



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
NÚCLEO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA/PRODUÇÃO VEGETAL**

SILVANA DE OLIVEIRA TAVARES

**ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA DE
GENÓTIPOS DE SOJA NO SUL DO PIAUÍ**

**TERESINA - PI
2014**

SILVANA DE OLIVEIRA TAVARES

**ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA DE GENÓTIPOS
DE SOJA NO SUL DO PIAUÍ**

TERESINA - PI
2014

SILVANA DE OLIVEIRA TAVARES

**ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA DE
GENÓTIPOS DE SOJA NO SUL DO PIAUÍ**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, como requisito para a obtenção do título de Mestre em Agronomia, Área de Concentração: Produção Vegetal.

ORIENTADOR: Prof. Dr. JOSÉ ALGACI LOPES DA SILVA

TERESINA - PI
2014

FICHA CATALOGRÁFICA

Universidade Federal do Piauí

Biblioteca Comunitária Jornalista Carlos Castello Branco

Serviço de Processamento Técnico


T23	Tavares, Silvana de Oliveira.
1a	Adaptabilidade, estabilidade e análise de divergência de genótipos de soja no sul do Piauí / Silvana de Oliveira Tavares. Teresina: 2014.
	72 f.
	Dissertação (Mestrado em Agronomia)- Universidade Federal do Piauí, 2014.
	Orientador: Prof. Dr. José Algaci Lopes da Silva.
	1. <i>Glycine max</i> (L.)Merril. 2. Cerrado. 3. Centróide - Método. 4. AMMI - Método. 5. Eberhart e Russell - Método. I. Título.

ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA
DE GENÓTIPOS DE SOJA NO SUL DO PIAUÍ.

Silvana de Oliveira Tavares
Engenheira Agrônoma

Aprovada em 24/07/2014

Comissão Julgadora:


Prof. Dr. José Algaci-Lopes da Silva - Presidente

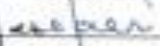
CCA/UFPI


Profa. Dra. Larissa Barbosa de Sousa - Membro Externo

UFU


Prof. Dr. Francisco de Alcantara Neto - Membro Interno

CCA/UFPI/Co-orientador


Prof. Dr. Disraeli Reis da Rocha - Membro Interno

CCA/UFPI

"Há uma força motriz mais poderosa que o vapor, a eletricidade e a energia atômica: a vontade."

(Albert Einstein)

Aos meus orientadores,
pelos inúmeros ensinamentos e força para não desistir.

OFEREÇO

Aos meus pais:

Luis Cardoso Tavares e Lúcia de Oliveira Tavares pelo apoio, dedicação, carinho e força.

Aos meus irmãos Cleane, Maíra e Mauro.

Aos meus filhos João Vitor e Ronald Talles.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pela existência da vida, por reger o tempo certo e a hora dos acontecimentos na minha vida e permitir realizar sonhos.

À Universidade Federal do Piauí, pela a oportunidade e apoio.

À CAPES, pela concessão de bolsa de estudo, subsídio que me proporcionou realizar este curso.

Aos professores do Programa de Pós-graduação em Agronomia, pela colaboração, nobreza e profissionalismo na condução do conhecimento.

Ao Prof. Dr. Francisco de Alcântara Neto pela Co-orientação neste trabalho, amizade e ajuda em todos os momentos.

Ao orientador Dr. José Algací Lopes pela utilidade das suas recomendações e cordialidade.

À Prof^a. Dra. Larissa Barbosa de Sousa (UFU) pelas contribuições dadas e a Universidade Federal de Uberlândia, especialmente ao Programa de Melhoramento Genético de Soja.

Aos meus pais pela paciência e dedicação ao longo dessa jornada.

À minha família, minhas irmãs Maíra e Cleane, meu irmão Mauro Franklin, ao meu cunhado Rigoberto Veloso Carvalho pelo tempo dedicado, orações e correções.

Aos meus amigos Raimundo Brito, Natália Soares e Emanuelle Guedes que foram parceiros e incentivadores nas horas adversas e alegres.

Ao secretário do Programa de Pós-graduação em Agronomia, Vicente de Sousa Paulo, pela atenção, prontidão e disponibilidade em ajudar.

À todos aqueles que, direta ou indiretamente, contribuíram para conclusão desta etapa, os meus sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO	página
LISTA DE ILUSTRAÇÕES.....	xi
LISTA DE TABELAS	xii
1. INTRODUÇÃO GERAL	16
2. REVISÃO DE LITERATURA	19
2.1. A SOJA (<i>Glycine max</i> (L.) Merrill)	19
2.2. DIVERSIDADE GENÉTICA	20
2.3. DESEMPENHO GENOTÍPICO	22
3. MÉTODOS DE AVALIAÇÃO DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE	23
3.1 MÉTODO EBERHART E RUSSELL	23
3.2 MÉTODO AMMI.....	25
3.3MÉTODO CENTRÓIDE	26
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	29
I. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA NO SUL DO PIAUI, UTILIZANDO-SE OS MÉTODOS EBERHART e RUSSELL , AMMI E CENTRÓIDE.....	35
INTRODUÇÃO.....	36
MATERIAIS E MÉTODOS	37
RESULTADOS E DISCUSSÃO	39
CONCLUSÕES.....	55
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	56
II.DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE SOJA POR MÉTODOS HIERÁRQUICOS E DE OTIMIZAÇÃO.....	60
INTRODUÇÃO.....	61
MATERIAIS E MÉTODOS	63
RESULTADOS E DISCUSSÃO	64
CONCLUSÕES.....	69
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	70

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Gráfico - Dispersão gráfica dos escores em relação aos dois primeiros componentes principais obtidos da análise da produtividade de vinte e seis genótipos de soja avaliados em três ambientes.52
- Gráfico - Plotagem dos escores dos dois primeiros componentes principais, quanto à estratificação ambiental, segundo o modelo AMMI para o caractere produtividade de grãos, para 26 genótipos de soja de ciclo precoce: G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23 (M-soy 8001), G24, G25 (UFUS guaraní) e G26 (UFUS riqueza), em três ambientes..54
- Figura - Dendrograma representativo do agrupamento dos 26 genótipos de soja, pelo Método UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir das características avaliadas.....67

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Municípios que foram conduzidos os ensaios de competição de linhagens de soja, de ciclo precoce, e suas respectivas coordenadas geográficas.....	37
Tabela 2 – Resumo da análise de variância conjunta a que foram submetidos os dados de rendimentos de grãos (kg ha ⁻¹) de 26 genótipos de soja produzida em três safras no Estado do Piauí.....	42
Tabela 3 – Médias de produtividade de grãos de genótipos de soja em três ambientes no Piauí.....	43
Tabela 4 – Média da produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) e estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos de Eberhart e Russell e Centróides em 23 genótipos de soja, e três testemunhas cultivadas em três safras no Estado do Piauí	45
Tabela 5 – Estimativa dos valores obtidos conforme a técnica de componentes principais e fração cumulativa da variância explicada por estes	48
Tabela 6 – Proporção da SQgxa da interação para cada eixo principal da análise AMMI, para três ambientes, e 22 genótipos e quatro testemunhas.....	49
Tabela 7 – Quadrados Médios, Valores de “F” das análises de variâncias e suas significâncias para seis variáveis avaliadas em 26 genótipos de soja....	60
Tabela 8- Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade genética entre os 26 genótipos de soja, mediante a utilização de seis características.....	61
Tabela 9-Contribuição relativa em % para a característica altura de plantas na floração; altura de plantas na maturação; altura de inserção de primeira vagem; número de nós por planta; peso de mil sementes e produtividade de grãos de 23 genótipos de soja e três testemunhas, pelo método proposto por SINGH (1981).....	63

ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA DE GENÓTIPOS DE SOJA NO SUL DO PIAUÍ

Mestranda :Silvana de Oliveira Tavares

Orientador: Prof. Dr. José Algaci Lopes da Silva

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho produtivo, a estabilidade e a adaptabilidade de genótipos de sojas safras agrícolas de 2010/11, 2011/12 e 2012/13, em uma área produtora de soja nos municípios Bom Jesus, Monte Alegre e Currais, no Estado do Piauí. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados, com quatro repetições, e os tratamentos constituídos por 26 genótipos de soja oriundos do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia e três safras agrícolas. Na avaliação da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, foram utilizados os métodos Eberhart e Russell, AMMI e Centróide e, no estudo de divergência, foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis, onde os agrupamentos foram realizados pelos métodos de otimização de Tocher e UPGMA. O rendimento médio de grãos variou de 808,83 kg ha⁻¹ (ambiente III) até 4507,31 kg ha⁻¹ (ambiente I), com média geral de 2108,26 kg ha⁻¹. Pela metodologia proposta por Eberhart e Russell, os genótipos G4, G6, G14, G20, G21 e G22 apresentaram coeficiente de regressão linear acima de 1 ($\beta_{1i} > 1$), porém com média inferior à média geral, sugerindo adaptabilidade a ambientes favoráveis. Por meio do método de Centróide, apenas o genótipo 22 foi classificado como adaptável a ambientes favoráveis. Na análise de divergência genética, a presença de variabilidade genética permitiu a identificação de genótipos dissimilares com maior distância genética (Mahalanobis) apresentada entre os genótipos G17 e G20 e mínima entre os genótipos G6 e G18. A característica altura de plantas na maturação foi a que mais contribuiu para a dissimilaridade entre os 26 genótipos de soja avaliados com 40,71% do total. Na análise de agrupamento gerado pelo método de Tocher houve a formação de oito grupos distintos, sendo que o grupo I apresentou o maior número de genótipos em sua formação. A maior distância genética obtida pelo método UPGMA, está entre os genótipos do grupo I e o genótipo G17.

Palavras-Chave: *Glycine Max* (L.) Merrill; Cerrado; Eberhart e Russell; AMMI; Centróide.

ADAPTABILITY, AND STABILITY ANALYSIS OF DIVERGENCE OF SOYBEAN GENOTYPES IN SOUTHERN PIAUÍ

Master: Silvana de Oliveira Tavares

Advisor: Dr. José Algaci Lopes da Silva

ABSTRACT: The aim of this study was to evaluate the performance, stability and adaptability of soybean in the crop year of 2010/11, 2011/12 and 2012/13, in a soybean producing area in the municipalities Bom Jesus, Monte Alegre and Corral in the state of Piauí. The experimental design was a randomized complete block with four replication and the treatments consisted of 26 soybean genotypes from the Program for Genetic Improvement of Soybean, Federal University of Uberlândia and three growing seasons. In assessing the adaptability and stability of genotypes, Eberhart and Russell, AMMI and Centroid methods were used, and the study of divergence, the Mahalanobis distance, where the clusters were achieved by optimization methods Tocher and UPGMA was used. The average grain yield ranged from 808.83 kg ha⁻¹ (region III) to 4507.31 kg ha⁻¹ (environment I), with overall average of 2108.26 kg ha⁻¹. The methodology proposed by Eberhart and Russell, G4, G6, G14, G20, G21 and G22 genotypes coefficient of linear above 1 ($\beta_{1i} > 1$) regression, but the mean value lower than the general average, suggesting adaptability to favorable environments. Through the centroid method, only the 22 genotype was rate as favorable adaptable to environments. In the analysis of genetic divergence, presence of genetic variability allowed the identification of dissimilar genotypes with greater genetic distance (Mahalanobis) presented between the G17 and G20 genotypes and minimum between G6 and G18 genotypes. The plant height at maturity was the largest contributor to the dissimilarity among the 26 soybean genotypes evaluated with 40.71% of the total. In cluster analysis generated by the Tocher method was the formation of eight distinct groups, group had the highest number of genotypes in their training. The largest genetic distance obtained by the UPGMA method, is among the genotypes of group land genotype G17

Keywords: *Glycine max* (L.) Merrill; Savanna; Eberhart and Russell; AMMI; Centróide.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A soja (*Glycinemax*(L.) Merrill) é uma das principais commodities agrícolas do Brasil, tendo participação importante nas exportações e na balança comercial brasileira. O Brasil é o maior exportador mundial de grão, óleo e farelo de soja. Atualmente, 70% da produção de grão, óleo e farelo de soja são exportados. A safra 2013/14 alcançou uma área plantada de 30.110,2 milhões de hectares, representando um incremento de 8,6% em comparação à safra 2012/13 (CONAB, 2014). A cada ano a expansão da soja, em relação à área plantada, tem aumentado e, a média de produtividade no país, na última safra alcançou 2.865 kg ha⁻¹. No estado do Piauí, a área plantada é de 627,3 milhões de hectares (CONAB, 2014).

Todavia, embora a produção tenha apresentado expressivo crescimento nas últimas décadas, seu consumo no mundo é baixo. A produção de soja atual é, em maior porcentagem, destinada ao consumo animal e em menor para o consumo humano direto. Existe um fator que assegura uma boa perspectiva para ampliação da produção mundial de soja, baseia-se no consumo mundial de carnes, que ainda é baixo e que, certamente, promoverá o aumento da demanda por soja derivada da elevação da população mundial, exigindo espaço para novos aumentos da produção.

No contexto nacional os programas de melhoramento de soja tem se empenhado na busca novas cultivares promissoras adaptadas às diversas condições edafoclimáticas do país, de forma a promover incremento na produção (CRUZ, 2007). A recomendação adequada da área de plantio onde a cultivar apresente boa adaptação reflete positivamente no rendimento; uma mesma cultivar de soja pode apresentar rendimento diferenciado de acordo com o ano ou o local de cultivo.

Com a crescente necessidade de se expandir as áreas para produção de alimentos, novas regiões agrícolas, notadamente o Cerrado, passaram a ser exploradas com vistas ao aumento dessas áreas. Neste contexto, o cerrado piauiense se insere como região promissora na produção de soja por apresentar topografia e clima favoráveis ao seu cultivo. Considerada uma das últimas fronteiras agrícolas no Brasil, surgindo no cenário nacional na produção de soja com grande

potencial de desenvolvimento, porém, a ocorrência de chuvas irregulares ao longo dos anos limita a obtenção de melhores resultados de produção, justificando a necessidade de pesquisas que avaliem o comportamento dos genótipos para estas condições, minimizando os erros na escolha de cultivares para cultivo (ALCÂNTARA NETO *et al.*, 2010).

O desempenho final de uma cultivar de soja é determinado pela combinação de características agronômicas positivas em uma mesma planta, através da recombinação genética obtida pelo cruzamento entre diferentes linhagens da mesma espécie. O desempenho, portanto, é oriundo da resposta dos genótipos ao ambiente em que estão. Quanto maior for a adaptabilidade, a capacidade de os genótipos responderem à melhoria do ambiente de forma a se obter bons resultados de rendimento, espera-se que melhor seja o desempenho das cultivares (BARROS *et al.*, 2012). Então, considera-se uma boa cultivar aquela que apresenta produtividade alta e superioridade estável.

Para obtenção de resposta sobre a cultivar, deve-se primeiro avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica através de estudos utilizando metodologias específicas. Diversos métodos têm sido propostos para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade de genótipos. De acordo com Cruz *et al.* (2004), a escolha do método para avaliação depende dos dados experimentais, da precisão requerida e do tipo de informação desejada pelo melhorista. Cada método possui particularidades, portanto, é importante a utilização de mais de um método, em alguns casos, os métodos podem ser complementares entre si.

Dentre os métodos mais utilizados para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade de genótipos estão os métodos baseados em regressão linear simples (EBERHART e RUSSEL, 1966; PERKINS e JINKS, 1968); métodos que integram a análise comum de variância (método univariado) com análise de componentes principais (método multivariado), como é o caso da análise AMMI, que é um método de aplicação sugerido por Gauch e Zobel (1996) e o método Centróide, sugerido por Rocha *et al.* (2005). Alguns exemplos da aplicação do método Centróide estão em trabalhos realizados por Vasconcelos *et al.* (2011), que utilizaram este método para avaliar a adaptabilidade produtiva de quatorze genótipos de soja, com sete ideótipos, e àqueles realizados por Pelúzio *et al.* (2010) que avaliaram a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em três épocas de semeadura.

O conceito de adaptabilidade e estabilidade utilizado no método centróide diferencia dos demais métodos, uma vez que o genótipo de máxima adaptação específica não é aquele que apresenta bom desempenho nos grupos de ambientes favoráveis ou desfavoráveis, mas o genótipo que apresenta valores máximos para determinado grupo de ambientes (favoráveis e desfavoráveis) e mínimo para outro conjunto.

O método AMMI (*additive main effects and multiplicative interaction analysis*) ajusta os efeitos principais (genótipo e ambiente) e os da interação de uma forma mais informativa com uso de técnicas estatísticas, como a análise de variância e análise de componentes principais. A análise de componentes principais é uma técnica da estatística multivariada que consiste em transformar um conjunto de variáveis originais em outro conjunto de variáveis de mesma dimensão denominadas de componentes principais (VARELLA, 2008).

O conhecimento da diversidade presente em genótipos e o estudo da estrutura da base genética têm sido de grande importância em programas de melhoramento envolvendo hibridações, pois sem a necessidade de cruzamentos, identificam genitores que, em futuros cruzamentos, possibilitarão maior efeito heterótico na progênie e maior variabilidade genética nas populações segregantes (RAO *et al.*, 1981; CRUZ *et al.*, 1994; MENDES., 2009).

Este trabalho teve como objetivo estudar adaptabilidade, estabilidade e divergência de genótipos de soja no sul do Piauí, através dos métodos Eberhart e Russell, AMMI e Centróide e identificar aqueles que apresentam melhor comportamento frente às variações ambientais no Cerrado do sul do Piauí.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A SOJA (*Glycinemax* (L.) Merrill)

A soja (*Glycine max*(L.) Merrill) é uma oleaginosa amplamente cultivada no mundo, apresentando-se como importante fonte de proteína e óleo na alimentação humana e animal, sendo aproveitadas todas suas propriedades físicas e químicas através do grão, farelo e óleo (ALMEIDA *et al.*,2013). No Brasil, ela é a cultura anual mais importante, com produção aproximada de 82 milhões de toneladas (CONAB, 2014). Diversos programas de melhoramento genético de plantas têm contribuído para o desenvolvimento de cultivares de alto rendimento e adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas do País (REZENDE *et al.*, 2011).

Os Estados Unidos, atualmente maior produtor mundial de soja, iniciou seu cultivo por volta de 1804, quando o uso principal era como planta forrageira. A soja adquiriu importância para produção de grãos somente em 1934, com a restrição governamental da produção de milho e algodão, a qual incentivou a pesquisa e maior produção da soja. No Brasil, a soja foi cultivada pela primeira vez para pesquisa na Estação Agropecuária de Campinas, em 1891(EMBRAPA, 2004).

Devido às condições climáticas favoráveis, o Rio Grande do Sul era importante região de cultivo em 1914. Porém, a expansão econômica e territorial da soja, o interesse da indústria de óleo e a demanda do mercado internacional incentivaram o surgimento de cultivares que se adaptassem às condições climáticas diversas existentes na grande extensão do território brasileiro, como é o caso do seu cultivo atualmente no cerrado, devido às novas tecnologias disponibilizadas aos produtores pela pesquisa brasileira (EMBRAPA, 2005).

O Brasil destaca-se como segundo maior produtor mundial. Os Estados Unidos lideram a produção: 89.510 milhões de toneladas, área plantada de 30.960 milhões de hectares e produtividade de 2.679 kg ha^{-1} (USDA,2014). O Brasil produziu 85.656 milhões de toneladas, 30.135 milhões de hectares de área plantada e alcançando produtividade de 2.842 kg ha^{-1} (CONAB, 2014).

Nosso país é um dos líderes mundiais na produção e exportação de vários produtos agropecuários, dentre eles o café, suco de laranja, couros e peles. Dentre os principais produtos exportados no Brasil, o complexo soja (soja e derivados)

esteve em terceiro lugar no ranking de 2012, perdendo somente para as exportações de minério de ferro e de petróleo (SECEX, 2013). No cenário atual, superou o minério de ferro e se tornou o principal produto de exportação do Brasil (CONAB, 2014).

O crescimento do agronegócio no Brasil tem sido mantido, em parte, devido ao melhoramento genético de plantas. O agronegócio é o setor mais representativo na economia nacional brasileira, com uma participação de aproximadamente um terço do PIB do país, segundo Pacheco *et al.* (2012). De acordo com o CEPEA (2013), corresponde a 24,3% do PIB brasileiro, o que equivale a R\$ 1.174,22 bilhões.

A soja é a cultura agrícola brasileira que mais cresceu nas últimas décadas firmou-se como um dos produtos mais destacados da agricultura nacional e na balança comercial, e pode-se inferir que o aumento de sua produtividade está associado aos avanços tecnológicos do melhoramento genético de plantas (GOMES e BORÉM, 2013).

2.2. DIVERSIDADE GENÉTICA

A população mundial, estimada em 7,2 bilhões de pessoas em 2014, tem perspectiva de um aumento de 33% até 2050, correspondendo a uma população de 9,6 bilhões (ONU, 2014). Neste sentido, a agricultura desempenha importante papel de suprir a demanda de alimentos para uma população cada vez mais crescente.

O melhoramento genético de plantas contribui sobremaneira para o avanço e desenvolvimento de cultivares de soja, com elevada capacidade de produção para um grande número de ambientes. O conhecimento da diversidade genética e a relação entre cultivares melhoradas são de grande importância para o avanço agrícola do setor (VIEIRA *et al.*, 2009).

Apesar do grande número de cultivares de soja existentes no Brasil, algumas pesquisas realizadas (ALCÂNTARA NETO, 2001; MIRANDA *et al.*, 2007; WISMIERSKI, 2010) relatam a diminuição da base genética em razão, principalmente, de poucos genótipos ancestrais utilizados no desenvolvimento das cultivares atuais da oleaginosa.

Ao avaliar as genealogias de 444 cultivares de soja, Wysmierski (2010) constatou que quatorze genótipos parentais contribuíram com mais de 90% da base genética das cultivares brasileiras. Este autor relata, ainda, que houve um aumento no número de ancestrais com o passar do tempo, mas quatro principais ancestrais foram os mesmos em todos os períodos de lançamento e suas contribuições ficaram mais concentradas, indicando estreitamento da base genética. Ainda, segundo Wysmierski (2010), a base genética das cultivares de soja no Brasil é bastante similar àquelas cultivares de soja dos Estados Unidos.

A ampliação da base genética (genótipos ancestrais) das cultivares de soja aumenta a heterogeneidade e diminui os riscos de vulnerabilidade genética e, conseqüentemente, o risco na redução da produtividade. Situação contrária a esta é passível de ocorrer quando se trabalha com alta similaridade entre parentais empregados nos cruzamentos para desenvolvimento de novas cultivares novas (WYSMIERSKI, 2010).

Segundo Rigonet *et al.*, (2012) a baixa recombinação e o estreitamento da variação genética são resultados intrínsecos ao melhoramento genético da soja, pois, para se obter novas cultivares são necessárias hibridações artificiais, geralmente envolvendo cruzamentos biparentais, onde posteriormente são realizadas autofecundações dos genótipos.

A variabilidade genética entre populações é criada pela segregação cromossômica independente e pela recombinação genética durante a meiose. A busca pelo aumento da variabilidade genética se torna importante e necessária e, desta forma, implica maior número de alelos favoráveis incorporados a recombinação intracromossomal (REZENDE *et al.*, 2011).

A diversidade genética em várias populações da espécie pode ser verificada através do uso de um conjunto particular de marcadores moleculares. Assim, permite-se fazer inferências sobre como esta variabilidade está distribuída entre as populações, estimar os parâmetros genéticos de populações e compreender os padrões de fluxo gênico e parentesco (VIEIRA *et al.*, 2009).

A importância do conhecimento da variabilidade genética nos programas de melhoramento permite expressar o potencial da população para a seleção. Para os melhoristas, o grande interesse tem sido pela obtenção de grande variabilidade

genética para a imposição de processos seletivos que efetivamente resulte em ganhos genéticos significativos (RAMALHO *et al.*, 1996).

2.3. DESEMPENHO FENOTÍPICO

Existem diversos métodos para avaliação do desempenho genotípico testados em ambientes diferentes, alguns deles são: Método tradicional, Método de Plaisted e Peterson (1959), Método de Wricke (1965), Método de Finlay e Wilkinson (1963). O que determina as diferenças entre os mesmos são os parâmetros que o pesquisador adota em sua avaliação, os procedimentos biométricos empregados para avaliá-lo, ou a informação ou detalhamento de sua análise (CRUZ *et al.*, 2004).

A interação genótipos e ambientes ocorre naturalmente e sua interpretação tem grande importância no processo de seleção para o melhoramento de plantas (CHAVES, 2001). Genótipos que interagem positivamente com ambientes podem se diferenciar dos demais (DUARTE e VENCOVSKY, 1999).

Quando o comportamento de duas cultivares são concordantes em dois ambientes distintos, a interação é chamada de interação simples. Entretanto, quando as cultivares possuem comportamento diverso, a interação é denominada complexa. Considerando um número maior de ambientes e de cultivares, a presença de interação complexa quase sempre indica a existência de cultivares especificamente adaptadas a ambientes particulares, bem como de outros com adaptação mais ampla, porém sem alto potencial produtivo (PELÚZIO *et al.*, 2008).

Assim, conhecer a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos é fundamental para amenizar os efeitos da interação genótipo e ambiente, além de facilitar na recomendação de cultivares (LIMA *et al.*, 2008). Segundo Mariotti *et al.* (1976), adaptabilidade é a capacidade dos genótipos responderem positivamente à melhoria do ambiente; e estabilidade é a capacidade dos genótipos apresentarem comportamento previsível de acordo com variações ambientais.

Em programas de melhoramento de plantas, o processo de seleção e recomendação de genótipos é frequentemente realizado avaliando-se o desempenho dos genótipos em diferentes locais, anos e épocas de semeadura. Nessas condições, o desempenho relativo dos genótipos quase sempre varia de um ambiente para outro, em virtude da ocorrência da interação genótipo x ambiente

(ALLARD, 1961; ALLARD e BRADSHAW, 1964; EBERHART e RUSSELL, 1966; CRUZ e REGAZZI, 1997, PELUZIO *et al.*, 2005, PELUZIO *et al.*, 2006).

Vários métodos estatísticos têm sido propostos e a cada dia novos procedimentos vêm sendo utilizados com o objetivo de se interpretar melhor a interação. Dentre as metodologias existentes têm-se utilizado a de Eberhart e Russell (1966), a qual se baseia nas análises dos componentes principais. Embora utilizado em estudos de diversidade genética, essa metodologia é pouco empregada em estudos da interação genótipo e ambiente (ROCHA *et al.*, 2005).

As análises de estabilidade e adaptabilidade são fundamentais no estudo do desempenho genotípico, no entanto, diferem os procedimentos estatísticos. O ideal é o método de avaliação seja de fácil interpretação, com uso de poucas estatísticas (ROMANATO, 2013).

O desempenho genotípico de linhagens de soja é avaliado em diversos locais e anos, realizado pelos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) em diferentes regiões onde se cultiva a soja. Dessa forma, testando os materiais em diferentes condições edafoclimáticas, é possível avaliar a expressão do potencial genético de cada genótipo (SOUSA *et al.*; 2010).

A escolha de genótipos divergentes com alto desempenho agronômico é importante, pois aumentam as chances de obtenção de ganhos com a seleção, a partir de combinações gênicas superiores obtidas com a hibridação direcionada (CRUZ, 2005).

3. MÉTODOS DE AVALIAÇÃO DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE

3.1 MÉTODO EBERHART E RUSSELL

O método proposto por Eberharte Russell (1966) baseia-se na análise de regressão linear simples, onde o índice ambiental (efeito do ambiente) é a variável independente e a produtividade média de cada genótipo em cada ambiente representa a variável dependente. Os parâmetros coeficiente de regressão (β_i) e a produtividade média estimam a adaptabilidade do genótipo; enquanto a variância dos desvios da regressão (σ^2_{di}) mede sua estabilidade.

Esses autores definiram como genótipo ideal aquele com produtividade média alta, coeficiente de regressão (β_i) igual a 1 e desvio de regressão (σ^2_{di}) o menor

possível. Os genótipos com adaptabilidade geral possuem coeficientes de regressão próximos à unidade, específica à ambientes favoráveis maiores que 1 e para ambientes desfavoráveis menores que 1. Já a estabilidade é avaliada pela variância dos desvios da regressão linear, onde genótipos com alta previsibilidade apresentariam σ^2_{di} igual a zero, e os que apresentam baixa previsibilidade σ^2_{di} maior que zero (Cruz *et al.*, 2004).

A metodologia proposta por Eberharte Russell (1966) tem tido grande emprego entre os melhoristas. O método segue o modelo: $Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \varepsilon_{ij}$ em que:

Y_{ij} : é a média geral da cultivar i no ambiente j ;

β_{0i} : equivale à média geral da cultivar i ;

β_{1i} : corresponde ao coeficiente de regressão linear, cuja estimativa representa a resposta da cultivar i à variação do ambiente j ; e

I_j : é o índice ambiental codificado;

ε_{ij} : corresponde ao erro experimental médio.

Segundo Eberhart e Russell (1966), a cultivar ideal é aquela que tem alta produtividade, coeficiente de regressão igual à unidade e desvio de regressão não significativa. Linet *al.* (1986) apresentaram críticas aos métodos que se baseiam no desvio da regressão como parâmetro de estabilidade. Segundo os autores, esse parâmetro serve apenas para indicar o ajuste dos dados à equação obtida, ao invés de maior ou menor estabilidade da cultivar. Reiteram que, baixa adaptação representada por elevado δ_{di}^2 ou coeficiente de determinação (R_1^2) pequeno devem ser interpretados como indicativos de que o uso do modelo de regressão para estimar a estabilidade não é apropriado, e que alternativas devam ser investigadas. Entretanto, a facilidade na interpretação dos resultados tornam seu uso mais freqüente.

Pelúzio *et al.* (2010), avaliando o desempenho de dez cultivares, realizou um estudo de adaptabilidade e estabilidade através do método de Eberhart e Russell em experimento conduzido em condições de várzea irrigada em Formoso do Araguaia – Tocantins. Franco e Hamawaki (2009) avaliaram 27 linhagens de soja, de ciclo de maturação tardio, realizando análises de adaptabilidade e estabilidade pelo método de Regressão Linear Simples de Eberhart e Russell (1966).

3.2 MÉTODO AMMI

A análise AMMI (*additive main effects and multiplicative interaction analysis*) considera modelos aditivos para os efeitos principais, isto é, genótipos (g)_{*i*} e ambientes (a)_{*j*}, e multiplicativos para os efeitos da interação (ga)_{*ij*}. Na aplicação do método é feita inicialmente a análise de variância e depois estima-se o efeito da interação para cada genótipo em cada ambiente (MALOSETTI, RIBAUT, EEUWIJK, 2013).

A interação genótipo (G) e ambiente (A) é decomposta utilizando componentes principais, assim, alguns poucos componentes (até três) conseguem explicar grande parte do padrão de variação causada pela interação G e A, facilitando a visualização e interpretação dos resultados (RAMALHO *et al.*, 2012).

Quando se avaliam vários caracteres no campo (altura da planta, produtividade de grãos, percentagem de óleo, ciclo, etc.), utilizam-se os componentes principais, objetivando encontrar combinações que melhor descrevam a variabilidade dos genótipos (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Na análise AMMI os dados experimentais referem-se a um único caráter, por exemplo, produtividade de grãos, mas considera os componentes principais do efeito multiplicativo da interação genótipos e ambientes (RAMALHO *et al.*, 2012). O número de componentes principais é dois ou três. Assim pretende-se reduzir a dimensão dos dados e fornecer uma descrição da interação G x A (LAVORANTI *et al.*, 2004).

O tipo de modelo AMMI relaciona-se ao número de componentes principais que, de acordo com Cruz; Regazzi; Carneiro (2012) são aqueles que acumulam 70% ou mais de proporção da variação total. A análise AMMI apresenta melhor qualidade nas predições de respostas fenotípicas do que os métodos tradicionais, sobretudo quando o padrão da interação GxA é captado apenas pelo primeiro termo multiplicativo da análise (OLIVEIRA *et al.*, 2003).

O termo *biplot* refere-se a um tipo de gráfico contendo duas categorias de pontos e marcadores. No estudo de adaptabilidade e estabilidade, uma delas refere-se aos genótipos e a outra aos ambientes, além disso, o nome *biplot* não está relacionado às duas dimensões, que a maioria dos gráficos são construídos, mas aos dois tipos de marcadores (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

A interpretação da estabilidade pelo modelo AMMI é realizada a partir da distância dos pontos representativos dos genótipos e ambientes ao escore zero, aqueles que se distanciam mais da origem (escore zero) são os mais instáveis (baixa estabilidade), sendo, portanto os genótipos/ambientes que mais contribuem para interação G x A (RAMALHO *et al.*, 2012).

A utilização do gráfico *biplot* da análise AMMI facilita a interpretação da interação genótipo e ambiente. No resultado visual gerado pela análise a partir do gráfico, os genótipos mais aparentados ficam mais próximos na dimensão gráfica. O mesmo acontece para os ambientes. Genótipos e/ou ambientes semelhantes tendem a se agrupar (MALOSETTI, RIBAUT, EEUWIJK, 2013).

A estratificação ambiental refere-se a divisão dos ambientes da análise em grupos. Os ambientes pertencentes ao mesmo grupo (ambientes mais próximos no gráfico) são semelhantes, contribuindo na seleção para testes posteriores um dos ambientes pertencentes ao mesmo grupo, de acordo com as necessidades estabelecidas pelo pesquisador (RAMALHO *et al.*, 2012).

A adaptabilidade dos genótipos em cada ambiente de cultivo é interpretada a partir dos sinais dos escores para genótipos e ambientes. A interação positiva é verificada quando genótipos e ambientes apresentam escores de mesmo sinal, indicando em qual local o genótipo deve ser preferencialmente cultivado (DUARTE; VENCOSKY, 1999).

3.3 MÉTODO CENTRÓIDE

O método Centróide, para análise da adaptabilidade, consiste em um procedimento de cálculo de distância entre os genótipos avaliados e os ideótipos estipulados. Tais ideótipos são estabelecidos com base nos dados a serem analisados em cada ambiente (ROCHA *et al.*, 2005).

O método centróide (ROCHA *et al.*, 2005) é não paramétrico e tem como objetivo facilitar a recomendação de genótipos permitindo o direcionamento destes em relação à variação ambiental, dispensando a análise de vários parâmetros como ocorre nos métodos baseados em regressão, além de não possibilitar a duplicidade de interpretação.

Consiste ainda da comparação de valores de distância cartesiana entre os genótipos e quatro genótipos-referência, designados como ideótipos, estabelecidos com base nos dados experimentais, com intuito de representarem os genótipos de máxima adaptabilidade geral e específica a ambientes favoráveis ou desfavoráveis, e também os de mínima adaptabilidade (ROCHA *et al.*, 2005).

Para utilização do método centróide os ambientes devem ser classificados em favoráveis e desfavoráveis, utilizando o índice ambiental proposto por Finlaye Wilkinson (1963), em que:

$$I_j = \frac{1}{g} \sum_i Y_{ij} - \frac{1}{ag}$$

Y_{ij} : é a média do genótipo i no ambiente j ;

Y : é o total das observações;

a : é o número de ambientes; e

g : é o número de genótipos.

Após a classificação dos ambientes, foram criados pontos referenciais, os ideótipos de resposta diferenciada a ambientes favoráveis e desfavoráveis, visando a classificação dos outros pontos do gráfico considerando os valores de distância cartesiana entre os pontos a cada um dos quatro ideótipos. Uma medida de probabilidade espacial pode ser calculada utilizando o inverso da distância entre um tratamento aos quatro ideótipos:

$$P_{d(i,j)} = \frac{\left[\frac{1}{di} \right]}{\sum_{i=1}^4 \frac{1}{di}}$$

Em que:

$Pd(i,k)$ é a probabilidade de apresentar padrão de estabilidade semelhante ao k -ésimo centróide; e

di é a distância do i -ésimo genótipo ao k -ésimo centróide no plano gerado a partir da análise de componentes principais.

O ideótipo de máxima adaptabilidade geral é aquele que apresenta os valores máximos observados para todos os ambientes estudados (ideótipo I). Os ideótipos de máxima adaptabilidade específica são aqueles que apresentam máxima resposta em ambientes favoráveis e mínima resposta em ambientes desfavoráveis (ideótipo II) ou máxima resposta em ambientes desfavoráveis e mínima em ambientes favoráveis (ideótipo III). O ideótipo de mínima adaptabilidade é aquele que apresenta os menores valores em todos os ambientes estudados (ideótipo IV) (ROCHA, 2005).

Marques *et al.* (2011) estudaram a adaptabilidade e estabilidade de sete genótipos de soja (UFUS Xavante, UFUS Riqueza, UFUS Guarani, UFUS Milionária, Msoy 8001, Msoy 8411 e Msoy 8914) em diferentes épocas de semeadura com o uso dos métodos de Eberhart e Russell (1966) e centróide modificado por Nascimento *et al.* (2009). De acordo com Oliveira (2003), a correlação entre as estimativas de adaptabilidade ou estabilidade com o uso de diferentes métodos pode contribuir para melhor predição do comportamento dos genótipos avaliados.

Barros *et al.* (2012) avaliaram 29 genótipos de soja sendo 25 linhagens de ciclo tardio e quatro cultivares, em seis ambientes, no Estado do Mato Grosso, com base na produtividade, na estabilidade e na adaptabilidade, através do método de Centróide, apresentando as linhagens de melhor comportamento para amplas condições ambientais para condições específicas de ambientes favoráveis, em relação a produtividade de grãos.

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALCÂNTARA NETO, F. **Marcadores microssatélites na identificação de cultivares de soja**. 2001. 57f. Tese (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2001.

ALCANTARA NETO, F. *et al.* Adubação fosfatada na cultura da soja na microrregião do alto médio Gurguéia. **Revista Ciência Agronômica**. v.41, n.2, p. 266-271, 2010.

ALLARD, R. W. Relationship between genetic diversity and consistency of performance in different environments. **Crop Science**, v. 1, n. 2, p. 127-133, 1961.

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype– environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.

ALMEIDA, L. A. *et al.* Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. In: QUEIROZ, M.A.; GOEDERT, C.O.; RAMOS, S.R.R. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semi-Árido, 1999. Não paginado. Disponível em: <<http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livrorg/sojamelhoramento.pdf>>. Acesso em: 3 set. 2013.

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento de soja no Brasil – desafios e perspectivas. In: Gil, M. S. **Soja: Tecnologia da produção**. Piracicaba, SP: USP-ESALQ, 1998. p. 40-54.

BARROS, H.B. *et al.* Análises paramétricas e não-paramétricas para determinação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja. **Scientia Agraria**, v.9, p.299-309, 2008.

BARROS, H. B. *et al.* Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja por meio de métodos uni e multivariado. **Journal Biotechnology and Biodiversity**. v. 3, n.2, p. 49-58, 2012.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira: Grãos, 11° Levantamento, Agosto 2014**. Brasília: CONAB, 2014.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L. *et al.* **Recursos genéticos em melhoramento de plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação MT, 2001.

CRUZ, T.V. **Crescimento e produtividade de cultivares de soja em diferentes épocas de semeadura no Oeste da Bahia**. 2007. 99f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Bahia, 2007.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Editora UFV, 1997. 390p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3 ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2004. 480p. Vol 1.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI**. Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60p.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p. 36-40, 1966.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Sistemas de produção 4: tecnologias de produção de soja - Região central do Brasil 2004**. Londrina, PR: EMBRAPA, 2003. 237 p.

FRANCO, P. B.;HAMAWAKI, O. T.Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em Goiás no ano 2004/2005. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 25, n. 3, p. 51-64, 2009.

FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N.The analysis of adaptation in a plant-breeding programme.**Australian Journal of Agricultural Research**, v.14, p.742-754, 1963.

GABRIEL, K.R. The biplot graphic of matrices with application to principal component analysis.**Biometrika**, v.58, p.453-467, 1971.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analyses of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. **Genotype by environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, p. 85-122, 1996.

GOMES, W. S.; BORÉM, A.Biotecnologia: novo paradigma do Agronegócio brasileiro. **Revista de economia e agronegócio**, v.11, n. 1. p. 115-136, 2013.

LAVORANTI, O. J. *et. al.* **Modelagem AMMI para estudos de interação em modelos estatísticos de efeitos fixos**. Colombo, PR: EMBRAPA, 2004. 7p.

LIMA, F. R.*et. al.*Interação genótipo - ambiente de soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 6, p.729-736, 2008.

LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEFKOVICTH, L. P. Stability analysis: Where do we stand? **Crop Science**, v.26, n.5, p.894-900, 1986.

MALOSETTI M, RIBAUT J-M AND VAN EEUWIJK. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in Physiology**, v.4, n. 44, p. 1-17, mar.2013.

MARIOTTI, J. A. *et. al.* Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña-de-azúcar. I: interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronômica do Noroeste Argentino**, v.13, p.105-127, 1976.

MARQUES, M. C.*et. al.* Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes épocas de semeadura. **BioscienceJournal**, Uberlândia, v. 27, n. 1, p. 59-69, 2011.

MIRANDA, Z.F.S.*et. al.* Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42,p.363-396, 2007.

OLIVEIRA, A. B.; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B.; Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 3, p. 357-364, mar. 2003.

PACHECO, A. M.*et. al.* A importância do agronegócio para o Brasil - revisão de literatura. **Revista Científica Eletrônica De Medicina Veterinária**, v. 10,n.19, jul. 2012.

PELUZIO, J. M.*et. al.*Comportamento de cultivares de soja nosul do Estado do Tocantins. **BioscienceJournal**, Uberlândia,v. 21, n. 3,p. 113-117, set./dez. 2005.

PELÚZIO, J. M.*et. al.* Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em quatro épocas de semeadura no sul do Estado do Tocantins. **Revista Ceres**, v. 55, n. 1, p. 34-40, jan./fev.2008.

PELUZIO, J. M.*et. al.* Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em várzea irrigada no Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, vol. 41, n. 3, p. 427-434, jul./set. 2010.

PERKINS, J. M.; JINKS, J. L. Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. **Heredity**, London, v. 23, n. 3, p. 339-356. 1968.

PLAISTED, R.L., PETERSON, L.C. A technique for evaluating the ability of selection the yield consistently in divergent locations or seasons. **American Potato Journal**, v.36, n.6, p.381-385, 1959.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. 5.ed. São Paulo: Globo, 1996.

RAMALHO, M.A.P. *et. al.* **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. da UFLA, 2012. 522p.

REZENDE, D. F. *et. al.* Efeito do ambiente no comportamento de genótipos de soja. **Revista Verde**, Mossoró-RN, v.6, n.3, p. 1-5, jul./set. 2011.

RIGON, J. P. G. *et. al.* Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, p. 233-240, mar./abr.2012.

ROCHA, R. B. *et. al.* Avaliação do método centróide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 15, n. 3, p. 255-266, 2005.

ROMANATO, F. N.; **Correlações fenotípicas e genotípicas, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja**. 2013. 60f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia–MG, 2013.

SECEX. Secretaria de Comércio Exterior. Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior, 2013. Disponível em: <<http://www.desenvolvimento.gov.br/>>. Acesso em: 05 maio 2014.

SOUSA, L. B. *et al.* Desempenho produtivo de linhagens de soja em ensaio regional. **Revista Verde**, Mossoró – RN, v.5, n.4, p. 195-199, 2010.

PAULA, T. O. M. **Adaptabilidade e estabilidade, divergência genética e Otimização experimental em milho pipoca**. 2009. 218 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense, Rio de Janeiro, 2009.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. Agricultural act of 2014: highlights and implications. **USDA Economic Reserch Service**. 2014. Disponível em: <<http://www.ers.usda.gov/agricultural-act-of-2014-highlights-and-implications.aspx#.VBSQ6cJdXwk>>. Acesso em: 5 maio 2014.

VARELLA, C. A. A. **Análise multivariada aplicada as Ciências Agrárias**: análise de componentes principais. Seropédica – RJ: UFRRJ, 2008.

VASCONCELOS, E.S. *et al.* Integrated method for adaptability and phenotypic stability analysis. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 33, n. 2, p. 251-257, 2011.

VIEIRA, S. N. *et al.* Variabilidade genética em cultivares de soja determinada com marcadores microssatélites em gel de agarose. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, p.1460-1466, Nov. 2009.

WYSMIERSKY, P. T. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras**. 2010. 100f. Tese (Mestrado em Ciências) - Escola superior de agricultura Luiz de Queiroz – SP.

WRICKE G. 1965. Zur Berechnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafer. *Pflanzenzüchtung* 52: 127-138.

I. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA NO SUL DO PIAUÍ, UTILIZANDO-SE OS MÉTODOS AMMI, CENTRÓIDE E EBERHART e RUSSELL

RESUMO – O trabalho teve como objetivo avaliar a estabilidade e adaptabilidade de 26 genótipos de soja oriundos do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia, no cerrado do sudoeste piauiense, nas safras 2010/11, 2011/12, 2012/13 nos municípios de Bom Jesus, Monte Alegre e Currais. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, com três repetições, e os tratamentos correspondentes aos genótipos avaliados. Utilizou-se os métodos AMMI, Centróide e Eberhart e Russell. O rendimento médio de grãos variou de 808,83 kg ha⁻¹ (ambiente III - Currais) a 4507,31 kg ha⁻¹ (ambiente I – Bom Jesus), com média geral, em todos os ambientes de 2108,26 kg ha⁻¹. Os genótipos G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G15, G16, G18, G19, G20, G21, G23 (M-Soy 8001) e G25 (UFUS Guarani) foram classificados como de ampla adaptabilidade ($\beta_{1i} = 1$) e alta estabilidade ($\delta^2 = 0$) (Eberhart & Russell 1966). O genótipo G22 e a cultivar UFUS Riqueza mostram-se adaptáveis apenas a ambientes favoráveis ($\beta_{1i} > 1$) e baixa produtividade. Adaptabilidade específica a ambientes favoráveis pelo método Centróide foi relacionada ao genótipo 22 (G22), concordante com o resultado obtido pela metodologia de Eberhart e Russell. O genótipo 17 apresentou máxima resposta a ambientes desfavoráveis, e os demais foram de mínima adaptabilidade. Apenas os genótipos G5, G9 e G19 avaliados com método AMMI corresponderam aos resultados obtidos por Centróide e Eberhart e Russell.

Palavras-Chave: *Glycine max*(L.) Merrill; interação G x A; seleção.

I. ADAPTABILITY AND STABILITY OF SOYBEAN GENOTYPES IN SOUTHERN PIAUÍ USING UP THE METHODS OF AMMI CENTROID AND EBERHART e RUSSELL

SUMMARY –The work had as objective assess the stability and adaptabilidade of 26 soybean genotypes derived from the Program for Genetic Improvement of Soybean, Federal University of Uberlandia, Piauí Savanna, harvests in 2010/11, 20011/12, 2012/13 in Bom Jesus, Monte Alegre and Currais. The experimental design was arandomized block with four replications and the treatments corresponding to genotypes. We used the AMMI, Eberharta nd Russell and Centroid methods. The average grain yield ranged from 854.27 kg ha⁻¹(region III) to 4507.31kg ha⁻¹(roomI), with overall average in all environments environments 2108.26kg ha⁻¹.The genotype G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G15, G16, G18, G19, G20, G21, G23 (M-Soy 8001 genotypes) and G25 (UFUS Guarani) were classified as wide adaptability and stability (Eberhart & Russell 1966). The G22 genotype and cultivar UFUS Riqueza show is adaptable only to favorable environments ($\beta_{1i} > 1$) and low productivity. Specific adaptability to favorable environment for the Centroid method, was related to genotype 22 (G22), in agreement with the result obtained by the method of Eberhart and Russell. Genotype17showed maximum response to unfavorable environments, and the rest were minimal adaptability. Only the G5, G9 and G19 genotypes in AMMI method corresponded to the results obtained by Centroid and Eberhart and Russell.

Key- words: *Glycine max*(L.) Merrill, interaction G x E, selection.

1. INTRODUÇÃO

A expressão do potencial produtivo da soja está relacionada aos genes que a compõem e ao ambiente com seus fatores limitantes. A interação resultante dessa relação dificulta a seleção e por esse motivo esse processo é, frequentemente, realizado pelo desempenho dos genótipos em diferentes ambientes, que representem os fatores limitantes da planta (abióticos, bióticos, edáficos e geográficos), sendo necessária a realização de ampla avaliação para identificar genótipos superiores em produtividade e estabilidade de produção (POLIZEL *et al.*, 2013).

Importantes avanços têm ocorrido nos programas de melhoramento da soja. No seu desenvolvimento normalmente estão envolvidas várias fases, desde o desenvolvimento das populações, processos de seleção e avaliações das linhagens (ALMEIDA e KIIHL, 1998). Primeiramente, são desenvolvidas as populações segregantes, através de hibridação artificial, para atender aos objetivos gerais e específicos dos programas de melhoramento. Essas populações são conduzidas por várias gerações até que se obtenha homozigose genética.

A partir de populações em gerações mais avançadas são selecionadas plantas para o estabelecimento de testes de progênies e seleção de linhagens que possuam características agrônômicas desejáveis que possam contribuir positivamente para aumentar a estabilidade e potencial de rendimento de novas cultivares de soja. Na seleção de genótipos superiores, é obrigatório empregar ensaios de avaliação, repetidos em vários ambientes (locais e anos), para poder identificar a interação do genótipo com o ambiente e a possível adaptação em função da produtividade e da estabilidade (BUENO *et al.*, 2013).

Os genes responsáveis pelas características escolhidas têm aumentado sua frequência e tendem a entrar em homozigose. As plantas são selecionadas para o estabelecimento de testes de progênies (produção de populações melhoradas e geração de indivíduos para a seleção recorrente), geralmente, quando já possuem alto grau de homozigose. Considera-se, no processo de seleção, o aspecto das progênies quanto às características agrônômicas como uniformidade para ciclo, tipo de crescimento, porte, atributos gerais para produtividade e resistência à deiscência

das vagens, ao acamamento e às doenças, além de outras características de interesse (SEDIYAMA *et al.*, 2005).

Essas características de interesse comercial e a estabilidade de produção, são afetado pelos fatores ambientais. Mesmo plantas melhoradas com genes superiores podem ter seu comportamento diferenciado em função do meio na qual é cultivada. Portanto, devem ser avaliados em um amplo número de ambientes para observação dessa interação.

Existem disponíveis na literatura várias metodologias para estudo e análise da interação genótipo e ambiente, dos quais são utilizados métodos que têm como princípio estatístico a análise de regressão linear simples, como o método proposto por Plaisted e Peterson (1959), o método de Finlay e Wilkinson (1963), o método de Wricke (1965) e de Eberhart e Russell (1966); e os métodos que integram análise comum de variância (método univariado), com a análise multivariada, como é o caso da análise AMMI sugerido por Gauch e Zobel (1996).

Metodologias baseadas em conhecimentos existentes na literatura utilizam muito de análise de componentes principais (principal component analysis – PCA) como forma de identificar relações entre características extraídas dos dados, porém, rotineiramente utilizadas em programas de melhoramento em estudos de diversidade genética, são pouco utilizadas em estudos da interação genótipo e ambiente (ROCHA *et al.*, 2005).

O método AMMI utiliza conjuntamente a análise de variância para os efeitos principais de genótipos e ambientes e a análise dos componentes principais (ACP) para a interação. Para genótipos, procura identificar aqueles mais estáveis e adaptáveis e, para ambientes, permite realizar o zoneamento agrônomico (ANDRADE *et al.*, 2013).

O método Centróide, também baseado em componentes principais, avalia a variação do desempenho dos genótipos /em diferentes ambientes, no qual permite uma análise simultânea do desempenho de um número elevado de genótipos e de fácil interpretação dos resultados.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a estabilidade e a adaptabilidade produtiva de 26 genótipos de soja durante três anos consecutivos, no Estado do Piauí, através dos métodos de Eberhart e Russell, AMMI e Centróide.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados os dados de produtividade de grãos (kg ha⁻¹) dos ensaios finais de competição de genótipos de soja de ciclo precoce do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia -UFU, conduzidos no cerrado do sudoeste piauiense, nas safras 2010/11, 2011/12, 2012/13 (Tabela 1).

Tabela 1 – Coordenadas geográficas dos locais onde os ensaios de competição de genótipos de soja foram conduzidos

Local	Estado	Latitude	Longitude	Altitude
Bom Jesus	PI	09°04'28"S	44°21'31"W	277m
Monte Alegre	PI	09°45'14"S	45°18'14"W	453 m
Currais	PI	09°00'25"S	44°21'26,16"O	320m

Foram avaliados 26 genótipos de soja provenientes do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia, sendo 23 linhagens em fase final de avaliação regional, e três testemunhas: M-soy8001, UFUS guaraní e UFUS riqueza.

Os experimentos foram instalados adotando-se o delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram formadas por quatro fileiras de plantas (5 m), espaçadas em 0,50 m entre as fileiras. A área útil da parcela foi de 4,0 m², tendo sido colhidas as duas fileiras centrais, desprezando-se 0,5 m de bordadura nas extremidades. Foram realizadas análises de variância individuais e análise de variância conjunta (Tabela 2).

Utilizou-se o Programa Computacional em Genética e Estatística - Genes (CRUZ, 2006) para obtenção da análise de variância conjunta para os ambientes, sendo considerado fixo o efeito de genótipos (tratamentos) e de ambiente, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + G_i + B/A_{jk} + A_j + GA_{ij} + E_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : valor fenotípico do caráter Y medido no material genético i , no ambiente j ;

m : média geral paramétrica dos dados em estudo;

G_i : efeito do i -ésimo genótipo;

A_j : efeito do j -ésimo ambiente experimental;

B/A_{jk} : efeito de blocos dentro de ambiente;

GA_{ij} : efeito da interação do i -ésimo genótipo com o j -ésimo ambiente;

E_{ijk} : erro médio associado à observação Y_{ijk} .

A análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica dos genótipos foram avaliadas pelos métodos de Eberhart e Russell (1966), AMMI (MANDEL, 1971) e Centróide (ROCHA *et al.* 2005).

O método de Eberhart e Russell (1966) baseia-se na análise de regressão linear simples, seguindo o modelo: $Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \varepsilon_{ij}$ em que:

Y_{ij} : é a média geral da cultivar i no ambiente j ;

β_{0i} : equivale à média geral da cultivar i ;

β_{1i} : corresponde ao coeficiente de regressão linear, cuja estimativa representa a resposta da cultivar i à variação do ambiente j ;

I_j : é o índice ambiental codificado;

δ_{ij} : representa os desvios da regressão; e

ε_{ij} : corresponde ao erro experimental médio.

Para a análise a partir do método de Eberhart e Russell (1966), considerou-se o coeficiente de regressão linear como uma medida de estabilidade fenotípica e propõe a variância do desvio da regressão como uma segunda medida. A adaptabilidade e a estabilidade fenotípica caracterizam-se por três parâmetros: rendimento médio, coeficiente de regressão e variância do desvio de regressão.

A análise AMMI considera modelos aditivos para os efeitos principais, isto é, genótipos (g) $_i$ e ambientes (a) $_j$ e, multiplicativos para os efeitos da interação, (ga) $_{ij}$ (MALOSETTI, RIBAUT, EEUWIJK, 2013). Para a utilização da metodologia AMMI, o modelo utilizado foi:

$$\bar{Y}_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{c=1}^q \sqrt{\lambda_c} \alpha_{ic} \gamma_{jc} + \delta_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

Em que:

\bar{Y}_{ij} : média observada para a variável resposta, do genótipo i no ambiente j ;

μ : média geral;

g_i : efeito do genótipo i , $i = 1, 2, \dots, g$;

a_j : efeito do ambiente j , $j = 1, 2, \dots, a$;

λ_c : autovalor do c -ésimo componente principal relacionado à interação $G \times A$;

α_{ic} : autovalor do c -ésimo componente principal relacionado ao genótipo i ;

γ_{jc} : autovetor do c -ésimo componente principal relacionado ao ambiente j ;

δ_{ij} : resíduo ou ruído não explicado pelos componentes principais;

\bar{e}_{ij} : erro experimental médio, sendo $\bar{e}_{ij} \sim N(0; V_e/r)$, r é o número de repetições.

O método centróide, segundo Rocha *et al.* (2005) baseia-se na comparação de valores de distância cartesiana entre os genótipos e quatro referências ideais (ideótipos), criados com base nos dados experimentais para representar os genótipos de máxima adaptabilidade geral, máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ou desfavoráveis e os genótipos de mínima adaptabilidade.

O ideótipo de máxima adaptabilidade geral é aquele que apresenta os valores máximos observados para todos os ambientes estudados (ideótipo I). Os ideótipos de máxima adaptabilidade específica são aqueles que apresentam máxima resposta em ambientes favoráveis e mínima resposta em ambientes desfavoráveis (ideótipo II) ou máxima resposta em ambientes desfavoráveis e mínima em ambientes favoráveis (ideótipo III). O ideótipo de mínima adaptabilidade é aquele que apresenta os menores valores em todos os ambientes estudados (ideótipo IV).

Para utilização desse método, os ambientes foram classificados em favoráveis e desfavoráveis utilizando o índice ambiental como proposto por Finlay e Wilkinson (1963).

$$I_j = \frac{1}{g} \sum_i Y_{ij} - \frac{1}{ag}$$

Em que:

Y_{ij} : média do genótipo i , no ambiente j ;

$Y_{..}$: total das observações;

a : número de ambientes;

g : número de genótipos.

Após a classificação dos ambientes, foram criados pontos referenciais, os ideótipos de resposta diferenciada a ambientes favoráveis e desfavoráveis, visando à classificação dos outros pontos do gráfico, considerando os valores de distância cartesiana entre os pontos a cada um dos quatro ideótipos. Uma medida de probabilidade espacial pode ser calculada utilizando o inverso da distância entre um tratamento aos quatro ideótipos:

$$P_{d(i,j)} = \frac{\left[\frac{1}{d_i} \right]}{\sum_{i=1}^4 \frac{1}{d_i}}$$

Em que:

$P_{d(i,j)}$: probabilidade de apresentar padrão de estabilidade semelhante ao j -ésimocentróide;

d_i : distância do i -ésimo ponto ao j -ésimocentróide.

Para análise de adaptabilidade e estabilidade por meio do modelo AMMI, que nos forneceu um gráfico denominado “biplot”, as coordenadas de genótipos e de ambientes são representados nos eixos principais de interação (IPAC’s – *Incremental Principal Componentes Analysis*) que permitem descrever a estabilidade e a adaptabilidade dos genótipos aos ambientes de teste. No método AMMI, a interação GxA foi decomposta pela análise de componentes Principais em “n” componentes obtendo-se $IPCA_1$ e $IPCA_2$. O $IPCA_1$ é o efeito de interação do componente principal associado ao primeiro eixo, que retêm a maior parte da variação do efeito da interação, $IPCA_2$ é o efeito de interação do componente principal, associado ao segundo eixo (MANDEL, 1971; ZOBEL *et al.* 1988 e GAUCH e ZOBEL, 1996).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os efeitos da interação genótipo e ambiente (GxA) basicamente representados, neste caso, por uma interação do tipo genótipos e locais, apresentaram significância a 5% de probabilidade (Tabela 2). Isso indica que o comportamento relativo dos genótipos foi influenciado pelos ambientes. Segundo Dias *et al.*(2009), a partir da verificação da existência da interação significativa entre genótipos e ambientes, utilizam-se técnicas para identificar os genótipos adaptados e estáveis aos ambientes específicos.

Na análise conjunta, avaliou-se primeiramente a homogeneidade das variâncias residuais dos experimentos (QMR), verificada pela razão entre o maior e menor quadrado médio residual dos ensaios. Segundo Pimentel-Gomes (1990) as variâncias são consideradas homogêneas quando a relação entre o maior e o menor QMR é menor que 7,0. Os dados analisados apresentaram homogeneidade de variâncias (PIMENTEL-GOMES, 1990), permitindo assim a realização da análise de variância conjunta sem necessidade de ajustes de graus de liberdade.

Tabela 2 - Resumo da análise de variância conjunta a que foram submetidos os dados de rendimentos de grãos (kg ha^{-1}) de 26 genótipos de soja produzida em três safras no Estado do Piauí

Causas da Variação	GL	Quadrados médios
Blocos	6	378631,00
Genótipos (G)	25	514081.67*
Ambientes (A)	2	91336369.52**
G x A	50	532059.66*
Resíduo	150	324894.58
Média (kg ha^{-1})	2108,26	
CV %	27,03	
Maior(QMR)/menor(QMR)	4,68	

*significativo a 5% de probabilidade;

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

O coeficiente de variação deste ensaio foi de 27,03% (Tabela 2), o qual é considerado alto, e Segundo a classificação de Pimentel-Gomes (2000), os coeficientes de variação são baixos quando inferiores a 10%, médios entre 10 e 20%, altos entre 20 e 30% e muito altos se superiores a 30%.

Tabela 3-Médias de produtividade de grãos de genótipos de soja nas safras agrícolas (ambientes) do cerrado piauiense

Genótipos	AMBIENTES		
	I-Bom Jesus	II-Monte Alegre	III-Currais
G1	3053,33 Ab	1807,40 Ba	1587,16 Ba
G2	3976,11 Aa	1550,00Ba	1250,83 Ba
G3	3157,03 Ab	2063,88 Ba	928,75 Ca
G4	3539,53 Aa	1345,37 Ba	999,32 Ba
G5	3384,90 Aa	2100,00 Ba	1602,60 Ba
G6	3204,91 Ab	1724,07 Ba	854,27 Ba
G7	3535,46 Aa	1636,11 Ba	1673,28 Ba
G8	2867,80 Aa	1296,29 Ba	1120,81 Ba
G9	3558,42 Aa	2314,81 Ba	1777,52 Ba
G10	3195,27 Aa	1770,37 Ba	1191,50Ba
G11	3435,83 Aa	2159,26 Ba	1981,13 Ba
G12	3138,61 Aa	1550,00 Ba	1368,85 Ba
G13	2656,76 Ab	1992,59 Aa	1223,14 Ba
G14	3709,44 Aa	2362,96 Ba	1040,91 Ca
G15	2434,91 Ab	1418,51 Ba	1004,24 Ba
G16	3324,35 Aa	1117,59 Ba	1438,34 Ba
G17	2157,68 Ab	1669,44 Aa	1609,75 Aa
G18	2972,13 Ab	1815,74 Ba	1430,2 Ba
G19	3320,74 Aa	1661,11 Ba	1560,84 Ba
G20	3850,74 Aa	1555,55 Ba	1089,83 Ba
G21	3798,70 Aa	1084,26 Ba	1408,19 Ba
G22	3871,39 Aa	1132,40 Ba	966,33 Ba
M-soy 8001	3535,09 Aa	1263,89 Ba	808,83 Ba
G24	3027,31 Ab	2550,00 Aa	972,14 Ba
UFUS guarani	3640,64 Aa	1069,44 Ba	1462,54 Ba
UFUS riqueza	4507,31 Aa	1440,74 Ba	1787,20 Ba

*Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na HORIZONTAL constituem grupo estatisticamente homogêneo. Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na VERTICAL constituem grupo estatisticamente homogêneo. I – safra 2010/11; II – safra 2011/12; III – safra 2012/13.

Sousa *et al.* (2010), em pesquisa de avaliação de 22 genótipos de soja de ciclo precoce em ensaio final do processo de melhoramento, obteve coeficiente de variação de 33,72%, ficando em limite acima do aceitável para a cultura.

Para característica produtividade (Tabela 3), as médias dos genótipos foram classificadas em três grupos pelo teste de Scott e Knott (1974), nos três ambientes. O genótipo 17 apresentou média de produtividade igual nos três ambientes. Os genótipos 13 e 24 obtiveram médias iguais nos ambientes I (Bom Jesus) e II (Monte Alegre). Os genótipos 3 e 14 apresentaram médias distintas nos três ambientes e os demais comportaram-se como superiores no ambiente I (Bom Jesus) e nos ambientes II (Monte Alegre) e III (Currais) como grupo estatisticamente homogêneo.

Comparando as médias obtidas dos genótipos em cada ambiente observa-se os genótipos 3, 6, 13, 15, 17, 18 e 24 foram inferiores no ambiente I (Bom Jesus). Os demais foram classificadas em grupos homogêneos pelo teste de Scott e Knott (1974) a 1% de probabilidade, sendo que as médias no ambiente II (Monte Alegre) e III (Currais) mostraram-se superiores. A ocorrência de veranicos nas três safras influenciaram nas médias de rendimentos dos genótipos, porém, nos ambientes II (Monte Alegre – safra 2011/12) e III (Currais – safra 2012/13) os genótipos apresentaram os menores rendimentos de produtividade.

3.1. Análises de adaptabilidade e estabilidade

3.1.1 Método de Eberhart e Russell

As estimativas das médias dos genótipos e parâmetros de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos obtidas pelos métodos de Eberhart e Russell (1966), e encontra-se na Tabela 4.

Tabela 4- Média da produtividade de grãos (kg ha⁻¹) e estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade pelo método de Eberhart e Russel em 26 genótipos de soja cultivados em três safras no Estado do Piauí

Eberhart e Russel				
Genótipos	Média	β_{1i}	δ_{di}^2	R_1^2 (%)
G1	2149,30	0,7304ns	-107418ns	99,9
G2	2258,98	1,3782ns	-88852ns	99,5
G3	2049,89	0,9606ns	213376,7ns	87,0
G4	1961,41	1,272ns	-102123ns	99,8
G5	2362,50	0,845ns	-88807ns	98,8
G6	1927,75	1,0745ns	12575,9ns	95,7
G7	2281,61	0,9868ns	-29848,8ns	96,6
G8	1761,63	0,8865ns	-97924ns	99,4
G9	2550,25	0,8368ns	-79288,5ns	98,2
G10	2052,38	0,9463ns	-78712,7ns	98,6
G11	2525,40	0,7322ns	-104658ns	99,7
G12	2019,15	0,8974ns	-98178,5ns	99,4
G13	1957,49	0,6107ns	47595,6ns	84,8
G14	2371,10	1,1574ns	315039,6*	88,1
G15	1619,22	0,6755ns	-93034,2ns	98,5
G16	1960,09	1,0522ns	141925,8ns	91,1
G17	1812,29	0,2772**	-107493ns	99,5
G18	2072,69	0,7394ns	-100810ns	99,4
G19	2180,89	0,9073ns	-82334,3ns	98,6
G20	2165,37	1,3658ns	-108014ns	99,9
G21	2097,05	1,3183ns	217550,4ns	92,5
G22	1990,04	1,4976*	-37779,6ns	98,6
M-Soy 8001	1869,27	1,3496ns	-107885ns	99,9
G24	2183,15	0,7869ns	0,5391 **	62,6
UFUS guarani	2057,54	1,2194ns	245767,8ns	90,7
UFUS riqueza	2578,42	1,4959*	291896,4ns	92,9

Em que: β_{1i} - coeficientes de regressão; δ_{di}^2 - desvio de regressão; R^2 - coeficiente de determinação; ns: não significativo ** e * significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F.

Pelo método de Eberhart e Russel, em relação à produtividade, todos os genótipos não se apresentaram estáveis, porém, a maioria apresentou os menores valores de δ_{di}^2 (desvio de regressão em módulo) e os maiores valores para o

coeficiente de determinação, mostrando que a produtividade se ajusta bem ao modelo linear de regressão.

Os genótipos G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14, G15, G16, G18, G19, G20, G21, G23 (M-soy 8001), G24 e G25 (UFUS guarani) apresentaram coeficientes de regressão estatisticamente igual a 1 (β_{1i}) sendo portanto, classificados como de ampla adaptabilidade (Eberhart & Russell 1966). Porém, os genótipos G14 e G24 apresentaram baixa estabilidade, com desvios de regressão menores que zero (δ_{ai}^2). O genótipo G14 apresentou desvio de regressão (δ_{ai}^2) igual a 315039,6, portanto baixa estabilidade; porém coeficiente de determinação (R^2) acima de 80% (88,11 %) e produtividade média elevada (superior a média geral).

Segundo Cruz *et al.* (2004), o coeficiente de determinação é uma medida auxiliar na avaliação da estabilidade dos genótipos, quando os desvios de regressão são estatisticamente diferentes de zero. Alguns trabalhos relatam o uso dessa medida em sua metodologia nos casos onde genótipos apresentam elevada média de produção e desvio de regressão significativos (DIAS *et al.*, 2009; VALADARES *et al.*, 2010).

Observa-se na Tabela 4 que o genótipo 17 (G17) apresenta adaptabilidade a ambiente desfavorável ($\beta_{1i} < 1$) e, por apresentar desvio de regressão não significativo, caracteriza-se como de alta estabilidade. De acordo com Pelúzio *et al.* (2010) é considerado rústico, com rendimento em condições adversas, porém, não responde à melhoria do ambiente, quando se visa a maximização dos rendimentos, não é interessante para sistemas envolvendo o uso de alta tecnologia.

O genótipo G22 e a cultivar UFU riqueza mostram-se adaptáveis apenas a ambientes favoráveis ($\beta_{1i} > 1$) e baixa produtividade. Segundo Borém (2009), esse tipo de genótipo seria o ideal se as condições ambientais pudessem ser controladas para alta performance.

Ao avaliar a estabilidade e adaptabilidade produtiva de 24 genótipos de soja em seis ambientes no Estado do Mato Grosso, Barros *et al.* (2008) utilizando o método de Eberhart e Russell, concluíram que os genótipos mais produtivos foram aqueles que apresentaram baixa previsibilidade.

O coeficiente de determinação da maioria dos genótipos foram maiores que 80%. Raizer e Vencovsky (1999) relatam que o coeficiente de determinação

superior a 80% representa uma baixa dispersão dos dados, indicando alta confiabilidade no tipo de resposta ambiental determinado pelas regressões. Segundo Cruz e Regazzi (2004), esse valor deve ser utilizado como referencial para que a regressão explique satisfatoriamente o comportamento de um genótipo em função de um ambiente. Ramos *et al.* (2011) ao avaliarem a adaptabilidade e estabilidade de 11 genótipos de arroz mediante a metodologia de Eberhart e Russel, adotaram o coeficiente de determinação (R^2) como substituto do índice ambiental (ij), considerando que os dois parâmetros fornecem a mesma informação (Pinthus, 1973). De acordo com essa determinação, apenas o genótipo 24 (G24) apresentou baixa estabilidade (62,68%), porém com média de produtividade de grãos elevada e adaptabilidade a ambientes desfavoráveis ($\beta_{1i} < 1$).

3.2. Método Centróide

A classificação dos genótipos pelo método centróide é estimada a partir de estimativas obtidas do inverso do valor da distância entre um ponto aos quatro centróides, tendo-se assim o parâmetro de confiabilidade do agrupamento dos genótipos (ROCHA *et al.*, 2005). Dessa maneira, um ponto equidistante aos quatro pontos referenciais apresenta valores de probabilidade de 25% de pertencer a qualquer um dos grupos e, portanto, quanto mais o valor de probabilidade diferir de 25%, maior será a certeza em concluir o agrupamento do genótipo. Nesse sentido, Rocha *et al.* (2005), ressalta que valores de probabilidade próximos ou superiores a 50% indicam boa confiabilidade no agrupamento.

A classificação dos genótipos a um dos quatro grupos e a probabilidade associada a sua classificação são apresentadas na Tabela 5. Pelo método Centróide, para produtividade comercial ($t\ ha^{-1}$), somente o genótipo G22 foi classificado como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (grupo II). Apenas um foi classificado como de mínima adaptabilidade geral (grupo IV). O genótipo G17 foi classificado como de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis, portanto, de baixa estabilidade. Dos 26 genótipos avaliados, 22 foram classificadas como de adaptabilidade geral alta.

Tabela 5- Média da produtividade de grãos (kg ha⁻¹) e estimativas dos parâmetros de adaptabilidade pelo método de Centróideem 26 genótipos de soja,cultivados em três safras no Estado do Piauí

Genótipos	Grupos	Centróide						
		I	II	III	IV	V	VI	VII
G1	V	0,0868	0,0807	0,1187	0,1043	0,3473	0,0981	0,1641
G2	VI	0,1063	0,1701	0,0651	0,0741	0,2203	0,2611	0,1029
G3	V	0,0972	0,1029	0,1130	0,1222	0,2986	0,1187	0,1474
G4	V	0,0866	0,1549	0,0763	0,1115	0,3210	0,1485	0,1012
G5	V	0,1112	0,0820	0,1036	0,0788	0,2714	0,1140	0,2390
G6	V	0,0858	0,1123	0,0938	0,1325	0,3403	0,1185	0,1167
G7	V	0,1040	0,1004	0,0847	0,0827	0,3463	0,1373	0,1447
G8	V	0,0788	0,1047	0,1051	0,2182	0,2784	0,1041	0,1107
G9	VII	0,1358	0,0737	0,0945	0,0643	0,1648	0,1097	0,3572
G10	V	0,0648	0,0725	0,0733	0,0850	0,5207	0,0842	0,0995
G11	VII	0,1242	0,0736	0,1060	0,0692	0,1701	0,1047	0,3523
G12	V	0,0663	0,0769	0,0782	0,0974	0,4938	0,0869	0,1005
G13	V	0,0878	0,0864	0,1711	0,1615	0,2395	0,0969	0,1567
G14	V	0,1435	0,1164	0,0981	0,088	0,2157	0,1641	0,1742
G15	IV	0,0695	0,0841	0,1167	0,3647	0,1794	0,0841	0,1016
G16	V	0,0905	0,1306	0,0909	0,1320	0,3083	0,1334	0,1143
G17	II	0,0833	0,0828	0,2212	0,2112	0,1733	0,0892	0,1390
G18	V	0,0823	0,0810	0,1199	0,1161	0,3566	0,0952	0,1488
G19	V	0,0765	0,0773	0,0774	0,0782	0,4736	0,0972	0,1198
G20	V	0,0998	0,1719	0,0689	0,0833	0,2611	0,2112	0,1039
G21	V	0,1018	0,1893	0,0773	0,1006	0,2340	0,1899	0,1072
G22	II	0,0912	0,2572	0,0693	0,0983	0,2035	0,1876	0,0929
m-soy8001	V	0,0898	0,1806	0,0807	0,1287	0,2646	0,1533	0,1023
G24	V	0,1142	0,0974	0,1536	0,1186	0,2060	0,1166	0,1936
UFUS guarani	V	0,1001	0,1652	0,0831	0,1107	0,2604	0,1683	0,1123
UFUS riqueza	VI	0,1502	0,1617	0,0649	0,0658	0,1321	0,3209	0,1043

Em que: Ideótipo I = Adaptabilidade geral; Ideótipo II = Adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Ideótipo III = Adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; Ideótipo IV = Pouco adaptado; Ideótipo V = Adaptabilidade geral alta.

Os resultados da adaptabilidade do genótipos quanto a metodologia Centróide nos mostra encontram-se na Tabela 5. Máxima adaptabilidade específica foi relacionada ao genótipo 22, concordante com o resultado obtido pela metodologia de Eberhart e Russell. O genótipo 17 apresentou máxima resposta a ambientes desfavoráveis, e os demais foram de mínima adaptabilidade, ou seja, apresentaram menores valores nos ambientes estudados.

A obtenção dos autovalores via metodologia dos componentes principais, partindo dos dados originais incluídos os ideótipos, mostram que apenas dois componentes principais são suficientes para explicar proporções superiores a 83,84 % da variação total (Tabela 6).

Tabela 6 -Estimativa dos autovalores obtidos conforme a técnica de componentes principais e fração cumulativa da variância explicada por estes

Raiz	Raiz (%)	% Acumulada
1,48	49,63	49,63
1,02	34,21	83,84
0,48	16,15	100,00

De acordo com Carvalho *et al.*(2002), uma vez constatada a suficiência de dois autovalores na representação da variação total, a avaliação da posição dos genótipos pode ser feita por meio de gráficos bidimensionais (Gráfico 1).

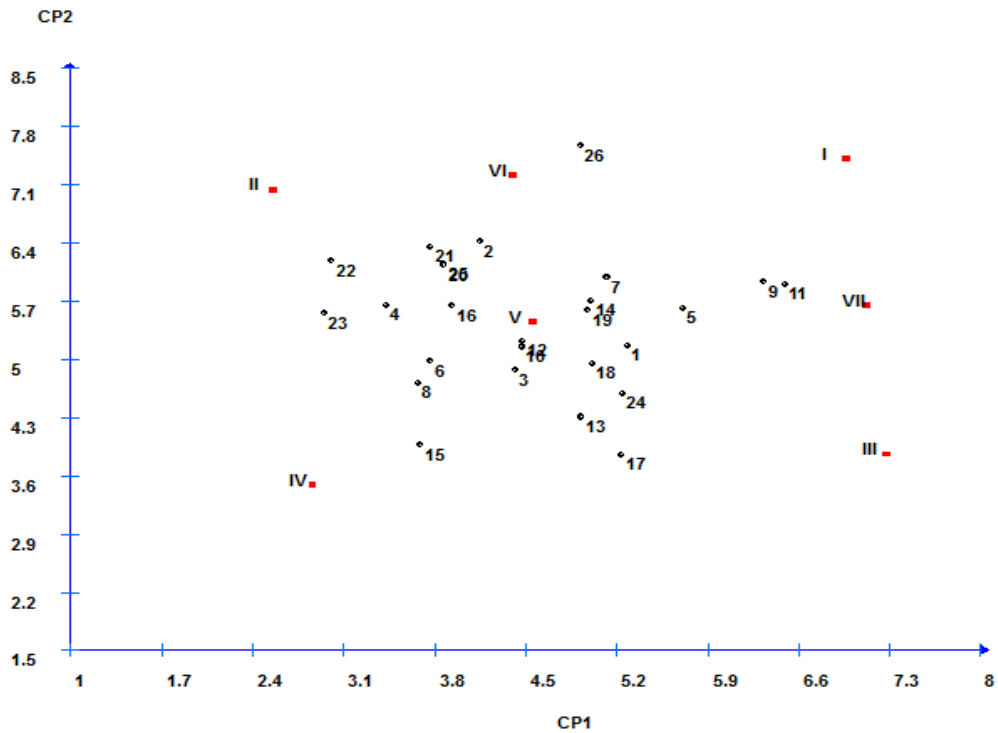


Gráfico 1. Dispersão gráfica dos escores em relação aos dois primeiros componentes principais obtidos da análise da produtividade de vinte e seis genótipos de soja avaliados em três ambientes. Os sete pontos numerados com algarismos romanos representam os centróides.

Os genótipos G3, G10 e G12 foram classificados como sendo de adaptabilidade geral alta por localizarem-se mais próximos do ideótipo V. Entretanto, a maioria dos genótipos foram plotados na região central do gráfico, dificultando a classificação. Neste caso, utilizou-se o inverso do valor da distância entre um ponto aos quatro centróides como estimativa da confiabilidade de agrupamento dos genótipos (Rocha et al., 2005). Na Tabela 4 são apresentadas às classificações dos genótipos a um dos quatro grupos e a probabilidade associada às suas classificações.

Os genótipos mais próximos a classificação I são mais produtivos e os mais próximos ao cruzamento dos eixos, menos produtivos. Além disso, na medida em que os genótipos se afastam do ao cruzamento dos eixos, para cima ou para baixo, eles podem ser classificados como adaptáveis a ambientes desfavoráveis e favoráveis, respectivamente (NASCIMENTO *et al.*, 2009).

Segundo Marchiori (2008) considera-se que genótipos determinados conjuntamente como de adaptabilidade e estabilidade geral, ou a ambientes favoráveis ou a ambientes desfavoráveis, pelo maior número de métodos, sejam mais confiáveis que apenas por um método isoladamente. De acordo com Oliveira *et al.* (2003), a correspondência entre as estimativas de adaptabilidade ou estabilidade com o uso de diferentes métodos pode contribuir para melhor predição do comportamento dos genótipos avaliados.

3.3. Análise AMMI

As análises procedentes do método AMMI são apresentadas na Tabela 6 e Gráfico 2.

Tabela 7. Proporção da SQ_{GxA} da interação para cada eixo principal da análise AMMI, para três ambientes, e 22 genótipos e três testemunhas

Componente principal	Explicação (%)	Explicação acumulada (%)
CP1**	76,46	76,46
CP2**	23,56	100,00

** Significativo pelo teste F a 0,05 de significância. Componente principal = eixo principal.

O método AMMI tem uma utilidade reduzida caso os dois primeiros componentes principais não expliquem uma porcentagem superior a 70% do QM_{GxA}. É interessante que o número de eixos necessários para captar o padrão da variação da matriz GxA seja baixo, particularmente quando o padrão é reduzido a uma ou duas dimensões, o que facilita a interpretação dos resultados de uma análise multivariada (CHAVES, 2001).

No presente trabalho, os dois CPIs explicaram 100% da interação GxA (Tabela 6). Por outro lado, Duarte e Vencovsky (1999) mencionam que o padrão da interação GxA pode ser pouco expressivo, de forma que grande parte da interação esteja associada a ruídos. Mesmo nessa situação, uma alta proporção desse padrão pode estar presente no primeiro eixo, isto porque os modelos multivariados captam grande parte do padrão nos primeiros eixos principais, relegando aos eixos

subseqüentes um aporte cada vez mais reduzido do padrão e cada vez maior de ruídos (CROSSA *et al.*, 1991).

Duarte e Vencovsky (1999) concluem que uma inspeção nos biplots será sempre positiva, e que a análise AMMI será útil também nas situações que requerem um maior número de componentes principais. Um das premissas da análise AMMI é a de que nos primeiros eixos concentra-se maior porcentagem de “padrão”. Assim, à medida que se eleva o número de eixos selecionados, aumenta-se a porcentagem de “ruído”, reduzindo o poder de predição da análise AMMI.

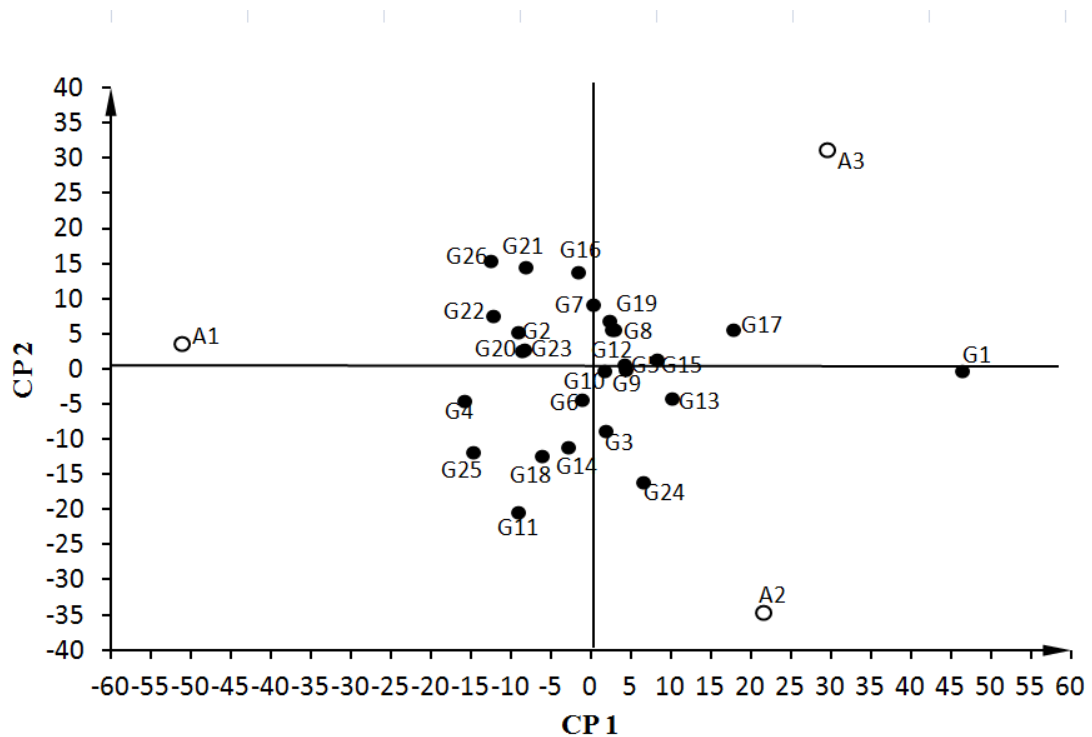


Gráfico 2-Plotagem dos escores dos dois primeiros componentes principais, quanto à estratificação ambiental, segundo o modelo AMMI para o caractere produtividade de grãos, para 26 genótipos de soja de ciclo precoce: G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23 (msoy 8001), G24, G25 (UFUS guaraní) e G26 (UFUS riqueza), em três ambientes: A1 (Safrá – 2011/2012), A2 (safrá – 2011/2012) e A3 (safrá – 2012/2013). CP1: componente principal 1 e CP2: componente principal 2.

No Gráfico 2 está representado o biplot resultante da análise pelo modelo AMMI2. A abscissa representa os efeitos principais (médias de genótipos e de ambientes) e a ordenada, o primeiro eixo de interação (IPCA1). Assim, genótipos com valores de IPCA1 próximos a zero demonstram estabilidade aos ambientes de teste; combinações de genótipos e ambientes com escores IPCA de mesmo sinal têm interações específicas positivas; combinações de sinais opostos apresentam interações específicas negativas.

No biplot, genótipos e ambientes estáveis são aqueles cujos pontos situam-se próximo à origem. Pode-se notar que os genótipos G5, G6, G8, G9, G10, G12, G15 e G19 são os que mais se aproximam dessa situação.

De acordo com Andrade *et al.*, (2013), informações importantes podem ser obtidas das combinações genótipos e ambientes, cujos efeitos podem ser positivos ou negativos. Para isso, considera-se feitos favoráveis, nos quais a interação a favor do genótipo, são obtidos quando o produto entre eles é positivo. Assim, observa-se as interações positivas entre o genótipo G22 e o ambiente A1 e interações negativas (interação prejudicou o desempenho do genótipo) entre o genótipo G25 e o ambiente A3.

4. CONCLUSÕES

Pelo teste de comparação de média, a produtividade foi menor quando os genótipos foram cultivados no ambiente III.

Os genótipos G1, G2, G3, G4, G5, G6 (UFUS Carajás), G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G15, G16, G18, G19, G20, G21, G23 (M-Soy 8001) e G25 (UFUS Guarani) foram classificados como de ampla adaptabilidade e estabilidade pelo método de Eberhart e Russell;

O genótipo G22 e a cultivar UFU Riqueza mostram-se adaptáveis apenas a ambientes favoráveis ($\beta_{1i} > 1$) e baixa produtividade eo genótipo 17 apresentou máxima resposta a ambientes desfavoráveis;

Os genótipos G1, G3, G5 e G7, G9, G19, G20, MSoy, G24 e Guarani pelo método de Eberhart e Russel e Centróide possuem adaptabilidade ampla, alta produtividade e estabilidade;

O genótipo G1 foi mais produtivo pela metodologia AMMI, porém com baixa estabilidade e adaptabilidade, diferindo das demais metodologias;

Os genótipos G5, G6, G8, G9, G10, G12, G15 e G19 são considerados estáveis pela metodologia AMMI;

O ambiente mais instável pelo método AMMI foi o ambiente III.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento de soja no Brasil – desafios e perspectivas. In: Gil, M. S. **Soja: tecnologia da produção**. Piracicaba, SP: USP-ESALQ, 1998. p.40-54.

ANDRADE, V. T. *et al.* Interação genótipo x ambiente em genótipos de cafeeiro Mundo Novo por modelos não lineares e multiplicativos. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 4, p. 338-345, 2013.

BARROS, H. B. *et al.* Análises paramétricas e não-paramétricas para determinação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja. **Scientia Agraria**, v. 9, n. 3, p. 299-309, 2008.

BARROS, H. B. *et al.* Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja por meio de métodos uni e multivariado. **Journal Biotechnology and Biodiversity**. v. 3, n. 2, p. 49-58, maio 2012.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 5. Ed. Viçosa, MG: UFV, 2009. 529p.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; SAMUEL, P. C. **Melhoramento Genético de Plantas - princípios e procedimentos**. 2. ed. Lavras, MG: UFLA, 2013. 319p.

CARVALHO, H. W. L. *et al.* Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no nordeste brasileiro no triênio de 1998 a 2000. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 11, p. 1581-1588, 2002.

CENTRO DE ESTUDOS AVANÇADOS EM ECONOMIA APLICADA. **Relatório PIB Agro-Brasil: GPD Agribusiness - Brazil Outlook**. São Paulo: CEPEA, 2012. Disponível em: <http://www.cepea.esalq.usp.br/comunicacao/Cepea_PIB_BR_dez12.pdf>. Acesso em: 5 maio 2014.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L. *et. al.* **Recursos genéticos em melhoramento de plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação MT, 2001.

CROSSA, J. *et. al.* AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 81, p. 27-37, 1991.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394p.

DIAS, F. T. C. *et. al.* Adaptabilidade e estabilidade fenotípica para o caráter rendimento de grãos em cultivares de soja para o Estado do Ceará. **Revista Ciência Agronômica**, v. 40, n. 1, p.129-134, 2009.

DUARTE, J.B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**: uma introdução à análise "AMMI". Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60p.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 14, n. 5, p. 742-754, 1963.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analyses of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. **Genotype by environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p. 85-122.

MARCHIORI, R. **Adaptabilidade e estabilidade de 20 genótipos de soja para a macro-região sojícola 3**. 2008. 61f. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2008.

MANDEL, J. A new analysis of variance model for non-additive data. **Technometrics**, Alexandria, v. 13, p. 1-18, 1971.

MALOSETTI, M., RIBAUT, Jean-Marcel.; VAN EEUWIJK, A. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in Physiology**, v. 4, n. 44, mar. 2013.

NASCIMENTO, M. *et. al.* Alteração no método centróide de avaliação da adaptabilidade genotípica. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 3, p. 263-269, mar. 2009.

OLIVEIRA, A. B.; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B.; Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 3, p. 357-364, mar. 2003.

PERKINS, J. M.; JINKS, J. L. Environmental and genotype-environmental components of variability.III. Multiple lines and crosses. **Heredity**, London, v. 23, n. 3, p. 339-356, 1968.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 468p.

PINTHUS, M. J. Estimate of genotypic value: a proposed method. **Euphytica**, v. 22, n. 1, p. 121-123, 1973.

POLIZEL, A. C. *et. al.* Desempenho agrônomo de genótipos de soja de ciclo semiprecoce/ médio em Rondonópolis. **EnciclopédiaBiosfera**, Goiânia, v. 9, n. 17, p. 986-993, 2013.

PLAISTED, R.L., PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selection the yield consistently in divergent locations or seasons. **American Potato Journal**, v. 36, n. 6, p. 381-5, 1959.

RAIZER, A. J.; VENCOVSKY, R. Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, n. 12, p. 2241-2246, 1999.

RAMOS, L.M. *et. al.* Adaptabilidade e estabilidade do rendimento de genótipos de arroz, mediante duas metodologias de avaliação na Colômbia. **Acta Agronômica**, v. 60, p. 39-49, 2011.

ROCHA, R. B. *et. al.* Avaliação do método centróide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 15, n. 3, p. 255-266, 2005.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 2005. p. 533-603.

SOUSA, L. B. *et. al.* Avaliação de linhagens de soja em ensaio final do processo de melhoramento. **Nucleus**, v.7, n.2, out. 2010

VALADARES, R. N. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica em genótipos de feijão-caupi (*vigna unguiculata*(L.) Walp.) De porte ereto/semi-ereto nas mesorregiões leste e sul maranhense. **Agropecuária Científica no Semi-árido**, v. 6, n. 2, p. 21-27, abr./jun. 2010.

WRICKE, G. Zur Berechnung der Ökvalenz bei Sommerweizen und Hafer. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, v. 52, p. 127-138, 1965.

II. DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE SOJA POR MÉTODOS HIERARQUICOS E DE OTIMIZAÇÃO

RESUMO -Com objetivo de avaliar a divergência genética entre 26 genótipos de soja foi realizado ensaio, na safra 2012/13 no cerrado piauiense. Os genótipos foram avaliados quanto aos seguintes caracteres: altura de plantas na floração (APF), altura de plantas na maturação (APM), altura de inserção de primeira vagem (AIPV), número de nós por planta (NN); peso de mil sementes (PMS) e Produtividade de grãos (PROD). Todos os caracteres foram submetidos à análise multivariada. Para a quantificação da divergência genética foi adotado como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Para o agrupamento dos acessos foi utilizado o método de Tocher. O peso de mil sementes foi o caráter que mais contribuiu para a dissimilaridade genética total entre os 26 genótipos de soja. Os genótipos 17 e 20 têm maior dissimilaridade e mínima dissimilaridade os genótipos 6 e 18 pelo método de Mahalanobis.

Palavras-chave: *Glycine Max* (L.) Merrill; similaridade; seleção

1. INTRODUÇÃO

As autofecundações ocorrentes em plantas autógamas, como a soja, progressivamente modificam a caracterização genotípica da descendência, aumentando a porcentagem de homozigotos e consequentemente reduzindo a variabilidade genética. Embora exista um número considerável de variedades de soja cultivadas no Brasil, a base genética estreita existente entre elas reduz a variação genética intervarietal (ALCÂNTARA NETO, 2001; MIRANDA *et al.*, 2007). Este pode ser um fator limitante quando se busca genótipos superiores em um programa de melhoramento.

Hiromoto e Vello (1986) estudando o estreitamento genético de cultivares de soja recomendadas para o Brasil, concluiu que apenas 11 ancestrais representavam quase 90% do germoplasma. Entretanto Bonato *et al.* (2006) apresentaram resultados de análises moleculares que demonstram que o germoplasma de soja, utilizado em programas de melhoramento no Brasil, manteve, em geral, nível constante de diversidade genética nos últimos anos, além de relativa heterogeneidade dentro de alguns desses programas.

A variabilidade genética entre populações é criada pela segregação cromossômica independente e pela recombinação genética durante a meiose. Essa variabilidade se torna importante sendo necessária desta forma, a incorporação de ciclos de intercruzamentos (cruzamentos aleatórios entre indivíduos de uma população) nos programas de melhoramento para aumentar a recombinação intracromossomal (HANSON, 1959; PEDERSON, 1974).

Essa variabilidade tem sido utilizada para identificar combinações híbridas superiores aos progenitores, bem como estudar a evolução das plantas, identificar um conjunto gênico mais amplo e a disponibilidade de cruzamentos. É de fundamental importância o conhecimento dos problemas da cultura na região, uma vez que, há possibilidade de uma escolha inicial de progenitores, que possuam características de interesse superiores (ALMEIDA *et al.*, 2011).

No estudo da diversidade genética de uma população ou indivíduos, são utilizados caracteres agrônômicos, morfológicos e moleculares que, por sua vez, são submetidos às técnicas biométricas baseadas na quantificação da heterose (resultado de cruzamentos onde apresentam melhor desempenho). Dentre

as técnicas mais utilizadas estão os métodos de agrupamento e as análise de dispersão gráfica (CRUZ *et al.*, 2004).

De acordo com Monteiro *et al.* (2010), a análise de divergência genética, associada à análise de agrupamentos, pode ser empregada para caracterizar a variabilidade entre e dentro dos genótipos de interesse, e se constituem em excelentes alternativas para facilitar a interpretação de dados.

A identificação da divergência genética é uma questão fundamental em melhoramento de plantas, já que os cultivares com perfis genéticos mais distintos são os mais fortes candidatos a possuírem o maior número de alelos associados com o potencial agrônomo. O conhecimento sobre a divergência genética possibilita identificar indivíduos com melhor capacidade específica de combinação e heterose antes de se realizar os cruzamentos, com maior chance de identificar e recuperar combinações mais promissoras nas populações segregantes (ABREU *et al.*, 2004).

Caracteres agrônômicos como a produtividade de grãos, altura da planta, altura de inserção da primeira vagem, resistência ao acamamento, entre outros, de acordo com Oliveira *et al.* (2014) auxiliam na predição da divergência genética fazendo-se uso de métodos multivariados.

Objetivou-se com este trabalho quantificar a divergência genética de 26 genótipos de soja por meio de análise de agrupamento utilizando-se métodos hierárquicos e de otimização.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na safra 2012/13 no município de Currais – PI, com latitude 09°00'25"S, longitude 44°21'26,16"O e altitude 320 m. Foram avaliados 26 genótipos de ciclo de maturação precoce provenientes do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia – UFU. Foram utilizadas três testemunhas, compreendendo as cultivares M-Soy 8001, UFUS guaraní e UFUS riqueza. O experimento foi instalado no delineamento em blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram formadas por quatro fileiras de plantas (5 m), espaçadas em 0,50 m entre as fileiras. A área útil da parcela foi de 4,0 m², tendo sido colhidas as duas fileiras centrais, desprezando-se 0,5 m de bordadura nas extremidades.

Com base na área útil da parcela, foram obtidas as seguintes características agrônômicas das plantas:

- Altura de Plantas no Florescimento (APF) - medida a partir da superfície do solo até a inserção do racemo do ápice da haste principal da planta (R2), a partir da altura de dez plantas amostradas aleatoriamente.

- Altura de Plantas na Maturidade (APM) - medida a partir da superfície do solo até a inserção do racemo do ápice da haste principal da planta (R8), a partir da altura de dez plantas amostradas aleatoriamente;

- Altura de inserção da primeira vagem (AIV) - distância, em cm, medida a partir da superfície do solo até a primeira vagem da haste principal da planta, na época da maturação, em 10 plantas aleatórias;

- Número de nós por planta (NN) – quantificado pelo número de nós na haste principal, a partir do nó da folha unifoliolada até o último nó formado na parte superior da haste da planta;

- Produtividade de grãos (PROD) – estimada para kg ha⁻¹, com base na massa total de grãos das plantas da área útil, após atingirem 13% de umidade.

Após a obtenção dos dados, utilizou-se as variáveis para o desenvolvimento da análise multivariada. Para a análise de agrupamento foi estimada uma medida de similaridade entre os indivíduos (Distância generalizada de Mahalanobis). A técnica de agrupamento adotada foi baseada no Método de Otimização de Tocher. Também se utilizou o critério de Singh (SINGH, 1981) para quantificar a contribuição relativa

dos caracteres na dissimilaridade entre os genótipos. As análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2009).

2. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os quadrados médios das análises de variância individualmente evidenciaram diferença significativa para quase todas as características estudadas, a 1% de probabilidade pelo teste F (Tabela 1). O que confirma a existência de variabilidade fenotípica quanto às características estudadas e que, possivelmente, reflita na obtenção de ganhos genéticos em programas de melhoramento com o uso desses genótipos.

Tabela 8 – Quadrados Médios, valores de “F” das análises de variâncias e suas significâncias para seis variáveis avaliadas em 26 genótipos de soja

Fonte Variação	Quadrados Médios	Valores de “F”	Significância	CV (%)
APF	231,06	6,89	0,000**	15,27
APM	308,68	9,46	0,000**	10,78
AIPV	27,18	7,86	0,000**	14,86
NNP	2,09	2,21	0,083 ^{ns}	9,51
PMS	235,79	2,20	0,008**	6,52
PROD	751047,49	1,29	0,214 ^{ns}	22,79

APF (cm) – Altura de plantas na floração; APM (cm) – Altura de plantas na maturação; AIPV (cm) – Altura de inserção de primeira vagem; NNP – Número de nós por planta; PMS (g) – Peso de mil sementes; Produtividade (kg ha⁻¹); ns: não significativo; ** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Observa-se na Tabela 7 que a altura de plantas na floração (APF), altura de plantas na maturidade (APM) e altura de inserção de primeira vagem (AIPV) foram significativas. Também significativo o peso de mil sementes (PMS). Já as variáveis número de nós por planta (NNP) e produtividade (PROD) não apresentaram diferenças significativas, demonstrando que para estas variáveis os genótipos avaliados apresentaram respostas semelhantes.

De forma geral, os valores dos coeficientes de variação mostraram maior precisão experimental para os caracteres APF, APM, AIPV, NNP e PMS, sendo esta precisão menor para PROD (22,79%). A menor precisão experimental para esse caractere, comparado aos demais, mostrou que o mesmo foi devido ao erro experimental.

Na análise de agrupamento gerado pelo método de Tocher (Tabela 2), foi possível observar a formação de oito grupos distintos, sendo que o grupo I, apresentou o maior número de genótipos em sua formação, compostos por 53,8% dos 23 genótipos e 3 testemunhas avaliadas. Os grupos II e III, foram formados por 5 (G2, G9, G25, G20 e G4) e 2 (G21 e G22) genótipos respectivamente. Já os grupos IV, V, VI, VII e VIII foram os menos representativos, formados somente por um genótipo, respectivamente, sugerindo que estes sejam os mais divergentes do total analisado. De acordo com Vasconcelos *et al.* (2007), a ocorrência de um único genótipo em um grupo acontece em virtude de este grupo ser influenciado pela distância dos genótipos já agrupados.

Tabela 9- Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade genética entre os 26 genótipos de soja, mediante a utilização de seis características

Grupos	Acessos
I	G6 G18 G8 G3 G1 G19 G11 G16 G23 (ms soy 8001) G15 G14 G12 G13 G10
II	G2 G9 G25 (UFUS guarani) G20 G4
III	G21 G22
IV	G5
V	G24
VI	G17
VII	G7
VIII	G26 (UFUS riqueza)

Conforme relatado por Pelúzio *et al.* (2009) ao realizar cruzamentos de cultivares de um mesmo agrupamento entre si as chances de obtenção de genótipos

superiores diminuem, resultando em combinações híbridas de menor heterozigose. A formação destes grupos é de fundamental importância na escolha dos progenitores, pois as novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser baseadas nas suas medidas de dissimilaridades e no potencial per se dos genitores (CRUZ *et al.*, 2004).

As cultivares reunidas em grupos mais distantes são dissimilares, podendo ser consideradas como promissoras em cruzamentos artificiais, sendo assim recomendadas. Entretanto, além de dissimilares, os genitores devem possuir média elevada de produtividade e variabilidade nas características que estejam sendo melhoradas. Assim, a distância dos genótipos do grupo VIII, em relação aos demais do grupo I, sugere que estes podem proporcionar efeito heterótico elevados após hibridações.

Cruz *et al.* (2004) sugerem o não envolvimento de indivíduos de mesmo padrão de dissimilaridade nos cruzamentos, de modo a não restringir a variabilidade genética e, assim, evitar reflexos negativos nos ganhos a serem obtidos pela seleção.

Visando classificar os genótipos de soja em grupos homogêneos, foi gerada uma matriz de distância e, posteriormente, realizado o agrupamento dos indivíduos pelo método hierárquico aglomerativo. Foi utilizado o método UPGMA (unweighted pair-group using na arithmetic average), ou método das médias das distâncias. O dendrograma obtido está representado na Figura 1. Considerando-se um limite de 35%, os 26 genótipos de soja separam-se em 10 grupos distintos.

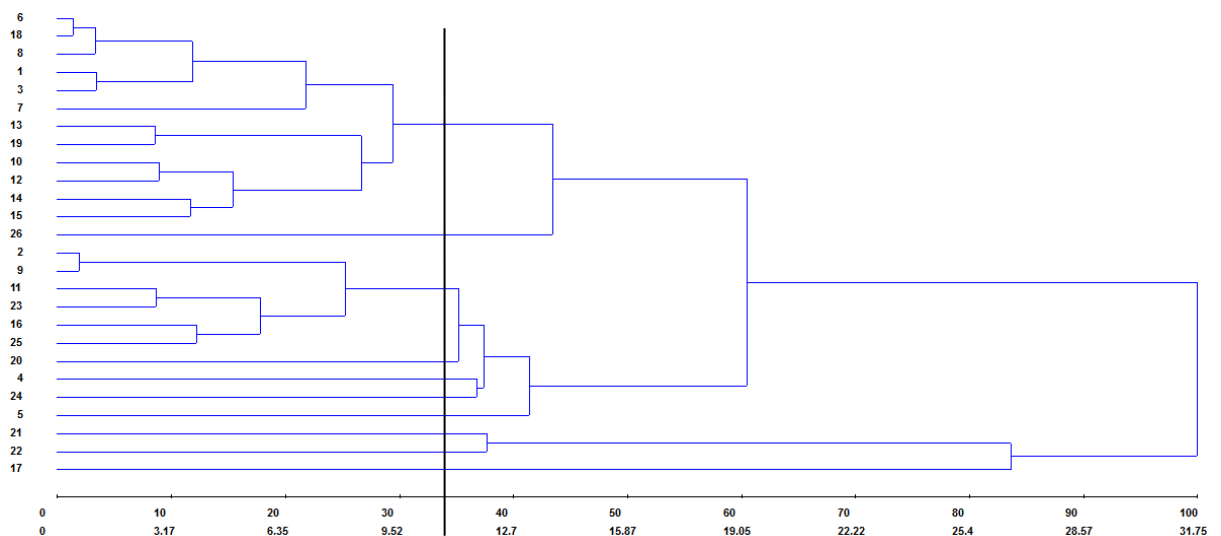


Figura 1. Dendrograma representativo do agrupamento dos 26 genótipos de soja, pelo Método UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir das características avaliadas.

Observa-se a partir da figura que o grupo 1 apresentou o maior número de genótipos, seguido pelo grupo 3 que contém 5 genótipos. Os demais grupos apresentaram apenas 1 genótipo isolado.

As medidas de dissimilaridade genética, estimadas a partir da distância de Mahalanobis oscilaram em (58.7880) para máxima entre os genótipos 17 e 20, indicando presença de ampla variabilidade genética; e mínimo, (0.3687) entre genótipos 6 e 18.

Na figura 1, considerando-se a formação dos agrupamentos pelo método UPGMA, observa-se que apenas o genótipo 7 (G7) não está contido no Grupo 1 na avaliação de Tocher, encontrando-se no Grupo 7 isoladamente.

A contribuição relativa de cada característica na dissimilaridade genética, Segundo método de Singh (1981) encontram-se na Tabela 9.

Tabela 10- Contribuição relativa, em %, para dissimilaridade das características altura de plantas na floração; altura de plantas na maturação; altura de inserção de primeira vagem; número de nós por planta; peso de mil sementes e produtividade de grãos de 23 genótipos de soja e três testemunhas, pelo método proposto por SINGH (1981)

Características	Valorem %
Altura de plantas na floração	24,97
Altura de plantas na maturação	40,71
Altura de inserção de primeira vagem	12,82
Número de nós por planta	8,61
Peso de mil sementes	7,72
Produtividade	5,13

A característica APM foi a que mais contribuiu para a dissimilaridade entre os 26 genótipos de soja avaliados, apresentando maior porcentagem dentre os demais caracteres, o que indica que esta característica deve ser priorizada na escolha de genitores. De acordo com Almeida *et al.*(2011), a altura de plantas é uma característica positiva quando associada a cultivares com menor altura de inserção de primeira vagem devido a tendência de plantas mais altas apresentarem um número maior de vagens.

4. CONCLUSÕES

A presença de variabilidade genética permitiu a identificação de genótipos dissimilares com maior distância genética (Mahalanobis) apresentada entre os genótipos G17 e G20 e mínima entre os genótipos G6 e G18;

A característica altura de plantas na maturação foi a que mais contribuiu para a dissimilaridade entre os 26 genótipos de soja avaliados com 40,71% do total;

Na análise de agrupamento gerado pelo método de Tocher houve a formação de oito grupos distintos, sendo que o grupo I, apresentou o maior número de genótipos em sua formação (G6, G18, G8, G3, G1, G19, G11, G16, G23, G15, G14, G12, G13 e G10);

O método UPGMA possibilitou a formação de dez grupos, sendo o grupo I o de maior número de genótipos agrupados (G6, G18, G8, G1, G3, G7, G13, G19, G10, G12, G14, G15);

A maior distância genética obtida pelo método UPGMA, está entre os genótipos do grupo I e o genótipo G17;

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, F. B. *et. al.* Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 3, p. 547-552, jul./set. 2004.

ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.

BARROS, H. B. *et. al.* Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja por meio de métodos uni e multivariado. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**. v. 3, n. 2, p. 49-58, maio 2012.

BONATO, A.L.V. *et. al.* 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, 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

CRUZ, C. D. **Programa GENES**: aplicativo computacional em genética e Estatística. Viçosa, MG: UFV, 2009.

HANSON, W.D. The breakup of initial linkage blocks selected mating systems. **Genetics**, Pittsburgh, v. 44, n. 5, p. 857-868, set. 1959.

HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine Max*(L.) Merrill)cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, v. 9, p. 295-306, 1986.

MIRANDA, Z.F.S. *et. al.* Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 3, p. 363-369, mar. 2007.

MONTEIRO, E. R. *et. al.* Diversidade genética entre acessos de espécies cultivadas de pimentas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 2p. 288-293, fev. 2010.

OLIVEIRA, S. M. *et. al.* Caracteres agronômicos e divergência genética entre genótipos de soja. **Enciclopédia Biosfera**, Goiania, v. 10, n. 18; p. 759-768, 2014. Disponível em: <<http://www.conhecer.org.br/enciclop/2014a/AGRARIAS/Caracteres%20agronomicos.pdf>>. Acesso em: 5 maio 2014.

PEDERSON, D. G. Arguments against intermating before selection in a self-fertilising species. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 45, n. 4, p. 157-162, jan. 1974.

PELUZIO, J. M. *et. al.* Variabilidade genética entre cultivares de soja, sob diferentes condições edafoclimáticas. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, v. 2, n. 3, p. 21-29, set./dez. 2009.

PIPER, T. E.; FEHR, W. R. Yield improvement in a soybean population by utilizing alternative strategies of recurrent selection. **Crop Science**, v. 27, n. 2. p. 172-178, mar. 1987.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New Delhi, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981. Suplmento.

VASCONCELOS, E. S.; *et. al.* Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, vol. 42, n. 10, p. 1421-1428, out. 2007.

