

# **CIENCIOMETRIA DOS ESTUDOS GENÉTICOS DA SOJA (GLYCINE MAX (L.) MERRILL)**

**SCIENTOMETRICS OF SOYBEAN GENETIC STUDIES (GLYCINE MAX (L.)  
MERRILL)**

Ciências Exatas e da Terra, Ciências Biológicas, Ciências Agrárias •

03/10/2026

REGISTRO DOI: [10.70773/revistatopicos/790791427](https://doi.org/10.70773/revistatopicos/790791427)

---

José Ribamar Gomes Aguiar Junior<sup>1</sup>

---

## RESUMO

Atualmente, a soja é uma das principais e mais importantes culturas do agronegócio mundial dada a sua relevância econômica. Devido à sua importância (principalmente comercial), pesquisas envolvendo a soja e seu melhoramento genético têm sido amplamente realizadas com o objetivo de proporcionar ao setor econômico melhor estabilidade das cultivares e reduzir perdas relacionadas principalmente ao seu cultivo e colheita. O presente estudo, portanto, traz um levantamento bibliográfico com base na abordagem cienciométrica, a fim de avaliar a produção científica referente a genética da soja entre 2012 e 2018, no banco de dados 'Web of Science'. Para tal, utilizamos as seguintes palavras-chave: "soy" and "Genetic"; Os artigos foram selecionados com base no título e resumo; Trabalhos de revisões não foram incluídos nas análises; Foram selecionados 1.156 artigos compreendidos entre os anos de 2012 e 2018. Após a triagem; um total de 416 artigos atenderam aos critérios de inclusão da pesquisa e foram; posteriormente; compreendidos na análise; Os artigos encontrados estão concentrados em 81 revistas; sendo que Theoretical and Applied Genetics (47); Crop Science (41) e Euphytica (31) foram as que apresentaram o maior quantitativo de publicações; Dentre os países que mais obtiveram publicação foi a China com 182 e EUA com 84. As instituições de pesquisa que mais se destacaram; por haver maior participação nas produções científicas foram a Chinese Academy of Agricultural Sciences; com 46 publicações; a Nanjing Agricultural University com 40. Dentre as subáreas mais frequentes pode-se citar; a seleção assistida por marcadores (318 publicações); mapeamento de genes (260 publicações); melhoramento clássico (137 publicações); melhoramento molecular (114 publicações); caracterização molecular de germoplasma (125 publicações); caracterização agromorfológica de germoplasma (133 publicações);

pré-melhoramento (91 publicações); e desenvolvimento de marcadores moleculares (89 publicações); No que se refere as ferramentas para estudos de genética de plantas; as mais utilizadas foram sequenciamento (SNPs) (204 publicações); caracteres agromorfológicos (185 publicações); genômica (148 publicações); marcadores SSR (145 publicações); citogenética (84 publicações); CpDNA (16 publicação); RAPD (10 publicações); RFLP (5 publicações); isoenzimas (4 publicações) e ISSR (1 publicação); Com o presente estudo; foi possível obter o Estado da Arte sobre os estudos genéticos da soja; servindo de referência para trabalhos futuros; A pesquisa trouxe uma contribuição no que diz respeito a determinação da evolução ocorrente nas técnicas de análises moleculares aplicadas ao estudo da espécie; além de direcionar quais as técnicas que mais obtiveram êxito nos resultados durante o período de análise.

**Palavras-chave:** Cienciometria; Diversidade genética; Leguminosas; Marcadores genéticos; Melhoramento.

## **ABSTRACT**

Currently, soy is one of the main and most important crops in global agribusiness given its economic relevance. Due to its importance (mainly commercial), research involving soybeans and its genetic improvement has been widely carried out with the aim of providing the economic sector with better stability of cultivars and reducing losses mainly related to its cultivation and harvesting. The present study, therefore, brings a bibliographical survey based on the scientometric approach, in order to evaluate the scientific production regarding soybean genetics between 2012 and 2018, in the 'Web of Science' database. To do this, we use the following keywords: "soy" and "Genetic"; Articles were selected based on title and abstract; A total of 1;156 articles were selected between 2012 and

2018. After screening; a total of 416 articles met the research inclusion criteria and were subsequently included in the analysis; The articles found are concentrated in 81 journals; with Theoretical and Applied Genetics (47); Crop Science (41) and Euphytica 37 (31) presenting the largest number of publications; Among the countries that obtained the most publications was China with 182 and the USA with 84. The research institutions that stood out the most; due to their greater participation in scientific productions; were the Chinese Academy of Agricultural Sciences; with 46 publications; the Nanjing Agricultural University with 40. Aspects such as the subareas of genetics were also analyzed; among the most frequent are marker-assisted selection (318 publications); genes mapping (260 publications); classical breeding (137 publications); molecular breeding (114 publications); molecular characterization of germplasm (125 publications); agromorphological characterization of germplasm (133 publications); pre-breeding (91 publications); and development of molecular markers (89 publications); Regarding tools for plant genetic studies; the most used were sequencing (SNPs) (204 publications); agromorphological characters (185 publications); genomics (148 publications); SSR markers (145 publications); cytogenetics (84 publications); CpDNA (16 publications); RAPD (10 publications); RFLP (5 publications); isoenzymes (4 publications) and ISSR (1 publication); With the present study; it was possible to obtain the State of the Art on soybean genetic studies; serving as a reference for future work; The research made a contribution with regard to determining the evolution occurring in molecular analysis techniques applied to the study of the species; in addition to directing which techniques were most successful in the results during the analysis period.

**Keywords:** Scientometrics; Genetic diversity; Legumes; Genetic markers; Breeding.

## 1. INTRODUÇÃO

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é originária do nordeste da China, mais especificamente da região da Manchúria (Chung & Singh, 2008). Há aproximadamente 5.000 anos atrás, a soja selvagem, uma planta ainda rasteira que se desenvolvia ao longo do rio Yangtse, era utilizada como base alimentar pelos povos locais. A partir de cruzamentos naturais realizados por pesquisadores da antiga China, o grão passou pelo processo de domesticação, originando assim a soja cultivada atualmente (Nogueira, 2021). No Brasil, a primeira referência de introdução da soja cultivada data de 1882 no estado da Bahia, onde alguns genótipos foram introduzidos para os primeiros testes experimentais (Almeida et al., 1999) e, devido às condições provenientes da latitude inferior à de sua origem, não houve sucesso. Contudo, foi no Rio Grande do Sul que o cultivo de soja apresentou evolução mais consistente, atingindo expressão econômica em meados de 1970 (Bonato & Bonato, 1987). Com o passar dos anos a soja foi encontrando condições favoráveis para sua expansão em nosso país, tanto nos Estados tradicionalmente produtores (Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná e São Paulo) como em outros do Brasil (Camara, 2015). Atualmente, tendo em vista a sua relevância econômica, a soja está entre as principais e mais importantes culturas do agronegócio mundial (Hirakuri et al., 2014). Isso está diretamente ligado, principalmente, à variedade nas aplicações dessa planta, que pode ser utilizada desde a indústria veterinária até a alimentícia, farmacêutica, de cosméticos, tintas, adesivos e plásticos, servindo ainda para produção de alimentos, ração para gado, entre outros (Picolli, 2018). É importante entender que a soja é uma cultura que apresenta alta similaridade entre os cultivares desenvolvidos, considerando estudos de grau de parentesco e divergência genética (Miranda et al., 2007; Wysmierski

& Vello, 2013). Ao longo dos anos, pesquisadores trabalham arduamente em busca de cultivares mais resistentes, de fácil manejo, mas, sobretudo, mais produtivos (Bonato et al., 2006). Logo, vários cultivares vem surgindo e se estabelecendo no agronegócio mundial. Devido à sua importância, principalmente comercial, os estudos envolvendo a soja e seu melhoramento genético vem sendo amplamente desenvolvidos, com o intuito de proporcionar ao setor econômico uma melhor estabilidade dos cultivares, visando menores prejuízos, principalmente relacionados ao seu plantio e colheita. No Brasil, os programas de melhoramento têm permitido o desenvolvimento de cultivares de soja adaptados às diversas regiões produtoras do país, um dos motivos pelos quais a cultura apresenta sucesso no agronegócio brasileiro (Seixas et al., 2020). Para esse melhoramento, são utilizados dados e processos que envolvem a genética. Quanto ao estudo da diversidade genética, os marcadores moleculares permitem fazer distinção genética entre indivíduos pela análise direta do DNA (Santana, 2008). Os marcadores podem ser originados por meio de diferentes técnicas, em que cada técnica utiliza uma estratégia particular para detectar o polimorfismo, nos quais, a diferença entre si é dada por características como a abundância no genoma, níveis de polimorfismo detectados, especificidade de locus, reprodutibilidade, requerimentos técnicos e custo (Mondini et al., 2009). Por meio da metodologia utilizada para identificar os marcadores moleculares, pode-se classificá-lo em dois grupos: o primeiro, os marcadores são obtidos por hibridização e o segundo, os marcadores são obtidos por amplificação do DNA (Oliveira, 2021). Entre os identificados por hibridização estão os principais marcadores RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) e os marcadores minissatélites. Já para os marcadores por amplificação estão os mais utilizados RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), SCAR (Sequence

Characterized Amplified Regions), STS (Sequence Tagged Sites), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) e SSR ou microssatélites (Simple Sequence Repeats) (Chies et al., 2014). Com relação à soja, marcadores moleculares de DNA vêm sendo usados com sucesso tanto no mapeamento de regiões genômicas associadas a QTLs, como é o caso da resistência ao nematóide de cisto da soja (NCS), quanto na seleção de genótipos portadores desses QTLs. Os marcadores moleculares mais usados no melhoramento da soja tem sido os microssatélites (Alzate-Marin et al., 2005) e os SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) um dos mais comumente utilizados para a seleção e mapeamento de regiões genômicas associadas com genes e QTLs (Morceli et al., 2008). Quanto ao estudo do estado da arte sobre genética e marcadores com o auxílio de técnicas moleculares, este apresenta-se como sendo essencial para a conservação de leguminosas. Nesse sentido, saber mais sobre os marcadores moleculares utilizados para a soja, quais são as melhores técnicas para cada tipo de pesquisa, e se eles realmente levam a resultados confiáveis e satisfatórios, são de grande importância para a genética molecular e podem ajudar a desenhar novos estudos. Assim, com base na importância socioeconômica e ambiental que a soja apresenta, faz-se necessário a realização do levantamento bibliográfico, e mapeamento do nível de conhecimento existente sobre a mesma, que pode ser feito através de métodos científicos como a cienciometria, por exemplo, a fim de identificar padrões e tendências entre as publicações sobre a genética da soja. A saber, a cienciometria pode ser definida como "quantificação da ciência" (Mikhailov et al., 1969 apud Spinak, 1998; Vanti, 2002, p. 153), sendo encarregada de avaliar a produtividade, qualidade e a utilização da produção científica através de indicadores numéricos de publicações, patentes, citações, entre outros (Spinak, 1998). Observa-se, nesse sentido, a importância da

análise cienciométrica, que pode ser realizada em bases de dados, como Web of Science, Scopus e Google Scholar (Falagas et al., 2008). Vale ressaltar que a análise cienciométrica sobre estudos genéticos da soja tenta elucidar de que forma os estudos com marcadores têm fornecido informações importantes sobre a biologia desta planta, além de trazer suas contribuições no avanço do conhecimento da espécie para uso no melhoramento genético, e revelar possíveis lacunas nessa área de estudo o que irá corroborar com o direcionamento de estudos nessa linha de pesquisa. O presente estudo, portanto, traz um levantamento bibliográfico com base na abordagem cienciométrica, a fim de avaliar a produção científica referente a genética da soja entre 2012 e 2018, de modo a propor estratégias de direcionamento para estudos futuros desta leguminosa, que tem se destacado cada vez mais no cenário socioeconômico mundial.

## **2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA**

### **2.1. Taxonomia e Aspectos Botânicos da Soja**

A soja pertence a divisão Magnoliophyta, classe Rosidae, ordem Fabales, família Fabaceae (Leguminosae), subfamília Faboideae (Papilionoideae) e gênero Glycine (Sediyama et al., 2016). Possui número de cromossomos  $2n = 40$  (Singh, 2017). Sua altura varia de 0,3 a 2,0 m, podendo ser muito ou pouco ramificada, com ciclo precoce ou tardio, dependendo das condições ambientais e da variedade (Sediyama et al., 2015). Segundo Nogueira (2011), quanto ao tipo de crescimento, os cultivares de soja, são classificados como determinado, semideterminado ou indeterminado. Essa classificação se dá de acordo com a presença e posição da inflorescência racemosa, que pode ser axilar ou axilar terminal.

Sediyama (2009) reitera que os cultivares de crescimento determinado completam seu ciclo vegetativo pouco antes da floração, com a haste principal terminando com uma inflorescência racemosa e, geralmente, as últimas folhas apresentam similaridade com as demais; os de crescimento semideterminado cessa seu crescimento com uma inflorescência racemosa terminal; e os de crescimento indeterminado continuam a aumentar sua altura por um período relativamente longo após iniciado o florescimento. O ciclo da cultura da soja pode variar de 70 a 200 dias, dependendo da latitude de cultivo (Matsuo, Ferreira & Sediyama, 2015), e suas principais fases durante o ciclo vegetativo e reprodutivo estão descritas na Figura 1.

Quanto ao aspecto botânico dessa leguminosa, as principais variedades comerciais de nosso país apresentam caule hispido, pouco ramificado e raiz com eixo principal e muitas ramificações (Nepomuceno, 2021). Além disso, Nepomuceno (2021) destaca que estas variedades possuem folhas trifolioladas (com exceção do primeiro par de folhas simples), tendo suas flores caracterizadas por apresentar fecundação autógama, inerentes à subfamília Papilionoideae, e apresentar cor branca, roxa ou intermediária.

Essa planta desenvolve vagens levemente curvadas que evoluem da cor verde para amarelo-pálido, marrom-claro, marrom ou cinza, de acordo com seu amadurecimento. Além disso, cada vagem pode conter de uma a cinco sementes lisas, elípticas ou globosas, de tegumento amarelo-pálido, com hilo preto, marrom ou amarelo-palha (Nepomuceno, 2021).

## **2.2. Origem, Evolução e Domesticação**

O homem, ao longo de sua história evolutiva, adaptou-se a diferentes situações e precisou desenvolver diferentes habilidades para conseguir perpetuar sua sobrevivência. Um aspecto interessante dessa evolução caminha lado a lado com a domesticação de plantas para consumo alimentar, medicinal, entre outros (Veasey et al., 2011). Uma planta que ganha destaque dentro deste cenário evolutivo do ser humano é a soja, que tem sido cada vez mais cultivada, e modificada geneticamente a fim de aumentar sua produção, tendo em vista seu alto valor econômico no comércio mundial. É importante remontar que a domesticação dessa leguminosa ocorreu por volta do século XI a.C, a partir de cruzamentos feitos por cientistas chineses (Gudolle, 2016 apud Medeiros, 2021). Na literatura, encontramos as primeiras citações referentes à soja datadas de aproximadamente 2.000 a.C, segundo Gudolle (2016 apud Medeiros, 2021), na China, quando ainda era uma planta rasteira, bem diferente da que conhecemos hoje, porém, que já era consumida como alimentos pelos povos locais. Sua evolução se iniciou a partir do cruzamento natural de duas espécies selvagens, *Glycine tomentosa* e *Glycine soja* Sieb. & Zucc (Hymowitz; Singh, 1987). A soja cultivada é originária do Leste da Ásia. Após seu surgimento, ela permaneceu no Oriente pelos próximos dois milênios seguintes, chegando ao Ocidente somente por volta do século XV (Harlan, 1975). Dado o aumento de sua importância, principalmente econômica, essa leguminosa foi levada para o sul da China, Coreia, Japão e Sudeste da Ásia. Na Europa, a soja foi plantada pela primeira vez em 1739, no Jardim Botânico de Paris, na França e em 1790, em Kew, na Inglaterra (Sediyama et al., 1985). Sua chegada às Américas ocorreu entre o final do século XVII e início do século XVIII, nos Estados Unidos da América, na região da Pensilvânia (Piper; Morse, 1923). Nos 50 anos seguintes, a soja foi introduzida em muitos jardins botânicos do estado de Massachusetts (Bonetti, 1981).

Assim, o cultivo de soja foi se expandindo por diversos países, chegando ao Canadá, Filipinas, Argentina, Egito e Cuba (Sediyama et al., 1985). Já no Brasil, os primeiros relatos datam de 1882, na região nordeste, no estado da Bahia (Miyasaka; Medina, 1981). Mas, foi apenas em 1935 que a soja passou a ser cultivada efetivamente com a finalidade comercial, no Rio Grande do Sul, visto que a cultura apresentava maior adaptabilidade, isso porque a maior parte do germoplasma era proveniente da região sul do EUA (Miyasaka; Medina, 1981). Os primeiros cultivares de soja no Brasil eram oriundos dos Estados Unidos da América, por isso não apresentaram boa adaptação em baixa latitude, em torno de 12° Sul (Sediyama et al., 2016). A partir da década de 1950, a sojicultura expandiu para o Sudeste, Norte e Nordeste, e este progresso foi devido à mecanização da cultura, índice pluviométrico e condição física do solo favorável (Bezerra et al., 2015). Ainda, esse sucesso pode ser atribuído aos cultivares lançados por programas de melhoramento genético que apresentaram genes que conferem à planta período juvenil longo, fundamentais para a expansão da soja para o Cerrado, região com latitudes baixas, responsável por quase 50% da produção nacional de soja (Bezerra et al., 2015).

### **2.3. Aspectos Nutricionais e Importância Econômica**

A soja é uma das culturas agrícolas de maior importância para a economia mundial, visto que, além de ser a principal fonte de proteína vegetal utilizada no mundo, é a única que contém todos os aminoácidos essenciais para o crescimento e manutenção do organismo (Rigo et al., 2015; Erdaw, Bhuiyan & Iji, 2016). Seu consumo ocorre principalmente por meio de grãos inteiros e alimentos derivados como tofu, proteína hidrolisada e leite (Zhang et al., 2015). O grão de soja é composto basicamente de proteínas (40%),

carboidratos (30%), lipídios (20%) e minerais (10%), como cálcio e fósforo; além de vitaminas como B1 e B2 (Barac et al., 2004). Dentre as substâncias funcionais, pode-se citar: as isoflavonas, responsáveis pela redução de doenças cardiovasculares, redução do câncer de mama e redução dos sintomas da menopausa (Correa et al., 2010); antioxidantes, que atuam na prevenção do câncer e doenças do coração; e fibras, que auxiliam na redução do colesterol. (Silva et al., 2012). Além disto, pessoas intolerantes a lactose e alérgicas à proteína do leite podem optar em consumir produtos à base de soja, pela fácil digestão e baixa quantidade de gorduras quando comparado ao leite (Blum; Ramoni; Balbi, 2016). Todos esses benefícios e as suas inúmeras aplicações têm incentivado o desenvolvimento de novas possibilidades para a incorporação de grãos de soja em novos produtos e isto permite que a população obtenha o efeito positivo atribuído ao seu consumo (Jaekel, Rodrigues & Silva, 2010; Marin et al., 2014; Vieira et al., 2018). O consumo crescente de alimentos à base de soja nos últimos anos resultou em maior demanda por produtos derivados e grãos inteiros de melhor qualidade (Yang et al., 2016). Dentro dessa perspectiva, a soja tem se destacado no cenário mundial economicamente falando, buscando-se cada vez mais técnicas de melhoramento genético dessa leguminosa, visando o aumento em sua produção. A crescente relevância do grão no contexto mundial veio acompanhada de diversos fatores que se traduzem em exigências no seu processo produtivo, ou seja, para além do olhar econômico, viu-se crescer a atenção para a ênfase ambiental e social da produção de soja (Hirakuri et al., 2014; Lima et al., 2019). É importante observar que nas últimas três décadas a soja vem se consolidando como protagonista do agronegócio brasileiro e relevante na economia do país, fruto da extensa cadeia produtiva envolvida nesta atividade (Liszbinski, Brizolla & Patias, 2021). No mapa a seguir é

possível observar o aumento da produção de soja e a expansão territorial de plantação ao longo dos anos.

Nesse contexto, a soja vem se consolidando como a principal commodity agrícola do Brasil, contando com um sólido mercado internacional e uma cadeia produtiva nacional bem definida e estruturada (Hirakuri, 2017), sendo que o mercado favorável dos últimos anos propiciou o avanço da cultura pelo seu território. Atualmente, a produção de soja no mundo é estimada em torno 369,029 milhões de toneladas, com 136,029 milhões de hectares de área plantada (USDA, 2023). O Brasil lidera o ranking dos maiores produtores mundiais de soja, de acordo com dados da USDA (2023), seguido dos Estados Unidos e Argentina, que já estão na liderança há mais de 15 anos. A saber, foram 156 milhões de toneladas do grão na safra 2022/2023 – no Brasil, 42% de toda a soja produzida mundialmente. Além disso, o país se destaca como maior exportador mundial da oleaginosa: 98,5 milhões de toneladas deverão ser exportados em 2023 (Boschiero, 2023).

A respeito da produção nacional, é interessante destacar que o Mato Grosso é hoje o maior estado produtor de soja do país, sendo responsável por 26% da soja produzida no ano de 2023. Em seguida aparecem os estados do Paraná, Rio Grande do Sul, Goiás e Mato Grosso do Sul, com uma produção de 15, 14, 10 e 8%, respectivamente, da produção nacional (Boschiero, 2023).

## **2.4. Aspectos Agronômicos da Soja**

A estatura da soja varia, dependendo das condições do ambiente e da variedade (cultivar), que podem apresentar diferentes hábitos de crescimento: crescimento indeterminado (sem racemo terminal),

determinado (com racemo terminal) ou semideterminado (intermediário). Entretanto, a estatura ideal está entre 60 e 110 cm, o que, em lavouras comerciais, pode facilitar a colheita mecânica e evitar o acamamento (Nepomuceno et al., 2021). Fotoperíodo e temperatura são importantes, pois influenciam sua floração, fundamental para o desenvolvimento do ciclo da cultura da soja. As respostas a esses dois fatores não são lineares durante o ciclo de vida da cultura, pois existem subperíodos em que ela é incapaz de perceber esses sinais (período juvenil) (Rodrigues et al., 2001). A floração da soja responde ao nictoperíodo, ou duração da noite. Para facilitar a compreensão, normalmente fala-se em fotoperíodo, que é a duração do dia, e diz-se que a soja é uma planta de dias curtos, uma vez que, sob dias longos, ela atrasa seu florescimento e alonga seu ciclo. Com o uso da característica do florescimento tardio em dias curtos, ou do chamado “período juvenil longo”, não há mais restrição ao plantio de soja, mesmo sob a linha do equador, o que rendeu ao Brasil o título de país que “tropicalizou” a soja (Rodrigues et al., 2001; Nepomuceno et al., 2021). Para definição e descrição dos estádios fenológicos da planta, a metodologia mais utilizada foi proposta por Fehr e Caviness (1977), que considera duas principais fases durante todo o ciclo da cultura: a fase vegetativa, que abrange desde a germinação e emergência até o início do florescimento, e a fase reprodutiva que se inicia com o florescimento e se estende até a maturação fisiológica dos grãos. Os elementos que compõem o rendimento de grãos da soja são: número de plantas por área, número de vagens por planta, número de grãos por vagem e o peso de grãos, sendo que dentre esses, o mais influenciado pelo ambiente de produção é o número de vagens por planta, dependente da quantidade de flores emitidas pelas plantas no início do período reprodutivo (Tejo, Fernandes & Burratto, 2019). Já o número de grãos por vagem é mais influenciado pela genética do

que pelo ambiente de cultivo, enquanto o peso dos grãos apresenta valor característico de cada cultivar e pode ser reduzido quando a cultura passa durante o período de formação dos grãos por estresses bióticos, pragas e doenças e abióticos, como déficit hídrico, alagamento, deficiência nutricional, pouca luminosidade, geada, desfolha, etc. (Tejo, Fernandes & Burratto, 2019). Oliveira Junior et al. (2016) associam de forma sistemática a nutrição essencial das plantas de soja durante o ciclo, demonstrando que há variações na absorção e demanda de nutrientes de acordo com o estágio fenológico em que a cultura se encontra, seja para macro ou micronutrientes.

Com relação a produção da soja, esta apresenta um ciclo anual de cultivo. Seu plantio é realizado com um espaçamento entre as linhas entre 30 e 50 cm de distância entre si, variando de acordo com os maquinários e sistema de cultivo implementados na lavoura. A profundidade ideal para a semeadura da soja é de 3 a 5 cm (EMBRAPA, 2020). Com relação ao tipo de solo, é importante não cultivar essa leguminosa em solos com menos de 15% de argila, de acordo com PAS (2005), devendo ser dada preferência para solos com textura média (30% a 35% de argila) ou argilosa, bem drenados, com boa capacidade de retenção de água e com profundidade efetiva acima de 1,0 m. A faixa de temperatura ideal para o desenvolvimento da soja está entre 20°C e 30°C (Vilar, 2021). Dados da Embrapa apontam que as doenças e pragas são um dos principais fatores que limitam a exploração máxima do potencial de produtividade da soja. A exemplo, mais de 40 doenças causadas por fungos, bactérias, nematoides e vírus já foram identificadas no Brasil, dentre elas a ferrugem asiática, que começou a ocorrer no Brasil em 2001 e tornou-se o principal problema fitossanitário da cultura (Seixas et al., 2021). De acordo com Giraldeleli (2020), ao final do processo

produtivo da soja, com a realização da colheita, a umidade dos grãos é medida e, quando necessário, passam pelo processo de secagem e são armazenados. Esse armazenamento ocorre basicamente em três etapas que são a limpeza, a secagem e o armazenamento propriamente dito.

## **2.5. Diversidade e Melhoramento Genético da Soja**

O conhecimento da diversidade genética existente entre os cultivares de soja apresenta importância fundamental para um melhor direcionamento de cruzamentos futuros, uma vez que o melhoramento de plantas é um processo contínuo (Bizari et al., 2014). A partir da avaliação da diversidade é possível explorar a divergência genética entre cultivares, proporcionando um melhor aparato para o desenvolvimento de plantas de acordo com as características que se precisa obter (Cox et al., 1985; Nogueira, 2011). Estudos realizados a respeito da diversidade genética da soja revelam que os cultivares existentes atualmente são oriundos de um limitado número de ancestrais (Priolli et al., 2004; Bonato et al., 2006). Essa limitação pode apresentar-se como um problema para o melhoramento genético, uma vez que, futuramente, a variabilidade genética pode ser diminuída, desencadeando uma diferença muito baixa entre cultivares, acarretando, por exemplo, na disseminação de pragas e doenças com maior severidade e de difícil controle.

De acordo com Almeida, Wetzel, Ávila (1999), no melhoramento da cultura da soja são utilizadas estratégias que objetivam a ampliação da variabilidade genética por meio das hibridações, a fim de conduzir as populações segregantes por meio dos métodos tradicionais de melhoramento de autógamas e, posteriormente, selecionar e avaliar os genótipos com as características desejadas.

Além disso, também é possível adotar a exploração da variabilidade natural, por meio da introdução de germoplasma e seleção de linhas puras (Fehr, 1991; Borém, 2009). No Brasil, o desenvolvimento de novos cultivares de soja utilizando os programas de melhoramento genético é um processo contínuo, desde o início do seu cultivo até hoje. O melhoramento genético tem desempenhado papel ativo no desenvolvimento de cultivares altamente produtivas e resistentes a fatores adversos na produção (Bordin, 2023). São realizadas hibridações com o objetivo de desenvolver germoplasma com variabilidade genética, e populações segregantes são conduzidas por meio de métodos tradicionais de melhoramento, permitindo a seleção e a realização de avaliações de genótipos com as características agronômicas desejadas nos novos cultivares (Bordin, 2023). Os primeiros programas de melhoramento de soja no Brasil se voltaram para a introdução do período juvenil longo, a fim de possibilitar o cultivo da soja em latitudes menores. Com este avanço, novas empresas de melhoramento surgiram com objetivos de se obter melhores rendimentos de grãos com enfoque na modificação de características como altura de plantas e ciclo dos cultivares (Sediyama, Silva & Borém, 2015). Com a necessidade de se obter estabilidade na produção, foram sendo consideradas nos programas de melhoramento características como resistência a pragas e doenças e tolerância aos fatores limitantes oriundos do solo e clima (Almeida, Wetzel, Ávila, 1999). Tejo, Fernandes & Burratto (2019), destacam que é necessário à produtividade da soja a interação entre as condições ambientais favoráveis e o potencial genético da cultura, portanto, deve-se atentar para o local e época de plantio, buscando sempre cultivares adaptados à região de cultivo. Estudos apontam que o crescimento de produção do grão de soja no Brasil, e os bons resultados obtidos estão ligados, em sua maioria, ao melhoramento genético e práticas fitotécnicas, aliadas a abertura de novas áreas

(Silva, 2021). Além disso, uma das ferramentas que ganha cada vez mais espaço no processo de melhoramento é a seleção assistida por marcadores moleculares, pois permite a seleção precoce e com precisão de genótipos de interesse (Anderle, Guimarães & Kawakami, 2021).

## **2.6. Tipos de Marcadores Utilizados em Estudos Genéticos na Soja**

Os marcadores genéticos, também conhecidos como descritores genéticos, são ferramentas que fornecem informações qualitativas e quantitativas sobre as características biológicas dos seres vivos, podendo ser morfológicos ou moleculares (Bered, Barbosa Neto & Carvalho, 1997; Ferreira; Grattapaglia, 1998).

### **2.6.1. Marcadores Morfológicos**

Os marcadores morfológicos foram uma das primeiras técnicas de análises descritivas de organismos utilizados na pesquisa de genética, o que consequentemente também contribuiu para o desenvolvimento de concepções sobre mapeamentos e relações genéticas ao indicar que os aspectos morfológicos poderiam estar associados a genes (Bered, Barbosa Neto & Carvalho, 1997; Bretting; Widrlechener, 1995). Logo, os marcadores morfológicos são definidos como aspectos fenotípicos que presume um grau de parentesco ou diferenciação entre indivíduos, e geralmente são visíveis e de fácil acesso (Costa; Spehar, 2012; Griffiths et al., 2016). Como exemplo de marcadores morfológicos em plantas tem-se a cor do fruto, tamanho da folha, quantidade de sementes, altura, dentre outros (Costa; Spehar, 2012).

### **2.6.2. Marcadores Bioquímicos (Isoenzimas)**

Os marcadores moleculares podem ser bioquímicos (isoenzimas) e de DNA. Para a obtenção de marcadores genéticos moleculares, é necessária uma infraestrutura para realizar as diferentes fases da metodologia, a qual varia de acordo com o tipo de marcador: de modo geral, são necessários equipamentos para a extração de DNA, amplificação via reação em cadeia da polimerase (PCR), separação por eletroforese, fotodocumentação e análise estatística dos marcadores gerados (Ferreira; Grattapaglia, 1998). Os marcadores genéticos bioquímicos, tais como os terpenos e as isoenzimas, foram marcadores genéticos utilizados antes do surgimento dos marcadores moleculares. Esses marcadores bioquímicos foram aplicados a uma série de estudos. As primeiras moléculas a serem utilizadas como marcadores genéticos bioquímicos foram metabólitos secundários tais como antocianinas e compostos fenólicos, usados para distinguir entre diferentes variedades de plantas (Sharma, Grover & Kahl, 2014). Os marcadores enzimáticos (Alozimas) tiveram grande importância, apesar de apresentarem baixo grau de polimorfismo, tendo sido utilizados por um curto período de tempo, quando passaram a ser substituídos por marcadores de DNA capazes de detectar uma maior variabilidade entre indivíduos (Turchetto-Zolet, et al., 2017).

### **2.6.3. Marcadores de DNA: RFLP, RAPD, SSR, AFLP e SNP**

SSR, AFLP. SNP

Nas últimas décadas, o desenvolvimento e a aplicação das técnicas de marcação molecular induziram transformações consideráveis em diversos ramos da Biologia com: a Biologia Molecular, a Genética Evolutiva, a Genética Quantitativa (detecção e identificação de locus que controlam QTL), e o melhoramento genético (seleção assistida

por marcadores) (Najimi et al., 2003). Assim, no estudo da diversidade genética, os marcadores moleculares permitem fazer distinção genética entre indivíduos pela análise direta do DNA (Santana, 2008). Isso possibilita investigar a variabilidade genética dentro do complexo gênico de espécies cultivadas, assim como identificar a diversidade disponível em bancos de germoplasma (Santana, 2008). Com o uso desses marcadores é possível organizar o germoplasma ativo de um programa de melhoramento em conjuntos gênicos, facilitando a escolha de genitores e diminuindo o número de combinações a serem realizadas pelo melhorista (Sarti, 2007). Desse modo, vários trabalhos foram desenvolvidos com diversas espécies vegetais de interesse agrônomo utilizando marcadores moleculares (Souza, 2019) em estudos de diversidade genética, evolução, análise de pedigree, mapeamento genético, recuperação do genoma recorrente em programas de retrocruzamentos e na seleção assistida de características de interesse agrônomo (Barros; Souza, 2012). Inicialmente, o predomínio foi o uso de marcadores RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), codominantes, e RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA), dominantes (Barros; Souza, 2012). Posteriormente, marcadores SCAR (Sequence Characterized Amplified Regions) foram desenvolvidos a partir de marcadores RAPD ligados a genes de resistência a doenças. Marcadores SSR (Simple Sequence Repeats) também foram sendo gradativamente desenvolvidos e disponibilizados (Barros; Souza, 2012). O primeiro tipo de marcador do DNA utilizado no melhoramento de plantas foi o RFLP (Helentjaris et al., 1986). Nessa técnica, o DNA total de um indivíduo é inicialmente isolado e clivado com enzimas de restrição. Os fragmentos obtidos são separados por eletroforese e transferidos para uma membrana de celulose ou náilon. Em seguida, fragmentos específicos podem ser detectados pela incubação da membrana

com uma sonda previamente marcada (radioativamente ou a frio) (Helentjaris et al., 1986). Marcadores moleculares RAPD ligados a várias doenças têm sido identificados na cultura da soja. Entre esses, Carvalho et al. (2002) identificaram o marcador OPAB-19 como co-dominante, localizado a 4,7 cM de um gene de resistência ao cancro-da-haste. Chowdhury et al. (2002) identificaram dois marcadores ligados ao gene Rpmx, de resistência ao míldio, denominados OPH-021250 e OPP-10831, localizados respectivamente a 4,9 e 23,1 cM do referido gene. Gavioli et al. (2007) detectaram um fragmento obtido pelo iniciador OPAB-04, a 7,4 cM de um gene de resistência ao cancro-da-haste. Com relação à ferrugem-asiática, Silva et al. (2008) identificaram marcadores SSR ligados a genes de resistência, em que se destacam o Satt288 e o AF162283, localizados a 1,9 e 12,8 cM do gene Rpp4, respectivamente; e Sat\_255 e Satt320, respectivamente a 7,3 e 5,6 cM do Rpp2. Hyten et al. (2007) localizaram o Sct\_187 e o Sat\_064, ao lado do gene Rpp1 a 4 cM. Os marcadores microssatélites, também conhecidos como SSR, são compostos de sequências simples repetidas de dois a cinco nucleotídeos em tandem na sequência de DNA (Souza, 2015). Os microssatélites são abundantes no genoma, fáceis de automatizar, codominantes, multialélicos, robustos e reprodutíveis (Zolet et al., 2017), devido a isso estão substituindo rapidamente outros marcadores em diversos estudos genéticos (Gomes; Moura, 2010). As desvantagens são relacionadas à dominância dos marcadores (no caso de sondas para vários locos) e ao fato de a técnica ser mais trabalhosa, demorada e cara (Ferreira; Grattapaglia, 1998). Por conseguinte, uma das etapas mais importantes no uso de marcadores moleculares é o estabelecimento da relação entre um dado marcador e um loco de interesse. É uma etapa trabalhosa que exige bastante critério e, até mesmo, um pouco de sorte. Devido ao fenômeno de recombinação, as regiões que circunvizinham o loco

de interesse podem ser distintas, mesmo entre materiais genéticos aparentados. Desse modo, um marcador polimórfico entre os progenitores A e B, pode não ser polimórfico entre A e C. Logo, para cada cruzamento, marcadores específicos devem ser identificados. Em muitos casos, no entanto, um mesmo marcador pode ser útil em diferentes populações derivadas de diferentes cruzamentos (Alzate-Marín et al., 2005). Os marcadores AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) são resultado da combinação entre as técnicas utilizadas nos marcadores tipo RFLP e RAPD, onde enzimas de restrição e amplificação por PCR são as bases da técnica (Vos et al., 1995). AFLP baseia-se na amplificação seletiva por PCR de fragmentos de restrição gerados por enzimas de restrição específicas (geralmente uma de corte raro e uma de corte frequente) e ligados a adaptadores oligonucleotídicos (Vos et al., 1995). Os marcadores AFLPs mostram uma herança dominante, sendo genotipados pela presença ou ausência das bandas/alelos. Essa técnica é ainda relativamente cara, requer intenso trabalho e conhecimento técnico (Turchetto-Zolet, et al., 2017). AFLP tem sido uma técnica popular para estudos de genética de populações e diversidade, bem como em estudos ecológicos e evolutivos (Turchetto-Zolet, et al., 2017). Além disso, a técnica de AFLP foi base para descrição de metodologias de isolamento de outros marcadores, como por exemplo, os microssatélites e SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) por meio do sequenciamento dos fragmentos em plataformas de sequenciamento de alto rendimento (técnica denominada de RADseq (Turchetto-Zolet, et al., 2017). Atualmente, a classe que recebe maior atenção da comunidade científica é a dos marcadores SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) (Barros; Souza, 2012). Os SNPs são diferenças entre fragmentos homólogos de DNA em um único nucleotídeo, ou diferenças devidas a pequenas inserções ou deleções (indels) de

nucleotídeos (Souza, 2019). A sua alta densidade no genoma, somada ao desenvolvimento de plataformas de genotipagem automatizadas e com grande capacidade de processamento, a custos cada vez mais reduzidos, abriram novas possibilidades para a aplicação e uso desses marcadores moleculares na rotina dos programas de melhoramento de plantas (Barros; Souza, 2012). E, as vantagens do uso desses marcadores pelos programas de melhoramento em plantas são devido a geração de alto nível de polimorfismo entre os genótipos estudados (Williams, 1990), são neutros em relação aos efeitos ambientais, com pouco ou nenhum efeito de epistasia ou pleiotropia e, em geral, se comportam como caracteres de herança simples e previsível (Resende, Silva & Azevedo, 2014). Portanto, os distintos tipos de marcadores moleculares hoje disponíveis diferenciam-se pela tecnologia utilizada para revelar variabilidade no DNA, polimorfismo molecular expressão gênica, distribuição no genoma, custo de implementação e operação (Griffith et al., 2000).

## **2.7. Cienciometria**

A Cienciometria é o ramo norteador deste trabalho, a qual busca quantificar a evolução da ciência e da produção científica, por meio da análise de produções utilizando técnicas matemáticas e estatísticas, revelando o grau de conhecimento de determinada área e contribuindo para o direcionamento de novas investigações (Parra, Coutinho & Pessano, 2019). O termo cienciometria passou a ter maior visibilidade por volta da década de 1977, após a publicação da Revista Scientometrics, na Hungria (Tague-Sutckiffe, 1992), que originalmente, correspondia a utilização de métodos quantitativos para estudar a história da ciência e da evolução tecnológica da pesquisa científica (Spinak, 1998; Vanti, 2002). Dentro desse contexto,

podemos definir cienciometria e/ou scientometrics (termo em inglês), resumidamente, como "quantificação da ciência" ou "a medição do processo informático" (Mikhilov et al., 1969 apud Spinak, 1996; Vanti, 2002, p.153). Para Vanti (2002), as técnicas quantitativas de avaliação da informação atualmente podem dividir-se em quatro áreas principais: Bibliometria, Informetria e Webometria e Cienciometria. Segundo o mesmo autor, todas elas se propõem a medir a propagação do conhecimento científico e o fluxo da informação sobre diferentes aspectos e enfoques. A Bibliometria tem a ver com produtividade e utilidade científica do trabalho analisado (Spinak, 1996). A Informetria é o estudo dos aspectos quantitativos da informação em qualquer formato, e não apenas registros catalográficos ou bibliografias, referente a qualquer grupo social, e não apenas aos cientistas (Tague-Sutcliffe, 1992). A Webometria é uma área dentro da informetria que consiste, conforme a definição esboçada por na aplicação de métodos informétricos à World Wide Web (Almind; Ingwersen, 1997). E a Cienciometria, por sua vez, lida com as várias medidas de literatura, documentos e outras mídias de comunicação. Nesse contexto, todas as áreas baseiam-se no fato de que a essência da pesquisa é a produção do conhecimento e que a literatura científica é um desses componentes (Macias-Chapula, 1998). A fim de que novas descobertas científicas possam se transformar em informações acessíveis para a comunidade científica, a publicação dos resultados das pesquisas científicas é considerada, entre os pesquisadores de um modo geral, como um compromisso social "obrigatório". Assim, no que se refere ao desenvolvimento da ciência ao longo dos anos, os indicadores cienciométricos são considerados fundamentais, já que nos últimos anos, esses indicadores puderam contribuir de maneira ímpar para o desenvolvimento e os avanços de novas políticas que se relacionam às práticas científicas, a tecnologia e o

progresso econômico e social (Macias-Chapula, 2001). Por ser considerada a ciência que estuda os coeficientes científicos para dar valores quantitativos a uma pesquisa, periódico ou até mesmo pesquisador (Tague- Sutcliffe, 1992), a cienciometria se encarrega de avaliar a produtividade, qualidade e a utilização da produção científica através de indicadores numéricos de publicações, patentes, citações, entre outros (Spinak, 1998). A cienciometria de acordo com Goode e Hatt (1969) foca na avaliação da produção científica e não se baseia em textos e trabalhos não científicos ou empíricos, centrando-se na mensuração da ciência. Ela pode, portanto, ser caracterizada como “o campo interdisciplinar dedicado ao estudo quantitativo da ciência e da tecnologia, que estão voltados para avaliar a produção científica e tecnológica produzida pela comunidade científica no interior das áreas de conhecimento” (Hayashi, 2013, p. 66). O estudo cienciométrico fundamenta-se em analisar a atividade científica por meio de técnicas matemáticas e estatísticas, desenvolvendo indicadores confiáveis, como parâmetros para avaliação e exploração dos dados. Esse ramo de estudo da Ciência da Informação tem mostrado um papel relevante na análise da produção científica de um país, região, Estado, etc., revelando o grau de conhecimento de determinada área e contribuindo para o direcionamento de novas investigações (Velho, 1990; Spinak, 1998). Um dos mecanismos utilizados para a disseminação dos resultados das pesquisas é a publicação de artigos em periódicos científicos, que segundo Silva (2004) o meio mais utilizado é a cienciometria. Sendo assim, é interessante avaliar quantitativamente os dados sobre produção científica, a fim de entender como se dão os processos de consolidação da ciência e como esse mecanismo está organizado. No que tange ao presente estudo, a cienciometria é uma das formas de analisar os dados e verificar quaisquer resultados publicados de muitos estudos científicos e novos métodos de

manipulação genética sobre melhoramento genético e novas tecnologias envolvendo cultura da soja. Além disso, podemos considerar a cienciometria como importante estudo para detecção de áreas em desenvolvimento científico e de análise de periódicos e fatores de impacto (Nascimento, 2014).

Na literatura, pouquíssimos são os estudos que envolvem a cienciometria da soja (Souza et al., 2021; Santos et al., 2022), sendo o mais recente publicado em um Anais de Ciências Agrárias, abordando sobre as principais doenças fúngicas que acometem a planta. No referido trabalho, os autores realizaram o levantamento de artigos sobre cinco patógenos fúngicos da cultura da soja, considerando aqueles publicados na plataforma ISI Web of Science, entre o período de 2012 a 2018 (Santos et al., 2022). O resultado obtido no trabalho foi que o *S. sclerotiorum* e *P. pachyrhizi* foram os patógenos com o maior número de citações nos periódicos analisados. No trabalho de Souza et al. (2021), foi realizada uma análise do panorama científico nacional, a partir de uma abordagem cienciométrica, direcionado ao estudo das doenças que afetam culturas usadas para produção de biodiesel e etanol no Brasil, dentre as quais se destaca a soja. Os autores consideraram 89 trabalhos publicados entre 2001 e 2018, principalmente nos periódicos *Summa Phytopathologica*, *Fitopatologia Brasileira* e *Tropical Plant Pathology*, onde constataram que as instituições públicas foram as que mais publicaram e as que apresentaram maior quantidade de autores vinculados, sobretudo aquelas localizadas nas regiões Sudeste e Sul. Nota-se, dessa forma, que os trabalhos que envolvem a cienciometria e a soja são pouco abordados, havendo uma necessidade de um enfoque voltado para esse tipo de abordagem dentro do ramo científico, haja visto a notoriedade e importância

que a soja tem apresentado mundialmente, principalmente por seu destaque no cenário econômico e alimentício.

- Realizar uma análise cienciométrica dos estudos genéticos da soja.
- Avaliar a produção científica referente a genética da soja entre 2012 e 2018;
- Definir as principais subáreas de conhecimento abordadas pelos artigos publicados;
- Relacionar as técnicas utilizadas para analisar os aspectos genéticos da planta;
- Propor estratégias de direcionamento para estudos futuros da soja.

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1. Levantamento de Dados e Variáveis**

Os artigos sobre estudos genéticos da soja foram obtidos através da busca de trabalhos publicados entre 2012 e 2018 no banco de dados 'Web-of-Science'. Para tal, utilizamos as seguintes palavras-chave: "soy" and "Genetic"; Os artigos foram selecionados com base no título e resumo; Trabalhos de revisões não foram incluídos nas análises; A busca foi realizada na plataforma usando os seguintes filtros: período de publicação; tipo de documento que será apenas na modalidade artigo e também por categoria da Web of Science; onde foram selecionadas: Plant Sciences; Agronomy; Genetics Heredity; Horticulture; Biochemistry Molecular Biology; Biology;

Ecology; Evolutionary Biology; Cell Biology e Biodiversity Conservation; Após a leitura do resumo para ter a certeza de que o trabalho estava no escopo do projeto; foram extraídos os seguintes dados: (i) periódico onde o artigo foi publicado; (ii) ano de publicação; (iii) primeiro autor; (iv) instituição de pesquisa do primeiro autor; e (v) número de autores; O InCites Journal Citation Reports (JCR); publicado em 2019; foi a ferramenta usada para calcular o Fator de Impacto (FI) das revistas; O Fator de Impacto (FI) dos periódicos científicos é um dos instrumentos bibliométricos existentes e tem como objetivo precípua aferir a produção científica dos autores; a qualidade das publicações e presuntivamente classificar os periódicos científicos (Ruiz et al; ; 2009); O Índice de Diversidade de Shannon-Wiener ( $H'$ ); também chamado de Índice de Shannon- Weaver; foi utilizado para estimar diversidade de revistas que publicaram trabalhos na área; As análises dos dados foram realizadas utilizando-se análises de frequência simples; A base de dados Thomson-ISI foi utilizada para a análise da variação temporal de publicações de artigos no período de 2012 a 2018. Para contabilizar o aumento geral das publicações científicas; o número de artigos de cada ano foi dividido pelo número total no banco de dados e depois multiplicado por 1.000. Assim; este cálculo elimina efetivamente a influência da tendência geral ascendente na publicação científica; A análise dos dados envolveu a utilização de técnicas básicas de análise de frequência; que incluíram a criação de uma matriz binária no software Microsoft Office Excel para indicar a presença (1) ou ausência (0) de determinadas variáveis; Para apresentar visualmente as informações sobre a utilização de marcadores morfológicos e moleculares; os dados foram categorizados e representados graficamente no Excel; mostrando o número de artigos que incorporaram esses marcadores.

### **3.2. Áreas de Pesquisa e Descrição dos Principais Tópicos dos Artigos**

A classificação foi realizada de forma manual, onde os artigos puderam ser agrupados, a princípio, em sete áreas diferentes: biologia reprodutiva, caracterização agromorfológica de germoplasma, caracterização molecular de germoplasma, desenvolvimento de marcadores moleculares, diversidade genética e melhoramento genético.

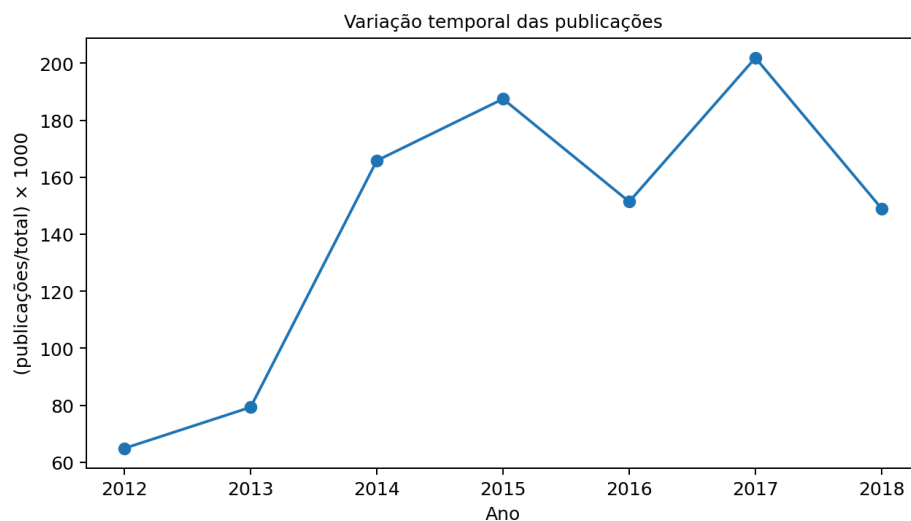
### **3.3. Marcadores Genéticos**

Foi realizada uma busca para obter informações sobre os tipos de marcadores empregados nos artigos. A tendência temporal foi empregada para avaliar a distribuição do uso de diferentes classes de marcadores ao longo do tempo.

## **4. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Partindo de uma pesquisa minuciosa na plataforma Web of Science, foram selecionados 1.156 artigos compreendidos entre os anos de 2012 e 2018. Após a triagem, um total de 416 artigos atenderam aos critérios de inclusão da pesquisa e foram, posteriormente, compreendidos na análise. O ano de 2017 apresentou o maior índice de publicações, com 84 artigos. Em seguida, os anos 2015, 2014, 2016, 2018, 2013, 2012 com respectivamente, 78, 69, 63, 62, 33 e 27 publicações. Desse modo, foi utilizada a base de dados Thomson-ISI, para a análise da variação temporal de publicações de artigos de 2012 a 2018 como mostra a figura 5.

**Figura 1.** Síntese gráfica dos dados cientiométricos apresentados na dissertação.



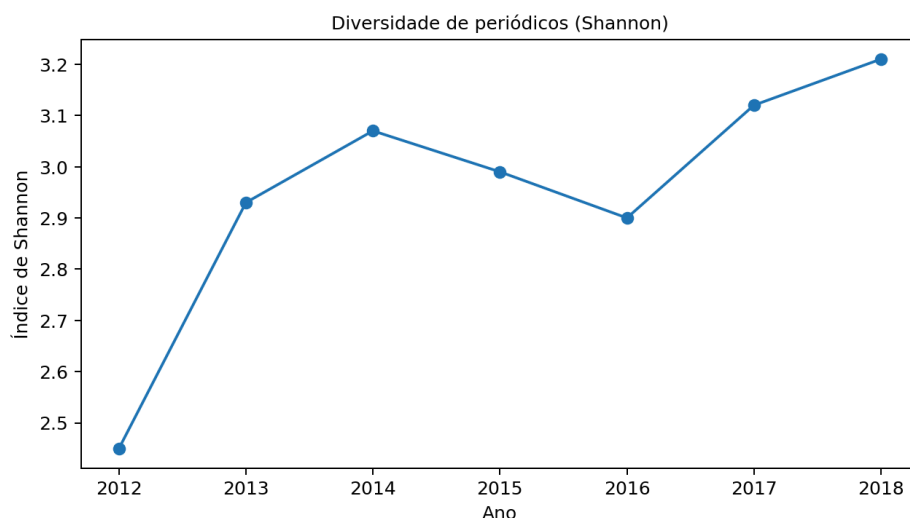
**Fonte:** dados da pesquisa (2024).

genéticos em soja entre os anos de 2012 e 2018.

Globalmente, o aumento no número de produções científicas deve-se às colaborações entre pesquisadores, sejam elas, nacionais ou internacionais, fato que eleva o impacto médio mundial de citações. Para as produções nacionais, vale ressaltar as prioridades de pesquisas, geralmente direcionadas pelos interesses do governo (Ifusp, 2023). Assim, a indexação de revistas em diversas bases nacionais e internacionais, promove o aumento no número de submissões recebidas, refletindo na ampliação no índice de publicações por ano (Campos & Candido, 2021). Em cada ano analisado, assim como o quantitativo de publicações, podemos observar a diversidade de periódicos na área de diversidade genética e melhoramento de leguminosas. Na presente pesquisa, a análise da diversidade de publicações foi indicada pelo índice de Shannon, que considera a riqueza e abundância de revistas, revelando como está a distribuição dessa abundância em uma escala temporal. Desta forma, no que se refere a diversidade de revistas, o ano de 2018 apresentou maior índice (3,21), o que indica maior diversidade, e, em contrapartida, o ano de 2012 obteve o menor índice (2,45). Além disso, percebe-se que a linha de tendência

aparece relativamente linear, evidenciando a baixa diversidade de revistas em relação aos anos.

**Figura 2.** Síntese gráfica dos dados cienciométricos apresentados na dissertação.

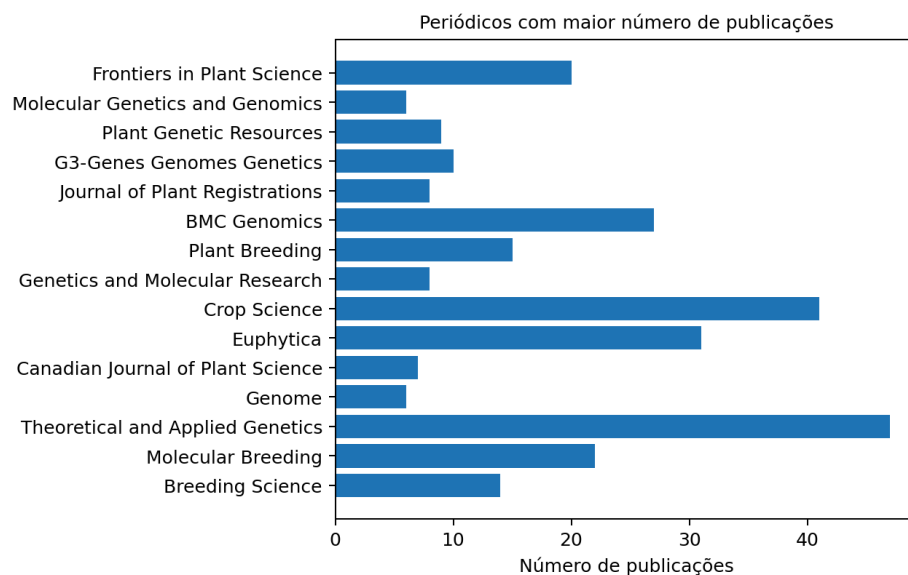


**Fonte:** dados da pesquisa (2024).

Dentre as revistas que tiveram artigos publicados, a revista 'Theoretical And Applied Genetics', com fator de impacto (FI = 5,4) obteve maior número de publicações relacionadas a marcadores moleculares em soja nos anos 2012, 2014 e 2018. Já nos anos de 2013 e 2016, a revista 'Crop Science', com fator de impacto (FI = 2,3) apresentou maior número de publicações. E, no ano de 2015, foi a revista 'Euphytica', com fator de impacto (FI = 1,9). Desse modo, a "qualidade" e relevância das revistas científicas são geralmente classificadas de acordo com fator de impacto, fornecido pelo Journal Citation Reports, na base de dados, 'Web of Science Thomson-ISI' (Institute for Scientific Information) (Pendlebury, 2009), o qual tem sido alvo de bastantes debates e amplamente discutido na literatura, sendo defendida por alguns pesquisadores, como características positivas (Balaban, 2012). Dessa forma, uma tendência que tem sido observada é que artigos publicados em revistas científicas com alto fator de impacto tem maiores chances de serem lidos e

posteriormente citados (Balaban, 2012). Neste sentido, o posicionamento de Balaban (2012) corrobora com o que foi identificado nesse estudo, onde um padrão de periódicos científicos com maior fator de impacto apresentaram autores com o maior número de citações em publicações, como ocorreu com o autor Jiaoping Zhang que foi citado 1.411 vezes e sendo uma de suas publicações na revista 'Molecular Plant' com fator de impacto (FI = 27,5), valor superior em relação ao valor médio das revistas indexadas na área. Por conseguinte, tais resultados, indicam que os avanços em relação a pesquisas científicas sobre marcadores genéticos são consequências da expansão de estudos acerca do tema, refletindo também na diversidade de revistas que tratam sobre a genética de leguminosas, como a soja. Assim, o aperfeiçoamento da produção de leguminosas por meio do desenvolvimento de variedades mais resistentes a pragas, doenças e adaptações às diferentes condições edafoclimáticas, promoveram a expansão e o melhoramento da cultura nos últimos 30 anos. O germoplasma brasileiro de soja mantém variabilidade genética constante e maior heterogeneidade no programa de melhoramento (Priolli et al., 2004). Os artigos analisados entre os anos de 2012 a 2018 encontram-se distribuídos em 81 revistas, sendo que àquelas que obtiveram mais de cinco publicações totalizaram 18,51% das revistas.

**Figura 3.** Síntese gráfica dos dados cienciométricos apresentados na dissertação.



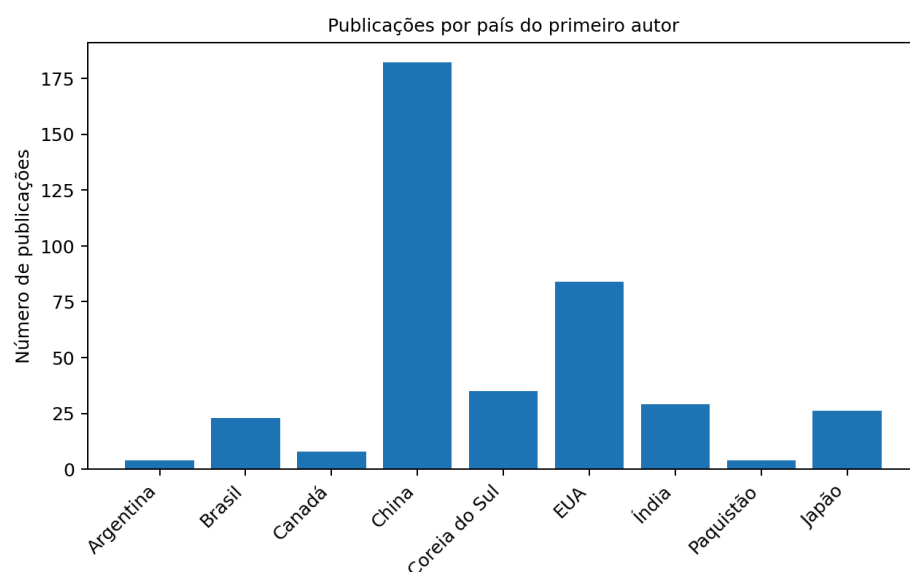
**Fonte:** dados da pesquisa (2024).

As revistas 'Theoretical and Applied Genetics', 'Crop Science' e 'Euphytica' apresentaram os maiores quantitativos de publicações com 47, 41 e 31, respectivamente. Em seguida, estão as revistas 'BMC Genomics' com 27, a 'Molecular Breeding' com 22, 'Frontiers In Plant Science' com 20 e 'Plant Breeding' com 15 publicações. As demais revistas obtiveram quantitativo inferior a 15 publicações no período de Breeding Science Molecular Breeding Theoretical and Applied Genetics Genome Canadian Journal of Plant Science Euphytica Crop Science Genetics and Molecular Research Plant Breeding BMC Genomics Journal of Plant Registrations G3-Genes Genomes Genetics Plant Genetic Resources-Characterization... Molecular Genetics and Genomics Frontiers in Plant Science Revistas 2012 a 2018.

A revista 'Theoretical and Applied Genetics' é uma revista internacional de pesquisa em melhoramento de plantas. Publica pesquisas originais e artigos de revisão em todas as áreas-chave da genética vegetal moderna, genômica vegetal e biotecnologia vegetal. Possui modelo de publicação híbrido (diário transformativo) e fator de impacto 5.4 (2022) (Melchinger, 2023). A 'Crop Science', com fator de impacto 2.7, é uma revista científica bimestralmente

revisada por pares que cobre Agronomia. A revista é um importante periódico internacional nas áreas de melhoramento genético e genética, fisiologia agrícola e produção agrícola, além de ser referência para artigos que descrevem coleções de germoplasma vegetal e seu uso (Scott, 2023). As revistas científicas aceitam submissões de artigos de vários lugares, desta forma, é comum observar autores de diversas nacionalidades. Assim, ao avaliar a instituição de pesquisa do autor principal, notou-se que houve uma prevalência significativa em autores de nacionalidade chinesa, totalizando 182 artigos, seguido dos EUA, Coreia do Sul, Índia, Japão e Brasil com 84, 35, 29, 26 e 23 artigos, respectivamente. Além de autores canadenses, que tiveram 8 submissões nas revistas indexadas.

**Figura 4.** Síntese gráfica dos dados cienciométricos apresentados na dissertação.



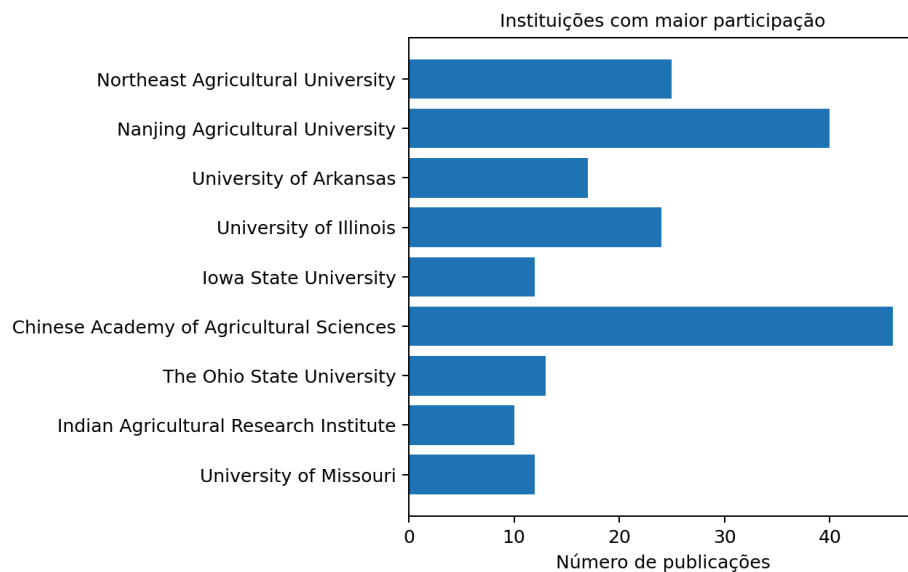
**Fonte:** dados da pesquisa (2024).

Um estudo apresentado pela National Science Foundation (NSF) dos Estados Unidos apontou que a China é o país que mais produz artigos científicos no mundo, em termos de números absolutos, ultrapassando o gigante norte-americano (Ipen, 2018). A China é

grande importadora de soja brasileira, adquirindo aproximadamente 60 milhões de toneladas das 150 milhões de toneladas de soja produzidas, na safra 2022/23. O interesse dos chineses pela soja vai muito além do comércio do grão, atualmente, a China está construindo um laboratório no sul do país, com foco em genética de soja, o que revela o extenso domínio que tem nessa área (EMBRAPA, 2023). Além da China, a Índia e a Coreia do Sul – países que integram os BRICS – figuram entre as dez nações que mais publicam artigos científicos no mundo (Ipen, 2018).

O Brasil, no mesmo período, ano de 2018 também teve um aumento significativo, de 89%, no número de artigos publicados, porém está muito aquém das economias emergentes que figuram entre os dez maiores (Ipen, 2018). Porém, investimentos em ciência e tecnologia caíram severamente nos dois anos seguintes, deixando o sistema científico nacional à beira de um colapso (Ipen, 2018). Assim, a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) tem desempenhado um importante papel no desenvolvimento dos cursos de pós-graduação no Brasil e é, portanto, em grande parte, responsável por estimular o notável crescimento da produção científica nas últimas décadas no país (CAPES, 2015). Desse modo, as instituições de pesquisa que mais se destacaram, por haver maior participação nas produções científicas foram a Chinese Academy of Agricultural Sciences, em primeiro lugar com 46 publicações, a Nanjing Agricultural University com 40, em seguida a Northeast Agricultural University com 25, a University of Illinois, com 24, University of Arkansas com 17, The Ohio State University com 13, Iowa State University e University of Missouri com 12 cada uma das instituições, e com 10 produções científica Indian agricultural research institute.

**Figura 5.** Síntese gráfica dos dados cienciométricos apresentados na dissertação.



**Fonte:** dados da pesquisa (2024).

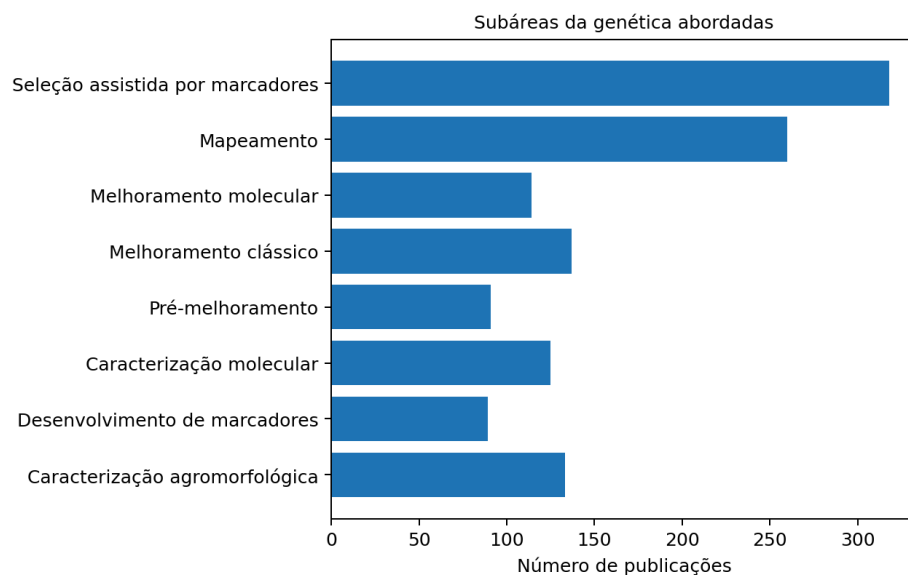
O gráfico apresentado na figura 9 corrobora com o resultado apresentado na figura 8, onde evidenciou-se que o país com maior número de publicações foi a China, desse modo, observa-se na figura 9 que as três primeiras instituições com mais produções científicas estão localizadas na China. A que mais se destacou foi a Chinese Academy of Agricultural Sciences, e esta é uma organização nacional chinesa de pesquisa científica agrícola, localizada em Pequim, na China. Em segundo, a Nanjing Agricultural University (NAU), localizada na cidade de Nanjing, na China, é uma instituição conhecida pelas suas disciplinas estabelecidas em agricultura e ciências da vida. Oferece programas em diversos ramos de aprendizagem, incluindo ciências, economia, gestão, engenharia, humanidades e direito. E em terceiro, a Northeast Agricultural University que é uma universidade agrícola pública em Harbin, China. As demais instituições listadas são: University of Missouri Indian agricultural research institute, The Ohio State University, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Iowa State University, University of Illinois, University of Arkansas, Nanjing Agricultural University e Northeast Agricultural University.

Heilongjiang, China. A NEAU se envolveu ativamente em colaborações internacionais, estabelecendo parcerias com mais de 90 universidades e institutos de pesquisa dos Estados Unidos, Japão, Rússia, etc (Neau, 2024). Na figura 10, pode-se observar os autores que mais produziram artigos durante os anos de 2012 a 2018, incluindo apenas os que publicaram mais de 2 artigos. Dessa forma, Ke-Jing Wang e Ying-Hui Li foram os autores que produziram mais artigos, cada um com 6 publicações. O autor Tae-Hwan Jun produziu 5 artigos. Já Jiaoping Zhang e Zhang Xiong Liu contribuíram com 4 artigos cada um. E, os demais autores produziram 3 artigos. Ademais, os autores que não aparecem no gráfico produziram 2 ou 1 artigo de 2012 a 2018.

Ke-Jing Wang é um pesquisador associado a Chinese Academy of Agricultural Sciences, no Centro de Recursos Genéticos em Pequim, na China. Possui 15 publicações com temas que versam sobre análise e mapeamento de expressão genômica e mapeamento quantitativo de loci de características, sendo citado 30 vezes. Ying-Hui Li também é uma pesquisadora associada a Chinese Academy of Agricultural Sciences. Faz parte de grupo de pesquisa em Mineração e Aproveitamento de Recursos Genéticos da Soja. A pesquisadora tem habilidades em Genética e Diversidade Genética, Análises Filogenéticas, Microssatélites, Genética Populacional e Marcadores Moleculares. Contabiliza 73 publicações e foi citada 3.106 vezes. Tae-Hwan Jun pertence atualmente a Pusan National University, no Departamento de Biociências Vegetais, localizado em Busan, na Coreia do Sul. O pesquisador possui habilidades e experiência em melhoramento molecular, genotipagem SNP, fenotipagem, análise de associação, genética vegetal, loci de traços quantitativos, diversidade genética, mapeamento quantitativo de loci de características e desenvolvimento de marcadores

moleculares. O autor possui 67 publicações, a partir de 2017, desenvolveu 32 itens de pesquisa, sendo citado 679 vezes. Jiaoping Zhang é professor pesquisador da Nanjing Agricultural University (NAU), no Departamento de Agronomia, possui doutorado em Fitotecnia (foco em Melhoramento de Plantas e Genética). O autor possui 38 publicações, sendo citado 1.411 vezes. Primeiro autor Zhang Xiong Liu é pesquisador associado a Chinese Academy of Agricultural Sciences, no Instituto de Ciências Agrícolas. Têm especialidade em Ciência Vegetal e Agronomia, com foco em pesquisa de recursos de germoplasma de soja. O autor possui 27 publicações. E, os demais pesquisadores tiveram suas contribuições e pesquisas publicadas, obtendo três publicações entre os anos de 2012 a 2018. Aspectos como as subáreas da genética também foram analisados, dentre os mais frequentes podese citar, a seleção assistida por marcadores (318 publicações), mapeamento (260 publicações), melhoramento clássico (137 publicações), melhoramento molecular (114 publicações), caracterização molecular de germoplasma (125 publicações), caracterização agromorfológica de germoplasma (133 publicações), pré-melhoramento (91 publicações), e desenvolvimento de marcadores moleculares (89 publicações). Vale salientar que, mais de uma subárea foi utilizada simultaneamente e ambas incluídas nas análises.

**Figura 6.** Síntese gráfica dos dados cienciométricos apresentados na dissertação.



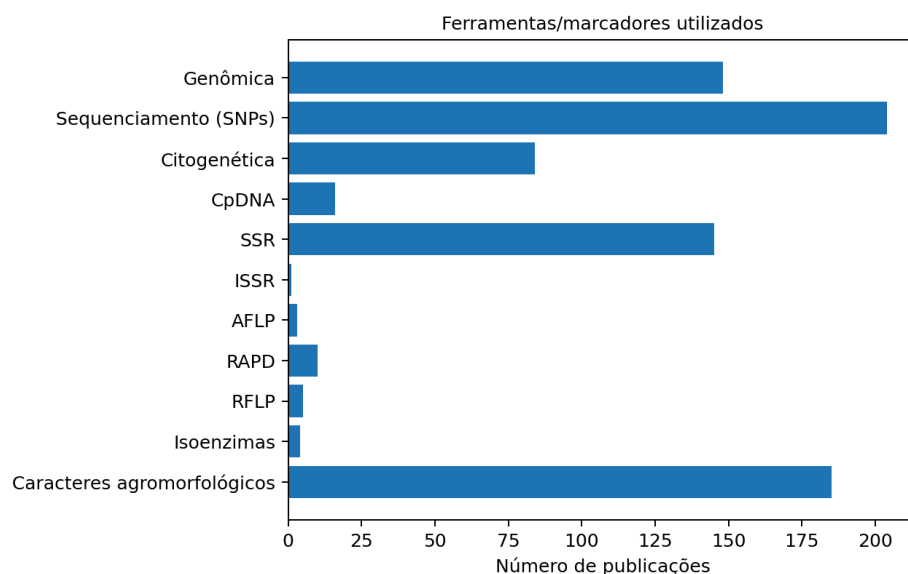
**Fonte:** dados da pesquisa (2024).

A seleção assistida por marcadores consiste na procura de alelos desejáveis indiretamente por meio do uso de marcadores ligados. Este procedimento envolvendo a biologia molecular possui como objetivos a piramidação de alelos de resistência a doenças; o uso em retrocruzamentos e o mapeamento de locos controladores de caracteres quantitativos-QTLs. A combinação dessa ferramenta com o melhoramento convencional possibilita a aquisição de resultados significativos, reduzindo custos e tempo do processo seletivo (Cavalcanti, 2009). Em função de sua ampla aplicação e da eficiência alcançada, sugere-se que esta subárea se tornou uma das mais abordadas nas publicações analisadas. O mapeamento de genes foi a segunda subárea mais abordada pelos autores dos estudos realizados entre os anos de 2012 e 2018. Neste tipo de abordagem ocorre a localização dos genes no genoma, o que auxilia na seleção de marcadores para estudos de caracterização de variabilidade genética, podendo estes, Caracterização agromorfológica de germoplasma Desenvolvimento de marcadores Caracterização molecular de germoplasma Pré-Melhoramento Melhoramento clássico Melhoramento molecular Mapeamento Seleção assistida por marcadores serem realizados através de testes de segregação, quando se trata do mapeamento de caracteres qualitativos (Bered,

Barbosa Neto & Carvalho, 1997). O melhoramento clássico obteve o terceiro lugar. Assim, os melhoristas de plantas, utilizando as técnicas de melhoramento genético clássico, disponibilizaram para a humanidade a maioria das cultivares conhecidas atualmente (Chen et al., 2019). Entretanto, por causa de anos de evolução e seleção direcionada, a variabilidade genética foi bastante reduzida, o que limita o potencial de melhoramento para muitas características (Chen et al., 2019). Mesmo os programas de melhoramento assistido por marcadores moleculares, que identificam e garantem a presença do alelo introduzido, bem como selecionam o genoma do doador com características não desejadas, têm suas limitações (Xu & Crouch, 2008). Em quarto, a subárea mais utilizada foi a caracterização agromorfológica de germoplasma. No campo as características morfológicas são utilizadas normalmente para descrever e discriminar variedades e novas linhagens de plantas (Anti, 2000). Dentre os vários tipos de caracterização, a morfológica é a primeira realizada no germoplasma depois que a espécie é incorporada às coleções (Burle & Oliveira, 2010). É feita com base em observações (variáveis qualitativas) ou mensurações (variáveis quantitativas) de vários caracteres morfológicos facilmente diferenciáveis a olho nu (Burle & Oliveira, 2010). Neste sentido, caracteres agronômicos e morfológicos são submetidos à análise multivariada, permitindo identificar informações entre inúmeros caracteres, possibilitando restringir os erros quanto à escolha de progenitores mais divergentes nos programas de melhoramento (Cruz, Regazzi & Carneiro 2004). Esses caracteres são ferramentas para análise de marcadores e estudos agronômicos, e serão descritos na figura 12, além de outros tipos. Dessa forma, os aspectos relacionados ao conteúdo do artigo, como ferramentas/marcadores moleculares também foram analisados na triagem das publicações. Os marcadores moleculares desempenham um papel importante

no setor agrícola, servindo como uma ferramenta biotecnológica significativa com extensas aplicações na ciência. No que se refere as ferramentas para estudos de genética de plantas, as mais utilizadas foram sequenciamento (SNPs) (204 publicações), caracteres agromorfológicos (185 publicações), genômica (148 publicações), marcadores SSR (145 publicações), citogenética (84 publicações), CpDNA (16 publicação), RAPD (10 publicações), RFLP (5 publicações), isoenzimas (4 publicações) e ISSR (1 publicação).

**Figura 7.** Síntese gráfica dos dados cienciométricos apresentados na dissertação.



**Fonte:** dados da pesquisa (2024).

Isoenzimas; Sequenciamento SNPs (Polimorfismos de Nucleotídeo Único); CpDNA (DNA de cloroplasto); AFLP (Polimorfismo de comprimento de fragmento amplificado); RAPD (DNA polimórfico amplificado aleatoriamente); ISSR (Repetições inter sequência simples); RFLP (Polimorfismo de comprimento de fragmentos de restrição); Citogenética; Caracteres agromorfológicos.

Os SNPs foram as ferramentas mais utilizadas em soja nos artigos que foram analisados. Essa classe de marcadores moleculares

passou a ter maior importância com sequenciamento do genoma humano, mas na área vegetal também vem se desenvolvendo (Oliveira, 2015). É permitido evidenciar a presença de SNPs em sequenciamentos de larga escala em espécies como *Glycine max* (Zhu et al., 2003), *Cucumis melo* (Morales et al., 2004) e *Zea mays* (Batley et al., 2003). O mapeamento deste elevado número de marcadores SNPs aumentam a chance de sucesso na identificação de QTLs de grande importância (Lightfoot, 2008) que compõe extensão de genes candidatos ligados as características de resistência de interesse. Várias plataformas para marcadores SNPs foram criadas nos últimos anos, para identificar e mapear um grande volume de marcadores ao mesmo tempo (Alvarenga, 2019). Para soja, por exemplo, um painel universal de ligação denominado como Illumina GoldenGate, Infinium Beadchip e Illumina Infinium com cerca de 1.536, 6.000 e 50.000 SNPs foram desenvolvidos e disponibilizados (Hyten et al., 2010; Ganai et al., 2011; Song et al., 2013). Em segundo, os caracteres agromorfológicos, e o uso dessa classe de marcador é empregado para definir o germoplasma em diversas espécies economicamente significativas, como exemplo a soja. Desse modo, Cruz e Regazzi (1994) mostram a importância da caracterização agromorfológica para identificação do germoplasma, devido ao seu poder discriminante entre os acessos e da sua estabilidade de manifestação. Assim, a descoberta de características de interesse torna-se essencial aos programas de melhoramento, uma vez que, permite a avaliação quantitativa e qualitativa de um caráter em relação a outro (Ferreira et al., 2012). Em terceiro, aparece a ferramenta genômica. Assim, Quadros et al. (2018) diz que a edição genômica de plantas de interesse econômico tem avançando rapidamente. O autor ainda afirma que, as análises de dados de sequenciamento de próxima geração (NGS) e os estudos de associação genômica ampla (GWAS) têm possibilitado prever a

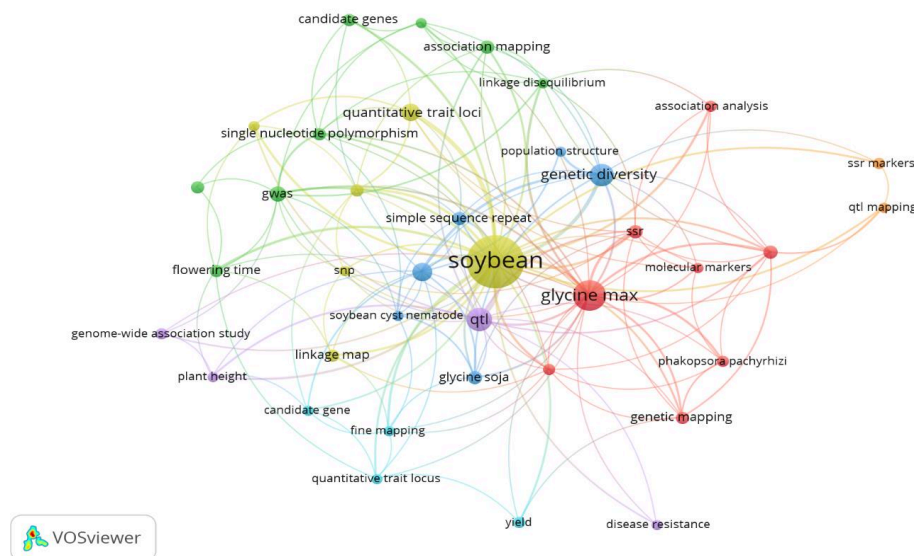
função de muitos genes (Quadros et al., 2018). Assim, essa ferramenta possibilita a obtenção de informações genéticas importantes facilitando na definição de estratégias de melhoramento em plantas. O marcador SSR (Sequências Simple Repetidas) foi a quarta classe mais utilizada nos estudos analisados, estes oferecem a possibilidade de fazer estimativa da variabilidade genética, seleção assistida por marcadores (MAS), mapeamento de características quantitativas (QTL) e caracterização dos reprodutores (Forte, 2015). Os marcadores RAPD e AFLP são pouco utilizados atualmente. Isso porque apresentam algumas desvantagens, como o baixo conteúdo de informações genéticas por loco e a impossibilidade de discriminar genótipos heterozigotos de homozigotos. Por conseguinte, ao considerar a disponibilidade de marcadores genéticos para a espécie em estudo, é importante notar que o número de estudos realizados pode ser relativamente baixo para algumas classes de marcadores, pois estes podem ter uma correlação direta com a melhor metodologia empregada para cada tipo de espécie. Além disso, normalmente são necessários recursos financeiros significativos, juntamente com um alto nível de especialização em técnicas moleculares e uma compreensão profunda do genoma da espécie em estudo. Como métodos estatísticos, as publicações em sua maioria utilizaram outros índices de diversidade, entretanto, índices de Diversidade de Shannon-Wiener foi utilizado em 7 publicações e a Diversidade genética de Nei, em 4 publicações. Observa-se que boa parte dos estudos adotaram outros índices de similaridade, já para os métodos de agrupamentos, o método por UPGMA foi identificado em 8 publicações e o método de agrupamento por verossimilhança, em 4 publicações, e apenas 2 utilizou o método de agrupamento por Neighbor Joining, outros métodos de agrupamento, não especificados, prevaleceram na análise realizada.

O Índice de Diversidade de Shannon-Wiener ( $H'$ ), também chamado de Índice de Shannon- - Weaver, foi desenvolvido no período de 1948-1949, por Claude Elwood Shannon, e é um dos índices mais comumente utilizados para medir diversidade em dados categóricos, sendo baseado na teoria da informação (Shannon & Wiever, 1949). Desse modo, um dos benefícios da utilização deste índice é que ele considera tanto a quantidade quanto a dominância das espécies. Dentre os métodos de agrupamento, Matriz UPGMA se sobressaiu. Este tem sido comumente utilizado em estudos de diversidade genética, tendo vantagem sobre os demais métodos por considerar médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os indivíduos considerados (Cruz & Carneiro, 2003). Outra razão que também favorece o método UPGMA é que ele tende a gerar valores mais altos do coeficiente de correlação cofenética (Sokal & Rohlf, 1962). A presença desses métodos nos estudos de genética da conservação ocorre pela sua confiabilidade em reproduzir graficamente os dados sobre a medida de distância genética da espécie estudada, aprimorando a análise dos dados adquiridos sobre a genética de plantas (Moraes Filho et al., 2018; Souza, Telles & Diniz-Filho, 2016). Em relação aos termos mais relevantes em publicações sobre a genética da soja, observou-se a tendência das temáticas em publicações. O resultado mostrou que os termos “soybean” e “Glycine max” prevaleceram sobre qualquer outro, pelo fato, principalmente, dos estudos estarem intrinsecamente ligados a soja, desse modo o nome popular (grupo verde-claro) e científico da espécie (grupo vermelho) estão representados no centro da figura 14.

O grupo central verde-claro representado pelo termo “soybean” conecta-se aos demais grupos (vermelho, azul, lilás, verde-escuro e

laranja) através dos termos “Glycine max”, “QTL”, “diversidade genética”, “GWAS”. O grupo principal representado pela cor verde-claro é representado pelo termo “soybean”, em português – soja. Os subgrupos que aparecem com a mesma cor estão representados pelos termos SNP, locus de características quantitativas, mapeamento. O grupo vermelho contém como termo principal a palavra “Glycine max” e aparecem termos relacionados a genética e marcadores moleculares, como: marcadores moleculares, SSR, mapeamento genético. O grupo azul é representado pelo termo “diversidade genética” que está associado aos termos, estrutura populacional, locus de características quantitativas, nematoide de cisto de soja, mapeamento preciso. O grupo lilás que apresenta o termo principal “QTL” que significa locus de características quantitativas, esse termo estar ligado a outros, como: resistência a doenças, características da planta (ex.: altura da planta), estudo de associação genômica ampla. O grupo verde-escuro representado pelo termo “GWAS” - estudo de associação genômica ampla, está correlacionado com genes, características agromorfológicas (ex.: época de floração), mapeamento. E, por último o grupo representado pela cor laranja que aparecem dois tipos de marcadores moleculares “SSR” e “QTL”.

**Figura 8.** Rede de acoplamento dos termos mais relevantes em publicações sobre marcadores genéticos em soja (2012-2018).



**Fonte:** dados da pesquisa (2024).

## 5. CONSIDERAÇÕES FINAIS E PERSPECTIVAS FUTURAS

O emprego de ferramentas tecnológicas e algoritmos capazes de identificar padrões comportamentais na literatura científica em diversas dimensões tem se mostrado cruciais às análises cienciométricas no campo da genética da soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Desse modo, a partir desse estudo, observou-se os avanços, métodos e pesquisas em andamento relacionados a genética e melhoramento dessa cultura. Os resultados da análise dos 416 artigos completos relacionados a estudos de marcadores genéticos em soja indicaram um crescimento no número de publicações, no decorrer dos últimos 6 anos. Percebe-se que a China, Estados Unidos e a Coreia do Sul, foram os países que demonstraram o maior número de publicações. Os resultados das pesquisas foram em sua grande parte, publicados na “Theoretical and Applied Genetics”, “Crop Science” e “Euphytica”. A maioria dos artigos foram escritos por cientistas chineses, principalmente, Ke-Jing Wang e Ying- Hui Li. O primeiro autor publicou 15 vezes e tem 30 citações, e o segundo autor publicou 73 e 3.106 citações, sendo o mais citado até o momento. Levando em consideração as instituições, a Chinese Academy of Agricultural Sciences e a Nanjing Agricultural University

foram as que mais tiveram pesquisas publicadas. Em relação as palavras-chaves mencionadas pelos autores, a palavra que se sobressairam foram “soybean” e “Glycine max”; e os marcadores mais utilizados foram principalmente o Polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) e os caracteres agromorfológicos. Estes maracdores, em conjunto com diversos métodos e ferramentas de análise, tem sido utilizado para estimar a estrutura genética do germoplasma da soja. Com o presente estudo, foi possível obter o Estado da Arte sobre os estudos genéticos da soja, servindo de referência para trabalhos futuros. A pesquisa trouxe uma contribuição no que diz respeito a determinação da evolução ocorrente nas técnicas de análises moleculares aplicadas ao estudo da espécie, além de direcionar quais as técnicas que mais obtiveram êxito nos resultados durante o período de análise. Portanto, este estudo destaca a importância de realizar mais pesquisas sobre esse assunto, uma vez que ele está intrinsecamente ligado a questões socioambientais e econômicas. Desse modo, como perspectiva futura para o Brasil tem-se a importância do progresso da ciência e da tecnologia e, compreender que estas dependem de investimentos consistentes e contínuos, tornando crucial o estabelecimento de prioridades nacionais e planejamento de recursos, tais como a China e EUA investem nesse setor.

## **REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

ALMEIDA, F. A. de; WETZEL, C. T.; ÁVILA, A. F. D. Impacto das cultivares de soja da EMBRAPA e rentabilidade dos investimentos em melhoramento. Brasília: EMBRAPA Comunicação para Transferência de Tecnologia, Brasília, v. 3 , p. 12-14, 1999. 54p.

ALMIND, T. C.; INGWERSEN, P. Informetric analyses on the world wide web: methodological approaches to “webmetrics”. *Journal of Documentation*, Copenhagen, v. 53, n. 4, p. 404-426, 1997.

ALZATE-MARIN, A. L.; CERVIGNI, G. D. L.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. *Fitopatologia Brasileira*, v. 30, p.

Alzate-Marin, AL, Cervigni, GDL, Moreira, MA., & Barros, EG. (2005) Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. *Fitopatologia Brasileira*, 30, p. 333-342.

ANDERLE, L. Z.; GUIMARÃES, F. C. M.; KAWAKAMI, J. Seleção assistida por marcadores moleculares no melhoramento genético da soja. *Revista Técnico- Científica*, Curitiba, v. 3, n. 25, p. 31-38, 2021.

Anti, AB. (2000). Caracterização de germoplasma de soja e feijão através de eletroforese de isoenzimas de sementes. *Bragantia*, 59, (2), p. 139-142.

Balaban, AT. (2012). Positive and negative aspects of citation indices and journal impact factors. *Scientometrics*, 92, p. 241-247.

BARAC, M. B; STANOJEVIĆ, S. P.; JOVANOVIĆ, S. T.; PEŠIĆ, M. B. Soy protein modification: A Review. *Acta periodica technologica*, Belgrado, v. 35, p. 3-16, 2004.

BARROS, E. G.; SOUZA, T. L. P. O. Biotecnologia aplicada à cultura do feijoeiro. In: CANÇADO G. M. A.; LONDE, L. N. (Eds.) *Biotecnologia*

aplicada à agropecuária. Belo Horizonte: Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, 2012, p. 648.

Batley, J., Barker, G., O'Sullivan, H., Edwards, KJ, & Edwards, D. (2003). Mining for single nucleotide polymorphisms and insertions/deletions in maize expressed sequence tag data. *Plant Physiology*, 132, (1), p. 84-91.

Bered, F., Barbosa Neto, JF, & Carvalho, FIF. (1997). Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento genético de plantas. *Ciência Rural*, Santa Maria-RS, v. 27, p. 513-520.

BERED, F.; BARBOSA NETO, J. F.; CARVALHO, F. I. F. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento genético de plantas. *Ciência Rural*, v. 27, n. 3, p. 513-520, 1997. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-84781997000300026>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/dqRw9QJjFNKrR8gb8gKzDMr/?lang=pt>. Acesso em: 24 set. 2026.

BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M.M. Importância econômica. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Org.). *Soja: do plantio à colheita*. Viçosa: Editora UFV, 2015, p. 28-32.

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2014.

BLUM, J. E. S.; RAMONI, E. O.; BALBI, M. E. Elaboration of aqueous extract (milk) seed from germinated sunflower (*Helianthus annus* L., Asteraceae). *Visão Acadêmica*, Curitiba, v. 17, p. 1-12, 2016.

BONATO, A. L. V.; CALVO, E. S.; GERALDI, I. O.; ARIAS, C. A. A. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. *Genetics and Molecular Biology*, São Paulo, v. 29, n. 4, p. 692-704,

Bonato, ALV, Calvo, ES, Geraldi, IO, & Arias, CAA. (2006). Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. *Genetics and Molecular Biology*, São Paulo, 29 (4), p. 692-704.

Bonato, ER, & Bonato, ALV. (1987) A soja no Brasil: história e estatística. Londrina: EMBRAPA- CNPSo, 1987. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/446431/a-soja-no-brasilhistoria-e-estatistica>.

BONETTI, L. P. Distribuição da Soja no mundo; origem, história e distribuição. In: MIYASAKA. S.; MEDINA, J. C. (Ed.) A soja no Brasil. Campinas, ITAL, 1981. p.

BORDIN, P. A. N. Desempenho agronômico e caracterização de genótipos de soja em ensaio preliminar. 2023. 37f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Engenharia Agrônoma) - Universidade Estadual Paulista, 2023.

BORÉM, A.; ALMEIDA, L. A.; KIHIL, R. A. S. Hibridação em soja. In: BORÉM, A. (Ed) Hibridação Artificial de Plantas. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2009, p. 625.

BOSCHIERO, B. N. 6 maiores produtores de soja no mundo: quanto e quando produzem? 2023. Disponível em:

<https://agroadvance.com.br/blog-6-maioresprodutores-de-soja-do-mundo/>. Acesso em 14 nov. 2023.

BRETTING, P. K.; WIDRLECHENER, M. P. Genetic markers and horticultural germplasm management. HortScience, v. 30, n. 7, p. 1349-1355, 1995.

Burle, ML, & Oliveira, MSP. (2010). Manual de Curadores de Germoplasma - Vegetal: Caracterização Morfológica. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 16 p.

Camara, GMS. (2015). Introdução ao agronegócio soja. São Paulo: USP/ESALQ – Departamento de Produção Vegetal.

Campos, LA, & Candido, MR. (2021). Transparência em DADOS: submissões, pareceristas e diversidade no fluxo editorial dos últimos anos. Dados, Rio de Janeiro - RJ, 65 (1). <https://doi.org/10.1590/dados.2022.65.1.000>

Capes. Portal de Periódicos da Capes. (2015). Qualis Periódicos. <http://www.capes.gov.br/avaliacao/qualis>

CARVALHO, G. A.; SEDIYAMA, T.; ALZATE-MARIN, A. L.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Identificação de marcadores RAPD ligados a um gene de resistência ao cancro-da-haste-da-soja. Fitopatologia brasileira, v. 27, p. 474-478, 2002.

Cavalcanti, JJV. (2009). Importância da seleção assistida por marcadores moleculares. In: 12º Congresso Brasileiro de Fisiologia Vegetal. Fortaleza. Desafios para a produção de alimentos e bioenergia: livro de resumos. Fortaleza: Universidade Federal do Ceará.

Chen, K., Wang, Y., ZHANG, R., ZHANG, H., & GAO, C. (2019). CRISPR/Cas edição e precisão do genoma e melhoramento de plantas na agricultura. *Revisão Anual de Biologia Vegetal*, 70, p. 667-697.

Chies, STT, Burchardt, P., Alves, EMS, Essi, L., & Santos, E. K. (2014). O estudo da biodiversidade e evolução vegetal através de marcadores de DNA e citogenética: exemplos em Iridaceae e Poaceae. *Ciência e Natura*, 36, 279-293.

CHOWDHURY, A. K.; SRINIVES, P.; SAKSOONG, P.; TONGPAMNAK, P. RAPD markers linked to resistance to downy mildew disease in soybean. *Euphytica*, v. 128, p.

Chung, G., & Singh, RJ. (2008). Broadening the genetics base of soybean: a multidisciplinary approach. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 27 (5), p. 295-341.

Consumption. *ETP International Journal of Food Engineering*, Passo Fundo - RS, v. 1, n. 1, p. 1-7, 2015.

CORREA, C. R; LI, L.; ALDINI, G.; CARINI, M.; CHEN, C. Y. O.; CHUN, H. K.; CHO, S. M.; PARK, K. M.; RUSSEL, R. M.; BLUMBERG, J. B; YEUM, K. J. Composition and stability of phytochemicals in five varieties of black soybeans (*Glycine max*). *Food Chemistry*, Reino Unido, v. 123, n. 4, p. 1176-1184, 2010.

COSTA, A. M.; SPEHAR, C. R. Base genética da diversidade. In: COSTA, A. M.; SPEHAR, C. R.; SERENO, J. R. B. *Conservação de recursos genéticos no Brasil*. 1ª ed. Brasília: EMBRAPA, 2012. p. 28-65.

COX, T. S.; KIANG, Y. T.; GORMAN, M. B.; RODGERS, D. M. Relationship between coefficient of parentage and genetic similarity indices in the soybean. Crop Science, Estados Unidos da América, v. 25, p. 529-532, 1985.

Cruz, CD, & Carneiro, PCS. (2003). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Volume 2. Viçosa: UFV. 623p.

Cruz, CD, Regazzi, AJ, & Carneiro, PCS. (2004). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3ª ed. Viçosa, Editora UFV. 480 p.

Cruz, CD, Regazzi, AJ. (1994). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 1ª ed. Viçosa: UFV, Imp. Univ., p. 390.

Embrapa. (2023). Embrapa Soja e Academia Chinesa de Ciências discutem pesquisa em soja. (Embrapa Soja). [https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/79191296/embrapa-soja-e-academia-chinesade-ciencias-discutem-pesquisa-em-soja?p\\_auth=FVAvnZ6o](https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/79191296/embrapa-soja-e-academia-chinesade-ciencias-discutem-pesquisa-em-soja?p_auth=FVAvnZ6o)

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Tecnologias de produção da soja. (Sistemas de Produção, 17). Londrina, PR. Embrapa Soja, 2020. 347 p.

ERDAW, M. M.; BHUIYAN, M. M.; IJI, P. A. Enhancing the nutritional value of soybeans for poultry through supplementation with new-generation feed enzymes. World's Poultry Science Journal, Londres, v. 72, n. 2, p. 307-322, 2016.

Falagas, ME, Pitsouni, EI, Malietzis, GA, & Pappas, G. (2008). Comparison of PubMed, Scopus, Web of Science, and Google

Scholar: strengths and weaknesses. The Federation of American Societies for Experimental Biology (FASEB) Journal. Life Sciences Forum, Rockville, MD, 22 (02). <https://doi.org/10.1096/fj.07-9492LSF>

FEHR, W. R. Principles of cultivar development: Theory and Technique. 1ª ed. Ames: Iowa State University. 1991. Disponível em: <https://dr.lib.iastate.edu/handle/20.500.12876/4343>. Acesso em: 06 nov. 2023

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. Stages of soybean development. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 11 p. (Special Report, 80). Disponível em: <https://dr.lib.iastate.edu/handle/20.500.12876/90239>. Acesso em: 24 set. 2026.

Ferreira, JP, Schmildt, O., Schmildt, ER, Piantavinha, WC, & Cattaneo, LF. (2012). Correlações entre características morfoagronômicas de acessos de mamoeiro. Enciclopédia Biosfera, 8 (14), p. 246.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3ª ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, p.220, 1998. (EMBRAPA-CENARGEN. Documentos, 20).

Forte, J. M. (2015). Aplicações de marcadores moleculares nas principais espécies da aquicultura do Nordeste Brasileiro. 2015. 66f. Dissertação (Mestrado em Ciências Marinhas Tropicais) - Instituto de Ciências do Mar, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza.

Ganal, MW, Gregor, D., Andreas, P., Lie, BA, Edward, BS, Alain, C., Joseph, CD, Eva-Maria, G., Mark, H., Johann, J., Marie-Christine PLE, Michael, MD, Pierre M., Mark R., Chris-Carolin, S., Qi, S., Hildrun, W.,

Olivier, MC, & Matthieu, F. (2011). A large maize (*Zea mays* L.) SNP genotyping array: Development and germplasm genotyping, and genetic mapping to compare with the B73 reference genome. PLoS ONE, 6 (12). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0028334>

GAVIOLI, E. A.; MAURO, A. O.; CENTURION, M. A. P. C.; MAURO, S. M. Z. Development of SCAR marker linked to stem canker resistance gene in soybean. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.7, p.133-140, 2007.

GIRALDELI, A. L. Qual o teor de umidade de armazenamento da soja? 2020, Disponível em: <https://blog.aegro.com.br/umidade-de-armazenamento-da-soja/>. Acesso em 12 nov. 2023.

GOMES, C. C.; MOURA, T. M. Estrutura genética em populações de plantas do Cerrado. Revista Agrotecnologia, v. 1, n. 1, p. 33-52, 2010.

GOODE, W. J.; HATT, P. F. Alguns problemas na análise qualitativa e na análise de caso: 1969. In: GOODE, W. J.; HATT, P. F. (org.) Métodos em pesquisa social. São Paulo: Companhia Editora Nacional, 1969.

GRIFFITHS, A. J. F.; MILLER, J. H.; SUZUKI, D. T.; LEWONTIN, R. C.; GELBART, W. M. An Introduction to Genetic Analysis. 7ª ed. New York, 2000, 856 p.

GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R.; CARROL, S. B.; DOEBLEY, J. Introdução à genética. 11ª ed. Rio de Janeiro: Guanabarra Koogan, 2016. p.640-646.

HARLAN, J. R. Crops and man. Madison, Wisconsin: ASA, CSS of Am., 1975. 295p. HAYASHI, M. C. P. Afinidades eletivas entre a ciétiometria

e os estudos sociais da ciência. *Filosofia e Educação*, São Carlos, v. 5, n. 2, p. 33-46, 2013.

HAYASHI, M. C. P. I. Afinidades eletivas entre a cientometria e os estudos sociais da ciência. *Filosofia e Educação*, Campinas, v. 5, n. 2, out. 2013. Disponível em: <https://periodicos.sbu.unicamp.br/ojs/index.php/rfe/article/view/8635395/3188>. Acesso em: 10 nov. 2023.

HELENTJARIS, T., SLOCUM, M., WRIGHT, S., SCHAEFER, A.; NIENHUIS J. Construction of genetic linkage maps in maize and tomato using restriction fragment length polymorphisms. *Theoretical and Applied Genetics* 72:761-769. 1986.

HIRAKURI, M. H. Avaliação econômica da produção de soja nos estados do Paraná e Rio Grande do Sul na safra 2016/17. Londrina: Embrapa, 2017. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/154843/1/CT126.pdf>. Acesso em: 02 nov. 2023.

HIRAKURI, M. H.; CASTRO, C.; FRANCHINI, J. C.; DEBIASI, H.; PROCÓPIO, S. O.; BALBINOT JÚNIOR, A. A. Indicadores de sustentabilidade da cadeia produtiva da soja no Brasil. Londrina: Embrapa Soja, 2014.

HYMOWITZ, T.; SINGH, R.J. Taxonomy and speciation. In: WILCOX, J.L. (Ed.) *Soybeans: Improvement, production and uses*. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science of America, Soil Science of America, 1987, p.23-48.

HYTEN, D. L.; HARTMAN, G. L.; NELSON, R. L.; FREDERICK, R. D.; CONCIBIDO, V. C.; NARVEL, J. M.; CREGAN, P. B. Map location of the

Rpp1 locus that confers resistance to soybean rust in soybean. Crop Science, v. 47, p. 837-840,

Hyten, DL, Cannon, SB, Song, Q., Weeks, N., Fickus, EW, Shoemaker, RC, Specht, JE, Farmer, AD, May, GD, & Cregan, PB. (2010). Highth roughput SNP discovery through deep resequencing of a reduced representation library to anchor and orient scaffolds in the soybean whole genome sequence. BMC Genomics, 11 (38). <https://doi.org/10.1186/1471-2164-11-38>.

Ipen. (2018). Instituto de Pesquisas Energéticas e Nucleares. Ciência e Tecnologia a serviço da vida. <https://www.ipen.br/portalpor/portal/interna>

JAEKEL, L. Z.; RODRIGUES, R. S.; SILVA, A. P. Avaliação físicoquímica e sensorial de bebidas com diferentes proporções de extrato de soja e de arroz. Ciência e Tecnologia Alimentícia, Campinas, v. 30, n. 2, p. 342-348, 2010.

Lightfoot D.A. (2008). Soybean Genomics: Developments through the use of cultivar Forrest. Internat J of Plant Genom, 1 (1), p. 1-22.

LIMA, M.; SILVA JÚNIOR, C. A.; RAUSCH, L.; GIBBS, H. K. JOHANN, J. A. Demystifying sustainable soy in Brazil. Land Use Policy, Holanda, v. 82, p. 349-352,

LISZBINSKI, B. B.; BRIZOLLA, M. M. B.; PATIAS, T. Z. Produção de soja: perspectivas sociais e ambientais a partir do olhar do produtor. Geosul, Florianópolis, v. 36, n. 79, p. 347-371, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.5007/2177-5230.2021.e74515>. Acesso em: 02 nov. 2023.

MACIAS-CHAPULA, C. A. O papel da informetria e da cienciometria e sua perspectiva nacional e internacional. Ciência da informação, Cidade de La Habana, v. 27, p. 35-41, 1998.

MACIAS-CHAPULA, C.A. Papel de la informetria y de la cienciometria y su perspectiva nacional e internacional. Acimed, Cidade de La Habana, v. 9, p. 35-41,

MARIN, M.; MADRUGA, N. A.; RODRIGUES, R. S.; MACHADO, M. R. G. Caracterização físico-química e sensorial de bebida proteica de soja. Boletim Ceppa, Curitiba, v. 33, n. 6, p. 93-104, 2014.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed) Soja: do plantio à colheita. UFV, Viçosa, p. 27-53, 2015.

MEDEIROS, G. S. Estimativa da diversidade genética entre cultivares de soja baseado em caracteres quantitativos. 2021. 28f. Trabalho Conclusão de Curso (Bacharel em Agronomia) - Instituto Federal Goiano, Rio Verde, 2021.

Melchinger, AE. (2003). Theoretical and Applied Genetics. International Journal of Plant Breeding Research. <https://www.springer.com/journal/122>

MENEZES, W. G.M.D. Em mapa, a degradação da agricultura brasileira. 2021. Disponível em: <https://outraspalavras.net/crise-brasileira/em-mapa-a-degradacao-daagricultura-brasileira/>. Acesso em: 08 nov. 2023.

Miranda, ZFS, Aires, CAA, Prete, CEC, Kiihl, RAS, Almeida, LA, Toledo, JFF, & Destro, D. (2007). Genetic characterization of ninety elite

soybean cultivars using coefficient of parentage. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 42 (3), p. 363- 369.

MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. A soja no Brasil. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p. 1062.

Mondini, L., Noorani, A., & Pagnotta, MA. (2009). Assessing plantgenetic diversity by molecular tools. Diversity, 1(1), 19-35.

Moraes Filho, AV, Rodrigues, DF, Pantaliã, GF, Bernardes, V, & Melo, VA. (2018) Análise cienciométrica da aplicação de métodos em genética geográfica. In: MORAES FILHO, AV, MACHADO, HC, & RIBEIRO, J. A. Sociedade, saúde e meio ambiente. 1ª ed. 1. v. 1. Aparecida de Goiânia: Faculdade Alfredo Nasser. p. 25-40.

Morales, M, Roig, E, Monforte, AJ, Arus, P., & Garcia-Mas, J. (2004). Singlenucleotide polymorphisms detected in expressed sequence tags of melon (Cucumis melo L.). Genome, 47 (2), p. 352-360.

Morceli, TGS, Trevisoli, SHU., Morceli Junior, AA, Kiihl, RAS, Calvo, ES, Di Mauro, AO, & Garcia, A. (2008). Identificação e validação de marcadores microssatélites ligados ao gene Rpp5 de resistência à ferrugem-asiática-da-soja. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 43(11), 1525-1531. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008001100011>

Moreira, MA, Alzate-Marin, AL, Cervigni, GDL, & Barros, EG. (2005). Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. Fitopatologia Brasileira, Brasília, 30 (4), p. 333-342.

<https://doi.org/10.1590/S0100-41582005000400001> Neau. (2024). Northeast Agricultural University. [https://english.neau.edu.cn/About\\_NEAU.htm](https://english.neau.edu.cn/About_NEAU.htm)

NAJIMI, B; EL JAAFARI, S.; JLIBENE, M.; JACQUEMIN, J. M. Applications des marqueurs moléculaires dans l'amélioration du blé tendre pour la résistance aux maladies et aux insectes. *Biotechnology, Agronomy, Society and Environment*, v. 7, n. 1, p. 17-35, 2003.

NASCIMENTO, F. A. Produção científica do melhoramento genético entre 2003 a 2013 nas bases de dados Scielo e Scopus [manuscrito]. 2014. 59 f. Dissertação (Mestrado) - Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Programa de Mestrado em Genética, 2014.

NEPOMUCENO, A. L., FARIAS, J. R. B., NEUMAIER, N. Características da soja. Embrapa Soja, artigo on-line, 2021. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agenciade-informacao-tecnologica/cultivos/soja/pre-producao/caracteristicas-da-especie-erelacoes-com-o-ambiente/caracteristicas-da-soja>. Acesso em: 15 out. 2023.

NOGUEIRA, A. P. O. Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja. 2011. 138f. Tese (Doutorado em Genética animal; Genética molecular e de microrganismos; Genética quantitativa; Genética vegetal) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

Nogueira, AO. (2021). Capacidade combinatória, diversidade genética e correlações em soja. 2021. 113f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia.

OLIVEIRA JUNIOR, A; CASTRO, C. de; PEREIRA, L. R.; DOMINGOS, C. da S. Estádios fenológicos e marcha de absorção de nutrientes da soja. Paiçandu: Fortgreen; Londrina: Embrapa Soja, 2016. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de->

[publicacoes/-/publicacao/1047123/estadiosfenologicos-e-marcha-de-absorcao-de-nutrientes-da-soja](#). Acesso em 14 out 2023.

Oliveira, AJ. (2021). A cultura do *Carthamus tinctorius* L.: Principais usos e variabilidade genética. *Research, Society and Development*, 10(2), e24810212683-e24810212683.

Oliveira. JM. (2015). Uso de marcadores moleculares em proteção de cultivares no Brasil. Brasília, 2015. 40f. Monografia (Graduação em engenharia agrônômica) - Universidade de Brasília. Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária.

PARRA, M. R.; COUTINHO, R. X.; PESSANO, E. F. C. Um breve olhar sobre a cienciometria: origem, evolução, tendências e sua contribuição para o ensino de ciências. *Revista Contexto & Educação*, v. 34, n. 107, p. 126-141, 2019. DOI: <https://doi.org/10.21527/2179-1309.2019.107.126-141>. Disponível em: <https://www.revistas.unijui.edu.br/index.php/contextoeducacao/articloe/view/7267>. Acesso em: 24 set. 2026.

PAS. Manual de segurança e qualidade para a cultura da soja. – Brasília – DF: Embrapa Transferência de Tecnologia, 2005.

Pendlebury, DA. (2009). The use and misuse of journal metrics and other citation indicators. *Archivum Immunologiae et Therapiae Experimentalis*, 57 (1), p. 1-11.

Picolli, E. (2018). A importância da soja para o agronegócio: Uma análise sob o enfoque do aumento da produção de agricultores no Município de Santa Cecília do Sul. 2018. 47f. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharel em Administração) - Faculdade e Escola-FAT.

PIPER, C. V.; MORSE, W. J. The Soybean. MacGraw Hill. New York; 310p. 1923.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES JÚNIOR, C. T.; SOUSA, S. M. B.; SOUSA, N. E. A.; CONTEL, E. P. B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. Pesquisa agropecuária brasileira, Brasília, v. 39, p. 967-975,

Priolli, RHG, Mendes Júnior, CT, Sousa, SMB, Sousa, NEA, & Contel, EPB. (2004). Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. Pesquisa agropecuária brasileira, Brasília, 39 (10), p. 967-975.

Quadro, OF, Ventura, JA, Fernandes, AAR, & Fernandes, PMR. (2018). Edição dirigida do genoma por CRISPR/Cas9: uma nova tecnologia para o melhoramento de plantas. Incaper em Revista, Vitória, 9, p. 6-

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. Estatística matemática, biométrica e computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTLGWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2014, p. 882.

RIGO, A. A.; DAHMER, A. M.; STEFFENS, C.; STEFFENS, J.; CARRÃO-PANIZZI, M. C. Characterization of Soybean Cultivars Genetically Improved for Human

RODRIGUES, O.; DIDONET, A. D.; LHAMBY, J. C. B.; BERTAGNOLLI, P. F.; LUZ, J. S. da. Resposta quantitativa do florescimento da soja à temperatura e ao fotoperíodo. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 36, n. 3, p. 431-437, 2001.

Ruiz, MA, Greco, OT, Braile, DM. (2009). Fator de impacto: importância e influência no meio editorial, acadêmico e científico. Revista Brasileira de Cirurgia Cardiovascular, São Paulo, 24 (3), p. 273-278.

SANTANA, F. A. Seleção assistida e diversidade genética de fontes de resistência ao nematoide de cisto da soja. Dissertação (M.Sc. em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2008.

Santana, FA. (2008). Seleção assistida e diversidade genética de fontes de resistência ao nematoide de cisto da soja. 2008. 86 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa.

SANTOS, W. S.; TIENGO, G. E.; OLIVEIRA, L. R.; MORAIS, Y. C. R. CARVALHO, D. D. C. Análise cienciométrica das principais doenças fúngicas da soja. In: Anais da semana de Ciências Agrárias e jornada de pós-graduação, Ceciag - UEG, Goiás, v.17, p. 37-40, 2022.

SARTI, D. G. P. Avaliação da base genética de genótipos de soja resistentes ao nematoide do cisto (raça 3) por marcadores microssatélites. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Genética e Melhoramento de Plantas) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp. Jaboticabal, São Paulo 2007.

Scott, P. Crop Science. (2023). Society of America. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/journal/14350653>. Acesso em: 03 nov. 2023.

SEDIYAMA, T. Tecnologias de produção e usos da soja. 1ª ed. Londrina: Mecenass, p. 314, 2009.

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. A soja. In: SEDIYAMA, T. Produtividade da soja. 1ª ed. Londrina: Mecenass, 2016, p. 11-29.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M. G.; SEDIYAMA, C. S.; GOMES, J. L. L. Cultura da soja: parte I. Viçosa, MG: Editora UFV, 1985. p. 33-36.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. Soja: do plantio à colheita. 1ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2015, p. 333.

SEIXAS, C. D. D.; DIAS, W. P.; HENNING, A. A.; ALMEIDA, R. M. A.; GODOY, C. V.; SOARES, R. M.; COSTAMILAN, L. M. Doenças da soja. 2021. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agenciadeinformacaotecnologica/cultivos/soja/producao/doencas-da-soja>. Acesso: em 14 nov. 2023.

Seixas, CDS, Neumaier, N., Balbinot Junior, AA, Krzyzanowski, FC, & Leite, RMVBC. (Ed.). (2020). Tecnologias de produção da soja. 21ª ed. Londrina: Embrapa Soja, p. 347.

Shannon, CE, & Wiener, W. (1949). The mathematical theory of communication. Urbana: University of Illinois Press.

SHARMA, P. C.; GROVER, A.; KAHL, G. Mining microsatellites in eukaryotic genomes. Trends Biotechnol, v. 25, p. 490-8. 2007.

SILVA, C. S. da. Revisão sistemática sobre melhoramento genético em soja para cultivo em terras baixas: traço longo juvenil como chave de discussão. 2021. 31p. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharel em Engenharia Agrônômica) - Universidade Federal do Pampa – Itaqui. 2021.

SILVA, D. C. G.; YAMANAKA, N.; BROGIN, R. L.; ARIAS, C. A. A.; NEPOMUCENO, A. L.; MAURO, A. O.; PEREIRA, S. S.; NOGUEIRA, L. M.; PASSIANOTTO, A. L. L.; ABDELNOOR, R. V. Molecular mapping of two loci that confer resistance to Asian rust in soybean. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 117, p. 57-63, 2008.

SILVA, E. C.; CARRÃO-PANIZZI, M. C.; MANDARINO, J. M. G.; LEITE, R. S.; MÔNACO, A. P. do A. Teores de isoflavonas em grãos inteiros e nos componentes dos grãos de diferentes cultivares de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). *Brazilian Journal of Food Technology*, Campinas, v. 15, n. 2, p. 150-156, 2012.

SILVA, M. R. Análise bibliométrica da produção científica docente do programa de pós-graduação em Educação Especial da UFSCar: 1998-2003. 2004. 168 f. Dissertação (Mestrado) - Ufscar, Universidade Federal de São Carlos, Programa de Pós- Graduação em Educação Especial, São Carlos, 2004.

SINGH, R. J. Botan y and cytogenetics of soybean. In: Nguyen, H., Bhattacharyya, M. (eds). *The soybean genome*. Columbia: Springer, 2017. p. 11-40.

Sokal, RR, & Rohlf, FJ. (1962). The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, v. 11, p.

Song, Q., Hyten, DL, JIA, G., Quigley, CV, Fickus, EW, Nelson, RL, & Cregan, PB. (2013). Development and Evaluation of SoySNP50K, The High Density Genotyping Array for Soybean. *PLoS ONE*, v. 8 (1). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0054985>

SOUZA, D. C. L. Técnicas moleculares para caracterização e conservação de plantas medicinais e aromáticas: uma revisão.

Revista Brasileira de Plantas Medicinais, v. 17, p. 495-503, 2015. Disponível em: [https://doi.org/10.1590/1983-084X/13\\_071](https://doi.org/10.1590/1983-084X/13_071). Acesso em: 20 out. 2023.

SOUZA, L. P. O. de. Uso de marcadores moleculares no melhoramento de plantas para resistência a nematoides. In: Congresso brasileiro de nematologia, n. 36, 2019, Caldas Novas. Nematoides: da Ciência ao Campo [Anais, palestras e resumos]. Campinas: Infobibos, 2019. Disponível em: <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1109662>. Acesso em: 02 nov. 2023.

SOUZA, P. S.; SILVA, C. S.; PROTÁZIO, A. dos S.; PROTÁZIO, A. dos S. Doenças que afetam culturas energéticas utilizadas na produção de biocombustíveis no Brasil: uma abordagem cienciométrica. Diversitas Journal, Alagoas, v. 6, n. 3, p. 3159-3195, 2021. Disponível em: [https://www.diversitasjournal.com.br/diversitas\\_journal/article/view/1154](https://www.diversitasjournal.com.br/diversitas_journal/article/view/1154). Acesso em: 15 out. 2023.

Souza, UJB, Telles, MPC, & Diniz-Filho, JAF. (2016). Tendências da literatura científica sobre genética de populações de plantas do Cerrado. Hoehnea, v. 43 (3), p. 461 477.

Spinak, E. (1996). Dicionario enciclopédico de bibliometría, cienciometría e informetría. Montevideo, 1ª ed. Montevideo: UNESCO. 245 p.

Spinak, E. (1998). Indicadores cienciométricos. Revista Ciência da Informação, Brasília, v. 27 (2), p.

SPINAK, E. Dicionario enciclopédico de bibliometría, cienciometría e informetría. Montevideo, 1ª ed. Montevideo: UNESCO, 1996. 245 p.

SPINAK, E. Indicadores cienciométricos. Revista Ciência da Informação, Brasília, v. 27, n. 2, p. 141-148, 1998.

TAGUE-SUTCLIFFE, J. An introduction to informetrics. Information Processing & Management, Reino Unido, v. 1, n. 28, p.1–3. 1992.

TEJO, D. P.; FERNANDES, C. H dos S.; BURATTO, J. S. Soja: fenologia, morfologia e fatores que interferem na produtividade. Revista científica eletrônica de Agronomia da FAEF, Curitiba, v. 35, n. 1, p. 1-9, 2019.

Transferência de Tecnologia, Brasília, 3 , p. 12-14, 54p. Alvarenga, PM. (2019). Marcadores moleculares tipo SNP's candidatos ligados à resistência a nematoide de cisto da soja raça 14 em cultivares de soja brasileiras. 2019. 59f. Dissertação (Mestrado Profissional em Proteção de Plantas) - Instituto Federal Goiano, Campus Urutaí.

TURCHETTO-ZOLET, A. C.; TURCHETTO, C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2017. 181 p.

USDA. Department of Agriculture. United States Department of Agriculture. 2023. Disponível em: <http://www.usda.gov>. Acesso em 15 fev. 2024.

VANTI, N. A. P. Da bibliometria à webometria: uma exploração conceitual dos mecanismos utilizados para medir o registro da informação e a difusão do conhecimento. Ciência da Informação, Brasília, v. 31, n. 2, p. 369-379, 2002.

Vanti, NAP. (2002). Da bibliometria à webometria: uma exploração conceitual dos mecanismos utilizados para medir o registro da informação e a difusão do conhecimento. *Ciência da Informação*, Brasília, v. 31 (2), p. 369-379.

VEASEY, E. A.; PIOTTO, F. A.; NASCIMENTO, W. F. do; RODRIGUES, J. F.; MEZETTE, T. F.; BORGES, A.; BIGUZZI, F. A.; SANTOS, F. R. C. dos; SOBIERAJSKI, G. R.; RECCHIA, G. H.; MISTRO, J. C. Processos evolutivos e a origem das plantas cultivadas. *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 41, n. 7, p. 1218-1228,

VELHO, L. Indicadores científicos: em busca de teoria. *Interiencia*, Caracas, v. 15, n. 3, p. 139-145, 1990.

VIEIRA, J. P.; GONÇALVES, J.; SANTOS, D. C.; EGEA, M. B. Estudo do processo fermentativo de bebida de soja (*Glycine max*) adicionada de frutose e sucralose. *Revista Eixo*, Santarém-PA, v. 7, n. 1, 2018.

VILAR, D. Clima e solo ideais para o cultivo de soja. 2021. Disponível em: <https://agronline.com.br/porta1/artigo/clima-e-solo-ideais-para-o-cultivo-de-soja/>. Acesso em 12 nov. 2023.

VOS , P.; HOGERS, R.; BLEEKER, M.; REIJANS, M.;VAN DE LEE, T.; HORNES, M.; FRITERS, A.; POT, J.; PALEMAN, J.; KUIPER, M.; ZABEAU, M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res*, v. 23, 4407-14. 1995.

WILLIAMS, J. G.; KUBELIK, A. R.; LIVAK, K. J.; RAFALSKI, J. A.; TINGEY, S. V. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, v. 18, n. 22, p. 6531-6535, 1990. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/nar/18.22.6531>. Acesso em: 03 nov. 2023.

Wysmierski, PT, & Vello, NA. (2013). The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. *Genetics and Molecular Biology*, Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, v. 36 (4), p. 547-555.

Xu, Y., & Crouch, JH. (2008). Marker-assisted selection in plant breeding: from publications to practice. *Crop Science*, v. 48 (2), p. 391-407.

YANG, A.; YU, X.; ZHENG, A.; JAMES, A. Rebalance between 7S and 11S globulins in soybean seeds of differing protein content and 11SA4. *Food Chemistry*, Reino Unido, v. 210, p. 148-155, 2016.

ZHANG, Y. H.; LIU M. F.; HE J. B.; WANG Y. F.; XING G. N.; LI Y.; YANG S. P.; ZHAO T. J.; GAI J. Y. Marker-assisted breeding for transgressive seed protein content in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. *Theoretical and Applied Genetics*, Alemanha, v. 128, n. 6, p. 1061-1072, 2015.

Zhu, YL, Song, QJ, Hyten, DL, Tassel, CP, Matukumalli, LK, Grimm, DR, Hyatt, SM, Fickus, EW, Young, ND, & Cregan, PB. (2003). Single-nucleotide polymorphisms in soybean. *Genetics*, v. 163 (3), p.

ZOLET, A. C. T. TURCHETTO, C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto: São Paulo, 2017. 181 p.

---

<sup>1</sup> Pós em Educação Profissional e Tecnológica - IFES Ciências Biológicas – UFMA. E-mail: [acesse o artigo original para visualizar o e-mail](#)

