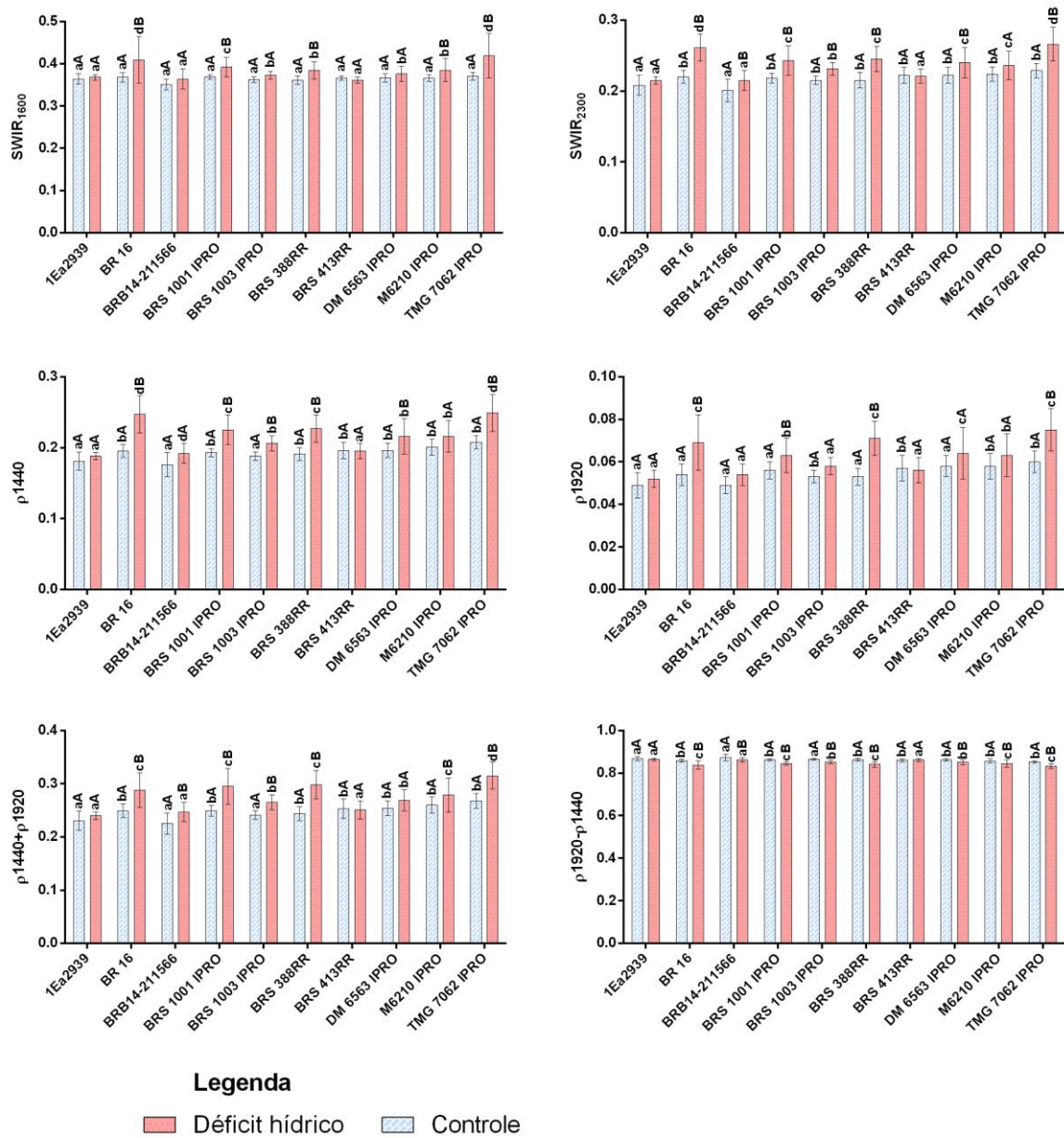


Figura 7. Análise de agrupamento de médias pelo teste Scott-knott na interação entre genótipos e condição hídrica para as variáveis SWIR1600, SWIR2300, p_{1440} , p_{1920} , $p_{1440}+p_{1920}$ e $p_{1920}-p_{1440}$.

*Médias seguidas de mesma letra minúscula não diferem entre si dentro de cada condição hídrica e seguidas de mesma letra maiúscula não diferem entre si em cada genótipo entre as condições hídricas a $p \leq 0,05$.

** Por tratar-se de uma variável negativa, o IV $p_{1920}-p_{1440}$ foi acrescido da constante 1.

Tabela 2. Análise de agrupamento de médias pelo teste Scott-Knott dos índices NDWI(1000-1600), NDWI(1000-2300), NMDI, MSI e SWIR- ρ 1440, para genótipos e condições hídricas.

Genótipo	NDWI (1000-1600)	NDWI (1000-2300)	NMDI	MSI	SWIR - ρ 1440
1Ea2939	0,144 a	0,397 a	0,114 a	0,714 a	0,275 a
BRB14-211566	0,139 a	0,383 a	0,112 a	0,724 a	0,255 b
BRS 1001 IPRO	0,132 b	0,361 b	0,105 b	0,737 b	0,253 b
BRS 1003 IPRO	0,132 b	0,366 b	0,105 b	0,737 b	0,252 b
DM 6563 IPRO	0,131 b	0,355 b	0,106 b	0,740 b	0,244 b
BRS 413 RR	0,131 b	0,362 b	0,104 b	0,739 b	0,245 b
BRS 388RR	0,128 b	0,350 b	0,101 c	0,745 b	0,240 c
M 6210 IPRO	0,127 b	0,351 b	0,101 c	0,746 b	0,239 c
BR 16	0,123 b	0,346 b	0,096 c	0,751 b	0,247 b
TMG 7062 IPRO	0,121 b	0,333 b	0,094 c	0,759 b	0,232 c
Condição Hídrica	NDWI (1000-1600)	NDWI ₍₁₀₀₀₋₂₃₀₀₎	NMDI	MSI	SWIR - ρ 1440
Controle	0,138 a	0,378 a	0,109 a	0,726 a	0,258 a
Déficit	0,124 b	0,343 b	0,099 b	0,753 b	0,238 b

Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de confiança.

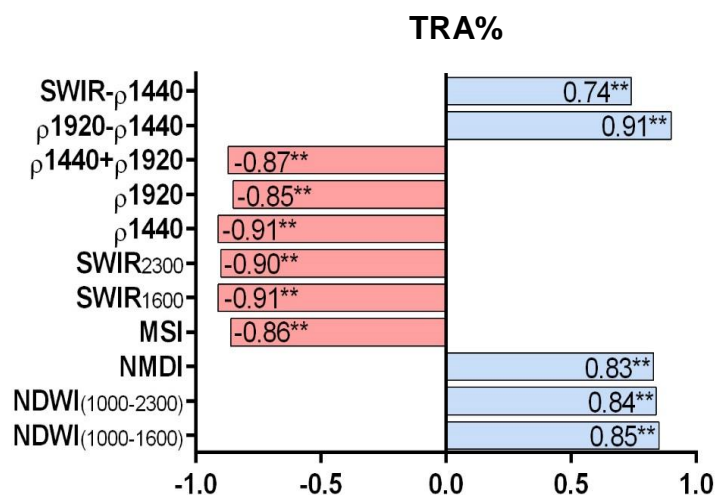


Figura 8. Correlação de Pearson entre o teor relativo de água (TRA) com os índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais avaliados.

A análise do *heatmap* resultou em dois grandes grupos, sendo um deles formado pelos genótipos sob DH e outro na condição controle (Figura 9). Os genótipos que conseguiram preservar seu conteúdo de água na folha, sem diferença

significativa entre os tratamentos C e DH foram distribuídos no mesmo grupo, como é o caso dos genótipos 1Ea2939, BRB 14-211566 e BRS 413 RR. Indicando que a utilização dos índices foi eficiente para separação dos grupos de acordo com o TRA.

Assim como os genótipos, as variáveis analisadas também foram agrupadas em dois grupos distintos, um deles positivamente associado ao TRA sendo esse composto pelos índices ($NDWI_{(1000-1600)}$, $NDWI_{(1000-2300)}$, NMDI, SWIR-p1440 e $\rho_{1920-p1440}$), enquanto que o grupo composto pelos índices $SWIR_{1600}$, $SWIR_{2300}$, MSI, ρ_{1440} , ρ_{1920} e $\rho_{1440+1920}$ foi negativamente associado ao TRA (Figura 9). A formação destes grupos concorda com a análise de correlação (Figura 8) e as diferentes intensidades de cores, indicam as menores e maiores médias das variáveis em cada tratamento, como pode ser confirmado nas Figuras 5 e 7, e na Tabela 2.

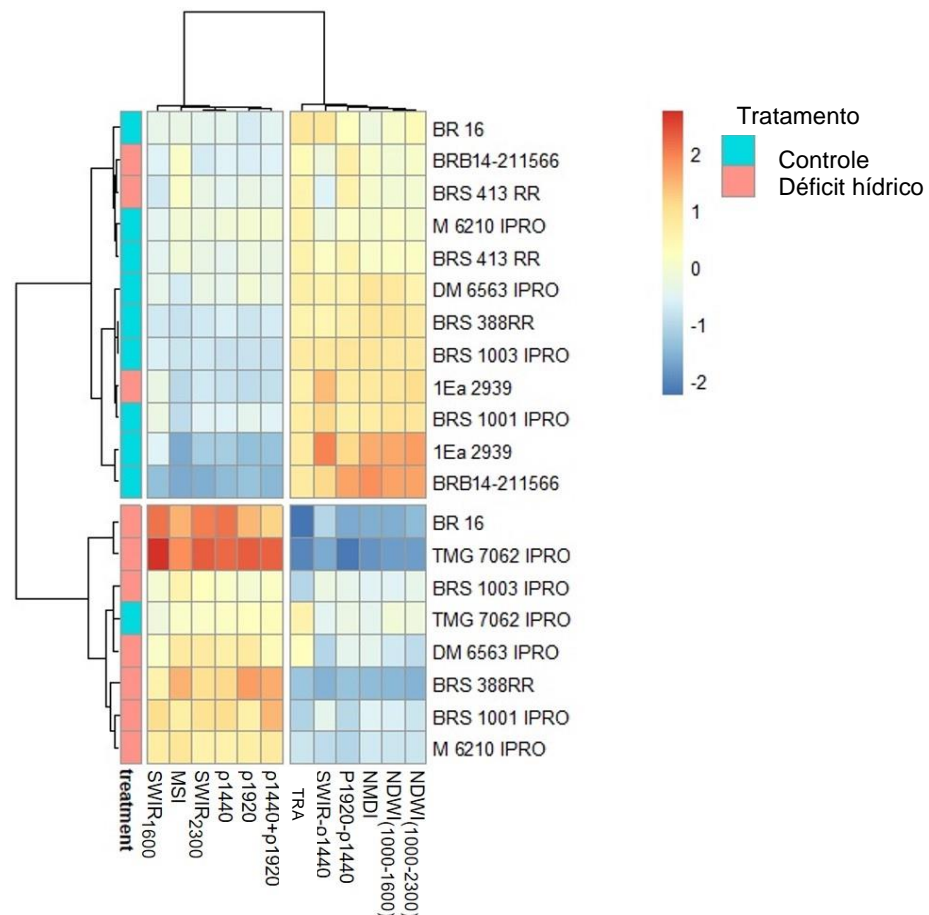


Figura 9. Análise de Heatmap para experimento em câmara climática para crescimento de plantas, apresentando o agrupamento das cultivares BR 16, 1Ea2939, BRB14-211566, BRS 388RR, BRS 1001 IPRO, BRS 1003 IPRO, TMG 7062 IPRO, M 6210 IPRO, DM 6563 IPRO e BRS 413 RR nas condições controle e déficit hídrico e das variáveis analisadas: índices de vegetação $NDWI_{(1000-1600)}$, $NDWI_{(1000-2300)}$, NMDI, MSI, $\rho_{1920-p1440}$, $\rho_{1440+p1920}$ e SWIR-p1440; bandas espectrais $SWIR_{1600}$, $SWIR_{2300}$, ρ_{1440} e ρ_{1920} ; e teor relativo de água (TRA).

3.5.2. Experimento II

Em condições de campo, foi observada diferença significativa da umidade gravimétrica do solo entre as condições hídricas (p -value $< 0,05$), confirmando a diferença de disponibilidade hídrica entre as parcelas. Também foi possível observar maior disponibilidade de água na camada mais profunda do solo (20-40 cm) (p -value $< 0,05$), sendo de 25,3 e 21,04% para as camadas 20-40 e 10-20 cm, respectivamente.

Os efeitos dos genótipos e da interação dos fatores sobre as características TRA, $T^{\circ}C$ foliar, g_s , A , Tr e C_i , não foram significativos. No entanto, todas as características avaliadas distinguiram o tratamento controle do DH (Tabela 4). Em relação aos IVs e às bandas espectrais, ainda que a interação dos fatores não tenha sido significativa, foi observado efeito tanto da condição hídrica quanto dos genótipos, sugerindo maior sensibilidade deste método de avaliação em relação aos demais utilizados neste estudo.

De modo geral, as variáveis apresentaram correlações altas entre si, com exceção da variável C_i , que possui baixa correlação com as demais. As correlações entre as variáveis fisiológicas temperatura da folha, transpiração, g_s e A foram altas entre si, confirmando a estreita relação entre essas variáveis (Figura 10G). Para o TRA foi observado correlações maiores com os IVs e bandas do que com as demais variáveis fisiológicas, onde a maior foi 0,64, com a fotossíntese (Figura 10A). O mesmo foi válido para as demais variáveis fisiológicas, onde foram observados correlações mais altas com os IVs e bandas espectrais do que com o TRA (Figura 10B - F).

Tabela 3. Comparação de médias dos genótipos pelo teste de Tukey para as variáveis teor relativo de água (TRA), temperatura foliar (T°C foliar), condutância estomática (*gs*), fotossíntese (*A*), transpiração (*Tr*) e conteúdo interno de CO₂ (*C_i*), índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais nas condições hídricas controle (C) e déficit hídrico (DH).

Genótipos	TRA %*	T°C foliar*	<i>gs</i> * (mmol H ₂ O m ⁻² s ⁻¹)	<i>A</i> * (umol CO ₂ m ⁻² s ⁻¹)	<i>Tr</i> * (mmol H ₂ O m ⁻² s ⁻¹)	<i>C_i</i> * (umol CO ₂ mol ⁻¹)
BR 16	72,3	29,423	0,220	13,984	3,76E-03	253
Ea15	73,7	29,396	0,218	13,891	3,81E-03	259
BRS184	76,7	29,229	0,241	16,860	4,13E-03	245
2la4	79,0	29,196	0,232	15,984	3,94E-03	254

Genótipos	TRA %*	T°C foliar	<i>gs</i> (mmol H ₂ O m ⁻² s ⁻¹)	<i>A</i> (umol CO ₂ m ⁻² s ⁻¹)	<i>Tr</i> (mmol H ₂ O m ⁻² s ⁻¹)	<i>C_i</i> (umol CO ₂ mol ⁻¹)
C	79,4 a	28,513 a	0,359 a	22,474 a	0,006 a	263 a
DH	71,5 b	30,109 b	0,097 b	7,886 b	0,002 b	242 b

Genótipos	NDWI ₍₁₀₀₀₋₁₆₀₀₎ (ρ)	NDWI ₍₁₀₀₀₋₂₃₀₀₎ (ρ)	NMDI (ρ)	MSI (ρ)	ρ1440 (ρ)	ρ1920 (ρ)
BR 16	0,152 b	0,411 b	0,125 b	0,711 b	0,189 b	0,062 b
Ea15	0,146 b	0,398 b	0,118 b	0,723 b	0,195 b	0,064 b
BRS184	0,171 a	0,452 a	0,143 a	0,680 a	0,172 a	0,057 a
2la4	0,171 a	0,449 a	0,143 a	0,680 a	0,173 a	0,056 a

Cond, hídrica	NDWI ₍₁₀₀₀₋₁₆₀₀₎ (ρ)	NDWI ₍₁₀₀₀₋₂₃₀₀₎ (ρ)	NMDI (ρ)	MSI (ρ)	ρ1440 (ρ)	ρ1920 (ρ)
C	0,185 a	0,483 a	0,157 a	0,657 a	0,159 a	0,052 a
DH	0,135 b	0,372 b	0,108 b	0,740 b	0,206 b	0,067 B

Genótipos	ρ1440+1920 (ρ)	ρ1920-1440 (ρ)	SWIR ₁₆₀₀ (ρ)	SWIR ₂₃₀₀ (ρ)	SWIR - 1440 (ρ)
BR 16	0,251 b	0,872 b	0,350 ab	0,199 b	0,254 b
Ea15	0,260 b	0,869 b	0,358 b	0,207 b	0,254 b
BRS184	0,229 a	0,885 a	0,344 a	0,184 a	0,280 a
2la4	0,229 a	0,883 a	0,346 a	0,186 a	0,279 a

Cond, hídrica	ρ1440+1920 (ρ)	ρ1920-1440 (ρ)	SWIR ₁₆₀₀ (ρ)	SWIR ₂₃₀₀ (ρ)	SWIR -1440 (ρ)
C	0,211 a	0,893 a	0,336 a	0,170 a	0,293 a
DH	0,274 b	0,861 b	0,363 b	0,218 b	0,240 b

Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey ao nível de 5% de confiança.

Na figura 10, foi observado que as correlações entre os IVs/bandas e as variáveis fisiológica também foram altas. Para T°C foliar, as correlações mais altas foram -0,95 com NDWI₍₁₀₀₀₋₁₆₀₀₎, e 0,95 com SWIR₂₃₀₀, ρ1440, ρ1920 e ρ1440+ρ1920 (Figura 10E). Para a *A* os maiores índices de correlação encontram-se em -0,97 para SWIR₁₆₀₀, SWIR₂₃₀₀, ρ1440 e ρ1920-ρ1440, e 0,97 para NDWI₍₁₀₀₀₋₂₃₀₀₎ (Figura 10B). O coeficiente de correlação mais alto para as variáveis fisiológicas *Tr* e *gs* foi -0,95

com a banda SWIR₂₃₀₀ (Figura 10C e 10F). Já para C_i , a maior correlação foi observada com a banda ρ_{1920} , -0,70 (Figura 10D).

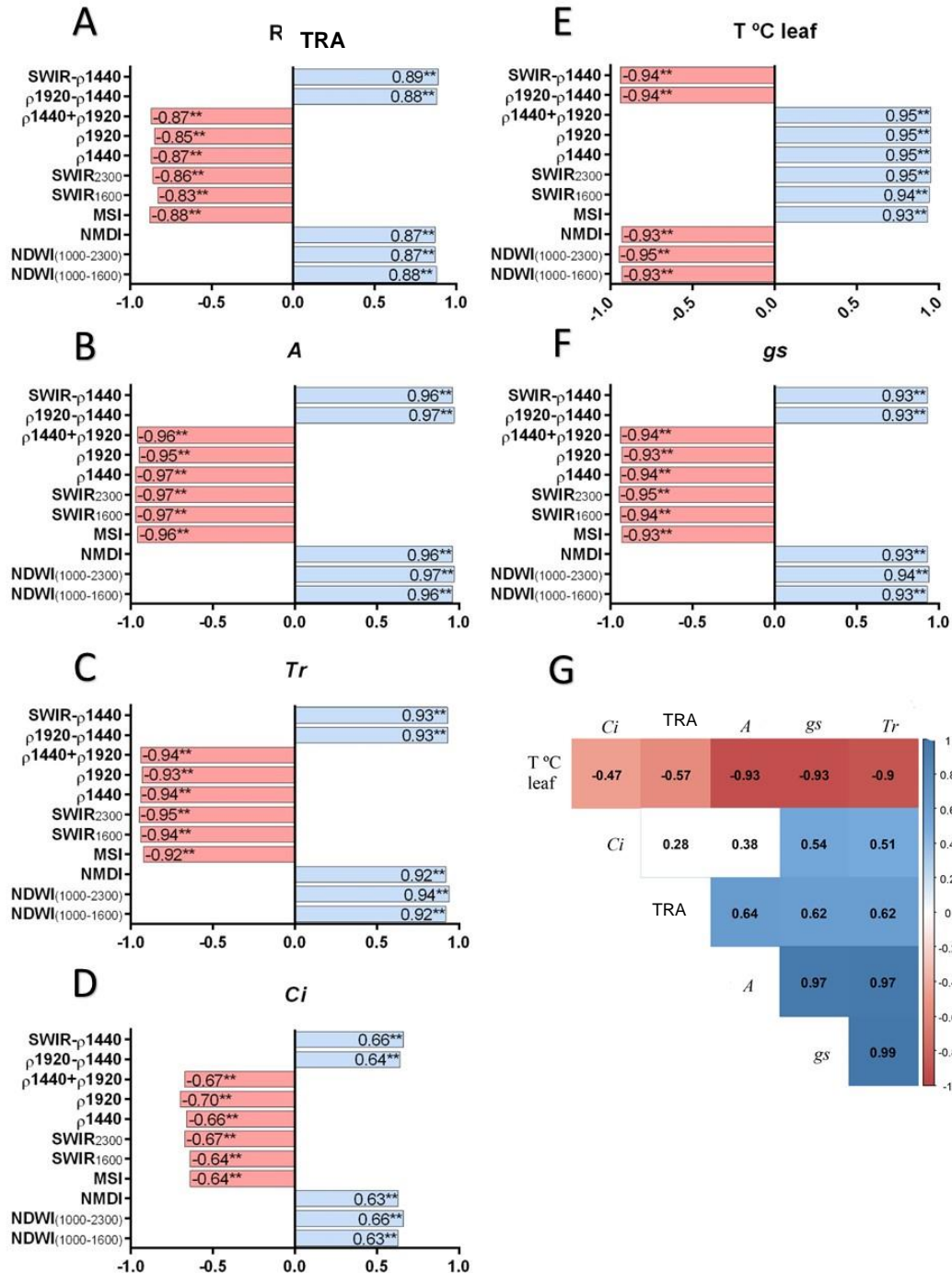


Figura 10. Correlação de Pearson dos índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais para as variáveis fisiológicas. Em A: teor relativo de água na folha (TRA); em B: taxa de fotossíntese (A); em C: transpiração (Tr); em D: conteúdo interno de CO_2 (C_i); em E: temperatura foliar ($T^\circ C$), em F: condutância estomática (gs), e em G: correlações entre as variáveis fisiológicas.

A análise de *heatmap* utilizando os dados de campo apresentou o mesmo comportamento do ensaio conduzido em câmara climática para crescimento de plantas, mostrando que o uso da ferramenta apresentou resultados semelhantes em ambas as condições (Figura 11 e Figura 9). Neste caso, as variáveis Tr , gs , A e C_i , foram agrupados juntamente com os IVs e bandas de correlação positiva ao TRA enquanto que a variável $T^{\circ}C$ foliar foi distribuída no segundo grupo, formado pelas variáveis de correlação negativa ao TRA (Figura 11).

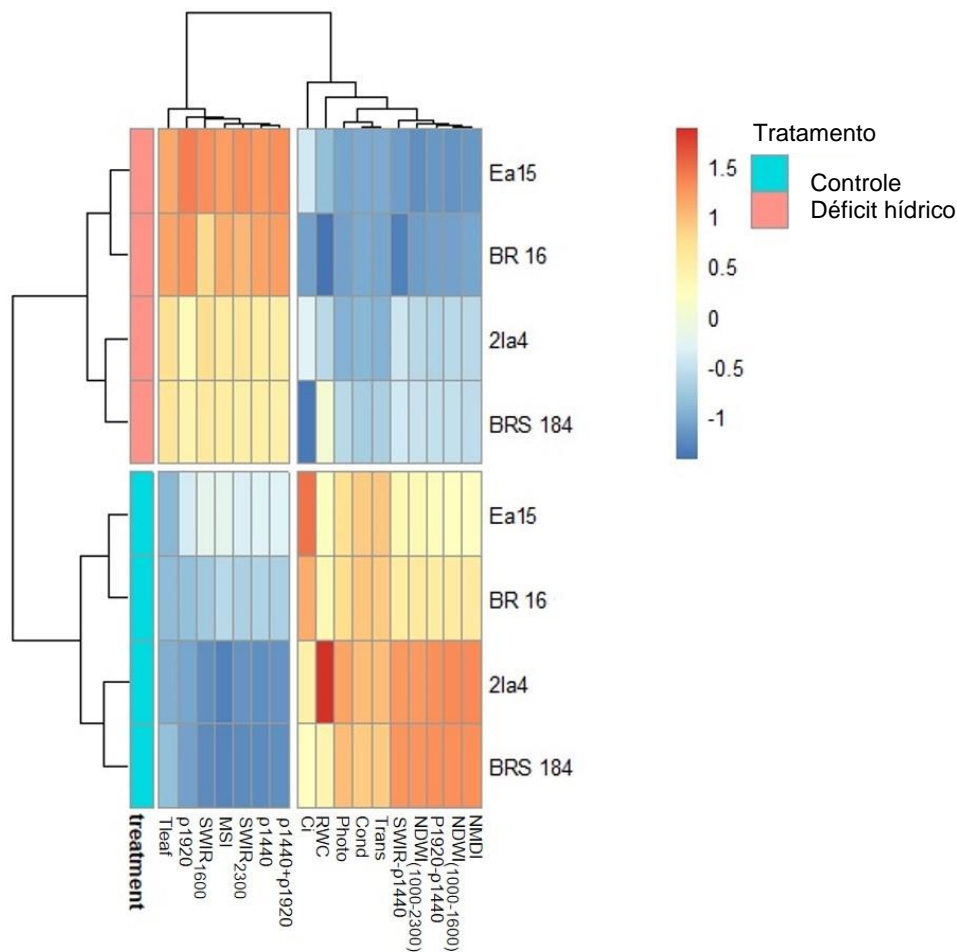


Figura 111. Análise de *Heatmap* para experimento de campo apresentando o agrupamento das cultivares (1Ea15, BR 16, 2la4 e BRS 184) nas condições controle e déficit hídrico e das variáveis analisadas: índices de vegetação $NDWI_{(1000-1600)}$, $NDWI_{(1000-2300)}$, $NMDI$, MSI , $p1920-p1440$, $p1440+p1920$ e $SWIR-p1440$; bandas espectrais $SWIR_{1600}$, $SWIR_{2300}$, $p1440$ e $p1920$; variáveis fisiológicas fotossíntese (A), condutância estomática (gs), conteúdo interno de CO_2 (C_i), transpiração (Tr), temperatura foliar ($T^{\circ}C$ leaf) e teor relativo de água (RWC).

Os genótipos foram agrupados de acordo com seu TRA, formando um grupo constituído pelo tratamento controle e outro pelo tratamento DH. Estes grupos

por sua vez, estão divididos também em dois, sendo possível observar pela diferença de coloração os genótipos BRS 184 e 21a4 com comportamento mais tolerante em relação aos genótipos de coloração mais clara (BR 16 e 1Ea15, classificados como sensíveis) (Figura 10).

3.6. DISCUSSÃO

Desde a semeadura, até a colheita, a cultura da soja está exposta a diferentes fatores bióticos e abióticos que afetam diretamente seu crescimento, desenvolvimento e por consequência, sua produção e muitas vezes a qualidade dos grãos. O déficit hídrico, de modo particular, provoca grandes perdas de produtividade e econômico-financeiras em várias culturas economicamente importantes, e no caso da soja, não é diferente (FERREIRA, 2016). O desenvolvimento de cultivares mais tolerantes é uma alternativa para minimizar os efeitos da seca. No entanto, via melhoramento, a seleção de genótipos discrepantes para a característica pode ser um gargalo em razão da sua genética, por ser uma característica controlada por vários genes (FLEURY et al., 2010). Algumas ferramentas de fenotipagem podem auxiliar nesta seleção. Neste trabalho, índices de vegetação (IVs) e bandas espectrais foram utilizados em conjunto com parâmetros fisiológicos para otimizar um protocolo de fenotipagem eficiente, rápido e não destrutivo para aplicação em larga escala.

Considerando o TRA como indicador do status hídrico da soja, os genótipos 1Ea2939 e BRS 413 se destacaram em relação aos demais como os mais tolerantes. Esses genótipos apresentaram valores de TRA superiores em relação aos demais genótipos na condição de déficit hídrico. Dados semelhantes foram obtidos por Marinho et al. (2016), que relatou que o genótipo 1Ea2939, linhagem GM (geneticamente modificada) com gene de tolerância à seca, apresentou maiores taxas de sobrevivência e melhor desempenho em relação aos parâmetros fisiológicos, agrônômicos e de crescimento em comparação ao seu *background*, a cultivar sensível à seca BR 16. O mecanismo de tolerância ao déficit hídrico desse material foi atribuído principalmente à menor *gs* e *Tr* na condição irrigada, o que contribuiu para a preservação da água no substrato (MARINHO et al., 2016). Assim, esse genótipo 1Ea2939 apresenta maior eficiência no uso de água, e como consequência ocorre a murcha mais lenta do mesmo em comparação aos demais materiais analisados.

Os menores valores de TRA foram atribuídos às cultivares BRS 388 RR, TMG 72062 IPRO, juntamente com a BR 16. O baixo status hídrico apresentado pela cultivar BR 16, concorda com diversos trabalhos prévios que apontam esse genótipo como um material altamente sensível ao déficit hídrico (MARINHO et al., 2016; OYA et al., 2004). Embora o TRA na folha não possa ser diretamente relacionado com o desempenho produtivo de genótipos sob déficit hídrico, trata-se de um importante indicador do status hídrico da planta, sendo considerado um componente associado à atividade metabólica e a sobrevivência da folha (CHOWDHURY et al., 2017; INOUE; MORINAGA; SHIBAYAMA, 1993; SCHONFELD et al., 1988).

Os IVs se mostraram eficientes na discriminação dos genótipos de soja avaliados e corroboraram os dados obtidos para o parâmetro fisiológico TRA, indicando os genótipos 1Ea2939 e BR 16 como os discrepantes para a característica. Também Chen et al. (2005) observaram, em estudos avaliando campos de milho e soja, que tanto a banda SWIR, quando o IV NDWI possuem potencial para determinação do conteúdo de água na vegetação, sendo este segundo o mais eficiente na comparação dos dois. Porém, os valores espectrais utilizados pelos referidos autores foram obtidos por sensor orbital, ao passo que os valores utilizados no presente trabalho foram obtidos com uso de sensor hiperespectral de campo, livre de interferência atmosférica. Esse tipo de leitura elimina erros que possam ser ocasionados pelas partículas de água e poeira presentes na atmosfera, mesmo estes sendo considerados pequenos (GAO, 1996).

Em relação ao IV NMDI, foi observado que este foi menor sob DH quando comparado ao controle, indicando que quanto menor o valor de NMDI, mais severo é o efeito do déficit, isso por ele ser calculado com base na diferença entre duas faixas de absorção da água (WANG; QU, 2007). Quando analisa-se o efeito de genótipo houve a formação de três grupos distintos, onde o genótipo 1Ea2939 encontra-se juntamente com o genótipo BRB14-211566 no grupo com os maiores NMDIs, enquanto que a cultivar BR 16, juntamente com a BRS 388 RR, M 6210 IPRO e TMG 7062 IPRO estão no grupo com menores valores para este IV, e portanto, mais susceptíveis ao DH em relação às demais (Tabela 2).

Quanto ao IV MSI, Hunt Jr. e Rock (2017), realizando um estudo com diversas espécies incluindo a soja, concluíram que o IV MSI não foi sensível o suficiente para detectar diferenças significativas. Segundo os autores são necessárias

grandes mudanças no TRA antes que se detecte o déficit hídrico de forma confiável. No presente estudo, embora o IV não tenha sido sensível o suficiente para observar interação entre os fatores, ele apresentou diferença significativa entre os tratamentos de condição hídrica sob estresse e, também, entre os genótipos, o que pode estar relacionado à severidade do déficit aplicado, à diferentes genótipos.

Inoue et al. (1993) realizando estudo de correlação de IVs e bandas espectrais (calculados a partir de diferentes comprimentos de onda) com o parâmetro TRA, também observaram correlações altas, principalmente com bandas que pertencem à região SWIR. Isso indica que os comprimentos de onda destas bandas apresentam potencial para utilização em trabalhos de fenotipagem para tolerância a seca em soja.

Em relação ao ensaio de campo, o fato de não ter sido observada interação significativa entre genótipo e condição hídrica para nenhuma das variáveis avaliadas, pode ser explicada pela pequena diferença da umidade gravimétrica do solo entre as condições C e DH, associada a ocorrência de chuvas no período de condução do experimento (anexo 1). Apesar de a condição DH estar protegida das chuvas sob os abrigos, a baixa demanda evaporativa do ar, devido a frequente incidência de chuvas permitiu menor perda evaporativa do solo e das plantas, mantendo o status hídrico, e permitindo o armazenamento de água no solo. Assim, o nível do déficit foi moderado, não sendo suficiente para permitir a observação da interação entre os tratamentos.

Em condição de campo, os efeitos de genótipo e da interação genótipo/condição hídrica não foram significativos para as variáveis fisiológicas e o TRA. Ainda assim é importante que haja correlação entre estas variáveis e os IVs no momento da fenotipagem das plantas, pois possuem grande importância nas respostas da planta ao déficit hídrico, tendo papel fundamental dentro da fisiologia do estresse. A temperatura foliar por exemplo é uma variável muito importante a ser avaliada neste tipo de experimento, pois a seca normalmente vem acompanhada de temperaturas elevadas. Em geral, quando a temperatura da folha está mais alta, a planta tende a perder mais água, elevando suas taxas transpirativas, na tentativa de baixar sua temperatura (MANAVALAN et al., 2009). Quando as plantas encontram-se em condições críticas de DH, os estômatos se fecham, na tentativa de reduzir as taxas evapotranspirativas, diminuindo a g_s (soma das vias difusivas estomáticas e cuticulares), que por sua vez determina a taxa de perda de água dos tecidos foliares,

quanto menor for a *gs*, mais estressada a planta se encontra (MANAVALAN et al., 2009). O fechamento estomático, por sua vez, reduz a capacidade da planta em realizar a fotossíntese, processo vegetal vital e assim há um aumento na concentração interna de CO₂, pois a planta acaba optando pelo processo de respiração (MARINHO et al., 2016).

Devido à relevância da observação destas medidas fisiológicas para a caracterização das plantas sob déficit hídrico, é muito importante que os IVs e as bandas avaliadas tenham apresentado fortes índices de correlação com as mesmas sendo confirmado pelo agrupamento *heatmap*, que apresentou o mesmo comportamento nos ensaios em câmara climática para crescimento de plantas e no campo. Isso indica que tanto os IVs quanto as bandas podem ser utilizados na determinação do status hídrico dos diferentes genótipos em testes semelhantes e até mesmo em substituição ao uso de um medidor de trocas gasosas, quando seu uso for inviabilizado por alguma razão.

Em relação ao comportamento dos genótipos, no ensaio de campo, observamos a formação de dois grupos, tanto pelo teste de médias dos IVs e bandas espectrais (Tabela 3), quanto pelo agrupamento *heatmap* (Figura 11), onde cada grupo é formado pelo OGM e seu *background*. Marinho et al. (2016) também não observou diferenças significativas entre os genótipos 1Ea15 e BR 16, atribuindo isto ao fato deste genótipo não apresentar melhora em seu uso conservativo da água em relação ao seu *background* (BR 16), diferente do que ocorreu com os outros transgenes avaliados. Dentre os transgenes avaliados por Marinho et al. (2016), está o genótipo 1Ea2939, que apresentou o melhor desempenho sob restrição hídrica, como apontado também em nosso ensaio em câmara climática para crescimento de plantas.

A divisão observada na distribuição dos genótipos pelo agrupamento *heatmap* no ensaio de campo (Figura 11) respeita também a classificação descrita por Oya et al. (2004), que caracterizou a BRS 184 como tolerante ao déficit hídrico e a BR 16 como sensível. Estudos prévios também caracterizaram a linhagem GM 2Ia4 como tolerante ao déficit hídrico, semelhante ao seu *background* a BRS 184 (Honna et al., 2016).

Além de permitirem sua utilização como ferramentas de fenotipagem de nova geração por gerar grande número de dados de forma rápida e precisa, as altas correlações entre os IVs, as bandas e as variáveis fisiológicas (Figuras 8 e 10),

indicam que estes foram altamente eficientes em determinar o status hídrico das folhas de soja. Apesar de todos os as variáveis obtidas a partir de dados espectrais apresentarem alta correlação com as demais, sugere-se que sejam utilizadas as bandas e IVs da região SWIR (bandas SWIR₁₆₀₀, SWIR₂₃₀₀, ρ 1440 e ρ 1920 e os índices ρ 1440+1920 e ρ 1920-1440). Em razão desta região fazer parte do espectro de absorção da água (CHEN; HUANG; JACKSON, 2005), as bandas apresentam uma resposta mais rápida em relação ao *status* hídrico das folha, como pode ser observado nas curvas espectrais da Figura 6, além de permitirem uma maior diferenciação entre os genótipos Figura 7. Em caso de fazer-se necessária a seleção de uma única variável, com o intuito de acelerar ainda mais o processo de fenotipagem, recomenda-se a utilização da banda SWIR₂₃₀₀, em razão da mesma englobar todo o espectro de absorção da água, inclusive as faixas do espectro contidas nas bandas SWIR₁₆₀₀, ρ 1440 e ρ 1920.

3.7. CONCLUSÃO

Os índices de vegetação e as bandas espectrais se mostraram eficientes para determinar o status hídrico de plantas de soja, apresentando alta correlação com parâmetros fisiológicos tais como teor relativo de água e taxas de trocas gasosas, mostrando-se uma alternativa promissora para fenotipagem de plantas quanto a características associadas à tolerância ao déficit hídrico.

Entre os índices e banda espectrais testados, as bandas SWIR₁₆₀₀, SWIR₂₃₀₀, ρ 1440, ρ 1920 e os índices ρ 1440+1920 e ρ 1920-1440 se destacaram por possibilitar a diferenciação dos genótipos sensíveis e tolerantes, sob condições de déficit hídrico.

3.8. REFERÊNCIAS

ABDEL-HALEEM, H. et al. Mapping of quantitative trait loci for canopy-wilting trait in soybean (*Glycine max* L. Merr). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, n. 5, p. 837–846, 2012.

BAGHERZADI, L. et al. Assessing water-related plant traits to explain slow-wilting in soybean PI 471938. **Journal of Crop Improvement**, v. 31, n. 3, p. 400–417, 2017.

BAI, H.; PURCELL, L. C. Response of carbon isotope discrimination and oxygen isotope composition to mild drought in slow- and fast-wilting soybean genotypes.

Journal of Crop Improvement, v. 32, n. 2, p. 239–253, 2018.

BINI, D. A.; CANEVER, M. D. A dinâmica da área, do rendimento e dos preços sobre o valor da produção do feijão e da soja no Rio Grande do Sul e a dependência temporal entre esses componentes. **Ciência Rural**, p. 1139–1146, 2015.

BLAKE, G. R.; HARTGE, K. H. Bulk Density. In: **Methods of Soil Analysis- Part 1. Physical and Mineralogical Methods**. [s.l: s.n.]. p. 363–375.

BURTON, J.; MIRANDA, L. Soybean improvement: Achievements and challenges. **Ratarstvo i povrtarstvo**, v. 50, n. 2, p. 44–51, 2013.

CHEN, D.; HUANG, J.; JACKSON, T. J. Vegetation water content estimation for corn and soybeans using spectral indices derived from MODIS near- and short-wave infrared bands. **Remote Sensing of Environment**, v. 98, n. 2–3, p. 225–236, 2005.

CHOWDHURY, J. A. et al. Effect of drought stress on water relation traits of four soybean genotypes. **SAARC Journal of Agriculture**, v. 15, n. 2, p. 163-175, 2017.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento Da Safra Brasileira De Grãos Safra 2017/18 - Décimo Primeiro Levantamento**. [s.l: s.n.].

CRUSIOL, L. G. T. et al. NDVI variation according to the time of measurement, sampling size, positioning of sensor and water regime in different soybean cultivars. **Precision Agriculture**, v. 18, n. 4, p. 470–490, 2017.

DO RIO, A. et al. Alternative sowing dates as a mitigation measure to reduce climate change impacts on soybean yields in southern Brazil. **International Journal of Climatology**, v. 36, n. 11, p. 3664–3672, 2016.

DOS SANTOS, R. SOBREIRA et al. AVALIAÇÃO DA RELAÇÃO SECA/PRODUTIVIDADE AGRÍCOLA EM CENÁRIO DE MUDANÇAS CLIMÁTICAS. **Revista Brasileira de Meteorologia**, v. 26, n. 3, p. 313–321, 2011.

EMBRAPA. Tecnologias de Produção de Soja - Região Central do Brasil 2014. **Sistemas de Produção**, p. 265, 2013.

FEHR, W. R. et al. Stage of development descriptino for soybeans, Glycine max (L.) Merrill. **Crop Science**, v. 11, p. 929–931, 1971.

FERREIRA, E. B.; CAVALCANTI, PORTYA PISCITELLI NOGUEIRA, D. A. **ExpDes.pt: Experimental Designs Pacakge (Portuguese)R** package version 1.2.0, 2018.

FERREIRA, R. C. **Quantificação Das Perdas Por Seca Na Cultura**. [s.l.] Universidade Estadual de Londrina, 2016.

FLEURY, D. et al. Genetic and genomic tools to improve drought tolerance in wheat. **Journal of experimental botany**, v. 61, n. 12, p. 3211-3222, 2010.

FLEXAS, J. et al. Diffusive and metabolic limitations to photosynthesis under drought and salinity in C3 plants. **Plant Biology**, v. 6, n. 3, p. 269–279, 2004.

GAO, B. NDWI—A normalized difference water index for remote sensing of vegetation liquid water from space. **Remote sensing of environment**, v. 58, n. 3, p. 257-266, 1996.

HAILE, M. G. et al. Impact of Climate Change, Weather Extremes, and Price Risk on Global Food Supply. **Economics of Disasters and Climate Change**, v. 1, n. 1, p. 55–75, 2017.

HIRARUKI, M. H. Impactos econômicos de estresses bióticos e abióticos na produção de soja. **Circular Técnico**, v. 105, p. 1–8, 2014.

HONNA, P. T. et al. Molecular, physiological, and agronomical characterization, in greenhouse and in field conditions, of soybean plants genetically modified with AtGolS2 gene for drought tolerance. **Molecular Breeding**, v. 36, n. 11, 2016.

HUNT JR, E. R. et al. Vegetation water content of crops and woodlands for improving soil moisture retrievals from coriolis windsat. **2017 6th International Conference on Agro-Geoinformatics, Agro-Geoinformatics 2017**, p. 1–5, 2017.

HUNT JR, E. R.; ROCK, B. N. Detection of changes in leaf water content using Near- and Middle-Infrared reflectances. **Remote Sensing of Environment**, v. 30, n. 1, p. 43–54, 1989.

INOUE, Y.; MORINAGA, S.; SHIBAYAMA, M. Non-destructive estimation of water status of intact crop leaves based on spectral reflectance measurements. **Japanese Journal of Crop Science**, v. 62, n. 3, p. 462–469, 1993.

IPCC - INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE. **Managing the Risks of Extreme Events and Disasters to Advance Climate Change Adaptation. A Special Report of Working Groups I and II of the Intergovernmental Panel on Climate Change**. Cambridge: [s.n.].

KALER, A. S. et al. Genome-wide association mapping of canopy wilting in diverse soybean genotypes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, n. 10, p. 2203–2217, 2017.

KIM, Y. et al. Radar Vegetation Indices for Estimating the Vegetation Water Content of Rice and Soybean. **Geoscience and Remote Sensing Letters**, v. 9, n. 4, p. 564–568, 2012.

KING, C. A.; PURCELL, L. C.; BRYE, K. R. Differential wilting among soybean genotypes in response to water deficit. **Crop Science**, v. 49, n. 1, p. 290–298, 2009.

KIRIGA, W. J.; YU, Q.; BILL, R. Breeding And Genetic Engineering Of Drought-Resistant Crops. **International Journal of Agriculture and Crop Sciences**, v. 9, p. 7–12, 2016.

KOLDE, R. **Pretty Heatmaps**. R package version 1.0.10, , 2018.

MANAVALAN, L. P. et al. Physiological and Molecular Approaches to Improve Drought Resistance in Soybean. **Plant and Cell Physiology**, v. 50, n. 7, p. 1260–1276, 2009.

MARENGO, J. A. O futuro clima do Brasil. **Revista USP**, n. 103, p. 25, 2014.

MARINHO, J. P. et al. Characterization of Molecular and Physiological Responses Under Water Deficit of Genetically Modified Soybean Plants Overexpressing the AtAREB1 Transcription Factor. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 34, n. 2, p. 410–426, 2016.

MERTZ-HENNING, L. et al. Effect of Water Deficit-Induced at Vegetative and Reproductive Stages on Protein and Oil Content in Soybean Grains. **Agronomy**, v. 8, n. 1, p. 3, 2017.

MUTAVA, R. N. et al. Understanding abiotic stress tolerance mechanisms in soybean: A comparative evaluation of soybean response to drought and flooding stress. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 86, n. November, p. 109–120, 2015.

OYA, T. et al. Drought Tolerance Characteristics of Brazilian Soybean Cultivars—Evaluation and characterization of drought tolerance of various Brazilian soybean cultivars in the field —. **Plant Production Science**, v. 7, n. 2, p. 129–137, 2004.

RSTUDIO-TEAM. **RStudio: Integrated development for R**. Boston, 2013.

SCHONFELD, M. A. et al. Water Relations in Winter Wheat as Drought Resistance Indicators. **Crop Science**, v. 28, n. 3, p. 526, 1988.

USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Oilseeds: world markets and trade**. [s.l: s.n.].

WANG, L.; QU, J. J. NMDI: A normalized multi-band drought index for monitoring soil and vegetation moisture with satellite remote sensing. **Geophysical Research Letters**, v. 34, n. 20, p. 1–5, 2007.

YANG, S. et al. Narrowing down the targets: Towards successful genetic engineering of drought-tolerant crops. **Molecular Plant**, v. 3, n. 3, p. 469–490, 2010.

4. ARTIGO B: FENOTIPAGEM DE ACESSOS DE SOJA PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS A TOLERÂNCIA À SECA

4.1. RESUMO

A caracterização dos acessos presentes em bancos de germoplasma é fundamental na identificação de fontes de resistência e/ou tolerância para características de interesse, como é o caso da tolerância a seca, principal fator abiótico limitante da produção de soja. Assim, o objetivo deste trabalho foi fenotipar diferentes acessos de soja, incluído genótipos PIs e variedades atuais, para tolerância ao tratamento por déficit hídrico, com base em bandas espectrais e características fisiológicas. Para tanto, foram selecionados 164 acessos buscando incluir materiais de diferentes origens. As plantas foram cultivadas em casa de vegetação em duas condições hídricas, controle, e déficit hídrico. O estresse por déficit hídrico foi imposto pela suspensão da irrigação, quando as mesmas atingiram o estágio de desenvolvimento V3. Foram realizadas medidas de temperatura, clorofila e das reflectâncias das plantas, sendo utilizadas como variáveis as bandas SWIR₁₆₀₀, SWIR₂₃₀₀, ρ_{1440} e ρ_{1920} . Além disso foram coletadas amostras para determinação do teor relativo de água (TRA). As variáveis foram submetidas a análise de variância, teste de agrupamento de médias de Scott-Knott, correlação e a análise de componentes principais. Os resultados obtidos mostraram que houve variabilidade entre as condições hídricas e os acessos avaliados para todas as variáveis analisadas. Com exceção do teor de clorofila, todas as variáveis apresentaram correlações entre si. As bandas espectrais foram mais sensíveis que as demais variáveis analisadas permitindo a diferenciação de um maior número de acessos. Além disso são análises não destrutivas e que permitem a análise de um grande número de plantas de forma rápida e precisa demonstrando seu potencial de uso em experimentos de fenotipagem. Dentre os acessos analisados, os que se destacaram por manter um melhor status hídrico da planta mesmo sob condições de déficit hídrico foram: PI 603200, R02-1325, PI 416937 e PI 471938.

Palavras chave: *Glycine max*, déficit hídrico, sensoriamento remoto, fenotipagem de nova geração

4.2. ABSTRACT

The characterization of accessions present in gene banks is fundamental in the identification of resistance sources for interest traits, as is the case of drought tolerance, the main limiting abiotic factor of soy production. Thus, the aim of this work was to phenotype different soybean genotypes, including Plant Introductions (PIs) and current cultivars, for drought-tolerance, based on spectral bands and physiological parameters. For this, 164 genotypes were selected including materials from different origins. Plants were grown in a greenhouse under two water

conditions, control, and water deficit, where the stress was imposed by irrigation suspension, when the plants reached the V3 developmental stage. Measurements of temperature, chlorophyll and plant reflectance in SWIR₁₆₀₀, SWIR₂₃₀₀, ρ₁₄₄₀ and ρ₁₉₂₀ bands were carried out. In addition, samples were collected for the determination of relative water content (RWC). All variables were submitted to Scott-Knott averages test, and a correlation analysis between them and the principal components analysis (PCA). Results showed that there was variation between the water conditions and the genotypes evaluated for all variables analyzed. Except for chlorophyll content, all variables had high correlations with each other. The spectral bands were more sensitive than the other variables analyzed, with the differentiation of a greater number of genotypes. In addition, they are non-destructive methods and allow the analysis of many plants accurately and quickly, demonstrating their potential of use in phenotyping experiments. Among the analyzed genotypes, those that stood out for maintaining a better water status of the plant even under of water deficit conditions were: PI 603200, R02-1325, PI 416937 and PI 471938.

Key words: *Glycine max*, abiotic stress, water deficit, remote sensing, high performance phenotyping

4.3. INTRODUÇÃO

A imprevisibilidade do clima em razão das mudanças climáticas observadas nos últimos anos representa o principal fator de risco para a produção agrícola mundial. Segundo o último relatório elaborado pelo IPCC (Painel Intergovernamental sobre Mudanças Climáticas, 2014) existe uma previsão de aumento na ocorrência de episódios extremos, tais como elevação de CO₂ atmosférico, irregularidades na distribuição das chuvas e altas temperaturas.

A seca, juntamente com incidência de altas temperaturas, é o estresse abiótico que mais causa danos à produção agrícola. Esta condição ambiental resulta em quebras de safra que podem chegar a ordem de 80% em anos muito secos, como ocorreu em 2012, quando US\$ 17,3 bilhões foram pagos pelas seguradoras aos agricultores norte-americanos (NRDC, 2013).

A soja, é a oleaginosa mais produzida no mundo, porém, também sofre os efeitos do aumentos da frequência dos eventos climáticos extremos. Nosso País é o segundo maior produtor mundial, com cerca de 337 milhões de toneladas (t) produzidas no último ano (CONAB, 2018). Considerando somente a cultura da leguminosa, dados registrados entre as safras 1976/77 e 2013/14 estimaram as perdas no Brasil, devido principalmente à ocorrência de eventos de seca, em US\$ 79,62 bilhões (FERREIRA, 2016).

Neste contexto de perdas e de previsões futuras ainda mais desafiadoras, a busca por alternativas que minimizem os efeitos da seca são necessárias e urgentes. Assim, os programas de melhoramento de soja têm buscado desenvolver cultivares capazes de se desenvolver e atingir altas produtividades mesmo em condições ambientais adversas, buscando a sustentabilidade da cultura e a demanda do mercado pelo grão.

Geneticamente, a tolerância das plantas à seca é uma característica complexa, governada por muitos genes de pequeno efeito (QTLs), apresentando baixa herdabilidade e alta influência ambiental. Para este tipo de característica, a estratégia que vem sendo utilizada pelos programas de melhoramento tem sido a seleção assistida por marcadores moleculares (MAS) buscando selecionar genótipos que apresentem o maior número de QTLs inseridos a partir de cruzamentos (HU; XIONG, 2014). Segundo Valliyodan et al. (2016), genótipos de linhagens de soja que não passaram por intensos processos de seleção podem servir como base para cruzamentos e acesso a alelos raros perdidos ao longo de sucessivos ciclos de seleção. Em seu estudo, estes autores, observaram uma perda de cerca de 27% dos marcadores SNPs observados nos genótipos elite em relação aos das linhagens silvestres, ilustrando a perda de variabilidade no processo de melhoramento. Neste contexto, a identificação de cultivares superiores é fundamental e depende da capacidade de selecionar a melhor variação genética para a característica de interesse (ARAUS; CAIRNS, 2014). Portanto, faz-se necessário identificar genótipos tolerantes ao déficit hídrico, para que estes possam servir como doadores das características de interesse em possíveis cruzamentos. A identificação de fontes de tolerância a seca por exemplo, é útil aos programas de melhoramento, tanto para introgressão desses genes por meio de cruzamentos como também, em estudos visando a identificação de genes ou de marcadores moleculares associados a essa característica.

Dentre as ferramentas atualmente disponíveis para fenotipagem e seleção de genótipos superiores, o uso de dados espectrais de nova geração vem sendo empregada na obtenção de dados em larga escala, possibilitando a avaliação de um grande número de plantas de forma rápida e não destrutiva. Araus e Cairns (2014) apontam o uso de sensores espectrais como ferramenta essencial no aumento da eficiência dos programas de melhoramento genético.

A utilização de dados espectrais baseados nos valores de reflectância tem sido utilizado na soja e em diversas culturas para estimativa do conteúdo de água nas folhas das plantas (HUNT JR et al., 2017; KHANAL; FULTON; SHEARER, 2017; KIM et al., 2012) e outras variáveis fisiológicas, como clorofila (MULLA, 2013), fotossíntese, transpiração, entre outras (ARTIGO A). Como pode ser verificado no capítulo A deste mesmo trabalho, diversos índices de vegetação e bandas espectrais da região NIR/SWIR possuem alta correlação com variáveis fisiológicas amostradas em plantas de soja, como o teor relativo de água na folha, fotossíntese, transpiração, entre outros, o que indica sua viabilidade na fenotipagem de plantas para tolerância à seca.

Assim, o objetivo deste trabalho foi fenotipar diferentes acessos de soja do banco de germoplasma da Embrapa Soja, incluído PIs, cultivares obsoletas e atuais, para tolerância ao déficit hídrico, com base em bandas espectrais e características fisiológicas.

4.4. MATERIAL E MÉTODOS

4.4.1 Escolha dos acessos

Um conjunto de 164 acessos de soja foram selecionados para o estudo, incluindo *Plant Introductions* (PIs) de diversos locais do mundo, cultivares comerciais provenientes de diferentes programas de melhoramento de soja brasileiros e uma linhagem de soja geneticamente modificada (OGM) caracterizada como tolerante ao déficit hídrico (MARINHO et al., 2016) (ANEXO 2). A seleção dos acessos de diferentes origens, regiões e grupos de maturação teve por objetivo a busca de acessos que apresentassem variabilidade genética, possibilitando a identificação de grupos contrastantes para as características avaliadas.

A seleção de alguns dos acessos tolerantes ao déficit hídrico foi realizada de acordo com trabalhos prévios publicados (OYA et al., 2004; PITOL; BROCH, 2008; SINGH, 2010; PATHAN et al., 2014; MARINHO et al., 2016; PRINCE et al., 2016 CEREZINI et al., 2017).

Os acessos utilizados foram disponibilizados pelo Banco de Germoplasma da Embrapa Soja e passaram por dois ciclos de multiplicação de

sementes em casa de vegetação. A partir das sementes obtidas após a multiplicação das sementes fez-se a implantação do ensaio de fenotipagem.

4.4.2. Ensaio de fenotipagem

O ensaio para fenotipagem dos acessos de soja foi conduzido em casa de vegetação, com delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições para cada condição hídrica (controle – C e déficit hídrico – DH).

Para garantir a maior uniformidade das plantas, as sementes foram germinadas em câmara de germinação em papel germitest® por 4 dias. Em seguida, as plântulas foram transplantadas para tubetes preenchidos com uma quantidade padronizada de 300g de substrato misturado com areia na proporção 1: 1, no qual o substrato era composto de solo, areia e compostos orgânicos (na proporção 3: 2: 2).

As plantas foram mantidas sob condições ótimas de cultivo até atingirem o estágio de desenvolvimento V3 (FEHR et al., 1971) quando a irrigação do grupo sob tratamento de DH foi suspensa. Na véspera do início do tratamento todos os tubetes foram saturados com água para garantir que o excesso de água fosse drenado durante a noite e todas as plantas dispusessem da mesma quantidade de água no substrato no início do tratamento (Figura 12).



Figura 12. Plantas de soja em tubetes com substrato padronizado no estágio V3, já irrigadas no dia anterior ao início do estresse hídrico por suspensão da irrigação.

A temperatura e a umidade relativa do ar (UR%) foram monitoradas a cada cinco minutos, usando um registrador de dados de termohigrógrafo (modelo U14-002, Hobo Onset®) (Figura 13). A temperatura média registrada foi de 24,6 °C e a UR% média foi 81%.



Figura 13. Monitoramento da temperatura e umidade relativa do ar (UR%) com utilização de registrador de dados de termohigrógrafo (modelo U14-002, Hobo Onset®).

Durante todo o período experimental,, diariamente, a condutância estomática (gs) da cultivar BR 16, descrita como susceptível por Oya et al. (2004), foi monitorada com o auxílio de um medidor portátil de trocas gasosas LI-6400 (LI-6400XT, LI-COR) (Figura 14), visando o acompanhamento da severidade do tratamento de déficit. As medições foram realizadas entre 9 e 11h, com o aparelho nas seguintes condições: radiação fotossinteticamente ativa (PAR), $1000 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$; referência de CO_2 , $400 \mu\text{mol mol}^{-1}$; referência de água, $18\text{-}20 \text{ mmol mol}^{-1}$; fluxo de CO_2 , $400 \mu\text{mol s}^{-1}$. As avaliações da fenotipagem tiveram início no momento em que a gs da cultivar susceptível encontrava-se abaixo $0,200 \text{ mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$ nas plantas da condição DH e superior a $200 \text{ mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$ nas plantas controle, conforme descrito por Flexas et al. (2004).



Figura 14. Monitoramento da condutância estomática (gs) da cultivar sensível à seca, BR 16 com uso de medidor portátil de trocas gasosas LI-6400 (LiCor, Inc.).

Para avaliação do experimento foram consideradas as variáveis temperatura foliar (T °C foliar), teor de clorofila, teor relativo de água (TRA) e as bandas espectrais SWIR₁₆₀₀, SWIR₂₃₀₀, ρ 1440 e ρ 1920. A temperatura foliar foi obtida por meio de termômetro do tipo pistola infravermelho com mira laser, a uma distância padrão de 40 cm da folha. O teor de clorofila foi estimado utilizando a média de duas leituras realizadas na mesma folha com o uso de medidor de clorofila portátil (SPAD) na equação proposta por Swiader e Moore (2002):

$$\text{Teor de Clorofila} = \text{SPAD} \times 0,0007 - 0,0071.$$

Os valores de reflectância para cálculo das bandas foram obtidos com uso do sensor hiperespectral Fieldspec 3 Jr, (ASD, Inc.), com resolução espectral de 3 nm na faixa entre 350 e 1400 nm e 30 nm na faixa de 1400 a 2500 nm, equipado com o acessório *plant probe*, o qual realiza a leitura somente da folha de interesse e elimina a interferência da iluminação externa nos valores obtidos (Figura 15). Os dados obtidos foram coletados em reflectância e avaliados por meio de índices de vegetação (IV) e bandas espectrais. As bandas foram selecionadas com base no comportamento espectral da vegetação. Considerando uma folha

sadia, a reflectância observada na região do visível (400 a 720 nm), diz respeito à presença de pigmentos nas folhas como clorofila e carotenoides e na região do Near Infra-Red – NIR (720 a 1000 nm) há pequena absorção da radiação e ocorre o espalhamento interno da radiação na folha, fazendo com que não haja grandes mudanças do comportamento espectral, por estar diretamente ligado à estrutura celular da folha. Já na região do Short Wave Infra-Red – SWIR (1000 a 2500 nm) ocorre a absorção da radiação pelo conteúdo de água na folha, resultando em baixos valores de reflectância. Assim, quanto maior conteúdo de água na folha, menor a reflectância da mesma.



Figura 15. Obtenção dos valores espectrais com uso do sensor hiperespectral Fieldspec 3 Jr, (ASD, Inc.), em detalhe o acessório plant probe do equipamento.

Para avaliação dos acessos foram selecionadas as bandas SWIR₁₆₀₀, SWIR₂₃₀₀, p1440 e p1920, as quais coincidem com a principal região de absorção de luz pela molécula da água. Os valores das bandas foram determinados conforme descrito na tabela 5.

Tabela 4. Bandas espectrais utilizadas para avaliação do déficit hídrico na cultura da soja. e suas fórmulas de cálculo.

Bandas espectrais	SWIR₁₆₀₀	$SWIR_{(1600)} = \lambda_{(1621 - 1661nm)}$
	SWIR₂₃₀₀	$SWIR_{(2300)} = \lambda_{(2131 - 2231nm)}$
	ρ_{1440}	$\rho_{1440} = \lambda_{(1436 - 1445nm)}$
	ρ_{1920}	$\rho_{1920} = \lambda_{(1916 - 1925nm)}$

Amostras do mesmo trifólio utilizado para obtenção das demais variáveis foram coletadas para o cálculo de TRA por meio da fórmula proposta por Schonfeld et al. (1988):

$$TRA (\%) = \frac{(\text{Peso fresco} - \text{Peso seco})}{(\text{Peso turgido} - \text{Peso seco})} \times 100.$$

4.4.3. Análise dos dados

Os dados foram submetidos a análise de variância conjunta e, posteriormente, ao agrupamento de médias pelo teste Scott-Knott (1974). Para as variáveis nas quais a interação entre os tratamentos não foi significativa, o teste de médias foi realizado considerando somente as respostas da condição DH. As médias dos tratamentos também foram submetidas às análises de correlação e componentes principais (PCA). Todas as análises foram realizadas com auxílio do software R utilizando os pacotes “Easynova” (ARNHOLD, 2013), “GGally” (SCHLOERKE et al., 2018) e “FactoMineR” (HUSSON; JOSSE; LE, 2016).

4.5. RESULTADOS

Foram observados efeitos significativos de genótipo e de condição hídrica para todas as variáveis analisadas, indicando que a metodologia utilizada

para simular o déficit hídrico nas plantas foi efetivo e que os acessos apresentaram comportamentos distintos. Somente as variáveis TRA e clorofila mostraram interação entre os fatores (Tabela 6). Em função disso, para o agrupamento de médias da temperatura foliar e das bandas de reflectância foram considerados somente os valores observados pelos acessos na condição de déficit hídrico.

Tabela 5 Análise de variância das variáveis fisiológicas e bandas espectrais para os tratamentos acesso (A) e condições hídricas (CH) indicando os graus de liberdade (GL), quadrado médio, coeficiente de variação (CV) e média nas condições hídricas controle (C) e déficit hídrico (DH).

Variável	Quadrado médio				CV%	Média	
	A	CH	AxCH	Resíduo		C	DH
GL	163	1	163	654			
Var. Fisiológicas							
Clorofila	46,050*	1589,010*	61,310*	33,42	19,7	28,112	30,653
Temperatura da Folha	2,286*	21,367 *	2,120	1,846	6,2	21,921	22,853
TRA	0,003*	0,485*	0,003*	0,001	4,5	87%	82,6%
Bandas de reflectância							
SWIR ₁₆₀₀	3,20E-04*	1,24E-02*	9,00E-05	9,00E-05	2,6	0,365	0,374
SWIR ₂₃₀₀	3,30E-04*	1,04E-02*	7,00E-05	7,00E-05	3,9	0,222	0,229
ρ ₁₄₄₀	4,40E-04*	1,53E-02*	9,00E-05	9,00E-05	4,7	0,200	0,210
ρ ₁₉₀₀	9,00E-05*	4,61E-03*	2,00E-05	2,00E-05	8,1	0,055	0,059

*Significativo pelo teste F, $p < 0,05$.

Para a variável fisiológica TRA, não houve diferença significativa entre os valores apresentados pelos acessos dentro da condição controle (Anexo 3). Sempre que houve diferença entre as médias dos acessos entre as condições, a média do controle é maior. Quanto ao desempenho dos acessos na condição DH, foi observado a formação de quatro grupos. A maior parte dos acessos, 129 deles, foram agrupados no mesmo grupo para a variável TRA, apresentando maior conteúdo de água nas folhas, não diferindo entre si pelo teste Scott-Knott. Destes, apenas 13 apresentaram desempenho inferior na condição DH, não havendo diferença para os demais acessos entre controle e DH. O segundo grupo formado pelos acessos com as segundas maiores médias foi composto de 26 acessos, dos quais somente dois não mostraram diferença entre as condições hídricas. O terceiro grupo reuniu com 8 acessos, todos com menor desempenho na condição DH. O último grupo foi composto somente pela PI 570668 que apresentou o pior

desempenho na condição DH comparado aos demais, com TRA médio de 64,81% (Anexo 3).

Considerando a variável clorofila, não foi observado diferença dos acessos para condição DH, enquanto que no controle houve formação de dois grupos de acessos. O maior deles, formado por 104 acessos, apresentou maior média, e o segundo grupo foi formado por 60 acessos que apresentaram menor teor de clorofila nesta condição hídrica. Comparando o teor de clorofila entre as condições, oito acessos apresentaram menos clorofila na condição controle, enquanto que outro grupo formado por 18 acessos apresentou uma diminuição nos seus valores médios de clorofila no DH em relação ao controle, havendo um comportamento inverso entre estes acessos (Anexo 3).

Para temperatura foliar, o teste de médias agrupou os acessos em dois grupos. O grupo com os valores mais baixos foi composto por 78 acessos, reunindo a linhagem 1Ea2939, 43 PIs, 33 cultivares brasileiras e uma norte americana. O grupo 2 apresentou temperaturas foliares mais elevadas e foi formado por 44 PIs, 41 cultivares brasileiras e uma linhagem norte americana (Anexo 4).

Para a banda p1440, de acordo com o agrupamento de Scott-Knott, os acessos formaram cinco grupos diferentes (Anexo 4). O grupo de menor média foi formado pela PI 603200 que teve o melhor desempenho com reflectância de 0,157 ρ , seguida por 35 acessos que ocupam o segundo lugar. Este segundo grupo foi composto por 11 cultivares, 22 PIs e as duas linhagens, a 1Ea2939 (GM) e a R02-1325. A maior parte dos acessos apresentou valores intermediários e formaram dois grupos que juntos englobam 108 acessos. O último grupo englobou os acessos com maiores valores de reflectância nesta banda, portanto menor conteúdo de água na folha e foi formado por 20 acessos, sendo seis deles cultivares comerciais e 14 PIs, com valores entre 0,2380 ρ e 0,223 ρ .

Para a variável p1920, foi observada a formação de seis grupos. Assim como no caso da banda p1440, a menor média apresentada pelo acesso indica o melhor desempenho. Novamente o acesso PI 603200 apresentou a menor reflectância na banda avaliada, com uma média de 0,0422 ρ . O grupo com a segunda melhor média foi formado por 34 acessos, nove cultivares, 23 PIs e as duas linhagens (Anexo 4).

Para a banda SWIR₁₆₀₀ houve a formação de cinco grupos e mais uma vez a PI 603200 teve destaque com média de 0,331 ρ , seguida por outros 15

acessos cujas médias não diferiram entre si, sendo eles nove cultivares e seis PIs (Anexo 4).

A variável SWIR₂₃₀₀, apresentou resultado muito semelhante às demais bandas espectrais avaliadas e a formação de cinco grupos. A PI 603200 mais uma vez se destacou, com média de 0,186 ρ , seguida por um grupo de oito cultivares, 17 PIs e das linhagens 1Ea2939 (OGM) e R02-1325, que não diferiram estatisticamente entre si (Anexo 4).

Houve correlação alta entre todas as variáveis analisadas, com exceção da variável clorofila. Considerando as demais variáveis, houve uma correlação muito forte entre as mesmas, onde os valores de TRA são inversos aos valores apresentados pelas demais, resultando em correlação negativa entre elas. A correlação chegou a -1 considerando TRA e temperatura foliar, e 1 entre algumas das bandas espectrais (Figura 16).

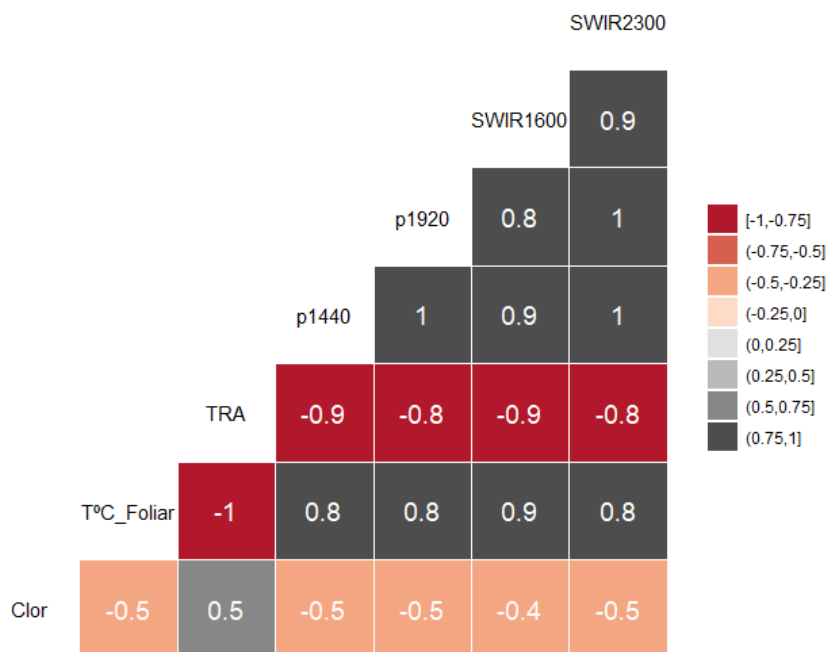


Figura 16. Correlação de Pearson entre as variáveis analisadas, teor de clorofila (Clor), temperatura foliar (T°C foliar), Teor relativo de água (TRA) e bandas espectrais p1440, p1920, SWIR1600 e SWIR2300.

*Valores acima de 0,5 e abaixo de -0,5 são significativos a 5% de probabilidade.

A análise de componentes principais (PCA – *Principal components analysis*) explicou mais de 90% da variância nos dois primeiros componentes, sendo eles o grupo de acessos e as variáveis avaliadas. Analisando o comprimento dos vetores de cada variável, foi observado que todas contribuem de forma similar com

os resultados. Porém quando a distribuição dos vetores é analisada, os dados corroboram os resultados das correlações de Pearson, onde o TRA mostrou uma forte correlação negativa com a temperatura foliar e as bandas de reflectância, e a clorofila uma fraca correlação positiva com o TRA e negativa com as demais variáveis (Figura 17).

Em relação a distribuição dos tratamentos, a análise de componentes principais confirmou os resultados obtidos nos testes de médias, onde houve um efeito significativo das diferentes condições hídricas. Três *clusters* foram formados, o primeiro composto pelos acessos na condição controle, bem separado dos demais, e o segundo e terceiro mais próximos, agrupando os tratamentos na condição DH. O *cluster 2*, formado pelos acessos que foram menos afetados pelos efeitos do tratamento e assim se aproximaram mais da condição controle e o *cluster 3*, formado pelos acessos mais sensíveis ao DH (Figura 17).

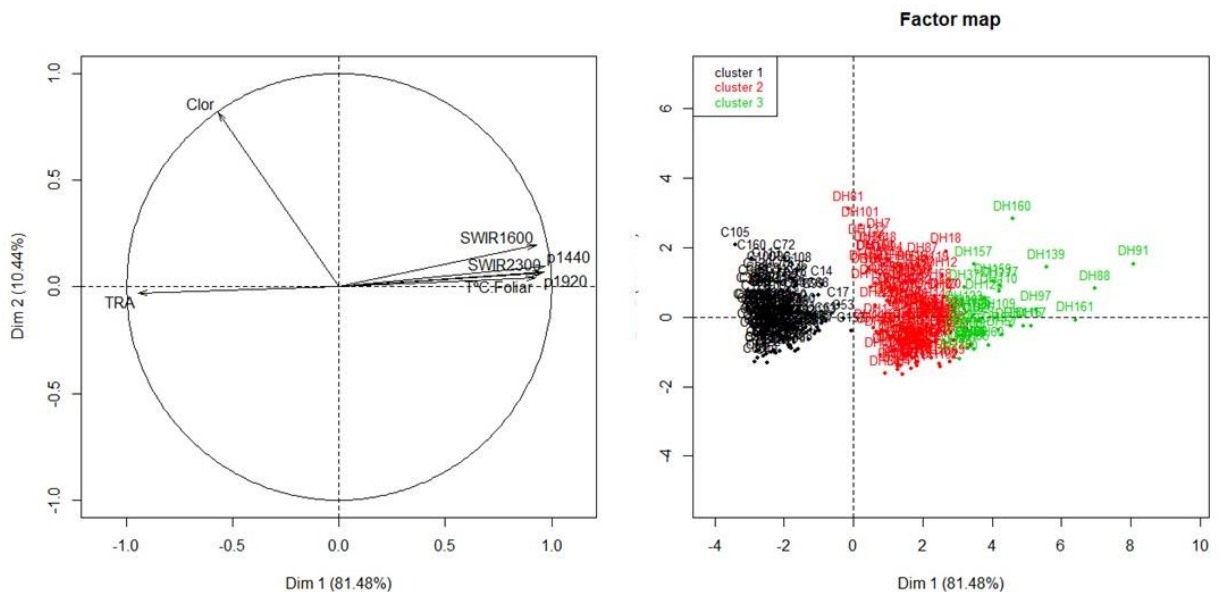


Figura 17. Análise de Componentes Principais (PCA): teor de clorofila (Clor), temperatura foliar (T°C foliar), teor relativo de água (TRA) e bandas espectrais p1440, p1920, SWIR1600 e SWIR2300, componente principal 1 (Dim 1) e componente principal 2 (Dim 2).

4.6. DISCUSSÃO

No contexto das mudanças climáticas atuais, as previsões para os próximos anos indicam aumento da frequência e severidade de condições extremas,

dentre elas o déficit hídrico é o que mais acarreta prejuízos para as culturas economicamente importantes, como a soja.

Buscando alternativas de cultivo neste novo ambiente que se desenha, os pesquisadores dos programas de melhoramento do grão, têm buscado desenvolver cultivares mais tolerantes à seca. Uma das abordagens utilizadas é a seleção de genótipos superiores em bancos de germoplasma e a após uma seleção por fenotipagem para a característica de interesse, o cruzamento destes visando obter materiais com as fontes de tolerância. Portanto, ferramentas de fenotipagem com grande eficácia, praticidade e rapidez são necessárias quando se busca amostrar grandes quantidades de materiais.

Para todas as variáveis utilizadas neste trabalho ($T^{\circ}\text{C}$ foliar, teor de clorofila, teor relativo de água (TRA) e as bandas espectrais SWIR_{1600} , SWIR_{2300} , ρ_{1440} e ρ_{1920}) foi observado o efeito das diferentes condições hídricas impostas (Figura 12), indicando que a metodologia de imposição de deficiência hídrica foi efetiva, induzindo nas plantas respostas à seca. A metodologia utilizada nesse estudo baseada no monitoramento da condutância estomática descrita por Flexas et al. (2004), reflete a percepção da redução do estoque de água no substrato pelas raízes das plantas, ativando o ajustamento osmótico, fechamento dos estômatos e conseqüentemente a redução da condutância estomática reduzindo a perda de água pro ambiente. Seguindo estes mecanismos, ocorre a redução do potencial hídrico da folha, e de outros mecanismos de defesa (SHAO, 2008).

Na comparação entre as variáveis utilizadas para a fenotipagem sob déficit hídrico, a variável TRA, apesar de permitir a diferenciação dos acessos foi a que possibilitou a formação de um menor número de grupos comparativamente aos índices espectrais. Esse resultado indica que além de se tratar de um método mais rápido de avaliação, o uso de valores de reflectância também é mais sensível que o TRA, capaz de detectar diferenças do status hídrico da planta mesmo quando estas são ainda sutis, como o caso desse estudo onde as plantas foram avaliadas sob condições de déficit hídrico moderado.

Apesar de significativa a interação entre os fatores analisados na variável teor de clorofila, não foi possível observar uma tendência dos acessos em aumentar ou reduzir o teor do pigmento na condição DH, havendo acessos que apresentaram comportamentos contrastantes nas diferentes condições. Conforme discutido por Kalaji et al. (2016), enquanto a condutância estomática está fortemente

ligada ao fotossistema I (PSI), a estimativa do teor de clorofila obtida pelo método SPAD está mais ligada ao fotossistema II (PSII). Por isso, embora comumente utilizada pelos melhoristas como método de fenotipagem para tolerância à seca, as mudanças no teor de clorofila em decorrência dessa condição adversa, só ocorrem durante eventos de seca extrema, pois o PSII é muito mais tolerante ao déficit hídrico que o PSI (KALAJI et al., 2016). Esses fatos concordam com a correlação observada entre as variáveis analisadas, onde a clorofila teve as menores correlação com as demais (Figura 16).

A temperatura foliar pode ser considerada também como indicativo de déficit hídrico, considerando-se que nestas condições ocorre uma redução da transpiração em razão do fechamento estomático a fim de evitar a perda excessiva de água. Isso resulta em um aumento da temperatura da planta pois é por meio da transpiração que a folha resfria sua temperatura (MANAVALAN et al., 2009). Assim, plantas mais estressadas estão com os estômatos totalmente fechados causando uma elevação da temperatura foliar, por isso o TRA e a temperatura foliar são variáveis com forte correlação negativa (Figura 16), como observado neste trabalho.

Em relação as bandas espectrais utilizadas, todas elas fazem parte de uma faixa do espectro que vai de 1300 a 2500 nm conhecida como SWIR (*Short-Wave Infra-red*). É nesta faixa espectral que encontram-se as principais bandas de absorção da água e por isso, sensíveis à variação de acordo com o conteúdo desta (CHEN; HUANG; JACKSON, 2005). Assim, quanto maior a quantidade de água presente nas folhas, maior será a radiação absorvida e conseqüentemente, menor a reflectância emitida pelas mesmas. Essas relações foram confirmadas pelos dados de correlação negativa entre as leituras obtidas nas diferentes faixas espectrais e a variável TRA (Figura 16), além da distribuição dos vetores na análise PCA (Figura 17). Esses dados corroboram ainda com Kalaji et al. (2016), que descreve o comportamento dos PSI e PSII, indicando também que as bandas da faixa SWIR do espectro são as mais adequadas para estudos relacionados ao *status* hídrico da planta. Por tratar-se de bandas da mesma região do espectro, a correlação entre as mesmas é muito alta (Figura 16). Entretanto, cabe destacar que a banda p1920 permitiu uma maior diferenciação dos acessos, possibilitando a formação de maior número de grupos (Anexo 4).

Dentre os acessos avaliados, alguns são descritos na literatura como tolerantes ao déficit hídrico, enquanto outros, ao contrário, são considerados

sensíveis à seca. Especificamente, a linhagem 1Ea2939 foi geneticamente modificada com o fator de transcrição AtAREB1 e caracterizada como tolerante à seca em experimentos realizados em casa de vegetação (MARINHO et al., 2016) e em condições de campo (FUGANTI-PAGLIARINI et al., 2017). Este acesso foi incluído no grupo com os maiores TRAs apresentados pelos acessos, não diferiu dos acessos que apresentaram os maiores teores de clorofila, porém foi reunido no grupo que apresentou temperaturas foliares mais elevadas, sugerindo fechamento estomático para diminuição de perda e conservação de água na célula, em condições de escassez. A linhagem GM 1Ea2939 apresentou ainda resultado muito semelhante a outro acesso descrito na literatura como tolerante, a PI 471938. Diversos trabalhos indicam esta PI juntamente com a PI 416937 como tolerantes ao déficit hídrico (SHIN et al., 2015; CERZINI et al., 2016; KALER et al., 2017; SHEKOOFA; SINCLAIR, 2018; BAY; PURCELL, 2018). Outro acesso que apresentou maior status hídrico comparado aos demais e foi caracterizado como tolerante, não somente à seca como também à fixação de nitrogênio nessas condições foi a linhagem R02-1325 (DEVI et al., 2014). Entretanto, o acesso PI 603200 merece destaque. Esta PI apesar de não diferir de alguns outros acessos para determinadas variáveis, apresentou no geral maiores valores para todas as variáveis analisadas, com exceção da temperatura foliar, na qual esta foi agrupada inclusive com outros acessos caracterizados como tolerantes, como é o caso da linhagem GM, por exemplo. Porém não há disponível na literatura nenhum trabalho que tenha utilizado este acesso em estudos que envolvam tolerância ao déficit hídrico. Pelo contrário, há pouquíssimas informações disponíveis sobre esta PI, as quais podem ser acessadas no site da USDA (*United States Department of Agriculture*) de rede de informação sobre recursos de germoplasma que fornece informações sobre os acessos de germoplasma das espécies presentes no maior banco de germoplasma mundial (<https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/accessiondetail.aspx?id=1556785>)

A cultivar brasileira BR 16, apesar de ser, previamente, caracterizada como sensível à seca (OYA et al., 2004), foi classificada entre os grupos intermediários, indicando que no grupo estudado foram incluídos acessos ainda mais sensíveis que a BR 16.

4.7. CONCLUSÃO

Houve variabilidade para a resposta ao déficit hídrico entre os acessos avaliados possibilitando sua utilização em programas de melhoramento para aumento da tolerância à seca.

As bandas espectrais utilizadas no estudo foram mais sensíveis às variações do conteúdo de água presente nas folhas em comparação ao teor relativo de água na folha (TRA) permitindo uma melhor diferenciação dos acessos.

Os acessos PI 603200, R02-1325, PI 416937 e PI 471938 destacaram-se por manter um melhor status hídrico da planta mesmo sob condições de déficit hídrico.

4.8. REFERÊNCIAS

ARAUS, José Luis; CAIRNS, Jill E. Field high-throughput phenotyping: the new crop breeding frontier. **Trends in plant science**, v. 19, n. 1, p. 52-61, 2014.

ARNHOLD, E. Package in the R environment for analysis of variance and complementary analyses. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 50, n. 6, p. 488–492, 2013.

BAI, H.; PURCELL, L. C. Aerial canopy temperature differences between fast-and slow-wilting soya bean genotypes. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v. 204, n. 3, p. 243-251, 2018.

CEREZINI, P.; RIAR, M. K.; SINCLAIR, T. R. Transpiration and nitrogen fixation recovery capacity in soybean following drought stress. **Journal of Crop Improvement**, v. 30, n. 5, p. 562-571, 2017.

CHEN, D.; HUANG, J.; JACKSON, T. J. Vegetation water content estimation for corn and soybeans using spectral indices derived from MODIS near- and short-wave infrared bands. **Remote Sensing of Environment**, v. 98, n. 2–3, p. 225–236, 2005.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento Da Safra Brasileira De Grãos Safra 2017/18 - Décimo Primeiro Levantamento**. [s.l: s.n.].

DEVI, J. M. et al. Evaluation of elite southern maturity soybean breeding lines for drought-tolerant traits. **Agronomy Journal**, v. 106, n. 6, p. 1947-1954, 2014.

FEHR, W. R. et al. Stage of development descriptino for soybeans, *Glycine max* (L.) Merrill. **Crop Science**, v. 11, p. 929–931, 1971.

FERREIRA, R. C. **Quantificação Das Perdas Por Seca Na Cultura**. [s.l.] Universidade Estadual de Londrina, 2016.

FLEXAS, J. et al. Diffusive and metabolic limitations to photosynthesis under drought and salinity in C3 plants. **Plant Biology**, v. 6, n. 3, p. 269–279, 2004.

FUGANTI-PAGLIARINI, R. et al. Characterization of soybean genetically modified for drought tolerance in field conditions. **Frontiers in plant science**, v. 8, p. 448, 2017.

HU, Honghong; XIONG, Lizhong. Genetic engineering and breeding of drought-resistant crops. **Annual review of plant biology**, v. 65, p. 715-741, 2014.

HUNT, E. R. et al. Vegetation water content of crops and woodlands for improving soil moisture retrievals from coriolis windsat. In: **Agro-Geoinformatics**, 2017 6th International Conference on. IEEE, 2017. p. 1-5.

HUSSON, F.; JOSSE, J.; LE, S. **RcmdrPlugin. FactoMineR: Graphical User Interface for FactoMineR**. R package version 1.6-0. 2016

IPCC - INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE. **Managing the Risks of Extreme Events and Disasters to Advance Climate Change Adaptation. A Special Report of Working Groups I and II of the Intergovernmental Panel on Climate Change**. Cambridge: [s.n.].

KALAJI, H. M. et al. Chlorophyll a fluorescence as a tool to monitor physiological status of plants under abiotic stress conditions. **Acta physiologiae plantarum**, v. 38, n. 4, p. 102, 2016.

KALER, A. S. et al. Genome-wide association mapping of canopy wilting in diverse soybean genotypes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, n. 10, p. 2203–2217, 2017.

KHANAL, S.; FULTON, J.; SHEARER, S. An overview of current and potential applications of thermal remote sensing in precision agriculture. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 139, p. 22-32, 2017.

KIM, Y. et al. Radar vegetation index for estimating the vegetation water content of rice and soybean. **IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters**, v. 9, n. 4, p. 564-568, 2012.

MANAVALAN, L. P. et al. Physiological and Molecular Approaches to Improve Drought Resistance in Soybean. **Plant and Cell Physiology**, v. 50, n. 7, p. 1260–1276, 2009.

MARINHO, J. P. et al. Characterization of Molecular and Physiological Responses Under Water Deficit of Genetically Modified Soybean Plants Overexpressing the AtAREB1 Transcription Factor. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 34, n. 2, p. 410–426, 2016.

MULLA, D. J. Twenty five years of remote sensing in precision agriculture: Key advances and remaining knowledge gaps. **Biosystems engineering**, v. 114, n. 4, p. 358-371, 2013.

NRDC 2013. **Record-Breaking \$17.3 Billion in Crop Losses Last Year; Significant Portion Potentially Avoidable**. Can be retrieved at <<http://www.nrdc.org/media/2013/130827>>.

OYA, T. et al. Drought Tolerance Characteristics of Brazilian Soybean Cultivars—Evaluation and characterization of drought tolerance of various Brazilian soybean cultivars in the field —. **Plant Production Science**, v. 7, n. 2, p. 129–137, 2004.

PATHAN, S. M. et al. Two soybean plant introductions display slow leaf wilting and reduced yield loss under drought. *Journal of agronomy and crop science*, v. 200, n. 3, p. 231-236, 2014.

PITOL, C.; BROCH, D. L. Soja mais produtiva e tolerante à seca. Gráfica MARACAJU. Tecnologia de produção: soja e milho, v. 2009, n. 5, 2008.

PRINCE, S. J. et al. Evaluation of high yielding soybean germplasm under water limitation. *Journal of integrative plant biology*, v. 58, n. 5, p. 475-491, 2016.

SCHLOERKE, b. et al. **GGally: Extension to 'ggplot2'**. R package version 1.4.0. <https://CRAN.R-project.org/package=GGally>. 2018.

SCHONFELD, M. A. et al. Water Relations in Winter Wheat as Drought Resistance Indicators. **Crop Science**, v. 28, n. 3, p. 526, 1988.

SCOTT A. J.;KNOTT M. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics** 30: 507-512, 1974.

SHAO, H. et al. Water-deficit stress-induced anatomical changes in higher plants. **Comptes rendus biologies**, v. 331, n. 3, p. 215-225, 2008.

SHEKOOFA, A.; SINCLAIR, T. Aquaporin activity to improve crop drought tolerance. **Cells**, v. 7, n. 9, p. 123, 2018.

SHIN, J. H. et al. Transcriptomic changes due to water deficit define a general soybean response and accession-specific pathways for drought avoidance. **BMC plant biology**, v. 15, n. 1, p. 26, 2015.

SINGH, M. et al. Roles of osmoprotectants in improving salinity and drought tolerance in plants: a review. **Reviews in Environmental Science and Bio/Technology**, v. 14, n. 3, p. 407-426, 2015

SWIADER, J.M.; MOORE, A. SPAD - chlorophyll response tonitrogen fertilization and evaluation of nitrogen status in dryland and irrigated pumpkins. **Journal of Plant Nutrition**, v. 25, p.1089-1100, 2002.

VALLIYODAN, B. et al. Landscape of genomic diversity and trait discovery in soybean. **Nature Publishing Group**, n. March, p. 1–10, 2016.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O uso de índices de vegetação e bandas espectrais baseadas na reflectância das plantas se mostrou eficiente na determinação do *status* hídrico das folhas de soja por apresentar alta correlação com variáveis fisiológicas como TRA e taxas de trocas gasosas (temperatura foliar, fotossíntese, transpiração e condutância estomática). O uso destes índices e bandas espectrais é um método de fenotipagem preciso, rápido, não destrutivo e de baixo custo, podendo ser considerado um método de fenotipagem de nova geração que permite a avaliação de ensaios com grande número de tratamentos.

Dentre as variáveis analisadas as bandas da região SWIR são as mais indicadas para estudos relacionados ao conteúdo de água presente nas folhas, como é do caso dos ensaios para tolerância ao déficit hídrico. Entretanto o potencial apresentado por esse tipo de fenotipagem é muito grande, havendo a necessidade de novos estudos envolvendo outras regiões do espectro que podem estar relacionadas ao comportamento das plantas a outros tipos de estresse.

Devido a eficiência, facilidade e agilidade na coleta de dados de reflectância com sensores espectrais, o método pode ser utilizado para fenotipagem de linhagens testadas à campo pelos programas de melhoramento, para avaliação de diferentes genótipos em áreas afetadas pela seca, para verificar a ocorrência de estresse por déficit hídrico em períodos de escassez de chuva, entre outros.

A efetividade do método em diferenciar genótipos em condições de estresse foi confirmada na fenotipagem dos acessos do banco de germoplasma da Embrapa soja, onde foi confirmada a variabilidade entre os acessos avaliados na resposta ao estresse hídrico. Quando associado a variável teor relativo de água, foi possível observar que os acessos que destacaram-se em manter um melhor *status* hídrico foram os acessos 1Ea2939, PI 603200, R02-1325, PI 416937 e PI 471938.

A caracterização dos acessos presentes em banco de germoplasma é muito importante para os programas de melhoramento. Estas informações podem ser utilizadas na escolha dos genótipos que podem servir como fontes tanto para introgressão das características de interesse por meio de cruzamentos via melhoramento convencional. Além disso, podem ser utilizadas novas estratégias de

melhoramento com uso de ferramentas de biotecnologia na identificação de genes e marcadores associados a esta característica como é o caso dos estudos de seleção genômica (GWS) e de associação genômica ampla (GWAS).

REFERÊNCIAS

- ABDEL-HALEEM, H. et al. Mapping of quantitative trait loci for canopy-wilting trait in soybean (*Glycine max* L. Merr). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, n. 5, p. 837-846, 2012.
- ALVES BAKKE, I. et al. Water and sodium chloride effects on *Mimosa tenuiflora* (Willd.) poiret seed germination. **Revista Caatinga**, v. 19, n. 3, 2006.
- ANJUM, S. A. et al. Morphological, physiological and biochemical responses of plants to drought stress. **African Journal of Agricultural Research**, v. 6, n. 9, p. 2026-2032, 2011.
- ARAUS, L.; CAIRNS, J. E. Field high-throughput phenotyping: the new crop breeding frontier. **Trends in Plant Science** v. 19, n. 1, 2014.
- BAGHERZADI, L. et al. Assessing water-related plant traits to explain slow-wilting in soybean PI 471938. **Journal of Crop Improvement**, v. 31, n. 3, p. 400-417, 2017.
- BARBOSA, E. G. G. et al. Overexpression of the ABA-dependent AREB1 Transcription Factor from *Arabidopsis thaliana* Improves Soybean Tolerance to Water Deficit. **Plant Molecular Biology Research**. Plant Mol Biol Rep, 2012.
- BHATIA, V. S.; JUMRANI, K. A maximin–minimax approach for classifying soybean genotypes for drought tolerance based on yield potential and loss. **Plant Breeding**, v. 135, n. 6, p. 691-700, 2016.
- BODSWORTH, S.; BEWLEY, J. D. Osmotic priming of seeds of crop species with polyethylene glycol as a means of enhancing early and synchronous germination at cool temperatures. **Canadian journal of Botany**, v. 59, n. 5, p. 672-676, 1981.
- BONATO, E. R.; BONATO, A. L. V. **A soja no Brasil: história e estatística**. Embrapa Soja-Documents (INFOTECA-E), 1987.
- BONETTI, L.P. Cultivares e seu melhoramento genético. In-**Soja genética e melhoramento**, ed. F.J. Verneti. Fundação Cargill, Campinas, p. 741-800, 1983.
- BRAMMER, S. P. Marcadores moleculares: princípios básicos e uso em programas de melhoramento genético vegetal. **Embrapa Trigo-Documents (INFOTECA-E)**, 2000.
- CATTIVELLI, L. et al. Drought tolerance improvement in crop plants: an integrated view from breeding to genomics. **Field Crops Research**, v. 105, n. 1, p. 1-14, 2008.
- CEPEA. **PIB do agronegócio brasileiro**. ESALQ/USP, 2018. Disponível em: <https://www.cepea.esalq.usp.br/br/pib-do-agronegocio-brasileiro.aspx>.

CEREZINI, P. et al. Water restriction and physiological traits in soybean genotypes contrasting for nitrogen fixation drought tolerance. **Scientia Agricola**, v. 74, n. 2, p. 110-117, 2017.

CHEN, D.; HUANG, J.; JACKSON, T. J. Vegetation water content estimation for corn and soybeans using spectral indices derived from MODIS near-and short-wave infrared bands. **Remote Sensing of Environment**, v. 98, n. 2-3, p. 225-236, 2005.

CHENG, L. et al. Quantitative trait loci mapping for plant height in tobacco using linkage and association mapping methods. **Crop Science**, v. 55, n. 2, p. 641-647, 2015

CHOWDHURY, J. A. et al. Screening of soybean (*Glycine max* L.) genotypes under water stress condition. **Bangladesh Journal of Agricultural Research**, v. 41, n. 3, p. 441-450, 2016.

COLUSSI, J. WEISS, C. R. SOUZA, A. R. L. OLIVEIRA, L. O agronegócio da soja: Uma análise da rentabilidade do cultivo da soja no Brasil. **Revista Espacios**. v. 37. n.16. 2016. Disponível em: <<http://www.revistaespacios.com/a16v37n16/16371623.html>>. Acessado em: 12 de janeiro de 2018.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira**: grãos, oitavo levantamento. Brasília: Conab, mai. 2018.

CONTRERAS-SOTO, R. I. et al. Population structure, genetic relatedness and linkage disequilibrium blocks in cultivars of tropical soybean (*Glycine max*). **Euphytica**, v. 213, n. 8, p. 173, 2017.

COWARDIN, L. M. et al. **Classification of wetlands and deepwater habitats of the United States**. US Department of the Interior, US Fish and Wildlife Service, 1979.

CRUSIOL, L. G. T. et al. NDVI variation according to the time of measurement, sampling size, positioning of sensor and water regime in different soybean cultivars. **Precision Agriculture**, v. 18, n. 4, p. 470-490, 2017.

DA SILVA, J. B. et al. Desempenho de sementes de soja submetidas a diferentes potenciais osmóticos em polietilenoglicol. **Ciência Rural**, v. 36, n. 5, p. 1634-1637, 2006.

DHANAPAL, A. P. et al. Genome-wide association study (GWAS) of carbon isotope ratio ($\delta^{13}\text{C}$) in diverse soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] genotypes. **Theoretical and applied genetics**, v. 128, n. 1, p. 73-91, 2015.

DU, W. et al. Mapping QTLs for seed yield and drought susceptibility index in soybean (*Glycine max* L.) across different environments. **Journal of Genetics and Genomics**, v. 36, n. 12, p. 721-731, 2009.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUARIA. **Recomendações técnicas para cultura da soja na Região central do Brasil 2003/04**. Londrina (EMBRAPA.CNPSo. Documentos 151), 2004.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUARIA. **Notícias :Biotecnologia e biossegurança - Uma soja para enfrentar a seca**. 2014. Disponível em: >> <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/2271249/uma-soja-para-enfrentar-a-seca> <<. Acesso em: 10 de junho de 2017.

FANG, Y.; XIONG, L. General mechanisms of drought response and their application in drought resistance improvement in plants. **Cellular and molecular life sciences**, v. 72, n. 4, p. 673-689, 2015.

FARIAS, J. R. B. et al. Caracterização de risco de déficit hídrico nas regiões produtoras de soja no Brasil. **Revista Brasileira de Agrometeorologia**, v. 9, n. 3, p. 415-421, 2001.

FARIAS, J. R. B.; NEPOMUCENO, A. L.; NEUMAIER, N. Ecofisiologia da soja. **Embrapa Soja-Circular Técnica (INFOTECA-E)**, 2007.

FERREIRA, R. C. **Quantificação das perdas por seca na cultura da soja no Brasil**. Tese de Doutorado-Universidade Estadual de Londrina, centro de ciências agrárias, programa de pós-Graduação em agronomia, Londrina. 2016.

FISCHER, R. A.; MAURER, R. Drought resistance in spring wheat cultivars. I. Grain yield responses. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 29, n. 5, p. 897-912, 1978.

FLEURY, D. et al. Genetic and genomic tools to improve drought tolerance in wheat. **Journal of experimental botany**, v. 61, n. 12, p. 3211-3222, 2010.

FRANCHINI, J. C. et al. **Manejo do solo para redução das perdas de produtividade pela seca**. Londrina: Embrapa Soja, 2009.

FUGANTI-PAGLIARINI, R. et al. Characterization of soybean genetically modified for drought tolerance in field conditions. **Frontiers in plant science**, v. 8, p. 448, 2017.

FUTUYMA, D. J. **Biologia evolutiva**. SBG, 1992.

GAO, B. NDWI—A normalized difference water index for remote sensing of vegetation liquid water from space. **Remote sensing of environment**, v. 58, n. 3, p. 257-266, 1996.

GIMENO, V.; FERNÁNDEZ-MARTÍNEZ, J. M.; FERERES, E. Winter planting as a means of drought escape in sunflower. **Field Crops Research**, v. 22, n. 4, p. 307-316, 1989.

GHOLIZADEH, H. et al. Remote sensing of biodiversity: Soil correction and data dimension reduction methods improve assessment of α -diversity (species richness) in prairie ecosystems. **Remote Sensing of Environment**, v. 206, p. 240-253, 2018.

GONCALVES, S. L.; LYNCH, J. P. Raízes de plantas anuais: tolerância a estresses ambientais, eficiência na absorção de nutrientes e métodos para seleção de genótipos. **Embrapa Soja-Documentos (INFOTECA-E)**, 2014.

GRAY, Sharon B. et al. Intensifying drought eliminates the expected benefits of elevated carbon dioxide for soybean. **Nature Plants**, v. 2, n. 9, p. 16132, 2016.

HALLIBURTON, R. **Introduction to population genetics**. Upper Saddle River: Pearson/Prentice Hall, 2004.

HONNA, P. T. et al. Molecular, physiological, and agronomical characterization, in greenhouse and in field conditions, of soybean plants genetically modified with AtGolS2 gene for drought tolerance. **Molecular breeding**, v. 36, n. 11, p. 157, 2016.

HYMOWITZ, T.; HARLAN, J. R. Introduction of soybean to North America by Samuel Bowen in 1765. **Economic Botany**, v. 37, n. 4, p. 371-379, 1983.

HYTEN, D. L. et. al. Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 103, n. 45, p. 16666-16671, 2006.

HUNT JR, E. R.; ROCK, B. N. Detection of changes in leaf water content using near- and middle-infrared reflectances. **Remote sensing of environment**, v. 30, n. 1, p. 43-54, 1989.

HUNT, E. R. et al. Vegetation water content of crops and woodlands for improving soil moisture retrievals from coriolis windsat. In: **Agro-Geoinformatics**, 2017 6th International Conference on. IEEE, 2017. p. 1-5.

IPCC - INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE. **Managing the Risks of Extreme Events and Disasters to Advance Climate Change Adaptation**. A Special Report of Working Groups I and II of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Cambridge University Press, Cambridge, UK, and New York, NY, USA, 582 p., 2012

INOUE, Y.; MORINAGA, S.; SHIBAYAMA, M. Non-destructive estimation of water status of intact crop leaves based on spectral reflectance measurements. **Japanese Journal of Crop Science**, v. 62, n. 3, p. 462-469, 1993.

KALER, A. S. et al. Genome-wide association mapping of canopy wilting in diverse soybean genotypes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, n. 10, p. 2203–2217, 2017.

KAN, G. et al. Identification of novel loci for salt stress at the seed germination stage in soybean. **Breeding science**, v. 66, n. 4, p. 530-541, 2016

KHANAL, S.; FULTON, J.; SHEARER, S. An overview of current and potential applications of thermal remote sensing in precision agriculture. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 139, p. 22-32, 2017.

KHODARAHMPOUR, Z. Effect of drought stress induced by polyethylene glycol (PEG) on germination indices in corn (*Zea mays* L.) hybrids. **African Journal of Biotechnology**, v. 10, n. 79, p. 18222-18227, 2011.

KIIHL, R. A. S.; GARCIA, A. The use of long juvenile trait in breeding soybean cultivars. In: **World Soybean Research Conference**. 1989.

KIM, Y. et al. Radar vegetation index for estimating the vegetation water content of rice and soybean. **IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters**, v. 9, n. 4, p. 564-568, 2012.

KING, C. A.; PURCELL, L. C.; BRYE, K. R. Differential wilting among soybean genotypes in response to water deficit. **Crop Science**, v. 49, n. 1, p. 290–298, 2009.

LECOEUR, J.; SINCLAIR, R.T. Field pea transpiration and leaf growth in response to soil water deficits. **Crop Science**, Madison, v.36, p.331-335, 1996.

LE, T. N.; MCQUEEN-MASON, S. J. Desiccation-tolerant plants in dry environments. **Reviews in Environmental Science and Bio/Technology**, v. 5, n. 2-3, p. 269, 2006.

LI, Y. et. al. Genetic structure and diversity of cultivated soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) landraces in China. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 117, n. 6, p. 857-871, 2008.

MANAVALAN, L. P. et al. Identification of novel QTL governing root architectural traits in an interspecific soybean population. **PLoS One**, v. 10, n. 3, p. e0120490, 2015.

MAPA-**Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/vegetal/culturas/soja>>. Acesso em: 26 Jul. 2017.

MARENCO, J. A. O futuro clima do Brasil. **Revista USP**, n. 103, p. 25-32, 2014.

MARINHO, J. P. et al. Characterization of molecular and physiological responses under water deficit of genetically modified soybean plants overexpressing the AtAREB1 transcription factor. **Plant molecular biology reporter**, v. 34, n. 2, p. 410-426, 2016.

MAYNARD, J. J.; LEVI, Matthew R. Hyper-temporal remote sensing for digital soil mapping: Characterizing soil-vegetation response to climatic variability. **Geoderma**, v. 285, p. 94-109, 2017.

MIR, R. R. et. al. Integrated genomics, physiology and breeding approaches for improving drought tolerance in crops. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, n. 4, p. 625-645, 2012.

MISSÃO, M. R. Soja, origem, classificação, utilização e uma visão abrangente do mercado. **Maringá Management**, v. 3, n. 1, 2008.

MORAES, E.C. **Fundamentos de Sensoriamento Remoto**, São José dos Campos, 2002. Disponível em: <http://www.grss-unicamp.com/CAP1_IntroSR_INPE.pdf>. Acesso em: 20 jan. 2019.

MULLA, D. J. Twenty five years of remote sensing in precision agriculture: Key advances and remaining knowledge gaps. **Biosystems engineering**, v. 114, n. 4, p. 358-371, 2013.

NOVARA, A. et al. The impact of soil erosion on soil fertility and vine vigor. A multidisciplinary approach based on field, laboratory and remote sensing approaches. **Science of the Total Environment**, v. 622, p. 474-480, 2018.

NRDC 2013. **Record-Breaking \$17.3 Billion in Crop Losses Last Year; Significant Portion Potentially Avoidable**. Can be retrieved at <<http://www.nrdc.org/media/2013/130827>>.

OSAKABE, Y. et al. Response of plants to water stress. **Frontiers in plant science**, v. 5, 2014.

PARK, Seonyoung et al. Prediction of Drought on Pentad Scale Using Remote Sensing Data and MJO Index through Random Forest over East Asia. **Remote Sensing**, v. 10, n. 11, p. 1811, 2018.

PONZONI, F. J.; SHIMABUKURO, Y. E.; KUPLICH, T. M. **Sensoriamento remoto da vegetação**. Oficina de Textos, 2015.

PRIOLLI, R. H. G. et al. Genetic diversity among Brazilian soybean cultivars based on SSR loci and pedigree data. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 53, n. 3, p. 519-531, 2010.

PRIOLLI, R. H. G. et al. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004.

QIE, L. et al. Mapping of quantitative trait locus (QTLs) that contribute to germination and early seedling drought tolerance in the interspecific cross *Setaria italicax Setaria viridis*. **PLoS One**, v. 9, n. 7, p. e101868, 2014.

RAUF, S. et al. Breeding strategies to enhance drought tolerance in crops. In: **Advances in plant breeding strategies: agronomic, abiotic and biotic stress traits**. Springer International Publishing, p. 397-445, 2016.

REBETZKE, G. J. et al. Genetic control of water-soluble carbohydrate reserves in bread wheat. In: **Wheat Production in Stressed Environments**. Springer, Dordrecht, 2007. p. 349-356.

SABOURI, A.; SABOURI, H.; DE OCAMPO, M.. Genetic analysis seedling vigour under osmotic stress in rice by QTL mapping. **Russian agricultural sciences**, v. 38, n. 5-6, p. 423, 2012.

SADRAS, V. O. et al. Phenotypic plasticity of yield and phenology in wheat, sunflower and grapevine. **Field Crops Research**, v. 110, n. 3, p. 242-250, 2009.

SEDIYAMA T; TEIXEIRA, R. C; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: Borém, A. (ed). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV. p. 488-533, 1999.

SILVA NETO, S. P. A Evolução da Produtividade da Soja no Brasil. **Jornal dia de Campo**. Disponível em: >><http://www.diadecampo.com.br/zpublisher/materias/Materia.asp?id=24933&secao=Colunas%20e%20Artigos><<. Acesso em: 6 de junho de 2017.

SINCLAIR, Thomas R. Challenges in breeding for yield increase for drought. **Trends in plant science**, v. 16, n. 6, p. 289-293, 2011.

SINGH, M. et al. Roles of osmoprotectants in improving salinity and drought tolerance in plants: a review. **Reviews in Environmental Science and Bio/Technology**, v. 14, n. 3, p. 407-426, 2015

TARDIEU, F. et al. Plant phenomics, from sensors to knowledge. **Current Biology**, v. 27, n. 15, p. R770-R783, 2017.

THORP, K. et al. High-Throughput Phenotyping of Crop Water Use Efficiency via Multispectral Drone Imagery and a Daily Soil Water Balance Model. **Remote Sensing**, v. 10, n. 11, p. 1682, 2018.

TOBE, K. et al. Seed germination and radicle growth of a halophyte, *Kalidium caspicum* (Chenopodiaceae). **Annals of Botany**, v. 85, n. 3, p. 391-396, 2000.

TUBEROSA, R. Phenotyping for drought tolerance of crops in the genomics era. **Frontiers in physiology**, v. 3, 2012.

USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. Oilseeds: world markets and trade. **Foreign Agricultural Service/USDA**, office of global analysis. 2018.

VALLIYODAN, B. et al. Landscape of genomic diversity and trait discovery in soybean. **Scientific reports**, v. 6, p. 23598, 2016.

VARDHINI, B. V.; RAO, S. S. R. Amelioration of osmotic stress by brassinosteroids on seed germination and seedling growth of three varieties of sorghum. **Plant Growth Regulation**, v. 41, n. 1, p. 25-31, 2003.

VERGARA, W. L H.; OLIVEIRA, J. P. C.; BARBOSA, F. A.; YAMANARI, J. S. Análise de viabilidade econômico-financeira para aquisição de uma unidade de armazenagem de soja e milho. **GEPROS**. Gestão da Produção, Operações e Sistemas, Bauru, Ano 12, nº 1, p. 41-61, 2017.

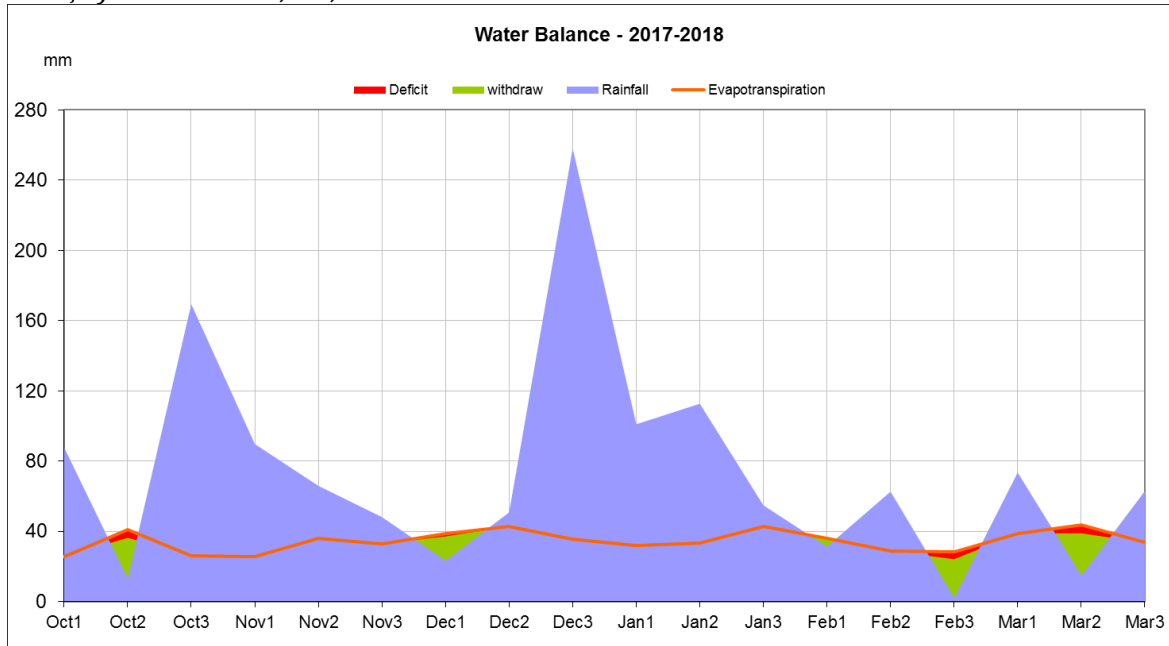
WANG, L.; QU, J. J. NMDI: A normalized multi-band drought index for monitoring soil and vegetation moisture with satellite remote sensing. **Geophysical Research Letters**, v. 34, n. 20, 2007.

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

YU, B. et al. Fire Risk Prediction Using Remote Sensed Products: A Case of Cambodia. **Photogrammetric Engineering & Remote Sensing**, v. 83, n. 1, p. 19-25, 2017.

ANEXOS

ANEXO 1. BALANÇO HÍDRICO (WB – *WATER BALANCE*) CALCULADO DE ACORDO COM THORNTHWAITTE & MATHER (40) PARA PERÍODOS DE 10 DIAS (1, 2, 3) AO LONGO DA SAFRA 2017-2018 (DE OUTUBRO A MARÇO) EM LONDRINA, PR, BRASIL.



ANEXO 2: GENÓTIPOS UTILIZADOS NO ESTUDO

Genótipo	Hábito de crescimento	Maturação	Origem	Empresa melhoramento
A 4725 RG	Indeterminado	semi-precoce 4.9	Brasil	Nideira
A 7321 RG	Indeterminado	semi-tardio 6.8 < GMR < 7.6	Brasil	Nideira
BMX ALVO RR	Indeterminado	5.9	Brasil	BrasMax
BMX APOLO RR	Indeterminado	5.5	Brasil	BrasMax
BMX IMPACTO RR	Determinado	precoce	Brasil	BrasMax
BMX MAGNA RR	Indeterminado	6.2	Brasil	BrasMax
BMX POTÊNCIA RR	Indeterminado	semi-precoce GMR < 6.8	Brasil	BrasMax
BMX TITAN RR	Indeterminado	semi-precoce GMR < 6.8	Brasil	BrasMax
BMX TURBO RR	Indeterminado	super-precoce GMR < 6.8	Brasil	BrasMax
BR 16	Determinado	semi-precoce	Brasil	Embrapa
BR 4	Determinado	médio RS	Brasil	Embrapa
BRS 184	Determinado	6.7	Brasil	Embrapa
BRS 206	Determinado	precoce MS	Brasil	Embrapa
BRS 216	Determinado	6.8 < GMR < 7.6	Brasil	Embrapa
BRS 233	Determinado	7.4	Brasil	Embrapa
BRS 239	Determinado	6.9	Brasil	Embrapa
BRS 242 RR	Determinado	6.7	Brasil	Embrapa
BRS 246 RR	Determinado	7.2	Brasil	Embrapa
BRS 255 RR	Determinado	6.7	Brasil	Embrapa
BRS 268	Determinado	6.9	Brasil	Embrapa
BRS 283	Indeterminado	6.5	Brasil	Embrapa
BRS 284	Indeterminado	6.6	Brasil	Embrapa
BRS 314	Determinado	9.2	Brasil	Embrapa
BRS 316 RR	Determinado	6.5	Brasil	Embrapa
BRS 333 RR	Determinado	tardio	Brasil	Embrapa

BRS 334 RR	Determinado	7.5	Brasil	Embrapa
BRS 360 RR	Indeterminado	6.2	Brasil	Embrapa
BRS 7860 RR	Determinado	7.6 < GMR < 8.2	Brasil	Embrapa
BRS CHARRUA RR	Determinado	6.8 < GMR < 7.6	Brasil	Embrapa
BRS GO 7960	Determinado	7.9	Brasil	Embrapa
BRS GO 7963	Indeterminado	precoce	Brasil	Embrapa
BRS GO 8061	Determinado	8.6	Brasil	Embrapa
BRS INVERNADA	Indeterminado	6.8 < GMR < 7.6	Brasil	Embrapa
BRS MACOTA	Indeterminado	GMR < 6.8	Brasil	Embrapa
BRS MG 811C RR	Determinado	8.1	Brasil	Embrapa
BRS MILENA	Determinado	8.3	Brasil	Embrapa
BRS NOVA SAVANA	Determinado	140 dias (DF; MG, MS)	Brasil	Embrapa
BRS SINUELO	Determinado	médio-tardeio (RS)	Brasil	Embrapa
BRS TAURA RR	Determinado	6.8 < GMR < 7.6	Brasil	Embrapa
CD 202	Determinado	6.5	Brasil	COODETEC
CD 214 RR	Determinado	GMR < 6.8	Brasil	COODETEC
CD 215	Determinado	GMR < 6.8	Brasil	COODETEC
CD 224	Determinado	6.8 < GMR < 7.6	Brasil	COODETEC
CD 225 RR	Indeterminado	5.8	Brasil	COODETEC
CD 226 RR	Determinado	GMR < 6.8	Brasil	COODETEC
CD 233 RR	Determinado	GMR < 6.8	Brasil	COODETEC
CD 240 RR				
CD 243 RR	Determinado	8	Brasil	COODETEC
DAVIS		6	EUA	PI
DELTAPINE 506		6	EUA	PI
EMBRAPA 48	Determinado	6.8	Brasil	Embrapa
FT COMETA	Indeterminado	precoce	Brasil	
FUNDACEP 59 RR	Determinado	7.5		Fundacep

IAC 11		ciclo precoce-médio	Brasil	Instituto Agronomico de Campinas
IAS-1		7	Brasil	
MG/BR21(BURITI)		recomendada MS		Embrapa
M-SOY 5826	Indeterminado	5.8		Monsoy
M-SOY 8008	Determinado	7.6 < GMR < 8.2	Brasil	Monsoy
M-SOY 8248		8.2	Brasil	Monsoy
M-SOY 8336 RR	Determinado	8.3	Brasil	Monsoy
M-SOY 8352		8.3	Brasil	Monsoy
M-SOY 8527 RR	Determinado	8.5	Brasil	Monsoy
NA 5909 RG	Indeterminado	6.9	Brasil	Nideira
NA 7255 RR	Indeterminado	6.8 < GMR < 7.6	Brasil	Nideira
NA 7337 RR	Indeterminado	7.6	Brasil	Nideira
NK 412113 (V MAX)	Indeterminado	GMR < 6.8	Brasil	Syngenta
NK 7074 RR	Determinado	6.8 < GMR < 7.6	Brasil	Syngenta
TMG 103 RR	Determinado	8.3	Brasil	TMG
TMG 108 RR		8.9	Brasil	TMG
TMG 121 RR	Determinado	8.4	Brasil	TMG
TMG1182RR	Determinado	8.2	Brasil	TMG
TROPICAL	Determinado	6.7	Brasil	IAC
V MAX RR	Indeterminado	5.9	Brasil	Syngenta
PI 088444	Determinado	4	China	PI
PI 372413	Indeterminado	0	Alemanha	PI
PI 398666	Determinado	4	Chungchong Puk Korea, South	PI
PI 398848	Determinado	4	Chungchong Nam Korea, South	PI
PI 398887	Determinado	4	Kyonggi Korea, South	PI
PI 399020	Determinado	4	Kyongsang Nam Korea, South	PI
PI 407859-2	Determinado	5	Cholla Puk Korea, South	PI

PI 416937	Determinado	6	Japão	PI
PI 417580	Determinado	3	Japão	PI
PI 424494	Determinado	4	Kyongsang Nam Korea, South	PI
PI 432359	Indeterminado	4	Jalisco, Mexico	PI
PI 437127 B		4	Georgia	PI
PI 437580	Semi- Determinado	4	China	PI
PI 438442 A	Indeterminado	2	Netherlands	PI
PI 446893	Indeterminado	4	Anhui, China	pi
PI 458020	Indeterminado	4	Coreia do Sul	PI
PI 458517	Indeterminado	3	Shandong China	PI
PI 471938	Determinado	5	Nepal	PI
PI 475822 A	Indeterminado	1	Xinjiang, China	PI
PI 475822 B	Indeterminado	3	Xinjiang, China	PI
PI 475822 C	Indeterminado	3	Xinjiang, China	PI
PI 476885	Determinado	6	Vietnan	PI
PI 506705	Determinado	4	Japão	PI
PI 508266	Determinado	6	Carolina do Norte, EUA	PI
PI 518664	Determinado	5	Virginia, EUA	PI
PI 518671	Indeterminado	3	Illinois, EUA	PI
PI 546375	Indeterminado	2	Ohio, EUA	PI
PI 547420	Indeterminado	4	Illinois, EUA	PI
PI 547475	Indeterminado	4	Illinois, EUA	PI
PI 547672	Indeterminado	4	Illinois, EUA	PI
PI 547836	Indeterminado	2	Illinois, EUA	PI
PI 547855	Semi- Determinado	3	Illinois, EUA	PI
PI 547856	Indeterminado	3	Illinois, EUA	PI
PI 548362	Indeterminado	3	Illinois, EUA	PI

PI 548507	Indeterminado	2	Indiana, EUA	PI
PI 548542	Indeterminado	3	Iowa, EUA	PI
PI 548561	Indeterminado	1	Minnesota, EUA	PI
PI 548637	Indeterminado	0	Ontario, Canada	PI
PI 548655	Determinado	5	Mississippi, EUA	PI
PI 548657	Determinado	7	Carolina do Norte, EUA	PI
PI 548667	Determinado	5	Virginia, EUA	PI
PI 548668	Indeterminado	1	Minnesota, EUA	PI
PI 552538	Indeterminado	3	Nebraska, EUA	PI
PI 553045	Determinado	8	Georgia	PI
PI 567611	Indeterminado	4	Henan, China	PI
PI 567690	Semi-Determinado	3	Anhui, China	PI
PI 567731	Semi-Determinado	3	Anhui, China	PI
PI 570668	Determinado	6	Sonora, Mexico	PI
PI 572238	Determinado	7	Georgia	PI
PI 572239	Determinado	5	Carolina do Norte, EUA	PI
PI 573286	Determinado	6	Mississippi, EUA	PI
PI 578247	Determinado	6	Mississippi, EUA	PI
PI 587958			Hunan, China	PI
PI 587959			Hunan, China	PI
PI 588025	Determinado	4	Sichuan, China	PI
PI 588028	Semi-Determinado	4	Sichuan, China	PI
PI 592756	Determinado	6	Carolina do Sul, EUA	PI
PI 593654	Indeterminado	4	Ohio, EUA	PI
PI 595081	Indeterminado	4	Kansas, EUA	PI
PI 595645	Determinado	7	Georgia	PI
PI 597387	Indeterminado	3	Illinois, EUA	PI
PI 602597	Determinado	6	Georgia	PI

PI 603200	Indeterminado	3	EUA	PI
PI 603568	Indeterminado	4	China	PI
PI 603694 B	Determinado	4	China	PI
PI 603742 C	Determinado	4	China	PI
PI 607380			Illinois, EUA	PI
PI 608357	Determinado	5	Mississippi, EUA	PI
PI 612608	Determinado	5	Delaware, EUA	PI
PI 614153	Indeterminado	3	Ohio, EUA	PI
PI 628821			Brasil	PI
PI 628827			Brasil	PI
PI 628889			Brasil	PI
PI 632421	Determinado	4	Ohio, EUA	PI
PI 632428	Determinado	4	Ohio, EUA	PI
PI 632429	Determinado	4	Ohio, EUA	PI
PI 634335	Determinado	4	Ohio, EUA	PI
PI 634813			Dakota do Norte, EUA	PI
PI 634903			Illinois, EUA	PI
PI 646157			Missouri, EUA	PI
PI 647960	Determinado	5	Arkansas, EUA	PI
PI 647961		5	Arkansas, EUA	PI
PI 657701		136 dias	Oyo, Nigeria	PI
PI 661267			Indonesia	PI
PI 90490-2	Determinado	4	Beijing, China	PI
PI 96118	Determinado	4	Pyongan Puk, Korea do Norte	PI
PI 96280	Determinado	4	Hamgyong Puk, Korea do Norte	PI
PI 97038	Indeterminado	4	Hwanghae Puk, Korea do Norte	PI
R02-1325		5	EUA	Linhagem
1Ea2939	Determinado		Brasil	Linhagem OGM

ANEXO 3. MÉDIAS DOS GENÓTIPOS AVALIADOS PARA AS VARIÁVEIS TEOR RELATIVO DE ÁGUA (TRA) E CLOROFILA NAS CONDIÇÕES HÍDRICAS CONTROLE E DÉFICIT HÍDRICO (DH).

Genótipo (Cultivar)	TRA %		Clorofila ($\mu\text{g cm}^2$)	
	C	DH	Controle	DH
CD 240 RR	89,27 a A	87,86 a A	31,18 A A	29,37 a A
BRS 284	87,63 a A	87,52 a A	29,07 B A	27,70 a A
CD 202	85,27 a A	87,18 a A	26,57 B A	22,77 a A
BRS MG 811C RR	85,64 a A	87,12 a A	37,38 A A	28,40 a A
BMX POTÊNCIA RR	89,67 a A	86,44 a A	28,05 B A	33,42 a A
FT COMETA	82,03 a A	86,31 a A	28,10 B A	26,85 a A
BRS 7860 RR	88,66 a A	85,91 a A	37,20 A A	28,37 a A
BMX ALVO RR	85,63 a A	85,88 a A	29,10 B A	26,82 a A
BRS 314	84,06 a A	85,87 a A	30,65 A A	23,32 a A
CD 233 RR	86,96 a A	85,62 a A	28,15 B A	27,63 a A
EMBRAPA 48	86,60 a A	85,35 a A	32,18 A A	23,65 a A
CD 224	85,24 a A	85,25 a A	33,65 A A	28,57 a A
A 7321 RG	89,84 a A	85,07 a A	34,58 A A	29,10 a A
BRS 334 RR	84,81 a A	85,06 a A	30,60 A A	25,65 a A
CD 226 RR	87,88 a A	84,98 a A	35,48 A A	25,28 a B
BRS 255 RR	89,23 a A	84,89 a A	28,80 B A	28,97 a A
CD 214 RR	81,18 a A	84,83 a A	35,42 A A	27,90 a A
TROPICAL	86,63 a A	84,82 a A	32,80 A A	30,22 a A
BRS 216	85,41 a A	84,74 a A	34,00 A A	24,23 a B
M-SOY 8336 RR	82,31 a A	84,74 a A	25,57 B A	22,15 a A
CD 215	87,33 a A	84,64 a A	33,32 A A	24,17 a A
A 4725 RG	89,57 a A	84,63 a A	22,37 B A	30,28 a A
BMX TURBO RR	85,94 a A	84,50 a A	29,27 B A	30,62 a A
IAS-1	88,10 a A	84,35 a A	20,15 B A	23,98 a A
BRS 239	89,13 a A	84,24 a A	31,42 A A	27,68 a A
BRS NOVA SAVANA	89,40 a A	84,23 a A	33,70 A A	28,48 a A
M-SOY 5826	92,17 a A	84,08 a B	17,95 B B	29,50 a A
BRS MILENA	88,30 a A	83,91 a A	34,68 A A	29,35 a A
BRS 233	84,22 a A	83,87 a A	31,45 A A	24,70 a A
BRS TAURA RR	87,16 a A	83,85 a A	14,08 B B	32,08 a A
BRS 295 RR	85,26 a A	83,80 a A	32,18 A A	30,10 a A
BR 16	86,35 a A	83,59 a A	33,02 A A	27,78 a A
BRS 333 RR	88,55 a A	83,32 a A	34,78 A A	26,07 a A
CD 243 RR	86,86 a A	83,31 a A	28,85 B A	26,32 a A
M-SOY 8527 RR	85,34 a A	83,25 a A	28,70 B A	23,68 a A
BRS GO 7960	85,63 a A	83,23 a A	36,77 A A	28,48 a A
TMG 121 RR	86,10 a A	83,15 a A	34,80 A A	25,18 a B
M-SOY 8352	90,34 a A	83,14 a B	25,33 B A	27,73 a A
BMX TITAN RR	89,25 a A	83,03 a B	28,58 B A	35,85 a A
BMX MAGNA RR	90,34 a A	83,02 a B	24,97 B A	27,42 a A
BR 4	88,59 a A	82,94 a A	36,18 A A	30,18 a A

BMX IMPACTO RR	82,19	a	A	82,80	a	A	30,55	A	A	30,55	a	A
BRS SINUELO	85,71	a	A	82,54	a	A	25,05	B	A	29,63	a	A
BRS 360 RR	87,83	a	A	82,52	a	A	25,43	B	A	25,97	a	A
BRS 246 RR	88,77	a	A	82,32	a	B	34,97	A	A	31,58	a	A
TMG 103 RR	81,73	a	A	82,26	a	A	28,95	B	A	22,92	a	A
NK 7074 RR	83,92	a	A	82,18	a	A	30,02	A	A	21,70	a	A
BRS 206	84,85	a	A	82,12	a	A	32,95	A	A	33,73	a	A
BRS 316 RR	85,08	a	A	82,08	a	A	37,43	A	A	29,25	a	A
TMG1182RR	87,09	a	A	81,92	a	A	25,98	B	A	31,60	a	A
BMX APOLO RR	84,90	a	A	81,65	a	A	36,32	A	A	24,17	a	B
M-SOY 8248	87,17	a	A	81,48	a	A	33,70	A	A	23,42	a	B
BRS 242 RR	86,58	a	A	81,19	a	A	31,13	A	A	23,22	a	A
FUNDACEP 59 RR	84,40	a	A	81,10	a	A	31,72	A	A	24,88	a	A
BRS 283	85,44	a	A	81,01	a	A	30,25	A	A	27,10	a	A
CD 225 RR	85,10	a	A	80,73	a	A	31,13	A	A	20,83	a	B
IAC 11	88,52	a	A	80,40	b	B	27,10	B	A	23,75	a	A
BRS GO 7963	87,13	a	A	80,07	b	B	28,63	B	A	29,95	a	A
NK 412113 (V MAX)	87,18	a	A	79,76	b	B	42,28	A	A	28,87	a	B
BRS 268	89,76	a	A	79,57	b	B	29,55	B	A	32,70	a	A
MG/BR21(BURITI)	87,42	a	A	79,24	b	B	27,90	B	A	24,52	a	A
NA 7255 RR	87,13	a	A	79,18	b	B	31,53	A	A	26,48	a	A
BRS INVERNADA	87,07	a	A	79,17	b	B	31,35	A	A	22,15	a	A
TMG 108 RR	84,90	a	A	78,75	b	A	37,60	A	A	26,40	a	B
BRS CHARRUA RR	88,87	a	A	78,45	b	B	35,22	A	A	32,43	a	A
DAVIS	88,14	a	A	78,45	b	B	32,70	A	A	27,37	a	A
V MAX RR	88,20	a	A	77,90	b	B	38,16	A	A	25,72	a	B
BRS GO 8061	85,94	a	A	77,36	b	B	32,82	A	A	25,97	a	A
NA 5909 RG	85,19	a	A	77,09	b	B	29,23	B	A	27,90	a	A
BRS 184	88,63	a	A	76,84	b	B	31,67	A	A	30,07	a	A
BRS MACOTA	85,47	a	A	76,47	b	B	33,12	A	A	26,17	a	A
NA 7337 RR	85,00	a	A	73,39	c	B	28,30	B	A	31,45	a	A
DELTAPINE 506	88,73	a	A	73,16	c	B	32,25	A	A	25,78	a	A
M-SOY 8008	87,70	a	A	70,10	c	B	37,17	A	A	18,37	a	B

Genótipo (PI)	TRA%		Clorofila ($\mu\text{g cm}^2$)					
	C	DH	Controle	DH				
PI 603694 B	86,76	a A	88,64	a A	35,50	A A	24,62	a B
PI 546375	86,28	a A	87,02	a A	35,52	A A	33,72	a A
PI 416937	91,44	a A	87,01	a A	31,07	A A	30,63	a A
PI 471938	88,06	a A	86,64	a A	30,37	A A	29,43	a A
PI 593654	84,01	a A	86,62	a A	32,55	A A	31,97	a A
PI 547856	89,07	a A	86,54	a A	17,18	B B	29,58	a A
PI 573286	84,93	a A	86,34	a A	32,90	A A	26,90	a A
PI 628889	87,43	a A	86,30	a A	31,95	A A	28,58	a A
PI 602597	87,64	a A	86,16	a A	32,87	A A	31,60	a A
PI 458020	88,29	a A	86,11	a A	22,78	B A	31,80	a A
PI 628827	89,04	a A	86,09	a A	30,37	A A	28,03	a A

PI 632429	92,59	a	A	86,07	a	B	23,15	B	B	42,38	a	A
PI 603200	87,10	a	A	86,02	a	A	20,73	B	A	24,32	a	A
PI 572239	89,20	a	A	85,95	a	A	28,48	B	A	25,57	a	A
PI 547475	90,85	a	A	85,88	a	A	28,85	B	A	26,27	a	A
PI 548637	87,95	a	A	85,83	a	A	33,40	A	A	31,23	a	A
PI 553045	87,24	a	A	85,80	a	A	31,53	A	A	27,25	a	A
PI 603742 C	90,26	a	A	85,74	a	A	18,08	B	B	35,37	a	A
PI 548657	87,30	a	A	85,73	a	A	29,80	A	A	27,70	a	A
PI 475822 C	89,20	a	A	85,72	a	A	25,48	B	A	28,63	a	A
PI 628821	83,01	a	A	85,61	a	A	37,17	A	A	24,98	a	B
PI 647960	83,74	a	A	85,58	a	A	26,10	B	A	30,22	a	A
PI 646157	86,03	a	A	85,49	a	A	26,78	B	A	29,93	a	A
PI 607380	91,27	a	A	85,41	a	A	38,38	A	A	25,10	a	B
PI 437580	83,96	a	A	85,25	a	A	28,05	B	A	32,48	a	A
PI 548561	88,40	a	A	85,12	a	A	28,37	B	A	34,28	a	A
PI 458517	85,60	a	A	85,11	a	A	28,28	B	A	30,45	a	A
PI 612608	87,03	a	A	85,11	a	A	30,18	A	A	27,50	a	A
PI 518671	87,91	a	A	84,83	a	A	26,32	B	B	40,60	a	A
PI 597387	89,01	a	A	84,72	a	A	32,00	A	A	34,23	a	A
PI 547420	85,48	a	A	84,71	a	A	23,97	B	A	29,85	a	A
PI 446893	85,34	a	A	84,64	a	A	35,03	A	A	30,02	a	A
PI 475822 B	88,55	a	A	84,61	a	A	30,25	A	A	24,78	a	A
PI 547836	83,23	a	A	84,60	a	A	36,90	A	A	29,55	a	A
PI 475822 A	87,48	a	A	84,55	a	A	33,90	A	A	26,45	a	A
PI 595645	87,40	a	A	84,44	a	A	29,18	B	A	27,83	a	A
PI 603200	86,79	a	A	84,07	a	A	32,05	A	A	28,47	a	A
PI 407859-2	88,57	a	A	84,03	a	A	37,90	A	A	32,90	a	A
PI 548655	89,62	a	A	83,93	a	A	31,95	A	A	22,32	a	B
PI 578247	88,24	a	A	83,77	a	A	18,75	B	B	30,40	a	A
PI 634813	88,25	a	A	83,73	a	A	29,75	A	A	33,57	a	A
PI 518664	86,79	a	A	83,69	a	A	24,82	B	A	27,73	a	A
PI 552538	89,60	a	A	83,67	a	A	30,17	A	A	34,28	a	A
PI 438442 A	84,39	a	A	83,65	a	A	37,53	A	A	30,58	a	A
PI 572238	88,41	a	A	83,57	a	A	33,02	A	A	25,43	a	A
PI 547672	79,48	a	A	83,53	a	A	24,05	B	A	24,88	a	A
PI 548507	88,02	a	A	83,50	a	A	32,18	A	A	34,22	a	A
PI 567611	91,25	a	A	83,45	a	B	32,80	A	A	21,07	a	B
PI 634903	83,30	a	A	83,36	a	A	32,62	A	A	28,63	a	A
PI 592756	87,16	a	A	83,30	a	A	35,38	A	A	25,28	a	C
PI 508266	86,02	a	A	83,28	a	A	31,15	A	A	30,60	a	A
PI 399020	85,43	a	A	82,92	a	A	32,25	A	A	25,53	a	A
PI 547855	85,49	a	A	82,92	a	A	25,42	B	A	34,27	a	A
PI 90490-2	89,87	a	A	82,90	a	B	27,75	B	A	34,95	a	A
PI 088444	85,38	a	A	82,52	a	A	30,83	A	A	29,27	a	A
PI 437127 B	86,96	a	A	82,49	a	A	29,18	B	A	28,92	a	A
PI 588028	86,47	a	A	82,36	a	A	27,97	B	A	17,48	a	B

PI 567731	87,50	a	A	82,24	a	A	32,33	A	A	26,75	a	A
PI 661267	87,76	a	A	82,11	a	A	32,58	A	A	23,85	a	A
PI 632428	87,30	a	A	82,07	a	A	27,23	B	A	30,87	a	A
PI 657701	82,98	a	A	81,96	a	A	33,05	A	A	26,58	a	A
PI 398887	86,84	a	A	81,94	a	A	33,55	A	A	26,62	a	A
PI 548668	89,54	a	A	81,91	a	B	27,05	B	A	27,80	a	A
PI 372413	91,49	a	A	81,88	a	B	36,85	A	A	29,12	a	A
PI 614153	86,43	a	A	81,70	a	A	31,13	A	A	34,90	a	A
PI 476885	89,22	a	A	81,55	a	B	35,20	A	A	26,73	a	A
PI 424494	85,90	a	A	81,45	a	A	27,37	B	A	21,60	a	A
PI 548667	87,58	a	A	81,37	a	B	31,58	A	A	24,85	a	A
PI 647961	87,36	a	A	81,18	a	A	23,33	B	B	33,28	a	A
PI 548362	88,83	a	A	81,16	a	B	27,73	B	A	28,95	a	A
PI 608357	86,70	a	A	80,72	a	A	30,37	A	A	23,20	a	A
PI 634335	84,71	a	A	80,54	b	A	24,40	B	A	28,45	a	A
PI 567690	86,31	a	A	80,31	b	A	27,40	B	A	23,57	a	A
PI 595081	86,68	a	A	80,28	b	B	30,30	A	A	26,80	a	A
PI 588025	87,64	a	A	80,04	b	B	30,60	A	A	24,45	a	A
PI 587959	89,05	a	A	79,74	b	B	38,70	A	A	33,63	a	A
PI 398848	89,77	a	A	79,20	b	B	31,90	A	A	29,82	a	A
PI 97038	85,79	a	A	79,15	b	B	31,20	A	A	28,93	a	A
PI 417580	95,59	a	A	78,80	b	B	32,90	A	A	29,83	a	A
PI 632421	82,53	a	A	78,41	b	A	27,32	B	A	23,67	a	A
PI 432359	85,60	a	A	77,55	b	B	33,50	A	A	28,18	a	A
PI 587958	87,03	a	A	77,36	b	B	31,62	A	A	26,83	a	A
PI 96280	84,05	a	A	74,86	c	B	33,78	A	A	29,65	a	A
PI 548542	90,64	a	A	74,73	c	B	25,58	B	A	29,53	a	A
PI 398666	84,26	a	A	72,63	c	B	34,62	A	A	23,52	a	B
PI 506705	86,14	a	A	71,98	c	B	31,87	A	A	24,87	a	A
PI 96118	86,27	a	A	71,49	c	B	36,62	A	A	29,02	a	A
PI 570668	86,59	a	A	64,81	d	B	33,57	A	A	27,32	a	A

Genótipo (Linhagem)	TRA%				Clorofila ($\mu\text{g cm}^2$)							
	C		DH		Controle	DH						
1Ea2939	87,99	a	A	85,06	a	A	33,80	A	A	30,55	a	A
R02-1325	88,43	a	A	81,93	a	B	33,88	A	A	35,37	a	A

*Letras minúsculas comparam o desempenho dos genótipos dentro de cada condição (coluna) e maiúsculas comparam o desempenho dos genótipos entre as condições hídricas (linha). Genótipos seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$).

ANEXO 4. MÉDIAS DOS GENÓTIPOS AVALIADOS PARA A VARIÁVEL FISIOLÓGICA TEMPERATURA FOLIAR (T°C FOLIAR) E AS BANDAS ESPECTRAIS ρ 1440, ρ 1920, SWIR₁₆₀₀ E SWIR₂₃₀₀ NAS CONDIÇÕES HÍDRICAS CONTROLE E DÉFICIT HÍDRICO (DH).

Genótipo (Cultivar)	T°C foliar	ρ 1440	ρ 1920	SWIR ₁₆₀₀	SWIR ₂₃₀₀
CD 240 RR	22,100 b	0,209 c	0,062 c	0,365 d	0,230 c
BRS 284	21,767 b	0,200 d	0,054 e	0,374 c	0,221 d
CD 202	23,033 a	0,201 d	0,057 d	0,357 d	0,220 d
BRS MG 811C RR	23,333 a	0,210 c	0,059 d	0,381 b	0,230 c
BMX POTÊNCIA RR	23,333 a	0,204 c	0,058 d	0,369 c	0,223 c
FT COMETA	21,933 b	0,202 d	0,056 e	0,368 c	0,224 c
BRS 7860 RR	23,633 a	0,207 c	0,058 d	0,374 c	0,226 c
BMX ALVO RR	22,633 b	0,207 c	0,060 d	0,366 c	0,228 c
BRS 314	22,967 a	0,205 c	0,057 d	0,365 d	0,224 c
CD 233 RR	23,167 a	0,202 d	0,058 d	0,355 d	0,225 c
EMBRAPA 48	23,000 a	0,207 c	0,058 d	0,370 c	0,226 c
CD 224	22,667 b	0,215 b	0,063 c	0,376 b	0,234 b
A 7321 RG	22,533 b	0,209 c	0,062 c	0,372 c	0,230 c
BRS 334 RR	22,867 a	0,204 c	0,057 d	0,373 c	0,222 c
CD 226 RR	23,017 a	0,206 c	0,060 d	0,367 c	0,226 c
BRS 255 RR	22,183 b	0,222 b	0,066 b	0,379 b	0,239 a
CD 214 RR	22,900 a	0,195 d	0,055 e	0,357 d	0,217 d
TROPICAL	22,867 a	0,214 b	0,060 d	0,380 b	0,233 b
BRS 216	21,700 b	0,212 c	0,062 c	0,370 c	0,230 c
M-SOY 8336 RR	23,300 a	0,209 c	0,060 d	0,372 c	0,227 c
CD 215	22,667 b	0,199 d	0,055 e	0,365 d	0,220 d
A 4725 RG	22,300 b	0,198 d	0,056 e	0,375 b	0,219 d
BMX TURBO RR	21,683 b	0,204 c	0,057 d	0,376 b	0,227 c
IAS-1	22,500 b	0,211 c	0,057 d	0,381 b	0,230 c
BRS 239	23,700 a	0,203 d	0,056 e	0,374 c	0,221 d
BRS NOVA SAVANA	23,633 a	0,215 b	0,062 c	0,376 b	0,234 b
M-SOY 5826	22,933 a	0,216 b	0,061 c	0,379 b	0,236 b
BRS MILENA	24,410 a	0,221 b	0,065 b	0,383 a	0,236 b
BRS 233	21,633 b	0,208 c	0,061 c	0,371 c	0,227 c
BRS TAURA RR	22,967 a	0,206 c	0,060 d	0,376 b	0,226 c
BRS 295 RR	22,267 b	0,209 c	0,058 d	0,374 c	0,224 c
BR 16	22,833 a	0,208 c	0,059 d	0,370 c	0,227 c
BRS 333 RR	23,167 a	0,218 b	0,062 c	0,381 b	0,242 a
CD 243 RR	22,467 b	0,221 b	0,065 b	0,374 c	0,240 a
M-SOY 8527 RR	22,700 b	0,221 b	0,065 b	0,379 b	0,238 b
BRS GO 7960	22,700 b	0,197 d	0,055 e	0,360 d	0,217 d
TMG 121 RR	23,967 a	0,230 a	0,069 a	0,387 a	0,246 a
M-SOY 8352	22,633 b	0,212 c	0,059 d	0,385 a	0,234 b
BMX TITAN RR	22,243 b	0,212 c	0,061 c	0,380 b	0,231 b

BMX MAGNA RR	22,183	b	0,203	d	0,056	e	0,370	c	0,222	c
BR 4	22,767	b	0,206	c	0,056	e	0,373	c	0,225	c
BMX IMPACTO RR	21,567	b	0,210	c	0,059	d	0,377	b	0,229	c
BRS SINUELO	23,067	a	0,210	c	0,058	d	0,377	b	0,227	c
BRS 360 RR	23,667	a	0,217	b	0,062	c	0,371	c	0,233	b
BRS 246 RR	22,600	b	0,216	b	0,062	c	0,390	a	0,235	b
TMG 103 RR	23,067	a	0,222	b	0,064	c	0,378	b	0,240	a
NK 7074 RR	22,367	b	0,215	b	0,062	c	0,364	d	0,232	b
BRS 206	23,033	a	0,211	c	0,059	d	0,377	b	0,226	c
BRS 316 RR	22,933	a	0,207	c	0,060	d	0,367	c	0,226	c
TMG1182RR	23,267	a	0,207	c	0,058	d	0,371	c	0,223	c
BMX APOLO RR	21,900	b	0,210	c	0,060	d	0,376	b	0,230	c
M-SOY 8248	23,400	a	0,223	a	0,065	b	0,379	b	0,241	a
BRS 242 RR	22,467	b	0,230	a	0,070	a	0,386	a	0,248	a
FUNDACEP 59 RR	22,433	b	0,209	c	0,061	c	0,372	c	0,227	c
BRS 283	23,100	a	0,212	c	0,063	c	0,367	c	0,230	c
CD 225 RR	22,205	b	0,215	b	0,063	c	0,381	b	0,235	b
IAC 11	22,767	b	0,225	a	0,066	b	0,387	a	0,242	a
BRS GO 7963	24,400	a	0,209	c	0,058	d	0,374	c	0,228	c
NK 412113 (V MAX)	23,033	a	0,207	c	0,058	d	0,374	c	0,229	c
BRS 268	22,333	b	0,220	b	0,062	c	0,380	b	0,233	b
MG/BR21(BURITI)	23,567	a	0,225	a	0,065	b	0,385	a	0,243	a
NA 7255 RR	23,833	a	0,219	b	0,066	b	0,377	b	0,235	b
BRS INVERNADA	23,767	a	0,226	a	0,066	b	0,389	a	0,242	a
TMG 108 RR	22,883	a	0,220	b	0,063	c	0,376	b	0,237	b
BRS CHARRUA RR	22,733	b	0,207	c	0,058	d	0,377	b	0,230	c
DAVIS	23,233	a	0,205	c	0,057	d	0,369	c	0,227	c
V MAX RR	23,767	a	0,217	b	0,062	c	0,379	b	0,236	b
BRS GO 8061	23,800	a	0,215	b	0,062	c	0,375	b	0,234	b
NA 5909 RG	23,667	a	0,218	b	0,061	c	0,380	b	0,238	b
BRS 184	23,688	a	0,208	c	0,056	d	0,382	b	0,228	c
BRS MACOTA	22,900	a	0,212	c	0,063	c	0,367	c	0,230	c
NA 7337 RR	23,133	a	0,216	b	0,062	c	0,375	c	0,234	b
DELTAPINE 506	22,667	b	0,201	d	0,058	d	0,363	d	0,220	d
M-SOY 8008	22,360	b	0,212	c	0,061	c	0,373	c	0,236	b

Genótipo (PI)	T ^o C foliar		ρ 1440	ρ 1920	SWIR ₁₆₀₀	SWIR ₂₃₀₀				
PI 603694 B	23,300	a	0,208	c	0,059	d	0,374	c	0,229	c
PI 546375	23,200	a	0,194	d	0,050	e	0,378	b	0,215	d
PI 416937	23,500	a	0,207	c	0,057	d	0,372	c	0,227	c
PI 471938	22,533	b	0,201	d	0,055	e	0,373	c	0,222	c
PI 593654	22,633	b	0,200	d	0,055	e	0,379	b	0,220	d
PI 547856	23,717	a	0,209	c	0,058	d	0,376	b	0,227	c
PI 573286	22,267	b	0,202	d	0,057	d	0,365	d	0,222	c
PI 628889	23,933	a	0,213	b	0,061	c	0,378	b	0,233	b

PI 602597	23,300	a	0,209	c	0,059	d	0,375	c	0,228	c
PI 458020	22,367	b	0,193	d	0,052	e	0,362	d	0,216	d
PI 628827	22,033	b	0,216	b	0,061	c	0,389	a	0,235	b
PI 632429	22,233	b	0,191	d	0,053	e	0,369	c	0,210	d
PI 603200	22,200	b	0,157	e	0,042	f	0,331	e	0,186	e
PI 572239	22,900	a	0,210	c	0,058	d	0,384	a	0,231	b
PI 547475	22,750	b	0,214	b	0,062	c	0,376	b	0,234	b
PI 548637	22,433	b	0,199	d	0,055	e	0,363	d	0,218	d
PI 553045	23,400	a	0,206	c	0,058	d	0,373	c	0,227	c
PI 603742 C	22,600	b	0,196	d	0,053	e	0,371	c	0,215	d
PI 548657	22,533	b	0,195	d	0,052	e	0,364	d	0,214	d
PI 475822 C	21,733	b	0,202	d	0,055	e	0,368	c	0,223	c
PI 628821	22,267	b	0,208	c	0,058	d	0,372	c	0,229	c
PI 647960	21,967	b	0,204	c	0,056	e	0,375	b	0,224	c
PI 646157	22,733	b	0,203	c	0,057	d	0,369	c	0,226	c
PI 607380	22,367	b	0,215	b	0,063	c	0,371	c	0,235	b
PI 437580	23,267	a	0,215	b	0,062	c	0,381	b	0,230	c
PI 548561	22,433	b	0,204	c	0,057	d	0,372	c	0,221	d
PI 458517	24,200	a	0,220	b	0,061	c	0,377	b	0,236	b
PI 612608	22,967	a	0,215	b	0,060	d	0,378	b	0,235	b
PI 518671	22,767	b	0,195	d	0,053	e	0,374	c	0,215	d
PI 597387	22,100	b	0,198	d	0,055	e	0,375	b	0,219	d
PI 547420	22,933	a	0,213	b	0,063	c	0,378	b	0,232	b
PI 446893	23,433	a	0,210	c	0,060	d	0,373	c	0,229	c
PI 475822 B	22,600	b	0,201	d	0,055	e	0,362	d	0,222	c
PI 547836	23,467	a	0,223	a	0,064	c	0,372	c	0,240	a
PI 475822 A	23,233	a	0,212	c	0,059	d	0,376	b	0,231	b
PI 595645	23,133	a	0,195	d	0,052	e	0,367	c	0,214	d
PI 603200	22,533	b	0,206	c	0,056	e	0,373	c	0,222	c
PI 407859-2	24,200	a	0,202	d	0,054	e	0,377	b	0,220	d
PI 548655	22,567	b	0,208	c	0,060	d	0,367	c	0,225	c
PI 578247	22,667	b	0,224	a	0,066	b	0,390	a	0,238	b
PI 634813	22,433	b	0,199	d	0,054	e	0,374	c	0,219	d
PI 518664	22,967	a	0,205	c	0,059	d	0,374	c	0,224	c
PI 552538	21,567	b	0,202	d	0,056	e	0,377	b	0,224	c
PI 438442 A	22,500	b	0,208	c	0,055	e	0,385	a	0,228	c
PI 572238	22,367	b	0,203	d	0,057	d	0,373	c	0,224	c
PI 547672	22,900	a	0,206	c	0,059	d	0,372	c	0,226	c
PI 548507	21,333	b	0,195	d	0,052	e	0,370	c	0,217	d
PI 567611	23,467	a	0,220	b	0,066	b	0,371	c	0,237	b
PI 634903	21,633	b	0,212	c	0,062	c	0,374	c	0,232	b
PI 592756	23,100	a	0,211	c	0,057	d	0,374	c	0,230	c
PI 508266	22,700	b	0,208	c	0,059	d	0,376	b	0,228	c
PI 399020	23,067	a	0,206	c	0,058	d	0,366	c	0,221	d
PI 547855	22,567	b	0,211	c	0,057	d	0,377	b	0,231	c
PI 90490-2	23,300	a	0,206	c	0,057	d	0,373	c	0,223	c

PI 088444	23,533	a	0,206	c	0,056	d	0,374	c	0,226	c
PI 437127 B	23,433	a	0,215	b	0,063	c	0,377	b	0,231	b
PI 588028	21,967	b	0,214	b	0,059	d	0,362	d	0,231	b
PI 567731	21,933	b	0,210	c	0,060	d	0,367	c	0,228	c
PI 661267	22,400	b	0,223	a	0,066	b	0,372	c	0,239	a
PI 632428	22,883	a	0,196	d	0,054	e	0,371	c	0,215	d
PI 657701	22,600	b	0,238	a	0,072	a	0,390	a	0,251	a
PI 398887	23,867	a	0,212	c	0,058	d	0,372	c	0,227	c
PI 548668	22,517	b	0,215	b	0,061	d	0,376	b	0,231	b
PI 372413	21,727	b	0,209	c	0,058	d	0,378	b	0,226	c
PI 614153	22,867	a	0,200	d	0,056	e	0,374	c	0,218	d
PI 476885	24,317	a	0,225	a	0,066	b	0,380	b	0,242	a
PI 424494	23,667	a	0,229	a	0,067	b	0,387	a	0,245	a
PI 548667	22,317	b	0,204	c	0,060	d	0,367	c	0,226	c
PI 647961	22,233	b	0,204	c	0,058	d	0,387	a	0,227	c
PI 548362	23,117	a	0,235	a	0,069	a	0,397	a	0,246	a
PI 608357	23,467	a	0,210	c	0,058	d	0,376	b	0,230	c
PI 634335	22,167	b	0,209	c	0,060	d	0,373	c	0,227	c
PI 567690	22,367	b	0,222	b	0,065	b	0,374	c	0,238	b
PI 595081	21,833	b	0,202	d	0,058	d	0,367	c	0,224	c
PI 588025	23,250	a	0,230	a	0,070	a	0,387	a	0,246	a
PI 587959	24,450	a	0,231	a	0,068	b	0,393	a	0,240	a
PI 398848	22,033	b	0,227	a	0,064	c	0,384	a	0,243	a
PI 97038	22,867	a	0,205	c	0,056	e	0,371	c	0,223	c
PI 417580	23,233	a	0,210	c	0,059	d	0,378	b	0,231	b
PI 632421	22,233	b	0,208	c	0,060	d	0,373	c	0,227	c
PI 432359	23,167	a	0,228	a	0,067	b	0,379	b	0,245	a
PI 587958	22,900	a	0,226	a	0,072	a	0,380	b	0,247	a
PI 96280	23,033	a	0,215	b	0,059	d	0,373	c	0,234	b
PI 548542	23,600	a	0,207	c	0,056	d	0,380	b	0,226	c
PI 398666	24,133	a	0,225	a	0,066	b	0,382	b	0,240	a
PI 506705	23,033	a	0,208	c	0,059	d	0,372	c	0,228	c
PI 96118	23,817	a	0,233	a	0,064	c	0,381	b	0,246	a
PI 570668	23,200	a	0,220	b	0,064	c	0,380	b	0,238	b

Genótipo (Linhagem)	T°C foliar	ρ_{1440}	ρ_{1920}	SWIR ₁₆₀₀	SWIR ₂₃₀₀					
1Ea2939	22,500	b	0,194	d	0,052	e	0,373	c	0,214	d
R02-1325	23,100	a	0,202	d	0,055	e	0,377	b	0,221	d

* Genótipos seguidos de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$)