

LARISSA BARBOSA DE SOUSA

**DIVERSIDADE FENOTÍPICA E MOLECULAR, CORRELAÇÕES ENTRE
CARACTERES, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Uberlândia,
como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em
Agronomia – Doutorado, área de concentração em
Fitotecnia, para obtenção do título de “Doutor”.

Orientador

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

Co-orientadora

Prof^a Dr^a Ana Paula Oliveira Nogueira

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2013

LARISSA BARBOSA DE SOUSA

**DIVERSIDADE FENOTÍPICA E MOLECULAR, CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES,
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia – Doutorado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Doutor”,

APROVADA em 30 de julho de 2013.

Profª Drª Abadia dos Reis Nascimento

UFG

Profª Drª Cristina Soares de Sousa

FUCAMP

Profª Drª Ana Paula Oliveira Nogueira

UFU/INGEB

Prof. Dr. Reginaldo de Camargo

UFU/ICIAG

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki
ICIAG-UFU
(Orientador)

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2013

À minha mãe, Antonia Ribeiro,
pelo exemplo de vida e de humildade, pelos ensinamentos e pela dedicação à minha formação
pessoal e profissional, sem os quais não teria chegado até aqui.

Ao meu esposo e amado Cláudio Ricardo da Silva,
pelo amor, pelo carinho, pelo companheirismo, pelo incentivo, pelo auxílio e por ter
acreditado nos meus sonhos, apoiando-me sempre.

À minha amiga e eterna orientadora Regina Lúcia Ferreira,
pelo carinho, pelos ensinamentos, pelo incentivo e pela amizade.

À minha amiga Ana Paula Oliveira Nogueira, por ser minha companheira,
pelo exemplo de vida e profissional e pela amizade.

Como prova de meu amor e gratidão,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por estar sempre ao meu lado, guiando meu caminho, mesmo quando estive com a fé enfraquecida, de olhos e coração fechados, e surda para ouvir a Sua voz.

À minha mãe Antonia Ribeiro, à minha irmã Lany Barbosa e ao meu irmão Laércio Barbosa, pelo amor e por sempre orarem por mim.

Ao meu amado esposo Cláudio Ricardo da Silva, por tornar meus dias mais felizes, por ser um exemplo de pessoa e de profissional e por tantas outras coisas boas, pelo apoio, pelo carinho, pelo amor e pela ajuda durante todo este trabalho, sem ele não teria chegado até aqui.

Ao Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, pelos ensinamentos, pela confiança no projeto, pela orientação, por ter-me dado a grande oportunidade de participar de um programa de melhoramento, que serviu para eu ter mais certeza ainda da área em que eu quero seguir, por ter acreditado no meu potencial, dando-me treinamento e condições de realizar meu grande sonho.

À minha amiga Ana Paula, por ser minha confidente, amiga, conselheira, por dividir sua experiência e conhecimento, pelo exemplo de luta e sucesso, por me ajudar sempre que precisei e por ter-me ajudado a conseguir realizar meu grande sonho.

A minha sogra Elza Cerqueira, ao meu sogro Cláudio José da Silva e a minha cunhada Cristina Mara, pelo carinho e pela torcida.

À minha tia Joanita Ribeiro, pelo carinho, pela atenção, pelos conselhos, pelo apoio e por orar por mim.

À Prof^a Denise Garcia de Santana, Prof^a Regina Quintão Lana e Prof. Carlos Machado dos Santos, Prof. José Magno pelos ensinamentos, pelo carinho e pela torcida.

Ao Prof. Beno Wendling, pelo apoio, pelo voto de confiança, pela torcida e pela amizade.

Ao Prof. Reginaldo de Camargo pela amizade, pelos conselhos e pelo apoio.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, pelos ensinamentos.

A Prof^a Dr^a Abadia dos Reis e Prof^a Dr^a Cristina Soares por gentilmente terem aceitado o convite de participar da minha Banca.

A minha amiga Fernanda Neves, que apesar das briguinhas, sempre esteve ao meu lado, sempre disposta a ajudar, pelo apoio, pela amizade, pela torcida, pelos conselhos e por orar por mim. Mesmo que a distância nos afaste, sempre estará no meu coração.

A minha amiga Valécia Martins de Oliveira, pela ajuda na condução dos experimentos do Estado do Mato Grosso, pelo apoio, pela torcida, pelo carinho e pela amizade.

Às minhas amigas Mariana Bueno, Suelen Martins, Ingrid Mara, Leane Filho, Verônica Brito e Cida Fontora pelo carinho, pelo apoio, pela torcida e pelos momentos alegres e conselhos.

Ao casal amigo, Franciele Olivo Bertan e Ivandro Bertan, pela amizade, pelo apoio, pelos conselhos e por sempre estarem dispostos a ajudar.

Aos amigos e colegas do curso de Pós-Graduação em Agronomia, em especial ao João Paulo Ribeiro, Sérgio Macedo e Elequisandra, pelo apoio e pelos momentos alegres que passamos estudando; e a André Martinelli.

Ao Instituto de Genética e Bioquímica, em especial à Prof^a Dr^a Ana Maria Bonetti por gentilmente ter disponibilizado o laboratório para realização das análises, e a minha amiga Ana Carolina Dias pelo carinho, pela amizade e pela ajuda.

À minha amiga Renata Oliveira, pelo apoio, pela ajuda, pela amizade e pelos conselhos.

Ao bolsistas e estagiários do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia, pela ajuda na condução dos experimentos, pelo preparo das caixas com o material genético enviado para os experimentos do Mato Grosso, pela limpeza das sementes e por todo o apoio, em especial aos bolsistas Carla Borges e Dão Pedro pela ajuda nas análises do laboratório.

À Universidade Federal de Uberlândia, pela oportunidade de realização do Doutorado.

Ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, em especial aos meus amigos Eduardo Isaac Rodrigues e Maria Aparecida Fontoura (Cida), e ao Coordenador Prof. Dr. João Paulo Arantes, pelo apoio.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Aos funcionários amigos do Instituto de Ciências Agrárias, pelos momentos de descontração e de torcida.

Aos funcionários da Fazenda experimental da UFU Capim Branco, em especial ao Eurípedes Costa (Borges) e Lucas Vieira (Lukinha).

À minha cachorra “Gaby”, que eu considero como uma filha, por tornar mais alegres meus momentos de descontração.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização desse sonho.

Muito obrigada!!!

BIOGRAFIA

Larissa Barbosa de Sousa, filha de Antonia Ribeiro Barbosa e Antonio Pedro da Silva Barbosa nasceu no dia 05 de setembro de 1985 em Teresina-PI.

Ingressou, em março de 2004, no Curso de Agronomia na Universidade Federal do Piauí, concluindo-o em fevereiro de 2009.

Em março de 2009, iniciou o Curso de Mestrado em Agronomia (Linha de pesquisa: Melhoramento genético de plantas) na Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais, submetendo-se à defesa de dissertação em fevereiro de 2011.

Em março de 2011, iniciou o curso de Doutorado em Agronomia (Linha de pesquisa: Melhoramento genético de plantas) na Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais, submetendo-se à defesa de tese em julho de 2013.

LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 2.1 Padrões de comportamento dos genótipos (A e B) em dois ambientes, destacando a ausência de interação (figuras 1a e 1b), bem como os tipos de interação simples (1c) e complexa (1d). 32
- FIGURA 3.1 Contribuição relativa dos sete caracteres avaliados: número total de vagem (NTV), número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM - cm), altura de inserção de primeira vagem (AIPV - cm) e produtividade de grãos (PROD - kg ha⁻¹), para quantificar a divergência genética entre 35 genótipos de soja. 68
- FIGURA 3.2 Dendrograma da dissimilaridade genética entre 35 genótipos de soja, resultante da análise de agrupamento pelo método UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D²). Coeficiente de correlação cofenética (r): 0,72**. 69
- FIGURA 3.3 Dendrograma gerado pela metodologia da ligação média entre grupo (UPGMA) com base na matriz da dissimilaridade genética em 35 genótipos de soja avaliados com nove marcadores microsatélites. Coeficiente correlação cofenética: 0,74**. 74
- FIGURA 5.1 Plotagem dos escores dos dois primeiros componentes principais, quanto à estratificação ambiental, segundo o modelo AMMI para o caractere produtividade de grãos, para 27 genótipos de soja de ciclo precoce: G1, G2, G3, G4, G5, G6 (UFUS Carajás), G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23, G24 (MSOY 6101), G25 (MSOY 7211), G26 (UFUS Guarani) e G27 (UFUS Riqueza), em sete ambientes: A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013), A7 (Rondonópolis – 2012/2013). CP1: componente principal 1 e CP2: componente principal 2. 106
- FIGURA 5.2 Dispersão de 27 genótipos, G1, G2, G3, G4, G5, G6 (UFUS Carajás), G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23, G24 (MSOY 6101), G25 (MSOY 7211), G26 (UFUS Guarani) e G27 (UFUS Riqueza) em relação a eixos representativos de estratos

ambientais. O fator 1 representa a região R1, formada pelos locais: Alto Taquari – 2011/2012 e Alto Taquari – 2012/2013, e o fator 2 representa a região R2, formada pelos locais: Lucas do Rio Verde – 2011/2012 e Lucas do Rio Verde – 2012/2013..... 111

FIGURA 5.3 Plotagem dos escores dos componentes principais, quanto à estratificação ambiental, segundo o modelo GGE biplot para o caractere produtividade de grãos, para 27 genótipos: G1, G2, G3, G4, G5, G6 (UFUS Carajás), G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23, G24 (MSOY 6101), G25 (MSOY 7211), G26 (UFUS Guarani) e G27 (UFUS Riqueza), em sete ambientes: A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013) e A7 (Rondonópolis – 2012/2013). PC1: componente principal 1, PC2: componente principal 2..... 112

FIGURA 6.1 Plotagem dos “escores” dos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2), quanto à estratificação ambiental, segundo o modelo AMMI para o caractere produtividade de grãos, para 30 genótipos de soja de ciclo tardio: G1, G2, G3, G4, G5, G6,, G7, G8, G9, G10 (UFUS Guará), G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23, G24, G25, G26 (UFUS Xavante), G27 (UFUS Impacta), G28 (MSOY 8866), G29 (MSOY 8787), G30 (MSOY 9350) em oito ambientes: A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013), A7 (Rondonópolis – 2012/2013), A8 (Sinop – 2012/2013). 130

FIGURA 6.2 Dispersão de genótipos em relação a eixos representativos de estratos ambientais. O fator 1 representa a região R1, formada pelos locais: Lucas do Rio Verde - 2011/2012 e Lucas do Rio Verde – 2012/2013, e o fator 2 representa a região 2, formada pelos locais Sinop 2011/2012 e Sinop 2012/2013. 135

FIGURA 6.3 Plotagem dos “escores” dos componentes principais, quanto à estratificação ambiental, segundo o modelo GGE Biplot para o caractere produtividade de grãos, para 30 genótipos de soja de ciclo tardio: G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9, G10 (UFUS Guará), G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17,

G18, G19, G20, G21, G22, G23, G24, G25, G26 (UFUS Xavante), G27 (UFUS Impacta), G28 (MSOY 8866), G29 (MSOY 8787), G30 (MSOY 9350) em oito ambientes: A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013), A7 (Rondonópolis – 2012/2013), A8 (Sinop – 2012/2013).....136

LISTA DE TABELAS

TABELA 2.1 Estimativas das médias de g genótipos em cada um dos a ambientes.....	34
TABELA 2.2 Resumo da análise de variância conjunta para g genótipos e a ambientes em delineamento inteiramente casualizado.	35
TABELA 3.1 Médias de sete caracteres agronômicos avaliados em 35 genótipos de soja cultivados em Uberlândia-MG*.....	66
TABELA 3.2 Agrupamento de 35 genótipos de soja pelo método de agrupamento de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, como medida de distância genética, obtida com sete caracteres agronômicos.	71
TABELA 3.3 Iniciadores polimórficos utilizados na avaliação de 35 genótipos de soja, localização no genoma (GL), cromossomo (Cr), frequência alélica e valores de conteúdo de informação polimórfica (PIC).	72
TABELA 3.4 Agrupamento de 35 genótipos de soja pelo método de Tocher utilizando a matriz de dissimilaridade ponderada pelo número de alelos em nove marcadores microssatélites.	74
TABELA 3.5 Agrupamento dos genótipos potenciais considerando o dendrograma gerado pelo método UPGMA e o método Tocher.	75
TABELA 3.6 Possíveis cruzamentos biparentais considerando sete genitores potenciais.	75
TABELA 4.1 Resumo da análise de variância para oito caracteres agronômicos avaliados em 71 linhagens de soja, cultivadas em Uberlândia-MG.	87
TABELA 4.2 Correlações fenotípicas (r_f) e genotípicas (r_g) entre oito caracteres agronômicos avaliados em 71 linhagens de soja, cultivadas em Uberlândia- MG.....	89
TABELA 5.1 Altitude, latitude, longitude e safra de ensaios de competição de genótipos de soja de ciclo precoce, no Estado do Mato Grosso.....	99
TABELA 5.2 Resumo da análise de variância conjunta para o caractere produtividade de grãos (kg ha^{-1}) avaliada em 27 genótipos de soja de ciclo precoce cultivados em sete ambientes.	102
TABELA 5.3 Coeficiente de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) entre ambientes e decomposição da interação em parte complexa.....	104
TABELA 5.4 Proporção da SQgxa da interação para cada eixo principal da análise AMMI, para sete ambientes e 27 genótipos.	105

TABELA 5.5 Média de produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 27 genótipos de soja de ciclo precoce cultivados em sete ambientes do Estado do Mato Grosso.....	107
TABELA 5.6 Autovalor, valor percentual e porcentagem acumulada na análise de fatores realizada com 27 genótipos de soja de ciclo precoce, cultivados em sete ambientes.	109
TABELA 5.7 Descrição do índice ambiental para sete ambientes, comunalidade e cargas fatoriais iniciais e finais resultantes da decomposição da produtividade em cada ambiente e fatores comuns e específicos.....	110
TABELA 6.1 Altitude, latitude, longitude e safra de ensaios de competição de genótipos de soja de ciclo tardio no Estado do Mato Grosso.....	122
TABELA 6.2 Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos (kg ha^{-1}), de 30 genótipos de soja (ciclo tardio) cultivados em oito ambientes.....	126
TABELA 6.3 Coeficiente de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) entre ambientes e decomposição da interação em parte complexa.....	127
TABELA 6.4 Percentual de explicação acumulada pelos métodos multivariados empregados para análise e estratificação ambiental em sete ambientes do estado do Mato Grosso.	129
TABELA 6.5 Média de produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 30 genótipos de soja de ciclo tardio cultivados em oito ambientes do estado do Mato Grosso.	131
TABELA 6.6 Autovalor, valor percentual e porcentagem acumulada na análise de fatores realizada com 30 genótipos de soja de ciclo tardio em cada par de ambientes estudados.....	132
TABELA 6.7 Descrição do índice ambiental para oito ambientes, comunalidade e cargas fatoriais iniciais e finais resultantes da decomposição da produtividade em cada ambiente e fatores comuns e específicos.....	133
TABELA 7.1 Lista de cruzamentos realizados pelo Programa melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, genótipos e parentais codificados.	142

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL	1
2	REFERENCIAL TEÓRICO	20
2.1	Cultura da soja	20
2.2	Importância econômica da soja.....	21
2.3	Diversidade genética.....	22
2.4	Métodos para estudos de diversidade genética	24
2.5	Marcadores moleculares no estudo de diversidade.....	25
2.6	Correlação entre caracteres	27
2.7	Interação genótipos x ambientes	28
2.7.1	Estratificação ambiental e adaptabilidade e estabilidade	33
2.8	Métodos multivariados para estudos de estratificação ambiental, adaptabilidade e estabilidade	38
2.8.1	Análise AMMI.....	38
2.8.2	Análise de fatores	43
2.8.3	Análise GGE BILOT	45
2.8.4	Comparação entre as análises	47
2.9	Referências.....	49
3	DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM SOJA COM BASE EM CARACTERES FENOTÍPICOS E MARCADORES MICROSSATÉLITES	57
3.1	Resumo	57
3.2	Abstract.....	57
3.3	Introdução	58
3.4	Material e métodos.....	60
3.5	Resultados e Discussão	66
3.6	Conclusões	76
3.7	Referências.....	76
4	CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES EM PROGÊNIES F6 DE SOJA PROVENIENTES DE SETE CRUZAMENTOS BIPARENTAIS.....	81
4.1	Resumo	81
4.2	Abstract.....	81
4.3	Introdução	82
4.4	Material e métodos.....	84
4.5	Resultados e discussão.....	87
4.6	Conclusões	91

4.7	Referências.....	92
5	ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE CICLO PRECOCE DE SOJA NO ESTADO DO MATO GROSSO PELOS MÉTODOS AMMI, GGE BILOT E ANÁLISE DE FATORES	96
5.1	Resumo	96
5.2	Abstract.....	96
5.3	Introdução	97
5.4	Material e métodos.....	98
5.5	Resultados e discussão	102
5.6	Conclusões	113
5.7	Referências.....	114
6	ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA DE CICLO TARDIO: AMMI, GGE BILOT E ANÁLISE DE FATORES.....	119
6.1	Resumo	119
6.2	Abstract.....	119
6.3	Introdução	120
6.4	Material e métodos.....	122
6.5	Resultados e discussão	126
6.6	Conclusões	138
6.7	Referências.....	139
7	ANEXOS	142
7.1	Anexo 1.....	142

RESUMO

SOUSA, LARISSA BARBOSA. **Diversidade fenotípica e molecular, correlações entre caracteres, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja**, 2013, 142f. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.¹

Este trabalho teve como objetivos: a) avaliar a diversidade genética entre genótipos de soja, utilizando-se caracteres agronômicos e marcadores moleculares microssatélites; b) avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres agronômicos de linhagens de soja oriundas de diferentes cruzamentos, c) estudar a interação genótipos por ambientes para o caráter produtividade de grãos e d) avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclo precoce e tardio pelos métodos AMMI, GGE Biplot e análise de fatores. Para o estudo de divergência genética, conduziu-se um experimento de campo na Fazenda Capim Branco (análise fenotípica) e as análises moleculares foram realizadas no Laboratório de Genética do Instituto de Genética e Bioquímica, ambos pertencentes à Universidade Federal de Uberlândia. Avaliaram-se 35 genótipos de soja por meio de sete caracteres agronômicos e nove marcadores microssatélites. Realizou-se o agrupamento dos genótipos pelos métodos UPGMA e Tocher, para ambas as análises e concluiu-se que o uso de caracteres agronômicos e os marcadores moleculares microssatélites concomitante permitiram detectar genitores potenciais para o programa de melhoramento de soja e que hibridações entre os genótipos G11, G12, G16, G22, G26 e G33 são promissoras para obtenção de populações segregantes com variabilidade genética superior. Para o estudo de correlações, foram avaliadas 71 linhagens de soja, utilizando sete caracteres agronômicos, e concluiu-se que a seleção de plantas mais tardias no florescimento resulta em plantas mais altas na maturidade, bem como a seleção de plantas com maior número de vagens favorece a seleção e melhoramento para o caráter produtividade de grãos. Para o estudo de estratificação ambiental, adaptabilidade e estabilidade, realizaram-se quatro experimentos em cinco municípios do Estado do Mato Grosso: Alto Taquari, Lucas do Rio Verde, Sinop, Querência e Rondonópolis, nas safras 2011/2012 e 2012/2013. Foram avaliados 27 genótipos de soja de ciclo precoce e 30 de ciclo tardio, para o caráter produtividade de grãos. Verificou-se interação genótipos por ambientes significativa e de natureza complexa para a produtividade de grãos em genótipos de ciclo precoce e tardio. O modelo AMMI2 apresentou maior eficiência por reter maior parte da variação nos dois primeiros componentes principais para os genótipos de ciclo precoce e tardio, respectivamente. O ambiente mais estável e com maior rendimento dos genótipos foi Lucas do Rio Verde na safra 2012/2013, e o genótipo G5 e G10 considerando a análise AMMI2, análise de fatores e GGE Biplot foi o mais estável, para o estudo dos genótipos de ciclo precoce e tardio, respectivamente.

Palavras-chave: *Glycine max.*, melhoramento, seleção de genitores, análises multivariadas, associação entre caracteres, produtividade de grãos, interação G x A.

¹ Orientador: Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU.

ABSTRACT

SOUSA, LARISSA BARBOSA. **Molecular and phenotypic diversity, correlations among traits, adaptability and stability of soybean genotypes.** (Doctor's degree in Agronomy / Crop Science) - University of Uberlandia, Uberlandia,²

This study aimed to: a) assess the genetic diversity of soybean genotypes using agronomic traits and microsatellite markers b) assess the phenotypic and genotypic correlations between agronomic traits of soybean lines derived from different crosses, c) study interaction between genotype and environment and evaluate its effect on grain yield and d) evaluate the adaptability and stability of early and late soybean genotypes by AMMI, GGE Biplot and factor analysis. To study genetic divergence, we conducted a field experiment at Fazenda Capim Branco (phenotypic analysis) and performed molecular analysis at the Laboratory of Genetics, Institute of Genetics and Biochemistry, UFU. We evaluated 35 soybean genotypes using seven agronomic traits and nine microsatellite markers. These genotypes were then grouped by UPGMA and Tocher cluster analyses, which showed that agronomic traits and microsatellite markers can be used concomitantly to detect potential parents for soybean breeding programs and that the G11, G12, G16, G22, G26 and G33 genotypes could be used to obtain segregating populations with superior genetic variability. Correlations among 71 soybean lines and 7 agronomic traits were evaluated. It was found that selecting late-flowering plants produced taller plants at maturity and that selecting plants with the highest pod numbers favored breeding for grain yield. To study environmental stratification, adaptability and stability, four experiments were conducted in five municipalities of the state of Mato Grosso (Alto Taquari, Lucas do Rio Verde, Sinop, Querencia and Rondonopolis) using the 2011/2012 and 2012/2013 crops. Twenty-seven early-cycle and thirty late-cycle genotypes were evaluated to determine grain yield. These evaluations showed significant and complex interactions between genotype and environment regarding grain yield. The AMMI2 model was more efficient at retaining most of the variation in the first two principal components for early and late-cycle genotypes, respectively. The Lucas do Rio Verde site (2012/2013 crop) was the most stable and highest yielding environment. The G5 and G10 genotypes were the most stable of the early and late-cycle genotypes, respectively, based on AMMI2, factor analysis and GGE Biplot.

Keywords: Glycine max, breeding, parent selection, multivariate analysis, association among traits, grain productivity, G x E interaction.

² Adviser: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU.

1 INTRODUÇÃO GERAL

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das leguminosas mais cultivadas no mundo. Atualmente, o Brasil é o segundo maior produtor, sendo a cultura cultivada em todas as regiões do País. A área plantada na safra 2011/2012 foi de 25,04 milhões de hectares com produção de 66,38 milhões de toneladas. Na safra 2012/2013, houve um incremento de 10,7% na área plantada, passando para 27,72 milhões de hectares e uma produção de 81,45 milhões de toneladas (CONAB, 2013).

O crescimento da cultura em área e rendimento só tem sido possível devido à abertura de novas fronteiras e ao desenvolvimento de novas tecnologias em conjunto com o processo de melhoramento genético, que a cada ano desenvolve e disponibiliza ao produtor novas cultivares, com alta tecnologia embutida.

Para o desenvolvimento de uma nova cultivar, é fundamental que o melhorista disponha de suficiente variabilidade genética para que tenha maior possibilidade de obter combinações superiores durante o processo de melhoramento genético da cultura.

Estudos sobre variabilidade genética em soja têm demonstrado que o germoplasma brasileiro provém de poucas linhagens ancestrais, dando origem à base genética estreita da cultura (PRIOLLI *et al.*, 2004), o que tem refletido em considerável uniformidade genética entre as cultivares presentes no mercado.

Estudando a base genética da soja, Hiromoto e Vello (1986) avaliaram 74 cultivares de soja recomendadas para cultivo no Brasil em 1983/1984 e calcularam a contribuição genética relativa de cada ancestral para as cultivares analisadas, concluindo que entre os 26 ancestrais dessas cultivares, apenas onze representavam 89% do germoplasma brasileiro. Bonato *et al.* (2006), ao avaliarem 317 cultivares de soja lançadas no Brasil entre 1962-1998, observaram que o germoplasma brasileiro manteve nível constante de diversidade genética no período avaliado.

Os programas de melhoramento genético têm buscado ampliar a cada dia a variabilidade genética da população base de trabalho, com o objetivo de obter melhores combinações. O programa de melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia implementado no ano de 1995, localizado na Fazenda Capim Branco no município de Uberlândia, MG, sempre

se preocupou em trabalhar com genitores com alta divergência genética ampliando a base genética das cultivares desenvolvidas (HAMAWAKI *et al.*, 2010).

Diante do exposto, estudos sobre divergência genética tornam-se fundamentais para o melhoramento de plantas, pois permitem a identificação de genitores adequados para obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando o aparecimento de segregantes transgressivos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A seleção de genitores divergentes pode ser realizada por meio de estudos de divergência genética, utilizando informações de marcadores genéticos, tais como morfológicos e moleculares (COLOMBARI-FILHO, 2009). A utilização de informações de marcadores moleculares sobre diversidade genética de soja tem contribuído para o entendimento das limitações inerentes à base genética de materiais de programas de melhoramento (YAMANAKA *et al.*, 2007).

Entre os diversos marcadores disponíveis, os marcadores microssatélites têm-se demonstrado eficientes para detectar polimorfismos entre genótipos e apresentam vantagens como reprodutibilidade, são multialélicos, co-dominantes e amplificados via reação em cadeia da polimerase (PCR) (CAIXETA; FERRÃO; MACIEL-ZAMBOLIM, 2013).

Para o desenvolvimento de uma nova cultivar, não basta apenas que os genitores sejam divergentes, é preciso que eles apresentem características favoráveis e que superem as cultivares existentes no mercado.

No entanto, agregar vantagens adicionais em uma nova cultivar só é possível se ela reunir, simultaneamente, uma série de fenótipos favoráveis para caracteres de interesse (RAMALHO *et al.*, 2012). Diante disso, na maioria das vezes, o melhorista trabalha com inúmeros caracteres ao mesmo tempo, o que se torna um desafio para o sucesso da seleção de genótipos com várias características superiores. Isso se deve à possibilidade de existência de correlação entre caracteres, que muitas vezes, são em direção opostas e além disso, nem sempre todos os caracteres têm a mesma importância. Desse modo, estudos de correlação entre caracteres também são fundamentais para o sucesso na seleção e desenvolvimento de novas cultivares.

Após seleção de genótipos superiores, divergentes e com características favoráveis, para formar a população base de trabalho no processo de melhoramento, e obtenção de linhagens superiores, é preciso que se comprove a superioridade das melhores linhagens obtidas em determinadas condições ambientais e que elas superem de fato as cultivares já existentes no

mercado. Para atingir este objetivo, é necessário ter uma compreensão dos fatores que levam a um fenótipo favorável (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013).

Durante o desenvolvimento de novas cultivares, na fase final do processo de melhoramento de plantas, elas são cultivadas em vários locais, em diferentes condições de clima, fertilidade de solo e também em diferentes safras. Esses ensaios são realizados para que se possa aumentar a possibilidade de selecionar genótipos superiores para características quantitativas, que são muito influenciadas pelo ambiente e para se estudar a interação genótipos por ambientes (G x A) (LAVORANTI *et al.*, 2004).

Apesar da sua importância para o melhoramento, a simples análise da interação G x A não fornece informações completas e exatas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais. Desse modo, estudos sobre estratificação ambiental para indicar regiões mais homogêneas, em que certos cultivares apresentam maior adaptabilidade, e o estudo pormenorizado do comportamento de cada genótipo visando a identificar aqueles com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas, são fundamentais para o desenvolvimento e lançamento de uma nova cultivar (CRUZ, 2006).

Diante do exposto, este trabalho apresentou os seguintes objetivos: estudar a diversidade genética entre genótipos de soja, com potencial de serem utilizados como genitores em programas de melhoramento genético, utilizando-se caracteres agronômicos e marcadores moleculares microssatélites; avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres agronômicos de linhagens de soja oriundas de diferentes cruzamentos, visando a fornecer subsídios para seleção a ser adotado no Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia; e estudar a interação genótipos por ambientes para o caráter produtividade de grãos e avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclo precoce e tardio pelos métodos AMMI, GGE Biplot e análise de fatores.

CAPÍTULO 1

REFERENCIAL TEÓRICO

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Cultura da soja

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] pertence à família *Fabaceae*, subfamília *Faboideae* e gênero *Glycine* e seu centro de origem está situado na China (SEDIYAMA, 2009). Sua planta é herbácea, anual, ereta e autógama, apresentando variabilidade para as características morfológicas, que são influenciadas pelo ambiente. A altura da planta situa-se em torno de 30 a 200 cm, variando o número de ramificações. Seu desenvolvimento completo varia de 75 a 200 dias, de acordo com a cultivar e condições ambientais (NOGUEIRA *et al.*, 2013).

Quanto à morfologia, o sistema radicular é formado por uma raiz principal pivotante, com ramificações ricas em nódulos de bactérias fixadoras de nitrogênio atmosférico. As folhas são alternadas com pecíolos longos e são compostas de três folíolos grandes, geralmente ovais. As flores são axilares ou terminais, brancas ou roxas, variando com a cultivar. Os frutos são do tipo vagem, achatados, curtos, de cor cinza, amarelo-palha ou preto, contendo de uma a cinco sementes, que são, geralmente, elípticas e achatadas, de cor amarela, verde ou preta, de acordo com a cultivar (SEDIYAMA *et al.*, 1996; SEDIYAMA, 2009).

Com base no tipo de crescimento da haste principal, as cultivares de soja podem ser classificadas em três categorias, comumente conhecidas como tipo determinado, semideterminado e indeterminado. O tipo determinado é caracterizado por plantas que possuem inflorescência racemosa terminal e axilar, tendo o crescimento vegetativo paralisado após o início do florescimento, ou podem crescer cerca de 10% da sua altura e massa seca final. Normalmente, possuem maior número de ramificação, menor altura e, conseqüentemente, menor número de nós. As folhas da parte superior do caule são semelhantes às demais (SEDIYAMA *et al.*, 2005; NOGUEIRA *et al.*, 2013).

As plantas do tipo crescimento semideterminado também apresentam a inflorescência racemosa terminal e axilar; contudo, na ocasião do florescimento, elas apresentam, em média, 70% da sua altura e massa seca final, podendo ainda crescer após o florescimento (NOGUEIRA *et al.*, 2013). Nessas plantas de tipo de crescimento determinado e semideterminado, as primeiras flores surgem no terço superior e as últimas, no terço inferior e a maturação inicia-se na parte superior para a inferior (NOGUEIRA *et al.*, 2013).

As plantas de tipo de crescimento indeterminado apresentam apenas a inflorescência axilar, a gema terminal mantém atividade vegetativa após o florescimento, desenvolvendo nós e alongando o caule. Desse modo, a planta apresenta maior altura e número de nós na haste principal e, após o florescimento, pode até dobrar de altura. A maturação das vagens inicia-se na parte inferior (SEDIYAMA *et al.*, 2005; NOGUEIRA *et al.*, 2013).

A cultura da soja apresenta duas fases de desenvolvimento: vegetativa e reprodutiva. A caracterização do estágio de desenvolvimento é fundamental para o estabelecimento de sistema de produção eficiente, por meio do manejo adequado da lavoura. Ferh e Caviness (1977) propuseram uma metodologia para descrição dos estádios de desenvolvimento da soja que é a mais utilizada mundialmente. A fase vegetativa é compreendida pelo período de emergência da plântula até o início do florescimento e a reprodutiva corresponde ao período a partir do florescimento até a maturidade (NOGUEIRA *et al.*, 2013).

Pela escala de Ferh e Caviness (1977) a fase vegetativa é descrita pela letra V seguida de uma numeração, exceto para o estágio de emergência (Ve) e cotiledonar (Vc); e a fase reprodutiva pela letra R, também seguida de uma numeração.

2.2 Importância econômica da soja

A soja é uma das mais importantes culturas agrícolas em todo o mundo e, principalmente, no Brasil, que é o segundo maior produtor mundial. A área plantada com a oleaginosa cresce a cada ano e, apesar do período de estiagem em muitas regiões produtoras, a produção nacional apresentou crescimento de 22%, passando de 66,38 milhões de toneladas (safra 2011/2012) para 81,81 milhões de toneladas (safra 2012/2013) em uma área de 27,72 milhões de hectares (CONAB, 2013).

O aumento na produção se deve à expansão do cultivo em novas áreas, ao desenvolvimento de novas tecnologias e ao processo de melhoramento genético que, a cada ano, desenvolve e disponibiliza ao produtor novas cultivares, com elevada produtividade de grãos e adaptadas a condições de estresses.

A introdução da soja no Brasil ocorreu em 1882, no estado da Bahia; seu cultivo em escala comercial teve início a partir da década de 1940, no Rio Grande do Sul, com uma expansão da área plantada na década de 1960, quando a soja passou a ser cultivada em rotação

com o trigo. Posteriormente, com os incentivos para ocupação dos cerrados, a soja tornou-se um dos principais produtos agrícolas do País (ALVES; BODDEY; URQUIAGA, 2003).

O desenvolvimento de novos genótipos apropriados para as diversas áreas produtoras no País tem sido um dos fatores responsáveis pelo progresso da soja. O melhoramento genético da cultura permitiu que se expressassem, em termos de produção econômica do grão, as potencialidades das diferentes regiões brasileiras com o cultivo de genótipos melhorados. Diante disso, no Brasil, a soja é cultivada em diversos ambientes, englobando altas e baixas latitudes (NOGUEIRA, 2011).

Os principais produtores mundiais são Estados Unidos, Brasil, Argentina e China. No Brasil, os Estados do Mato Grosso, Paraná, Rio Grande do Sul e de Goiás são os principais produtores de soja (CONAB, 2013). O complexo soja (grão, farelo e óleo) é o maior setor exportador do País, representando mais de 10% do total das exportações. Além disso, tem a maior participação no produto interno bruto agrícola e apresenta perspectivas de crescimento contínuo (SEDIYAMA, 2009).

Acredita-se que, na safra 2013/2014, o Brasil supere a produção dos Estados Unidos, em virtude da área plantada e do aumento do rendimento das cultivares lançadas para o mercado, com alta tecnologia embutida atendendo a um maior número de fatores que causam instabilidade no rendimento da cultura.

2.3 Diversidade genética

A conservação de recursos genéticos de espécies é de grande relevância para o avanço do processo de melhoramento dessas, razão pela qual grande número de estudos tem sido realizado na quantificação da diversidade genética e no entendimento de sua magnitude, natureza e distribuição entre e dentro de populações. O sucesso de qualquer programa de pré-melhoramento, melhoramento ou de conservação de espécies é dependente do conhecimento da quantidade de variação presente na espécie (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

A diversidade genética pode ser definida como a soma de informações genéticas contidas nos genes de plantas, animais e microorganismos. Todo indivíduo apresenta uma quantidade particular de informações. O valor da diversidade se refere à variedade de diferentes genes que podem ser expressos pelos organismos com características potencialmente úteis (KARP *et al.*, 1996).

Estudos sobre a diversidade genética e o nível de diferenciação genética entre populações das espécies são essenciais para determinar os estoques genéticos e subsidiar políticas de manejo desses recursos, e para definir estratégias de conservação em escalas regional e geográfica (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Acredita-se que a forte pressão de seleção exercida pelo homem ao longo do processo de domesticação das espécies tenha culminado em alteração significativa na diversidade genética das espécies silvestres (TANKSLEY; MCCOUCH, 1997).

A diversidade genética é uma importante forma de manter a capacidade natural das plantas de responderem a todos os tipos de estresses bióticos e abióticos, devido às condições que se tem enfrentado nos últimos anos, tais como: longos períodos de estiagem, altas temperaturas etc. Existe uma grande preocupação em avaliar a divergência genética das espécies, em razão da perda acentuada desta, sobretudo devido à ação do homem, substituindo cultivares locais por cultivares modernas que, muitas vezes, são de base genética estreita (CRUZ; FERREIRA,; PESSONI, 2011).

Para o melhoramento genético de plantas, a análise da diversidade genética é essencial, pois permite a identificação de genitores adequados para obtenção uma população segregante com maior variabilidade genética e com maior possibilidade de surgimento de segregantes transgressivos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Estimativas de variabilidade genética demonstraram que o germoplasma brasileiro de soja provém de base genética estreita, tendo sido originado de poucas linhagens ancestrais (PRIOLLI *et al.*, 2004). Hyten *et al.* (2006), ao avaliarem a divergência genética entre quatro populações de soja, concluíram que, durante a domesticação da cultura, cerca de 50% da diversidade genética presente nos materiais e 81% dos alelos raros foram perdidos, o que causou cerca de 60% de mudanças nas frequências alélicas.

A diversidade genética pode ser estimada por meio de marcadores genéticos, tais como os morfológicos e os moleculares (COLOMBARI-FILHO, 2009). Determinadas características que promovem diferenças entre os genótipos podem ser reproduzidas de maneira precisa nas progênes e utilizadas para correlacionar com outras características de interesse (SOUSA, 2011).

2.4 Métodos para estudos de diversidade genética

Desde 1998, para avaliar a diversidade entre indivíduos, as características fenotípicas têm sido utilizadas em análises multivariadas (MIRANDA, 1998), que são técnicas que avaliam em conjunto as informações coletadas ou mensuradas em muitas variáveis. Os métodos estatísticos permitem que inúmeras inferências sejam feitas (FONSECA; SILVA, 1999) e a necessidade de compreensão das relações entre as diversas variáveis faz com que as análises multivariadas sejam complexas (FERREIRA, 2008).

Na predição da diversidade genética, entre os métodos multivariados utilizados, podem-se destacar a análise por componentes principais, variáveis canônicas e os métodos de agrupamentos (hierárquicos e de otimização). A escolha do método mais adequado depende dos objetivos traçados pelo pesquisador, facilidade de análise e forma que os dados foram obtidos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os métodos de agrupamento dependem da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), entre as quais se encontram a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis. Esta última é uma medida obtida a partir de dados quantitativos, com repetição, empregada em estudos de divergência em diferentes culturas (MULATO *et al.*, 2010). Esses métodos têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro dos subgrupos e heterogeneidade entre eles. Entre esses métodos, os hierárquicos e os de otimização são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas (RAMALHO *et al.*, 2012).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido um dendrograma, não havendo preocupação quanto ao número ótimo de grupos, uma vez que o interesse maior está nas ramificações que são obtidas no dendrograma. As delimitações são estabelecidas por um exame visual do dendrograma, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível, tomando-se, em geral, como delimitadores do número de genitores para determinado grupo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Em estudos de diversidade genética de soja, a metodologia de ligação média entre grupo (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* - UPGMA) tem sido intensivamente utilizada para identificação de grupos de genótipos mais similares (NOGUEIRA, 2011).

Os métodos de otimização baseiam-se na partição do conjunto de genótipos em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos, por meio da maximização ou minimização de alguma medida de dissimilaridade preestabelecida (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Entre os métodos de otimização mais utilizados, o método de Tocher usa o critério do estabelecimento de grupos, de forma que a distância média intragrupos seja sempre inferior a qualquer distância intergrupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O método de Tocher permite a formação de grupos mutuamente exclusivos, ao passo que os métodos hierárquicos apresentam uma grande possibilidade de números de grupos, cabendo ao pesquisador adotar aquele que melhor represente a estrutura de agrupamento, com base no seu conjunto de dados (BERTAN *et al.*, 2006).

O agrupamento de Tocher é normalmente utilizado juntamente com o método UPGMA, revelando correspondência na alocação dos elementos nos grupos (ARRIEL *et al.*, 2006). A concordância com o agrupamento de Tocher permanece, muitas vezes, mesmo quando se utiliza outro agrupamento hierárquico ou técnica multivariada.

Estudando a diversidade genética de soja no estado do Tocantins, com base em caracteres agronômicos, Almeida (2008) observou que o método de otimização de Tocher, o do vizinho mais próximo e o da dispersão gráfica das variáveis canônicas foram concordantes entre si na identificação de genótipos divergentes.

Pode-se também, em estudos de diversidade genética, aplicar dados referentes a marcadores moleculares, a análise de variância molecular, sendo as fontes de variação os grupos estabelecidos pelo pesquisador de acordo com objetivo de cada estudo (CRUZ, 2006).

2.5 Marcadores moleculares no estudo de diversidade

Nos últimos anos, com os avanços na área da genética e da Biologia molecular, principalmente com o surgimento da tecnologia do DNA recombinante e da reação em cadeia da polimerase (PCR), foram desenvolvidas fortes técnicas para o desenvolvimento de diferentes tipos de marcadores moleculares. Diversos trabalhos têm utilizado informações sobre ácido desoxirribonucléico (DNA) para diferenciar genótipos (CAIXETA *et al.*, 2006).

Marcadores moleculares podem ser definidos como marcadores genéticos baseados na detecção de isoenzimas ou sequências de DNA. Entre as vantagens de se utilizarem informações de marcadores moleculares, pode-se citar a obtenção de um grande número de polimorfismos genéticos; a possibilidade de detecção de tais polimorfismos em qualquer estágio de desenvolvimento da planta e a possibilidade de gerar maior quantidade de informação genética

por loco, no caso de marcadores co-dominantes, como os marcadores microsatélites (FALEIRO, 2011).

Embora exista um grande número de marcadores moleculares, o princípio da análise desses marcadores é o mesmo: marcadores comuns aos genótipos significam semelhanças e marcadores não comuns significam diferenças genéticas. Os dados sobre semelhanças e diferenças entre genótipos permitem gerar uma grande quantidade de informações sobre a diversidade genética entre eles (FALEIRO, 2011). Entretanto, um dos maiores desafios dos pesquisadores é associar o objetivo do projeto específico com a escolha de um ou de mais marcadores moleculares que melhor se aplicam ao projeto. Para o sucesso na escolha do tipo de marcador o primeiro passo seria conhecer cada tipo de marcador disponível para a cultura com que se deseja trabalhar (CAIXETA; FERRÃO; MACIEL-ZAMBOLIM, 2013).

Os diferentes tipos de marcadores moleculares têm sido muito utilizados em estudos de diversidade genética nas mais diversas culturas e, entre eles, os marcadores microsatélites têm-se mostrado eficientes em detectar polimorfismos entre genótipos de soja (ZHANG *et al.*, 2013; TANTASAWAT *et al.*, 2011; VIEIRA *et al.*, 2009; SING *et al.*, 2010; NOGUEIRA, 2011).

Os marcadores microsatélites, também chamados de SSR (*simple sequence repeats*) e STR (*short tandem repeats*), são sequências repetidas em tandem que variam quanto ao número de pares de bases e são classificadas de diferentes maneiras, dependendo de seu tamanho, tipo de unidade de repetição e localização no genoma (CAIXETA; FERRÃO; MACIEL-ZAMBOLIM, 2013).

Para realizar a detecção de polimorfismos baseados em marcadores microsatélites, é necessário o uso de metodologias que separem os fragmentos amplificados de acordo como seu tamanho molecular. Geralmente, são utilizadas reações de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) por amplificação do DNA genômico total, utilizando *primers* únicos, constituídos de sequências curtas de nucleotídeos e, portanto, definem o loco microsatélite (NOGUEIRA, 2011).

A reação de PCR baseia-se no anelamento e na extensão de um par de oligonucleotídeos (pequenas moléculas de DNA de fita simples) usados como iniciadores que delimitam a sequência de DNA-alvo (fita dupla) de amplificação. As reações de PCR envolvem três etapas: desnaturação, anelamento e extensão. Na primeira etapa, a temperatura é elevada entre 92 e 95 °C para desnaturação da fita dupla de DNA. Com as fitas de DNA separadas, a temperatura é reduzida a 35-60 °C, e os *primers* (*forward* e *reverse*) anelam-se, em cada uma das fitas de DNA em suas respectivas sequências complementares que flanqueiam regiões conservadas (regiões comuns a todos os genótipos). Posteriormente, a temperatura é elevada a 72° C (ótima

para atividade da Taq polimerase) para extensão do *primer*, utilizando o DNA como molde (CAIXETA *et al.*, 2006).

Os marcadores microsatélites têm sido considerados adequados para a caracterização e a avaliação da diversidade genética, por serem multialélicos, co-dominantes, reprodutíveis e amplificados via PCR. No entanto, a aplicação rotineira desse tipo de marcador requer que a relação benefício/custo seja considerada, entretanto, vários *primers* já foram desenvolvidos e estão disponíveis para análise genética da cultura (ALCÂNTARA NETO, 2001).

2.6 Correlação entre caracteres

Os programas de melhoramento visam, a cada dia, desenvolver cultivares superiores às existentes no mercado, entretanto agregar vantagens adicionais é um desafio para qualquer melhorista. Além da produtividade de grãos, estão outros caracteres, tais como aqueles que contribuem para a redução de custos na produção, entre eles a resistência ou tolerância a pragas e doenças, uso mais eficiente da água e nutrientes, e até mesmo arquitetura apropriada das plantas para facilitar o manejo (RAMALHO *et al.*, 2012).

O grande número de caracteres melhorados ao mesmo tempo nos programas, têm-se tornado um grande desafio para o sucesso da seleção de genótipos com várias características superiores, devido à existência de correlação entre eles, que muitas vezes se correlacionam em direção oposta. Além disso, nem sempre todos os caracteres têm a mesma importância (RAMALHO *et al.*, 2012).

A correlação é um parâmetro estatístico que mede o grau de associação linear entre duas variáveis ou uma medida do grau de variação conjunta, que pode ser negativa ou positiva. Informações sobre as correlações entre caracteres têm grande relevância, pois permitem ao melhorista o conhecimento das alterações que ocorrem em um caráter quando se realiza a seleção em outro a ele correlacionado (RAMALHO *et al.*, 2012).

Os coeficientes de correlação são adimensionais e seu valor absoluto não ultrapassa a unidade. Quanto mais próxima de -1 ou +1 for a magnitude da estimativa da correlação, implica a existência de associação forte entre duas variáveis e, quando o coeficiente de correlação é igual a zero, evidencia a falta de relação linear entre duas variáveis e não a ausência de relação ou de dependência (NOGUEIRA, 2011). A correlação negativa indica que os caracteres são

inversamente correlacionados, ou seja, eles variam em direções opostas e positivas indica que variam na mesma direção.

Existem duas causas principais em que acarretam a correlação entre caracteres: os fatores genéticos e os fatores ambientais. Uma vez que a expressão do fenótipo é função do genótipo, do ambiente e da interação genótipo x ambiente, é possível calcular a correlação fenotípica, genotípica e de ambiente. O fenótipo é a expressão visível ou mensurável de um caráter. A correlação fenotípica diz respeito à correlação entre duas características causada por fatores genéticos e de ambiente. A correlação genética é determinada inteiramente pelo genótipo, sem a intervenção do ambiente (CARVALHO *et al.*, 2002).

Os valores de correlações são determinados também pela base genética da população para a qual os caracteres são avaliados, apresentando oscilação entre estimativas positivas e negativas, propiciando indicativo de como a seleção de um caráter pode influenciar outro (HEIKO, 2001).

A principal causa da correlação genética é o pleiotropismo, isto é, propriedade pelo qual um gene influencia dois ou mais caracteres e o desequilíbrio de ligação, que é a associação entre alelos de locos diferentes, todavia, ela é transitória, ocorrendo principalmente em populações originárias de cruzamentos divergentes (FALCONER; MACKAY, 1996).

A magnitude da estimativa da correlação causada pela ligação gênica depende da distância entre os genes nos cromossomos, ou seja, da frequência de recombinação. Quanto mais próximos estiverem, maior será a estimativa da correlação (RAMALHO *et al.*, 2012).

Segundo Lopes *et al.* (2002), embora seja possível testar a significância estatística para a correlação fenotípica, existe uma tendência entre os melhoristas de plantas a valorizar mais o sinal (positivo e negativo) e a magnitude dos valores na interpretação aplicada das correlações. Desse modo, é comum valorizar as estimativas abaixo de -0,5 e acima de 0,5 (NOGUEIRA, 2011).

A estimativa da correlação é normalmente simbolizada pela letra *r* e pode ser fenotípica, genética e/ou ambiental.

2.7 Interação genótipos x ambientes

O sucesso de um programa de melhoramento de plantas depende da sua capacidade de proporcionar aos agricultores cultivares com garantia de desempenho superior (fenótipo), em

termos de rendimento e/ou qualidade em determinadas condições ambientais. Para atingir esse objetivo, é necessário ter uma compreensão dos fatores que levam a um fenótipo favorável (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013).

Sob o ponto de vista estatístico, a falta de uma análise criteriosa ou, às vezes, superficial da estrutura da interação de fatores, em modelos estatísticos de efeitos fixos, levava a perdas de informações preciosas que não são detectadas, prejudicando as pesquisas, principalmente em situações em que uma análise mais detalhada dos efeitos da interação evitaria a repetição desnecessária de experimentos (LAVORANTI *et al.*, 2004).

Na fase final do processo de melhoramento de plantas, os genótipos selecionados são cultivados em vários locais, em diferentes condições de clima, fertilidade de solo e também em diferentes safras. Esses ensaios são realizados para que se possa selecionar genótipos superiores para características quantitativas (LAVORANTI *et al.*, 2004).

Apesar da sua importância para o melhoramento, a simples análise da interação genótipos x ambientes (G x A) não fornece informações completas e exatas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais.

A divisão de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes é o procedimento mais utilizado pelos melhoristas para enfrentar a interação genótipos x ambientes, possibilitando identificar genótipos específicos para cada uma das sub-regiões (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

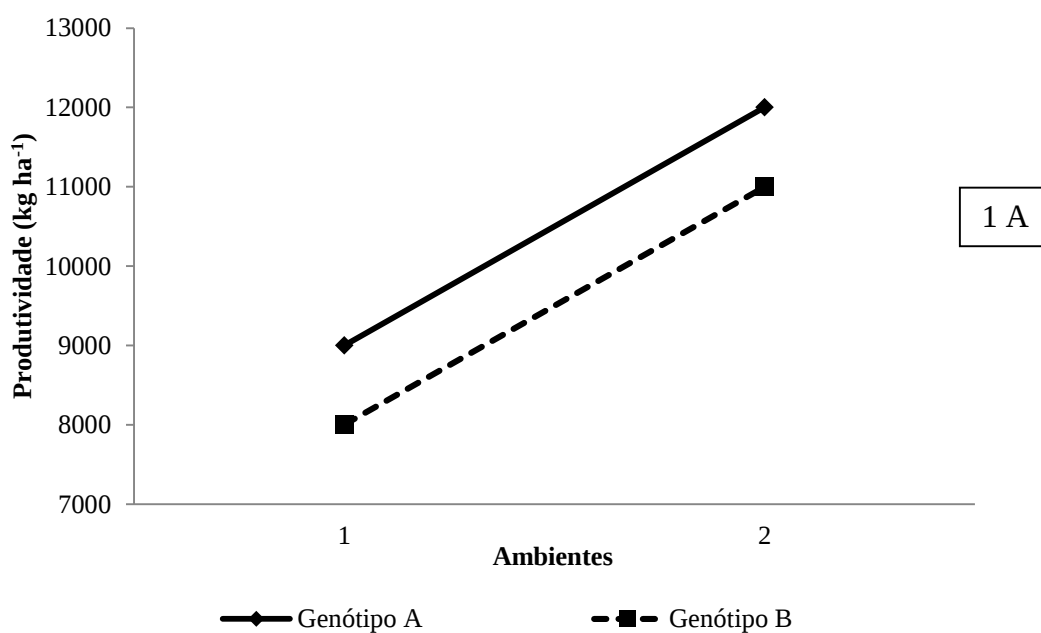
Quando determinados genótipos são avaliados em diferentes ambientes, geralmente ocorre de o ambiente alterar a resposta do mesmo caráter em genótipos distintos, ou seja, pode ocorrer uma interação entre fatores. A combinação das diferentes condições, definidas pelos locais e safras, pode ser considerada como um único fator para as condições ambientais (FERREIRA *et al.*, 2006).

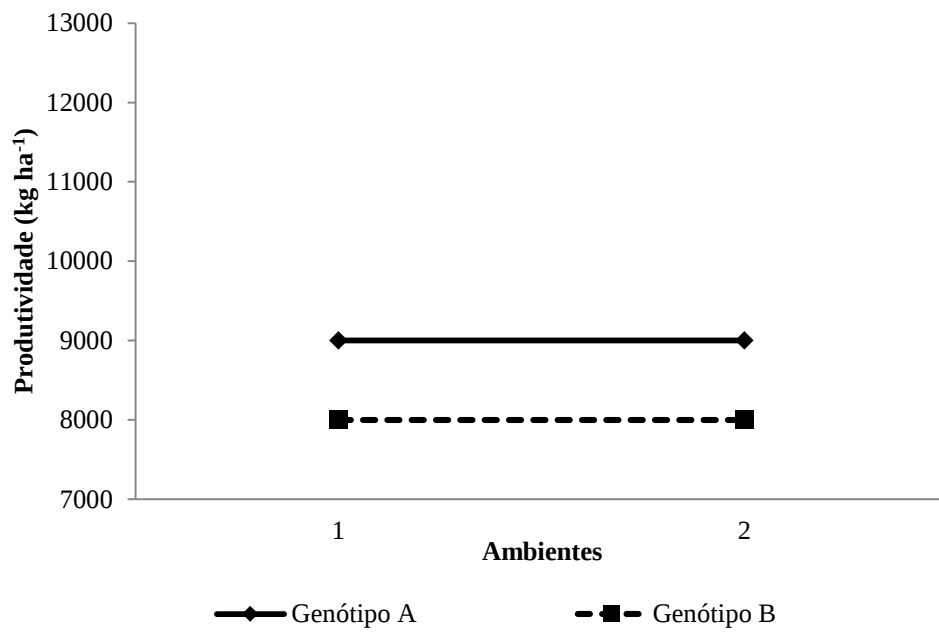
A interação G x A pode ser classificada em dois tipos: simples e complexa. A interação simples é proporcionada pela diferença de variabilidade entre os genótipos nos ambientes, de forma que a posição relativa desses genótipos não é alterada. Esse tipo de interação não impõe dificuldade à seleção dos genótipos superiores nem à indicação de cultivares, uma vez que os melhores genótipos em um ambiente também o são em outros. A interação complexa ocorre pela falta de correlação entre os desempenhos dos genótipos, de modo que esses apresentam diferentes respostas em função das variações ambientais, causando alteração na sua classificação nos diferentes ambientes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Tomando-se um exemplo hipotético, em que se avaliaram dois genótipos em dois ambientes para o caráter

produtividade de grãos (kg ha^{-1}), podem-se visualizar os tipos de interação G x A. Nas Figuras 2.1a e 2.1b, as retas paralelas ou equidistantes, representam a ausência de interação, ou seja, os genótipos responderam igualmente à melhoria ambiental (1a) ou, então, mantiveram-se indiferentes com variação do ambiente (1b).

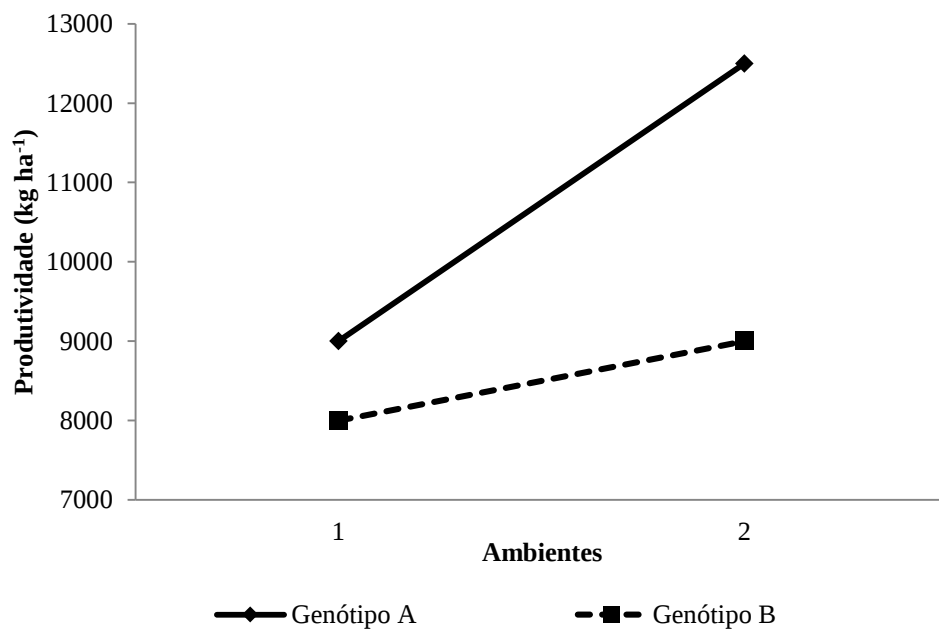
Na Figura 2.1c, essa representa a interação do tipo simples, em que é caracterizada pela não alteração das posições relativas dos genótipos, dentro dos ambientes, tomados dois a dois, havendo, porém, diferença apenas na magnitude das respostas.

A interação do tipo complexa está representada na Figura 2.1d. Ela ocorre quando a correlação entre o desempenho dos genótipos ao longo dos ambientes em estudo é baixa, fazendo com que a sua posição relativa seja alterada em virtude das diferentes respostas às variações ambientais, o que causa uma inversão significativa na classificação das cultivares ao longo dos ambientes (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Esse tipo de interação é a que dificulta o trabalho do melhorista.





1 B



1 C

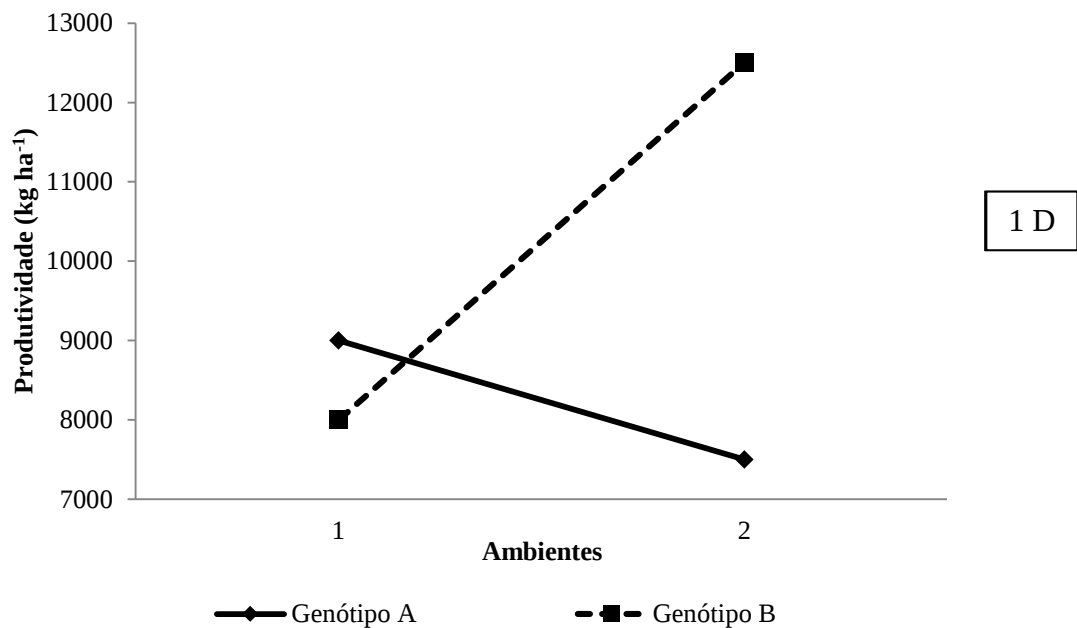


FIGURA 2.1 Padrões de comportamento dos genótipos (A e B) em dois ambientes, destacando a ausência de interação (figuras 1a e 1b), bem como os tipos de interação simples (1c) e complexa (1d).

A alteração no comportamento dos genótipos para um determinado caráter ocorre devido aos efeitos genéticos e ambientais não serem independentes, uma vez que as respostas dos genótipos podem ser diferenciadas com as variações ambientais. Em termos genéticos, a interação ocorre quando a contribuição dos alelos dos diferentes genes que controlam o caráter ou o nível de expressão dos mesmos não coincide entre os ambientes (KANG, 1998).

Como a interação $G \times A$ resulta da resposta diferenciada dos genótipos à variação ambiental, ela não deve ser vista como um simples efeito estatístico e, sim, como um fenômeno biológico e com suas aplicações no melhoramento de plantas (CHAVES, 2001). Desse modo, pode-se dizer que é por meio de procedimentos estatísticos, juntamente com conhecimento biológico, que se podem obter melhores informações para entender a interação $G \times A$ e propor alternativas para minimizá-la ou aproveitá-la em benefício do melhoramento e lançamentos de cultivares com maior especificidade (GARBUGLIO, 2010).

Se não houvesse a interação $G \times A$, uma dada cultivar poderia se adaptar à maioria dos ambientes de cultivo (locais, safras, condições de clima e solo), de maneira que um único ensaio conduzido em um só local seria suficiente para obter informações universais (DUARTE; VENCOSKY, 1999). Por outro lado, se a interação $G \times A$ for significativa, a seleção de um genótipo superior em um ambiente pode não o ser em outro e, com isso, faz-se necessária a

identificação de genótipos quanto à adaptabilidade e à estabilidade para uma recomendação segura de cultivares.

Uma determinada cultivar pode apresentar adaptabilidade do tipo amplo e restrito a ambientes favoráveis e desfavoráveis. As cultivares de ampla adaptação normalmente apresentam rendimentos subótimos e as de adaptabilidade restrita a determinados ambientes (favoráveis ou desfavoráveis), associadas com características previsíveis do ambiente, geralmente oferecem oportunidade de rendimentos mais elevados. Logo, como citado anteriormente, a interação $G \times A$ não é apenas um problema, mas também uma oportunidade que pode auxiliar no melhoramento de plantas (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Adaptações específicas de genótipos a determinados ambientes podem fazer a diferença entre uma boa e uma excelente cultivar. Mas, para que seja possível explorar esses efeitos positivos da interação $G \times A$, é preciso dispor de métodos estatísticos capazes de detectar esse tipo de informação (GAUCH; ZOBEL, 1996; DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

As respostas dos genótipos também são influenciadas pela variação ambiental, que pode ser de dois tipos: variações previsível e imprevisível. As previsíveis incluem todos os fatores permanentes do ambiente, como as características gerais do clima e do tipo de solo. Incluem também os aspectos do ambiente que são influenciados pelo homem, como data e densidade de semeadura, método de preparo do solo e colheita, entre outros. A segunda categoria inclui as flutuações variáveis do ambiente, como quantidade e distribuição de chuvas, variações na temperatura, umidade relativa do ar etc. (ALLARD; BRADSHAW, 1964).

Ambientes diferem na quantidade e na qualidade dos insumos e estímulos que eles transmitem às plantas, incluindo, por exemplo, a quantidade de água, nutrientes etc. Um dos principais objetivos do melhoramento de plantas é reunir alelos favoráveis em um determinado genótipo, de tal maneira que sejam obtidas cultivares melhoradas. Por exemplo, o melhorista pode estar interessado em selecionar genótipos que se desenvolvem bem sob déficit hídrico (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013).

2.7.1 Estratificação ambiental e adaptabilidade e estabilidade

Existem vários métodos que visam a esclarecer os efeitos da interação $G \times A$. Entre os métodos tradicionais, alguns permitem estratificar o grupo de ambientes em subgrupos, dentro dos quais a interação não se mostre significativa, permitindo, assim, recomendações

regionalizadas (DUARTE; ZIMMERMANN, 1991) e reduzindo o número de ambientes a serem avaliados na geração seguinte, pois, em grupos de ambientes cuja interação é não significativa, não há diferença entre os ambientes desse grupo, desse modo pode-se selecionar um ambiente dentro do grupo para que seja feita a avaliação das cultivares.

Quando a interação $G \times A$ é de elevada magnitude, o desempenho observado de um conjunto de genótipos, em um ambiente não é muito informativo para seu desempenho em outro ambiente. Ambientes com características semelhantes induzem respostas correspondentes em plantas e a fortes correlações genéticas (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013).

Para ilustrar as implicações da interação $G \times A$, será admitido um exemplo, em que se tem um conjunto de g genótipos avaliados em a ambientes (locais ou safras), que podem ser representados por meio de uma tabela de dupla entrada. Assim, as médias de cada combinação de genótipos e ambientes, obtidas a partir de r repetições por experimento, em um conjunto de dados balanceados, podem ser representados na Tabela 1.

Desse modo, sendo a interação $G \times A$ significativa, não se pode fazer inferências sobre qual o melhor genótipo, pois depende do ambiente, bem como sobre o melhor ambiente, pois depende do genótipo.

TABELA 2.1 Estimativas das médias de g genótipos em cada um dos a ambientes.

Genótipos	Ambientes				Total	Médias marginais
	1	2	...	a	$(Y_{i.})$	$(\bar{Y}_i)$
1	Y_{11}	Y_{12}	...	Y_{1a}	$\bar{Y}_{1.}$	$\bar{Y}_1$
2	Y_{21}	Y_{22}	...	Y_{2a}	$\bar{Y}_{2.}$	$\bar{Y}_2$
.	.	.	...	.	.	.
.	.	.	...	.	.	.
.	.	.	...	.	.	.
g	Y_{g1}	Y_{g2}	...	Y_{ga}	$\bar{Y}_{g.}$	$\bar{Y}_g$
Médias $(\bar{Y}_{i.})$	$\bar{Y}_{.1}$	$\bar{Y}_{.2}$	...	$\bar{Y}_{.a}$	$\bar{Y}_{..}$	$\bar{Y}$

Nos experimentos em que se deseja quantificar os efeitos da interação $G \times A$, o delineamento inteiramente casualizado, delineamentos em blocos completos e incompletos casualizados são amplamente utilizados. O modelo mais simples e comum para a análise estatística de um conjunto de dados em diferentes ambientes pode ser representado por meio de um modelo linear, em que se consideram genótipos e ambientes de natureza fixa, com isso o modelo é fixo:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + a_j + (ga)_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

Em que:

Y_{ijk} : observação do caráter do genótipo i no ambiente j na repetição k ;

μ : média geral;

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

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

ga_{ij} : efeito fixo da interação do genótipo i com o ambiente j ;

$\bar{\varepsilon}_{ijk}$: erro experimental médio. Pressupõe-se $\varepsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$;

O quadro de análise de variância (ANAVA) correspondente tem, portanto, a estrutura mostrada na Tabela 2, tomando como base um experimento instalado em delineamento inteiramente casualizado (DIC) (Tabela 2):

TABELA 2.2 Resumo da análise de variância conjunta para g genótipos e a ambientes em delineamento inteiramente casualizado.

Fontes de variação (FV)	Graus de liberdade (gl)	E(QM)
Genótipos (G)	$g-1$	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2 + ra\sigma_g^2$
Ambientes (A)	$a-1$	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2 + \sigma_r^2 + gr\sigma_a^2$
G x A	$(g-1)(a-1)$	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2$
Erro	$a(g-1)(r-1)$	σ^2
Total	$gar-1$	

A análise conjunta de dados permite identificar se há interação G x A e, caso exista, é possível detectar o tipo de interação, pela sua decomposição, se é simples ou complexa. Para realização da análise conjunta, é preciso atender ao requisito de homogeneidade das variâncias residuais.

Diante disso, primeiramente realizam-se as análises de variância individuais de cada experimento, e consideram-se os quadrados médios residuais. Posteriormente, avalia-se a homogeneidade das variâncias residuais, por meio da razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (QMR), considerando-se sete como valor limitante, para realização da análise de variância conjunta, conforme descrito Ramalho *et al.* (2012).

Logo, diante de uma interação G x A significativa, podem-se realizar as seguintes análises: (a) Decomposição da interação G x A; (b) Estratificação ambiental; e (c) Análise de adaptabilidade e estabilidade

Uma partição do quadrado médio da interação G x A em parte simples e complexa, permite verificar qual o tipo de interação é predominante. A metodologia proposta por Cruz e Castoldi (1991) tem sido muito utilizada. Essa metodologia procura quantificar o percentual da parte simples atuante da interação G x A, em que as posições relativas dos genótipos de um ambiente para outro não sofram alterações relevantes ou que comprometam as recomendações dos genótipos, ou seja, consiste em separar a interação G x A entre pares de ambientes em duas partes. A primeira, denominada simples (PS%), é proporcionada pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, e a segunda, denominada complexa (PC%), é gerada pela baixa correlação entre os locais em razão do desempenho irregular dos genótipos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A ocorrência de maior parte da interação atribuída à parte simples significa que os ambientes são similares, de modo que são considerados similares os ambientes com percentagem simples da interação acima de 50%. No entanto, a maior ocorrência no processo de melhoramento de plantas é de interação do tipo complexa (RIBEIRO, 2011).

A estratificação ambiental visa a verificar se, entre os ambientes da rede experimental, há padrões de similaridade de resposta das cultivares avaliadas. A análise de adaptabilidade e de estabilidade possibilita a identificação de genótipos de comportamento previsível e responsivos às variações ambientais sob condições específicas ou amplas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Quanto a estratificação ambiental, Yan *et al.* (2000) concluíram que o propósito desse estudo é identificar ambientes testes para uma seleção efetiva de genótipos superiores para um mega-ambiente. Um ambiente ideal para teste deve ser tanto discriminatório para os genótipos, quanto representante do mega-ambiente. O ambiente escolhido deve apresentar algumas características, tais como: capacidade de discriminar os genótipos, fornecer informações suficientes sobre a diferença entre os genótipos e ser representativo para o mega-ambiente.

Métodos estatísticos, que estudam a adaptabilidade e estabilidade, procuram identificar os genótipos que menos contribuem para a interação, ou seja, genótipos mais estáveis e que poderiam ser recomendados para todos os ambientes, desde que mostrem também características desejáveis (DUARTE; VENCOVSKY, 1999), por exemplo, alta produtividade de grãos.

Existem inúmeros métodos utilizados para se avaliar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica de genótipos em fase final do processo de melhoramento genético. A diferença entre eles está nos parâmetros adotados para a sua avaliação, nos procedimentos estatísticos

empregados para avaliá-los, na informação ou facilidade de interpretação de sua análise (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Entre os métodos para estudo da adaptabilidade e estabilidade de genótipos se destacam os não-paramétricos, os baseados na análise de variância, regressão linear única, regressão linear bissegmentada, regressão não-linear, métodos multivariados e aqueles que integram métodos univariados e multivariados. De acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), a escolha do método adequado a ser utilizado depende do tipo de dados experimentais, do número de ambientes envolvidos na seleção, da precisão requerida e do tipo de informação desejada (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Os métodos baseados em regressão são os mais utilizados no estudo de estabilidade. A regressão foi inicialmente proposta por Yates e Cochran (1938), porém, recebeu mais notoriedade por meio dos trabalhos de Finlay e Wilkinson (1963) e de Eberhart e Russel (1966).

Apesar da vasta utilização dos métodos baseados em regressão, existem algumas limitações. Acredita-se que a análise de regressão linear não seja informativa se a linearidade falha e que seja altamente dependente do grupo de genótipos e ambientes envolvidos; desse modo tende a simplificar modelos de resposta, que muitas vezes explica a interação em uma única dimensão, quando, na realidade, ela possa ser complexa (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Além disso, esses procedimentos, em geral, não informam sobre interações específicas de genótipos com ambientes (se positivas ou negativas), dificultando explorar vantajosamente os efeitos da interação (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

A análise multivariada é uma ferramenta estatística que apresenta uma visão global do fenômeno, pois permite o estudo das relações entre as variáveis e como seus efeitos determinam a totalidade do fenômeno (FERREIRA, 2008). Crossa, Gauch, Zobel (1990) sugere que a utilização de métodos multivariados pode ser útil para melhor explorar as informações contidas nos dados.

Entre as metodologias de análise multivariada mais utilizada na avaliação da interação $G \times A$, destacam-se as que se baseiam em análise multiplicativa, que explora a resposta dos genótipos em ambientes específicos, descrevendo a interação $G \times A$ de uma forma parcimoniosa e fazem uso de decomposição por valor singular da matriz de interação, ajustando as análises dos genótipos e ambientes e suas interações em gráficos denominados *biplot* (YAN *et al.*, 2000). O gráfico *biplot* captura uma proporção maior do valor real da expressão dos genótipos e sua interação com os ambientes e facilita a interpretação dos resultados (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Existem inúmeras técnicas de análises multivariadas, cada uma com sua finalidade específica. Com isso, a técnica a ser aplicada vai depender do objetivo do pesquisador em relação aos seus dados. Algumas técnicas são utilizadas para prever, outras para otimizar, outras para resumir, cada uma com seus respectivos métodos e aplicabilidades (YAN *et al.*, 2000).

Diante disso, muitos autores têm sugerido a aplicação de métodos multivariados para melhor explorar as informações contidas nos dados e recomendam técnicas como a análise de componentes principais (ACP), a análise de agrupamentos, a análise AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*), análise de fatores e a metodologia GGE biplot (*Genotype main effects and Genotype x Environment interaction*)

2.8 Métodos multivariados para estudos de estratificação ambiental, adaptabilidade e estabilidade

2.8.1 Análise AMMI

A análise AMMI, proposta inicialmente por Mandel (1971), é um tipo de análise que permite um detalhamento maior da soma de quadrados da interação e, conseqüentemente, traz vantagens no entendimento desse efeito, quando comparada a outros métodos tradicionais de análise.

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). Assim, a resposta média de um genótipo *i* em um ambiente *j* é dada por:

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

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 número de componentes principais varia de 1 a q , sendo $q = \text{mínimo}(g-1; a-1)$.

A análise AMMI visa a selecionar modelos que expliquem o padrão relacionado à interação, eliminando os ruídos presentes nos dados e sem interesse agrônômico (LAVORANTI *et al.*, 2004). Na aplicação do método AMMI, inicialmente é realizada a análise de variância de modo convencional. Depois, é estimado o efeito da interação para cada genótipo em cada ambiente (ga_{ij}). A interação $G \times A$ é desdobrada por meio da técnica dos componentes principais. O objetivo dessa decomposição é captar por meio de alguns poucos componentes (até três) grande parte do padrão de variação, causada pela interação $G \times A$ facilitando a visualização e interpretação dos resultados (RAMALHO *et al.*, 2012).

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, com o objetivo de reduzir a quantidade de dados, com menor perda possível da informação (VARELA, 2008).

Os componentes principais apresentam propriedades importantes, tais como: cada componente principal é uma combinação linear de todas as variáveis originais, são independentes entre si e estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo de informação, em termos da variação total contida nos dados (VARELA, 2008).

Quando se avaliam vários caracteres no campo, por exemplo, altura da planta, produtividade de grãos, percentagem de óleo, ciclo etc., utiliza-se a técnica de componentes principais, com vistas a encontrar combinações lineares dessas variáveis que melhor descrevam a variabilidade dos genótipos (DUARTE; VENCOSKY, 1999).

Para estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade e estabilidade, a técnica multivariada de componentes principais é empregada na análise AMMI, em que o caráter multivariado difere do inerente à maioria das aplicações de técnicas multivariadas. Nessa análise, os dados experimentais referem-se a um único caráter, por exemplo, produtividade de grãos, mas a abordagem é considerada multivariada, pois estão envolvidas duas variáveis de interesse: genótipos e ambientes (RAMALHO *et al.*, 2012).

O número de componentes principais, retidos para a maioria das aplicações, com os quais se pretende reduzir a dimensão dos dados e fornecer uma descrição mais parcimoniosa da interação G x A, é o menor possível (dois ou três no máximo) (LAVORANTI *et al.*, 2004).

Um dos procedimentos usuais adotados para a definição do número de eixos a serem retidos, para explicar o padrão relacionado à interação, consiste em determinar graus de liberdade associados à parcela da soma de quadrados devido à interação G x A relacionada a cada membro da família AMMI. Obtém-se, então, o quadrado médio correspondente a cada parcela (ou modelo), posteriormente é obtido um teste F, avaliando-se a significância de cada componente em relação ao quadrado médio do erro (LAVORANTI *et al.*, 2004). Isso resulta em um quadro de análise de variância semelhante ao tradicional, com desdobramento para a fonte de variação G x A (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

O desdobramento é considerado ortogonal da soma de quadrados da interação, considera-se, por esse procedimento, que o quociente entre o quadrado médio de um dos componentes da interação e o quadrado médio do erro segue uma distribuição F, com os correspondentes graus de liberdade (desde que garantida uma aproximação normal para a variável resposta original). Desse modo, o ponto de parada que determina a seleção do modelo (AMMI0, AMMI1,..., ou AMMIF) baseia-se na significância do teste F para os sucessivos termos da interação e o quanto que cada modelo retém da variação (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

O tipo de modelo AMMI relaciona-se ao número de componentes principais que, de acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) são aqueles que acumulam 70% ou mais de proporção da variação total. O resíduo AMMI, reunindo os demais (últimos) termos da $SQ_{G \times A}$ (descartados), também pode ser testado (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

O objetivo final, como o desdobramento, sempre é identificar algum padrão importante que, uma vez incorporado no modelo, melhore sua capacidade preditiva (GAUCH; ZOBEL, 1997). A análise AMMI procura capturar padrões presentes nos dados, que possam contribuir para melhor explicar a resposta diferencial dos genótipos quando cultivados em diferentes

ambientes (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Sobre o modelo AMMI selecionado pelo eixo da interação da análise de componentes principais, determinam-se os escores dos níveis de cada fator pela decomposição de valores singulares (DVS) (RAMALHO *et al.*, 2012).

Com a obtenção desses escores é possível explorar o efeito positivo da interação, em que deve ser observado o produto entre os escores, os quais fornecem as estimativas dos efeitos da interação. Os efeitos positivos desses produtos indicam situações favoráveis, ou seja, as maiores estimativas às respostas dos caracteres estudados. Essas relações também podem ser vistas pelos biplot's AMMI selecionados, por meio dos sinais dos escores para cada par de níveis dos fatores cruzados. Desse modo, os escores de sinais opostos indicam certo antagonismo com uma combinação desfavorável (LAVORANTI *et al.*, 2004).

A aproximação DVS de uma matriz, por outra de posto inferior possibilita a formação de um gráfico, denominado *biplot* (GABRIEL, 1971), que apresenta a possibilidade de representar, os efeitos de interação para cada genótipo e cada ambiente. Para permitir a construção do gráfico o posto da matriz aproximada deverá ser igual a um, dois ou três, resultando em um gráfico *biplot* em uma, duas ou três dimensões, respectivamente (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

O gráfico *biplot* da análise AMMI facilita a interpretação da interação $G \times A$, observando a magnitude e o sinal dos escores para os eixos de componentes principais. Logo, escores baixos (próximos da origem) indicam que os níveis do fator contribuem pouco ou quase nada para a interação (LAVORANTI *et al.*, 2004). Esse tipo de informação permite aos pesquisadores selecionar ambientes e/ou genótipos mais estáveis, conforme seus interesses (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

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

Os gráficos *biplot* resultantes da análise AMMI podem ser gerados utilizando apenas o primeiro eixo da interação (primeiro componente principal) ou utilizando os dois eixos da interação (primeiro e segundo componente principal). No primeiro caso, embora seja utilizado apenas um componente principal, o gráfico é construído com duas dimensões, em que o eixo das abscissas representa os efeitos principais (média de genótipos ou ambientes) e o eixo das ordenadas expressa os escores do primeiro componente principal (DUARTE; VENCOVSKY,

1999). Vale lembrar que, para o uso adequado do modelo AMMI1, além da significância desse modelo, é necessário que o primeiro componente principal absorva pelo menos 70% da variação

A estabilidade dos genótipos é um indicativo de suas respectivas amplitudes adaptativas, ou seja, os genótipos estáveis mostram-se amplamente adaptados aos ambientes de testes. Para fins de recomendação de cultivares, genótipos estáveis devem apresentar um desempenho desejável (ex. produtividade de grãos), o que é avaliado pelas médias dos efeitos principais no modelo AMM1 (DUARTE; VENCovsky, 1999).

Para obter o número de graus de liberdade associado a cada um dos componentes principais utiliza-se a seguinte expressão (RAMALHO *et al.*, 2012):

$$GL (c\text{-ésimo CP}) = g + a - [1 + (2c)]$$

Em que *c* corresponde ao índice do componente principal que está sendo estimado. A soma dos graus de liberdade dos componentes principais corresponde ao grau de liberdade da interação G x A.

Sabe-se que os primeiros componentes principais captam maior parte da variação, com diminuição nos componentes subsequentes. Desse modo, à medida que se eleva o número de componentes selecionados, aumenta-se a porcentagem de “ruído”, reduzindo o poder de predição da análise (OLIVEIRA, DUARTE, PINHEIRO, 2003).

A utilização do gráfico *biplot* da análise AMMI facilita a interpretação da interação G x A. Genótipos que são mais semelhantes entre si ficam mais próximos na dispersão gráfica. O mesmo acontece para os ambientes. Genótipos e/ou ambientes que são similares tendem a se agrupar (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013).

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):

Quanto à estratificação ambiental, os ambientes pertencentes ao mesmo grupo (ambientes mais próximos no gráfico) são semelhantes (RAMALHO *et al.*, 2012), com isso pode-se selecionar para testes posteriores um dos ambientes pertencentes ao mesmo grupo, de acordo com as necessidades estabelecidas pelo pesquisador.

A adaptabilidade dos genótipos em cada ambiente de cultivo é interpretada observando-se os sinais dos escores para genótipos e ambientes, visto que genótipos e ambientes com

escores de mesmo sinal interagem positivamente (DUARTE; VENCOVSKY, 1999), indicando em qual local o genótipo deve ser preferencialmente cultivado.

2.8.2 Análise de fatores

Muitos estudos de adaptabilidade e estabilidade e de estratificação ambiental, apesar de terem sua importância reconhecida, geralmente têm sido realizados e interpretados de forma separada, sendo, portanto, de pouco proveito para o melhoramento genético (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Algumas metodologias de adaptabilidade e de estabilidade chegam a particularizar a resposta de genótipos em grupos de ambientes, mas, nesses casos, a estratificação ambiental feita é questionável, pois admite-se existirem dois grupos de ambientes, um favorável (com índices ambientais positivos) e outro desfavorável (com índices ambientais negativos). Além do problema de considerar apenas dois grupos de ambientes, há críticas quanto ao fato de admitir que ambientes identificados como favoráveis (ou desfavoráveis) indiquem padrão similar de comportamento dos genótipos. Desse modo, é mais razoável admitir que, na análise de estratificação ambiental, deve-se reunir ambientes que promovam classificação genotípica similar, independente da qualidade ambiental (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Diante do exposto, Murakami e Cruz (2004) propuseram uma metodologia que contempla, simultaneamente, as análises de adaptabilidade e de estratificação de ambientes por meio do princípio da similaridade do desempenho genotípico, baseada na técnica multivariada de análise de fatores.

A análise de fatores é uma técnica multivariada utilizada, entre outras formas, nos estudos de estratificação ambiental e permite reduzir um número elevado de variáveis originais a um pequeno número de variáveis abstratas, chamadas de fatores (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Esses fatores podem ser independentes ou correlacionados e cada fator pode reunir variáveis originais fortemente correlacionadas entre si, mas fracamente correlacionadas com as variáveis dos outros fatores (JOHNSON; WICHERN, 1992). Assim, postula-se que a análise de fatores seja capaz de formar subgrupos de ambientes de modo a haver altas correlações na característica de interesse dentro de subgrupos e baixa, ou nenhuma, entre subgrupos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

O modelo fatorial pressupõe que cada variável resposta pode ser expressa por uma combinação linear de fatores comuns, além do erro (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Estudos da adaptabilidade e estabilidade baseados na análise de fatores são realizados graficamente por meio de escores obtidos em relação aos fatores. Desse modo são traçados eixos paralelos, tomando-se as médias dos escores, de modo a estabelecer quatro quadrantes. Nos quadrantes II e IV, estarão os genótipos com adaptabilidade específica à região determinada pelo fator. No quadrante I, estarão os genótipos de adaptabilidade ampla, ou seja, apresentarão escores altos para os ambientes agrupados nos dois fatores, simultaneamente e no quadrante III estarão os genótipos de baixa *performance*, passíveis de não indicação de cultivo para os ambientes em estudo (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Quando se deseja realizar a estratificação ambiental por meio da análise de fatores, deve-se interpretar o significado de cada fator e avaliar o interesse por ele. São analisados os elementos ou cargas fatoriais, identificando, para cada variável (que, nesse caso, representa um determinado ambiente), os fatores com coeficientes de ponderação próximos da unidade. O agrupamento de ambientes é realizado, portanto, a partir das informações sobre a magnitude das cargas fatoriais finais (obtidas após rotações). Cargas fatoriais maiores ou iguais a 0,70, em valor absoluto, indicam ambientes com altas correlações e são agrupadas dentro de cada fator; cargas fatoriais com valores baixos ($\leq 0,5$) indicam que o respectivo ambiente não deve pertencer ao grupo; e cargas fatoriais com valores intermediários não garantem nenhuma definição de agrupamento (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Antecipadamente à obtenção das cargas fatoriais que permitirão identificar o melhor agrupamento de ambientes, deve-se estabelecer o número de fatores a serem analisados. O número de fatores finais pode ser admitido como igual ao número de autovalores maiores ou iguais a 1,0. No entanto, os casos em que a proporção da variabilidade explicada pelos autovalores maiores que 1,0 for baixa, podem ser considerados mais fatores, até que se atinja uma proporção adequada da variabilidade, geralmente próximo de 80% da variação total (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Outro aspecto que deve ser considerado é o fato de que as cargas fatoriais não possibilitam clara definição dos ambientes mais similares, recomendando-se obter novos valores, denominados cargas fatoriais finais, que são obtidas por rotação via recursos computacionais. Na rotação, os eixos são girados com o propósito de mostrar um padrão mais visível das cargas dos fatores. A extração das cargas fatoriais é feita pelo método dos componentes principais (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

2.8.3 Análise GGE BILOT

A análise GGE Biplot se origina da análise SREG (*Sites Regression*), que analisam ensaios multiambientais para testar adaptação geral e específicas de cultivares. A análise de dados, segundo o modelo SREG (*Sites Regression*), utiliza o gráfico conhecido em inglês como GGE (*Genotype main effects and Genotype x Environment interaction*), que permite explorar respostas dos genótipos a ambientes específicos. O modelo multiplicativo SREG é semelhante ao modelo multiplicativo AMMI (SOUZA, 2010).

Durante o processo de melhoramento, o melhorista busca trabalhar com toda variância genética, não só na variância proveniente da interação G x A. Para isso, Yan *et al.* (2000) apresentaram uma modificação nas análises AMMI, para estudos da interação G x A. Esses autores propuseram utilizar os efeitos combinados dos genótipos (G) e da interação G x A, obtendo-se os gráficos denominados “GGE biplot” que facilitam a identificação visual dos genótipos e ambientes em avaliação e a estratificação ambiental.

A análise GGE biplot, assim como a análise AMMI, leva em consideração a análise de variância com componentes principais e demonstra eficiência superior na explicação de uma maior proporção da soma de quadrados da interação, quando comparada com a análise de variância convencional e regressão conjunta (YAN *et al.*, 2000).

O gráfico GGE Biplot pode ajudar tanto na identificação de genótipos superiores amplamente adaptados, como na construção de mega-ambientes ou estratos, com fins de recomendação regionalizada e de seleção de locais de teste. A análise permite identificar o genótipo de maior potencial em cada ambiente, desse modo podem ser agrupados os genótipos e ambientes com padrões similares de resposta (LEITE, 2011).

Na análise GGE Biplot também são obtidos os escores dos componentes principais pela decomposição de valores singulares (DVS) e, assim como na análise AMMI a partir desses escores é possível explorar o efeito positivo da interação observando o produto desses.

As análises GGE biplot são realizadas considerando o modelo simplificado para dois componentes principais, centrado no ambiente (YAN, 2001):

$$\bar{Y}_{ij} - \mu_j = \lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1} + \lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

Em que:

$\bar{Y}_{ij}$: é a média do genótipo i no local j;

μ_j : é a média de todos os genótipos no local j ;

$\lambda_1\gamma_{i1}\alpha_{j1}$: é o primeiro componente principal (CP1) do efeito de genótipo + interação genótipos x ambientes, resultante da análise de componentes principais aplicada a matriz de interações;

$\lambda_2\gamma_{i2}\alpha_{j2}$: é o segundo componente principal (CP2) do efeito de genótipo + interação genótipos x ambientes, resultante da análise de componentes principais aplicada a matriz de interações;

λ_1 e λ_2 : são os autovalores associados ao CP1 e CP2;

γ_{i1} e γ_{i2} : são os escores do CP1 e CP2, respectivamente, para os genótipos;

α_{j1} e α_{j2} : são os escores do CP1 e CP2, respectivamente, para ambientes;

$\bar{\epsilon}_{ij}$: é o resíduo do modelo com NID $(0, \sigma^2/r)$ (onde σ^2 é a variância do erro entre parcelas e r é o número de repetições).

Na análise GGE Biplot, não é possível utilizar apenas um componente principal e a média da variável resposta para construir o gráfico *biplot*, como acontece no modelo AMMI1; nessa análise, o gráfico formado leva em consideração os dois primeiros componentes principais (autovalores) derivados da decomposição dos valores singulares (DVS) dos efeitos de genótipo (G) + interação (G x A), que são os eixos dos gráficos e representam a maior parte da variância dos dados, tomando como fixo o ambiente, e a variação da variável resposta (por ex. produtividade) é devida exclusivamente aos efeitos de genótipos e da interação (G x A) (YAN, 2001).

Com os gráficos GGE biplot, é possível avaliar três aspectos importantes (YAN, 2001), tais como:

1) A relação entre genótipo e ambiente, possibilitando o agrupamento de genótipos e ambientes com comportamentos semelhantes, mostrando o genótipo com maior potencial (por ex. mais produtivo) e sua identificação em cada subgrupo de ambientes (mega-ambientes);

2) Inter-relação entre ambientes, facilitando a identificação do melhor ambiente na avaliação das cultivares e indicando qual ambiente pode ser menos favorável;

3) Inter-relação entre genótipos, permitindo a comparação dos genótipos e do ordenamento (*ranking*) para os parâmetros de rendimento e estabilidade.

Para interpretação da análise GGE Biplot, diante do gráfico formado, primeiramente deve-se definir o número de estratos ambientais ou mega-ambientes; para isso, são traçadas linhas ligando os pontos dos genótipos mais afastados da origem em cada quadrante (os mais dispersos), formando um polígono de forma que contenha os pontos de todos os genótipos restantes. Posteriormente esse polígono é dividido em diferentes setores, traçando linhas

perpendiculares aos seus lados em relação ao ponto de origem do gráfico (escores zero), e assim os ambientes e genótipos são separados em setores (RAMOS *et al.*, 2009).

Dessa forma, o genótipo situado no vértice (ponto comum) de cada estrato ou mega-ambiente representa o genótipo vencedor para o grupo de ambientes inseridos nesse estrato. Esse procedimento possibilita a identificação de grupos de ambientes capazes de discriminar os genótipos superiores e utiliza a abordagem de “qual genótipo ganha onde”, ou seja, qual ambiente é mais indicada para cada genótipo (CHAVANNE *et al.*, 2007).

O gráfico GGE *biplot* permite indicar também o ambiente e o genótipo ideal. O ambiente ideal para testes é aquele que apresenta alto valor para CP1 (maior poder de discriminação de genótipos) e próximo de zero para o componente principal dois (CP2) (mais representativo da média ambiental geral). O genótipo ideal é aquele que apresenta alto valor de CP1 (alta média de produtividade) e valor próximo de zero para o CP2 (mais estável). Desse modo, pode-se afirmar que o primeiro componente principal representa a produtividade e, o segundo componente principal, a estabilidade (SOUZA, 2010).

2.8.4 Comparação entre as análises

Os métodos de análises apresentados, embora tenham sido focalizados para o estudo da interação de genótipos por ambientes ($G \times A$), podem, certamente, ser utilizados para experimentos com dois fatores de classificação cruzada, que gerem dados conjuntos, ou seja, para qualquer conjunto de dados que possa ser disposto em uma tabela de dupla entrada. Basta, para isso, que a pressuposição mínima para a aplicação de uma análise de variância conjunta seja atendida.

A escolha do método adequado a ser utilizado depende dos objetivos almejados, devendo levar em consideração os dados experimentais, o número de ambientes envolvidos na seleção e da precisão requerida. As análises AMMI, GGE Biplot e a análise de fatores apresentam, cada uma, seus pontos positivos e negativos. Desse modo, cabe ao pesquisador analisar cada situação e fazer a escolha segura da melhor análise para seus dados.

A análise AMMI, GGE Biplot e Análise de fatores possibilitam uma verificação mais detalhada da interação $G \times A$, garantindo a seleção de genótipos mais produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambientes), propicia estimativas mais precisas das

respostas genotípicas e possibilita uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013).

Mais especificamente, por meio da análise AMMI, é possível obter informações importantes para a realização de recomendações regionalizadas e seleção de locais de teste (GAUCH; ZOBEL, 1996). Também possibilita a representação gráfica simultânea dos escores dos efeitos da interação para cada fator principal, obtidos por análise multivariada, podendo, dessa forma, a interpretação ser feita por meio da análise da magnitude e do sinal dos escores dos componentes principais (LAVORANTI *et al.*, 2004). Quanto ao agrupamento dos ambientes no gráfico biplot, a análise AMMI apresenta desvantagem em relação à GGE biplot, já que esta agrupa de maneira mais clara os ambientes favoráveis e desfavoráveis (SILVA *et al.*, 2011).

O método GGE Biplot quando comparado com o AMMI, apresenta a vantagem de permitir inferir sobre quais genótipos estiveram entre os melhores para cada mega-ambiente formado, facilitando a seleção dos genótipos superiores. Outra vantagem é representação do genótipo e do ambiente ideal, que servem de referência para a avaliação dos genótipos e para escolha de ambientes com maior interação $G \times A$. No entanto, quanto à porcentagem de explicação da soma dos quadrados, a análise AMMI se mostra superior em relação à GGE Biplot (MATTOS *et al.*, 2013), quando utilizado o modelo AMMI1.

Segundo Resende e Thompson (2004) o método do AMMI apresenta algumas limitações, tais como: (1) Considera os efeitos de genótipo e de $G \times A$ como fixos; (2) É adequado apenas para dados balanceados; (3) Não considera a variação espacial dentro de ensaios; (4) Não considera a heterogeneidade de variância entre ensaios e; (5) Não considera a utilização de diferentes números de repetições entre os ensaios.

A análise GGE Biplot apresenta algumas vantagens, tais como: com os gráficos GGE biplot, os genótipos podem ser avaliados em ambientes individuais e por meio de vários ambientes, com respeito a seu comportamento médio, a estabilidade e a capacidade de adaptação geral e específica (YAN *et al.*, 2000); o gráfico GGE biplot possibilita tanto a identificação de genótipos superiores amplamente adaptados como a construção de mega-ambientes ou estratos, com fins de recomendação regionalizada e de seleção de locais de teste (LEITE, 2010); permite identificar o genótipo de maior potencial em cada ambiente e logo podem ser agrupados os genótipos e ambientes com padrões similares de resposta (YAN *et al.*, 2001; MATTOS *et al.*, 2013). O agrupamento dos ambientes pelo método GGE Biplot é mais garantido que o AMMI, uma vez que a formação de estratos ambientais é baseada em critérios

estatísticos de fácil entendimento e apresentação gráfica clara, permitindo a delimitação de estratos.

Segundo Yan *et al.* (2000), o método GGE Biplot é superior ao AMMI, pois considera os efeitos principais dos genótipos com o efeito da interação genótipo x ambiente, que, no AMMI, são estimados como efeitos aditivos.

Balestre *et al.* (2009) comparando os métodos GGE Biplot e AMMI, afirmam que o modelo GGE Biplot é superior ao AMMI apenas quando há a seleção do AMMI1, caso em que há superioridade da GGE Biplot devido à maior captação da soma de quadrados e acurácia preditiva, enquanto, ao ser comparado ao AMMI2, o método AMMI foi superior.

Quanto à análise de fatores, podem-se citar algumas vantagens, tais como: a estratificação não é feita por meio de dispersão gráfica e, por esse método, pode-se avaliar quantos fatores forem possíveis (CRUZ; CARNEIRO, 2006); permite a formação de número maior de subgrupos (MEDONÇA *et al.*, 2007); possibilita o agrupamento de diferentes ambientes (favoráveis e desfavoráveis); a estratificação é realizada de forma separada, por meio dos escores dos fatores e mostra-se mais seletiva em reunir ambientes pela similaridade de desempenho dos cultivares (FRITSCHÉ-NETO *et al.*, 2010).

A análise de fatores, quando comparada à análise GGE Biplot, apresenta a desvantagem de não permitir inferências sobre interações G x A específicas (FRITSCHÉ-NETO *et al.*, 2010).

2.9 Referências

- ALCÂNTARA NETO, F. **Caracterização genético-molecular de um banco ativo de germoplasma de soja**. 2001. 75f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento) – Faculdade de agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2001.
- ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v.4, n.5, p.503-507, 1964.
- ALVES, B. J. R.; BODDEY, R. M.; URQUIAGA, S. The success of BNF in soybean in Brasil. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 252, n. 1, p. 1-9, 2003.
- ALMEIDA, R. D. **Divergência genética entre cultivares de soja e correlações entre suas características, sob condições de várzea irrigada, no sul do estado do Tocantins**. Tocantins, 2008. 59f. Dissertação (Mestrado em produção vegetal) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Federal de Tocantins, Gurupi, 2008.

ARRIEL, N. H. C., et al. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 5, p. 801-809, 2006.

BALESTRE, M.; et al. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, n. 4, p. 219-228, 2009.

BERTAN, I.; et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Agrociência**, Pelotas, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.

BONATO, A. L.; et al. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetic and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 29, n. 4, p. 692-704, 2006.

CAIXETA, E. T. ; FERRÃO, L. F. V. ; MACIEL-ZAMBOLIM, E. Marcadores moleculares. In: BORÉM, A. ; FRITSCHÉ-NETO, R. **Biotechnologia aplicada ao melhoramento de plantas**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2013, p. 31-68.

CAIXETA, E.T.; et al. Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (Eds). **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, 2006, 9-78p.

CARVALHO, C. G. P.; et al. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 3, p. 311-320, 2002.

CHAVANNE, E. R.; et al. Evaluación del comportamiento productivo de cultivares de caña de azúcar (*Saccharum* spp.) por meio de diferentes ambientes em Tucumán, aplicando la técnica estadística “GGE biplot”. **Revista Industrial y Agrícola Tucumán**, Las Talitas, v. 84, n. 2, p. 19-24, 2007.

CHAVES, L. J. Interação de cultivares com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.

COLOMBARI-FILHO, J. M. **Seleção de genitores para cruzamentos com base em distâncias genéticas moleculares e perspectivas para o melhoramento de soja**. Piracicaba, 2009. 98f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2009.

CONAB Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos – nono levantamento**. Brasília: CONAB, junho de 2013, 31p. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_06_06_09_09_27_boletim_gaos_-_junho_2013.pdf, Acesso em: 01 jul 2013.

CROSSA, J.; GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 30, p. 493-500, 1990.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: diversidade genética**. Viçosa: UFV. 2006, 278p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 38, p. 422-430, 1991.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011, 620p.

DUARTE, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. Selection of locations for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germoplasm evaluation. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 765-770, 1991.

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

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**, 4.ed. Longmans Green, Harlow, Essex, UK, 1996, 464p.

FALEIRO, F. G. Princípio científica e análise genéticas utilizando marcadores moleculares. In: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M. **Biotecnologia: estado de arte e aplicações na agropecuária**. Planaltina-DF: Embrapa Cerrados, 2011, p. 31-52.

FEHR, W. R. ; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University. Special Report, 80, Iowa Cooperative Extensive Service, Iowa, 12 p, 1977.

FERREIRA, D. F.; et al. Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. **Cerne**, Lavras, 12: 373-388, 2006.

FERREIRA, D. F. **Estatística multivariada**. Lavras: Ed. UFLA, 2008. 662 p.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. **The analysis of adaptation in a plant breeding program**. Australian Journal of Agriculture Research, East Melbourne, v. 14, n. 6, p. 742-754, Dec. 1963.

FRITSCHÉ-NETO, R.; et al. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype × environment interaction stratification in maize. **Revista Ciência Rural**, Santa Maria, v. 30, n. 5, p. 1043-1048, 2010.

FONSECA, J. R.; SILVA, H. T. da. Identificação de duplicidades de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 3, p. 409-414, 1999.

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

GARBUGLIO, D. M. **Metodologia de estratificação ambiental e adaptabilidade via análise de fatores associada aos efeitos genotípicos e de interação genótipos por ambientes**. 2010. 106f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de agronomia. Universidade Federal de Lavras, 2010.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Identifying mega-environments and targeting genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 311-326, 1997.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH JÚNIOR, H. G. (Ed.). **Genotype-by-environment proved and under what conditions this can be most environment interaction**. Boca Raton: CRC, 1996. p. 1-40.

HAMAWAKI, O. T.; et al. UFUS-Mineira: nova cultivar de soja para o estado de Minas Gerais. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 3, p. 424-427, 2010.

HEIKO, R. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba, 2001.

HIROMOTO, D. M. , VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* L. Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 2, p. 295-306. 1986.

HYTEN , D. L.; et al. Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. **Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America**, Washington, v. 103, p. 1666-1667, 2006.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey-USA: Englewood Cliffs, 642p, 1992.

KANG, M. S. Using genotype by environment interaction for crop cultivar development. **Advances in Agronomy**, Newark, v. 62, p. 199-252, 1998.

KARP, A.; SEBERG, O.; BUIATTI, M. Molecular techniques in the assessment of botanical diversity. **Annals of Botany**, Newark, v. 78, n. 2. , p. 143-149, 1996.

LAVORANTI, O. J.; et al. **Modelagem AMMI para Estudos de Interação em Modelos Estatísticos de Efeitos Fixos**. Comunicado técnico, n. 124. Embrapa Floresta: Colombo. 2004. 7p.

LEITE, M. S. O. **Análise multiambiental visando à recomendação regionalizada de clones de cana-de-açúcar**. 2011. 85f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de agronomia. Universidade Federal de Viçosa, 2011.

LOPES A. C. A.; et al. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 59 n. 2 p. 341-348 2002.

MALOSETTI, M; RIBAUT, J. M.; EEUWIJK, F. A. V. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in physiology**, Lausanne, v. 4, n. 1, p. 1-17, 2013.

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

MATTOS, P. H. C.; et al. Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE biplot and AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 13, p. 83-90, 2013.

MENDONÇA, O.; et al. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 11, p. 1567-1575, 2007.

MIRANDA, G. V. **Diversidade genética e desempenho de cultivares de soja como progenitores**. 1998. 117 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, 1998.

MURAKAMI, D. M.; CRUZ, C. D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding And Applied Biotechnology**. Viçosa, MG, v. 4, p. 7-11, 2004.

MULATO, B. M. ; et al. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 3, p. 276-283, 2010.

NOGUEIRA, A. P. O.; et al. Estádio de desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Tecnologias de produção de sementes de soja**. Londrina: Mecnas, 2013, p. 15-44.

NOGUEIRA, A. P. O. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja**. Viçosa, 2011. 139f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de agronomia. Universidade Federal de Viçosa – Departamento de fitotecnia, 2011.

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, 2003.

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

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

RAMOS, L. M.; SANCHES, A.; CORES, J. M. Testes multiambientais na seleção de genótipos de arroz utilizando o modelo de regressão nos sítios ou locais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 1, 2009.

RESENDE, M. D. V.; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 22, n. 2, p. 31-52, fev. 2004.

RIBEIRO, J. Z. **Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho**. 2011. 162f. Tese (Doutorado em genética) – Faculdade de agronomia. Universidade Federal do Paraná. Curitiba, 2011.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; BARROS, H. B. Origem, evolução e importância econômica. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecnas , 2009, p. 1-5.

SEDIYAMA, T. **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecnas, 2009. 314p.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R de C.; REIS, M. S. Melhoramento da Soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 553-604.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M. G.; SEDIYAMA, C. S.; GOMES, J. L. L. **Cultura da Soja: I Parte**. Viçosa: UFV, 1996, 96p.

SILVA, G. O.; et al. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Revista Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 3, p. 494-501, 2011.

SINGH, R. K. ; et al. SSR and AFLP based genetic diversity of soybean germplasm differing in photoperiod sensitivity. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 33, n. 2, p. 319-324, 2010.

SOUSA, L. B. **Parâmetros genéticos e variabilidade em genótipos de soja**. Uberlândia, 2011. 62f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia, 2011.

SOUZA, E. C. **Os Métodos Biplot e Escalonamento Multidimensional nos delineamentos experimentais**. 2010. 135 f. Tese (Doutorado em Ciências, estatística e experimentação agrônoma) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2010.

TANKSLEY, S. D.; MCCOUCH, S. R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. **Science**, Washington, v. 277, p. 1063-1066, 1997.

TANTASAWAT, P.; et al. SSR analysis of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] genetic relationship and variety identification in Thailand. **Australian Journal of Crop Science**, Madison, n. 5, v. 3, p. 283-290, 2011.

VARELA, C. A. A. **Análise de Componentes Principais**. Apostilas didáticas. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, 2008, 12p.

VIEIRA, E. S. ; et al. Variabilidade genética em cultivares de soja determinada com marcadores microssatélites em gel de agarose. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 11, p. 1460-1466, 2009.

YAMANAKA, N.; et al. Genetic relationships between Chinese, Japanese and Brazilian soybean gene pools revealed by simple sequence repeat (SSR) markers. **Genetic and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 30, n. 1, p. 85-88, 2007.

YAN, W.; et al. Cultivar evaluation and mega environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 597- 605, 2000.

YAN, W. GGE Biplot. A windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types two-way data. **Agronomy Journal**, Stanford, v. 93, p. 1111-1118, 2001.

YAN, W.; et al. Two types of GGE Biplot for analyzing multi-environment trial data. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 656-663, 2001.

YATES, F.; COCHRAN, W. G. The analysis of group of experiments. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 28, n. 4, p. 556-580, Oct. 1938.

ZHANG, G. W., et al. Determination of the genetic diversity of vegetable soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] using EST-SSR markers. **Journal of Zhejiang University**, Zhejiang, v. 14, n. 4, p. 279-288, 2013.

CAPÍTULO 2

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM SOJA COM BASE EM CARACTERES FENOTÍPICOS
E MARCADORES MICROSSATÉLITES

3 DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM SOJA COM BASE EM CARACTERES FENOTÍPICOS E MARCADORES MICROSSATÉLITES

3.1 Resumo

O conhecimento da diversidade genética e a relação entre genótipos são de grande importância para o melhoramento de plantas, pois auxiliam os melhoristas na escolha de genitores para formação de população segregante. Objetivou-se, neste trabalho, avaliar a diversidade genética de 35 genótipos de soja, com potencial de serem utilizados como genitores em programas de melhoramento genético, utilizando-se caracteres agronômicos e marcadores moleculares microsatélites. O experimento de campo (análise fenotípica) foi conduzido em uma área experimental localizada na Fazenda Capim Branco e as análises moleculares foram realizadas no Laboratório de Genética do Instituto de Genética e Bioquímica, ambos pertencentes à Universidade Federal de Uberlândia. Avaliaram-se 35 genótipos de soja por meio de sete caracteres agronômicos e nove marcadores microsatélites. Realizou-se o agrupamento dos genótipos pelos métodos UPGMA e Tocher, para ambas as análises. Obteve-se a importância relativa dos caracteres agronômicos. Pela análise molecular, calculou-se o conteúdo de informação polimórfica de cada loco microsatélite. Houve variabilidade genética para todos os caracteres agronômicos, com exceção da altura da inserção da primeira vagem. Formaram-se dez e onze grupos pelo método UPGMA para as análises fenotípica e molecular, respectivamente e, pelo método de Tocher, formaram-se doze grupos para ambas as análises. Os nove marcadores microsatélites amplificaram 26 alelos, oscilando entre dois e quatro alelos por loco, com média de 2,88. O valor de conteúdo de informação polimórfica variou entre 0,29 e 0,66, com média de 0,44. Ao avaliar os agrupamentos obtidos pelo método UPGMA e Tocher, gerados pela matriz obtida com dados fenotípicos e moleculares, identificaram-se sete potenciais genitores (G11, G12, G16, G21, G22, G26 e G33), que apresentaram médias de produtividade de grãos superiores a 5000 kg ha⁻¹. Caracteres agronômicos e os marcadores microsatélites são ferramentas eficientes no estudo de diversidade genética de soja. Desse modo, concluiu-se que o uso de caracteres agronômicos e os marcadores moleculares microsatélites concomitante permitiram detectar genitores potenciais para o programa de melhoramento de soja da UFU. Híbridos entre os genótipos G11, G12, G16, G22, G26 e G33 são promissoras para obtenção de populações segregantes com variabilidade genética superior.

Palavras-chave: *Glycine max.*, diversidade, SSR, seleção de genitores, potencial produtivo.

3.2 Abstract

Plant breeders need to understand the genetic diversity and relationships between genotypes to choose parents of segregating populations. Thus, we used agronomic traits and microsatellite markers to evaluate the genetic diversity of 35 soybean genotypes to determine their potential as parents for breeding programs. Phenotypic analysis was carried out in the field at Fazenda Capim Branco and molecular analysis was conducted at the Laboratório de Genética do Instituto de Genética e Bioquímica (Genetics Laboratory at the Institute of Genetics and

Biochemistry) at the Universidade Federal de Uberlândia (UFU-Federal University of Uberlandia). We evaluated 35 soybean genotypes using seven agronomic traits and nine microsatellites markers. These genotypes were then grouped by UPGMA and Tocher cluster analyses and the relative importance of the agronomic traits was obtained. Molecular analysis was used to calculate polymorphic data for each microsatellite marker. Genetic variability was found for all agronomic traits except for first pod height. UPGMA was used to form ten groups phenotypic analysis and eleven groups for molecular analysis. Additionally, the Tocher method was used to form twelve groups for both of these analyses. The nine microsatellite markers amplified 26 alleles, ranging from 2 to 4 and averaging 2.88 per marker. Polymorphic data varied between 0.29 and 0.66 and averaged 0.44. Seven potential parents G11, G12, G16, G21, G22, G26 and G33) were identified from the UPGMA and Tocher clusters. These genotypes had average grain yields greater than 5000 kg ha⁻¹. Agronomic traits and microsatellite markers are effective tools for the study of genetic diversity in soybeans. Thus, we concluded that using agronomic traits and molecular microsatellite markers together makes it possible to detect potential parents for the soybean breeding program at UFU. Hybrids of the G11, G12, G16, G22, G26 and G33 genotypes promise segregating populations with superior genetic variability.

Keywords: *Glycine max*, diversity, SSR, parent selection, yield potential.

3.3 Introdução

Entre as plantas cultivadas a soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é considerada a leguminosa mais importante do mundo, em virtude dos produtos fornecidos (grão, óleo e farelo proteico) para as diversas cadeias produtivas (RIGON *et al.*, 2012). É a espécie vegetal que sofreu a maior expansão de cultivo nos últimos anos, colocando o Brasil como o segundo maior produtor e exportador dessa leguminosa no mundo.

No Brasil, a soja é cultivada em diversas condições ambientais, desde altas latitudes até as mais baixas. O melhoramento genético da espécie foi uma das principais contribuições que permitiram a expansão da cultura no País, com desenvolvimento de cultivares adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas. Além disso, para atender à crescente demanda por maiores rendimentos, o desenvolvimento de novas cultivares é essencial (NOGUEIRA, 2011).

A fim de adaptar a soja de acordo com as necessidades do produtor, da indústria e do mercado consumidor, os programas de melhoramento genético no País têm concentrado seus esforços em caracteres como qualidade fisiológica das sementes, composição nutricional do grão, alimentação humana, resistência a doenças, ciclo, adaptabilidade e, principalmente, produtividade de grãos (ZHANG *et al.*, 2013; SANTOS *et al.*, 2011; ALMEIDA; PELÚZIO; AFFÉRI, 2011; SANTOS *et al.*, 2012). No entanto, para cada objetivo, as estratégias a serem

adotadas devem abranger genótipos superiores não apenas em um caractere, mas um conjunto de caracteres (BENIN *et al.*, 2003).

O sucesso de um programa de melhoramento depende da existência de variabilidade genética. Diante disso, melhoristas têm recomendado, para a formação da população-base de trabalho, o inter cruzamento entre cultivares superiores e divergentes, que resulta em combinações híbridas de maior efeito heterótico, de modo que nas gerações segregantes se tenha maior chance de obtenção de genótipos transgressivos (ALMEIDA; PELÚZIO; AFFÉRI, 2011).

A divergência genética entre genitores pode ser baseada em caracteres agrônômicos, morfológicos, ou ainda moleculares (SANTOS *et al.*, 2012), permitindo identificar genitores para a formação de uma população segregante. Vários autores ressaltam que os avanços na genética molecular têm contribuído para acessar, de maneira rápida e prática, as informações genéticas correspondentes aos genótipos de interesse (LIU *et al.*, 2011; WANG *et al.*, 2006; NICHOLS *et al.*, 2007).

Os marcadores moleculares fornecem ferramentas únicas, capazes de revelar polimorfismos no nível da sequência do DNA, suficientes para discriminar a variação genética entre indivíduos e dentro de populações. Eles se diferenciam nos princípios utilizados para detectar a variação, nas vantagens e limitações em termos de custo, tempo de reação, acurácia e eficiência (CAIXETA; FERRÃO; MACIEL-ZAMBOLIM, 2013).

Os marcadores Microsatélites ou Sequência Simples Repetida (SSR) têm sido amplamente usados para estimar a diversidade genética em soja graças a seu alto grau de polimorfismo, herança co-dominante, detecção baseada em PCR, diversidade alélica e pelo conhecimento do local do marcador no genoma da espécie (PRIOLLI *et al.*, 2010; NARVEL *et al.*, 2000).

Além disso, os marcadores microsatélites permitem a genotipagem de um maior número de acessos com menor custo e maior facilidade operacional e têm sido utilizados também para avaliar a diversidade genética e domesticação de espécies cultivadas (LIU *et al.*, 2011; GUO *et al.*, 2010) e na seleção assistida no melhoramento genético.

Apesar da importância no melhoramento, estudos utilizando marcadores moleculares não substituem as avaliações de campo necessárias para a fenotipagem. Desse modo, as avaliações da diversidade genética por caracteres fenotípicos e genotípicos complementam-se tanto na seleção de genótipos superiores com maior acurácia quanto na adoção de estratégias

em um programa de melhoramento para a introgressão de genes de interesse em cultivares comerciais (MULATO *et al.*, 2010).

Objetivou-se, neste trabalho, avaliar a diversidade genética de 35 genótipos de soja, com potencial de serem utilizados como genitores em programas de melhoramento genético, utilizando-se caracteres agronômicos e marcadores moleculares microssatélites.

3.4 Material e métodos

O experimento de campo (análise fenotípica) foi conduzido em uma área experimental localizada na Fazenda Capim Branco (18°52'S; 48°20'W e 805m de altitude), pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, Minas Gerais, na safra 2011/2012.

A área em que foi realizado o experimento situa-se sobre um Latossolo Vermelho Escuro distrófico, sob cultivo de soja há mais de dez anos. Antes da implantação do experimento, coletou-se uma amostra composta de solo, para realização das análises química e física para fins de recomendação de calagem e adubação.

O preparo do solo foi realizado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada, conforme análise do solo.

Foram avaliadas 35 linhagens de soja provenientes de quatorze cruzamentos biparentais (Anexo 1). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados (DBC) com três repetições. A parcela experimental constituiu-se de duas linhas de plantas de soja, com quatro metros de comprimento e espaçadas em 0,5 m.

Foram semeadas vinte sementes por metro linear a três centímetros de profundidade. O desbaste foi realizado no estágio V1 (FEHR; CAVINESS, 1977), deixando-se quinze plantas por metro linear, para uma população adotada de 300.000 plantas ha⁻¹.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com fungicida Fludioxonil – nome comercial Maxim® XL e inseticida Tiametoxam – nome comercial Cruiser® 350 FS, ambos na dose de 200 mL do produto comercial para cada 100 kg de sementes e, posteriormente, realizou-se a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*.

Quanto aos tratos culturais empregados, no controle de plantas daninhas, foram utilizados herbicidas em pré e pós-emergência, complementados com capinas manuais, quando

necessário. As doenças e insetos pragas foram controlados conforme recomendações técnicas apropriadas à cultura (EMBRAPA, 2011).

Os caracteres agronômicos avaliados foram os mais relevantes em cultivares de soja, sendo esse procedimento realizado mediante observações visuais e medições de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura proposto por Fehr; Caviness (1977). São eles:

a) Altura da planta na floração (APF): foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal de cinco plantas aleatoriamente.

b) Altura da planta na maturidade (APM): foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal de cinco plantas aleatoriamente quando essas se encontravam no estágio reprodutivo R8, onde 95% das vagens atingiram a cor de vagem madura.

c) Número de dias para a floração (NDF): definido como número de dias desde a emergência até a floração, quando aproximadamente 50% das plantas da parcela útil apresentavam pelo menos uma flor aberta (R1).

d) Número de dias para a maturidade (NDM): foi considerado o número de dias da emergência até a maturação, quando 95% das vagens da área útil da parcela estavam maduras (R8).

e) Altura de inserção da primeira vagem (AIPV): foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal, medida em cinco plantas quando as mesmas estavam no estágio R8.

f) Número total de vagens: foram amostradas aleatoriamente cinco plantas da parcela útil, nas quais foi contado o número total de vagens por planta e feito uma média;

g) Produtividade de grãos (kg ha^{-1}): obtida por meio da colheita da área útil de cada parcela e pesagem dos grãos obtidos após trilha dos feixes de plantas e limpeza dos grãos. Os dados obtidos (gramas por parcela) foram transformados para kg ha^{-1} , sendo esta produtividade corrigida para umidade de 13%, conforme a equação abaixo:

$$PF = PI \frac{100 - UI}{100 - UF}$$

Em que:

PF: peso final corrigido da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%),

As análises moleculares foram realizadas no Laboratório de Genética (LabGen), pertencente ao Instituto de Genética e Bioquímica (INGEB) da Universidade Federal de Uberlândia (UFU).

Foram coletadas dez folhas de cada genótipo escolhidas ao acaso, colocadas em sacos de papel e transportadas para o Laboratório de Genética onde foram armazenadas em sílica gel.

A extração de DNA das folhas de soja foi realizada utilizando o protocolo descrito por Doyle e Doyle (1990), com algumas modificações. Foram maceradas 200 mg de folhas na presença de N₂ líquido, adicionou-se 1 mL de tampão de extração CTAB à 65°C (Tris-HCl 50 mM pH 8,0, EDTA 50 mM pH 8,0, NaCl 0,7 M, β-mercaptoetanol 1% (v/v), CTBA 1% (p/v) e PVP) e 20 mg de proteinase K. As amostras foram transferidas para microtubos de 2 mL, as quais foram homogeneizadas e incubadas em banho-maria a 65°C por 45 minutos, sendo invertidas a cada 15 minutos.

Após esse tempo, adicionou-se às amostras 1 mL de solução de clorofórmio: álcool isoamílico (24:1); a suspensão foi homogeneizada e as amostras foram centrifugadas por dez minutos a 5.000 rpm. O sobrenadante foi coletado e transferido para microtubos e foi adicionada uma solução de álcool etílico a 95%: acetato de amônio 7,5 M (6:1), em um volume que correspondeu a três vezes o volume de sobrenadante, e mantido em freezer (-20°C) overnight.

Realizou-se nova centrifugação por dez minutos a 5.000 rpm e o sobrenadante foi descartado. Ao *pellet* foi adicionado 200 µL de tampão TE (Tris-EDTA). O DNA foi novamente precipitado com a adição de uma solução de álcool etílico a 95%: acetato de sódio 3M (20:1), na quantidade do triplo de seu volume, e mantido no freezer por 1 hora. Após esse período foi realizada uma centrifugação por 5 minutos a 5.000 rpm, o sobrenadante foi descartado e os microtubos foram invertidos até a secagem do pellet. Ao DNA foi adicionado 200 µL de TE. As amostras foram armazenadas em freezer. O DNA foi quantificado por análise espectrofotométrica (Nanodrop) e diluído para uma concentração final de 10 ng µL⁻¹. A integridade desse DNA foi verificada em gel de agarose (0,8 % p/v), corado com brometo de etídio.

Os marcadores microsatélites utilizados no estudo foram selecionados tomando-se por base artigos de diversidade genética, priorizando-se os mais polimórficos e, também, a distribuição em diferentes grupos de ligação e cromossomos da soja, sendo as sequências obtidas pelo site <http://soybase.com>. Os marcadores microsatélites utilizados foram: Satt 317, Satt 436, Satt 233, Satt 191, Satt 197, Satt 487, Satt 180, Satt 309 e Satt 178.

As reações de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) foram realizadas em volume final de 15 µL, contendo: 1X tampão contendo MgCl₂, 0,15 mM de dNTP's, 0,4 µM de cada iniciador, 20 ng de DNA genômico, 1 U *Taq polimerase* (Código NB-NT-500D, Marca Neotaq) e Água Milli-Q. A termociclagem consistiu de um período inicial de desnaturação do DNA por quatro minutos a 94°C, seguido de trinta ciclos, cada um deles incluindo as etapas: desnaturação do DNA, por 30 segundos a 94°C, anelamento dos iniciadores, por 30 segundos a 50°C, e extensão pela enzima *Taq DNA polimerase*, por 45 segundos a 72°C. Após os ciclos, um período final de extensão de dez minutos a 72°C foi realizado.

Os fragmentos amplificados foram separados em gel de agarose (2% p/v) utilizando tampão TBE 0,5x (Tris- borato-EDTA), a 120V por 2 horas. Os géis foram corados com brometo de etídio, visualizados sob luz ultravioleta e a captação de imagem foi realizada utilizando sistema de fotodocumentação.

Análise estatística para os dados agronômicos

Foi estimada a dissimilaridade genética entre todos os pares de genótipos pela Distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$) conforme estimador abaixo:

$$D^2_{ii'} = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

Em que:

$D^2_{ii'}$: distância generalizada de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

Ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

δ' : [$d_1 \ d_2 \ \dots \ d_v$] sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Y_{ij} : média do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima variável.

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre genótipos, realizou-se agrupamento do genótipo pelo método hierárquico da Ligação Média entre grupo (UPGMA) e pelo método de otimização de Tocher (RAO, 1962).

Com base no agrupamento hierárquico de Ligação Média entre Grupo (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* – UPGMA) obteve-se dendrograma que foi estabelecido pelos genótipos de maior similaridade em que a distância entre o genótipo e o grupo formado pelos indivíduos i e j dado por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

Utilizando a matriz de dissimilaridade, procedeu-se ao método de agrupamento de otimização de Tocher (RAO, 1962). O primeiro grupo foi constituído por genótipos cuja medida de dissimilaridade era menor; posteriormente outros genótipos foram incluídos nesse grupo por

meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido pré-estabelecido (θ) da medida da dissimilaridade encontrado no conjunto de menores distâncias que envolvem cada genótipo. A inclusão ou não de cada genótipo foi determinada por:

$$\frac{d_{(\text{grupo})k}}{n} \leq \theta \text{ inclui-se o genótipo } k \text{ no grupo;}$$

$$\frac{d_{(\text{grupo})k}}{n} > \theta \text{ o genótipo } k \text{ não é incluído;}$$

Em que:

n = número de genótipos do grupo original.

A distância entre o genótipo k e o grupo formado pelos genótipos i e j foi dado por:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

Foi determinada a contribuição relativa das características na dissimilaridade dos genótipos pela Metodologia de Sing (1981) conforme a estatística S_{ij} :

$$D_{ii}^2 = \delta^{-1} \Psi^{-1} \delta = \sum_{j=1}^n \sum_{j'=1}^n \omega_{jj'} d_j d_{j'}$$

Em que:

$\omega_{jj'}$ = elemento da j -ésima coluna da inversa da matriz de variância e covariâncias residuais.

Análise estatística para os dados moleculares

O número de alelos por loco foi determinado a partir da análise do perfil do gel. A frequência de alelos foi estimada a partir do número de ocorrências das diferentes classes genotípicas.

Para os dados obtidos pela análise molecular, obteve-se o conteúdo de informação polimórfica (PIC) de cada loco microsatélite e este foi avaliado por meio da frequência de alelos, com a expressão:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^a p_i^2 - \sum_{i,j=1}^a \sum_{i \neq j}^a p_i^2 p_j^2$$

Em que:

a : número de alelos do loco estudado;

p_i é a frequência do i-ésimo alelo do loco estudado;

p_j é a frequência do j-ésimo alelo do loco estudado.

Um loco foi considerado polimórfico quando o $PIC \geq 0,1$ (que corresponde aproximadamente à situação em que o alelo mais frequente tem frequência menor que 0,95) e altamente polimórfico quando $PIC \geq 0,7$ (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

A distância genética entre os pares de genótipos foi estimada utilizando o complemento do índice ponderado pelo número de alelos ($D = 1-S$) como medida de dissimilaridade, dada por:

$$S_{ii'} = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^L p_j c_j$$

Em que:

$p_j = \frac{a_j}{A}$: Peso associados ao loco j dado por:

C_j : número total de alelos do loco j;

L : número total de alelos estudados.

Sendo:

$$\sum_{j=1}^L p_j = 1$$

p_j : número de alelos comum entre os pares de genótipos i e i'

L : número total de locos estudados

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre genótipos realizou-se agrupamento do genótipo pelo método hierárquico da Ligação Média entre grupo (UPGMA) e pelo método de otimização de Tocher (RAO, 1962), conforme realizada para os dados fenotípicos.

Para verificação do ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o respectivo dendrograma para ambas as análises (fenotípica e molecular), foi estimado o coeficiente de correlação cofenética.

Todas as análises foram realizadas utilizando o Programa Computacional em Genética e Estatística (GENES) (CRUZ, 2006).

3.5 Resultados e Discussão

Foram detectadas diferenças significativas ($P \leq 0,05$) pelo teste F para todos os caracteres, com exceção do caráter altura de inserção de primeira vagem (AIPV), indicando existência de variabilidade genética entre os genótipos. Os diferentes grupos formados pelo teste Scott-Knott também evidenciam a existência variabilidade genética para os caracteres estudados (Tabela 1).

O número de grupos gerados oscilou entre um para o caractere altura de inserção de primeira vagem, a quatro para número de dias para maturidade (NDM), corroborando com o resultado obtido por Almeida *et al.* (2013) ao avaliarem o desempenho agrônomo de 30 genótipos de soja por meio de oito caracteres obtiveram de um a cinco grupos.

Para o caractere número total de vagens, houve a formação de dois grupos, com maior média (84,77) para o G9, seguido do G28 (79,22). O genótipo com menor fase vegetativa foi o G31 com 41 dias para o florescimento e o que atrasou para iniciar a fase reprodutiva foi o G3 com 53 dias. Esse resultado ficou próximo do obtido por Unêda - Trevisoli *et al.* (2010) ao avaliarem a *performance* agrônoma de dezenove cultivares de soja obtiveram valores entre 39,66 e 61,66 dias.

As maiores alturas de plantas na floração e maturidade foram para os genótipos G18 (52,40 cm) e G33 (78,20 cm), respectivamente. A altura de planta na floração e maturidade é um caractere de grande importância, pois influencia o acamamento da planta. Segundo Nogueira *et al.* (2009), plantas altas e/ou com caule muito fino tendem ao acamamento com maior facilidade.

Hamawaki *et al.* (2010), ao avaliarem o desempenho agrônomo de 24 genótipos de soja nas condições de Minas Gerais, obtiveram média de altura da planta na floração de 86,8 cm, acima da obtida neste trabalho.

A altura de inserção de primeira vagem variou entre 7,20 (G11) a 16,53 cm (G18), abaixo do resultado obtido por Amorim *et al.* (2011) que ao avaliarem sete cultivares de soja em quatro épocas de semeadura obtiveram valores entre 18,05 e 15,73 cm. Para maioria dos genótipos avaliados, o resultado obtido ficou próximo da faixa ideal (10 – 15 cm) para colheita mecanizada com o mínimo de perdas pela barra de corte, levando em consideração também a topografia do terreno (MARQUES, 2010).

TABELA 3.1 Médias de sete caracteres agrônômicos avaliados em 35 genótipos de soja cultivados em Uberlândia-MG*.

GENÓTIPOS	NTV	NDF	APF	NDM	APM	AIPV	PROD
-----------	-----	-----	-----	-----	-----	------	------

G1	54,80	b	48,33	a	45,27	a	126,00	c	62,13	b	12,27	a	4400,00	b
G2	58,53	b	48,67	a	39,40	b	131,33	b	69,47	a	12,40	a	4173,33	b
G3	41,65	b	52,33	a	44,67	a	139,00	a	72,92	a	12,58	a	4364,44	b
G4	51,00	b	47,00	a	41,47	b	127,33	c	54,73	c	11,33	a	3688,89	b
G5	77,23	a	46,67	a	39,20	b	125,00	c	54,47	c	10,00	a	3733,33	b
G6	55,47	b	49,33	a	48,33	a	137,00	a	59,80	b	9,13	a	4195,56	b
G7	41,67	b	47,67	a	45,40	a	126,67	c	62,20	b	10,67	a	4826,67	a
G8	56,80	b	44,33	b	35,27	b	117,33	d	43,73	c	8,87	a	3324,44	b
G9	84,77	a	50,33	a	51,73	a	126,67	c	61,07	b	11,13	a	4133,33	b
G10	48,27	b	48,00	a	48,53	a	123,67	c	68,67	a	11,13	a	4222,22	b
G11	58,03	b	42,67	b	39,53	b	110,00	d	53,00	c	7,20	a	5608,89	a
G12	63,95	a	49,00	a	45,53	a	128,00	c	59,53	b	8,07	a	5288,89	a
G13	69,03	a	46,33	a	43,07	b	130,00	b	68,27	a	9,87	a	2186,67	b
G14	52,67	b	47,00	a	41,93	b	123,67	c	60,33	b	10,60	a	4106,67	b
G15	61,63	a	49,33	a	42,47	b	123,67	c	61,40	b	12,27	a	3777,78	b
G16	68,30	a	47,00	a	51,37	a	122,00	c	62,00	b	9,20	a	5493,33	a
G17	67,00	a	48,33	a	52,33	a	126,67	c	59,87	b	11,60	a	4488,89	b
G18	69,00	a	51,67	a	52,40	a	126,00	c	64,93	a	16,53	a	4577,78	b
G19	73,60	a	44,00	b	32,53	b	121,33	c	57,07	b	9,27	a	3733,33	b
G20	58,17	b	48,33	a	43,80	a	126,00	c	50,57	c	11,20	a	4195,56	b
G21	34,53	b	47,00	a	39,33	b	126,00	c	58,93	b	11,53	a	5404,45	a
G22	45,07	b	46,33	a	44,80	a	126,00	c	57,80	b	13,07	a	5884,44	a
G23	61,33	a	48,33	a	47,07	a	127,33	c	63,00	b	10,60	a	4257,78	b
G24	68,62	a	45,33	b	35,13	b	132,00	b	55,00	c	9,87	a	4035,55	b
G25	39,67	b	48,00	a	43,87	a	128,00	c	58,47	b	11,87	a	4097,78	b
G26	61,27	a	49,33	a	48,47	a	132,00	b	59,33	b	12,13	a	5653,33	a
G27	75,07	a	48,00	a	47,07	a	126,00	c	61,67	b	9,53	a	4577,78	b
G28	79,22	a	47,67	a	41,53	b	122,00	c	54,53	c	10,53	a	3911,11	b
G29	55,87	b	48,00	a	48,53	a	123,33	c	66,07	a	12,27	a	4417,78	b
G30	67,30	a	46,67	a	35,67	b	126,00	c	46,13	c	9,93	a	3342,22	b
G31	56,23	b	41,00	b	36,80	b	112,00	d	55,60	c	10,60	a	4488,89	b
G32	64,17	a	43,00	b	40,60	b	112,00	d	56,67	b	11,00	a	2613,33	b
G33	67,63	a	47,67	a	50,00	a	127,33	c	78,20	a	14,07	a	5084,45	a
G34	50,82	b	46,67	a	43,13	b	126,67	c	58,00	b	9,93	a	3475,55	b
G35	67,33	a	45,67	b	39,20	b	114,67	d	53,00	c	9,20	a	3031,11	b
Média	60,16		47,29		43,58		125,10		56,67		10,90		4251,30	

*Médias seguidas por letras iguais pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott-Knott ao nível de 10% de probabilidade. NTV: número total de vagens (NTV), NDF: número de dias para a floração, APF: altura da planta na floração, NDM: número de dias para a maturidade, APM: altura da planta na maturidade, AIPV: altura de inserção da primeira vagem (AIPV) e PROD: produtividade de grãos.

Quanto ao número de dias para maturidade, o genótipo mais precoce foi o G11 com 110 dias e o mais tardio foi o G3 com 139 dias, sendo que o G11 se mostrou superior ao G3, uma vez que apresentou precocidade, que é um dos objetivos dos programas de melhoramento e maior produtividade de grãos (5608,89 kg ha⁻¹) 23,93% superior a esse. O genótipo G22 apresentou o maior rendimento, 5884,44 kg ha⁻¹, 38,41% superior a média obtida de 4251,30

kg ha⁻¹, resultado acima do obtido por Amorim *et al.* (2011) que obtiveram maior média de 2953,71 kg ha⁻¹.

Avaliando a divergência genética em soja por meio dos caracteres agrônômicos, por meio de análise multivariada, destaca-se primeiramente a contribuição relativa de cada caractere. Essa análise baseou-se nos dados referentes aos sete caracteres quantitativos, que contribuíram de maneira variável na avaliação do grau de divergência entre os 35 genótipos.

A contribuição relativa de cada caractere pode ser visualizada na Figura 3.1, com destaque para o número de dias para maturidade, que se mostrou o mais importante para a análise, contribuindo com mais de 29,44% da divergência seguido de altura da planta na maturidade, número total de vagens e número de dias para floração, com 18,45; 15,10 e 15,08 % respectivamente. Os demais caracteres apresentaram estimativas de contribuição relativa de pequena magnitude, indicando que sua utilização foi de pequena participação na discriminação da divergência.

Resultados semelhantes para alguns caracteres e divergentes para outros foram obtidos por Rigon *et al.* (2012) ao avaliarem a divergência genética entre dezoito cultivares de soja, por meio de seis caracteres morfoagronômicos concluíram que o caractere que mais contribuiu para divergência genética foi altura de inserção de primeira vagem, com 23,02% de importância, seguido do número de dias e altura da planta na maturidade, com 23,28 e 18,80%, respectivamente.

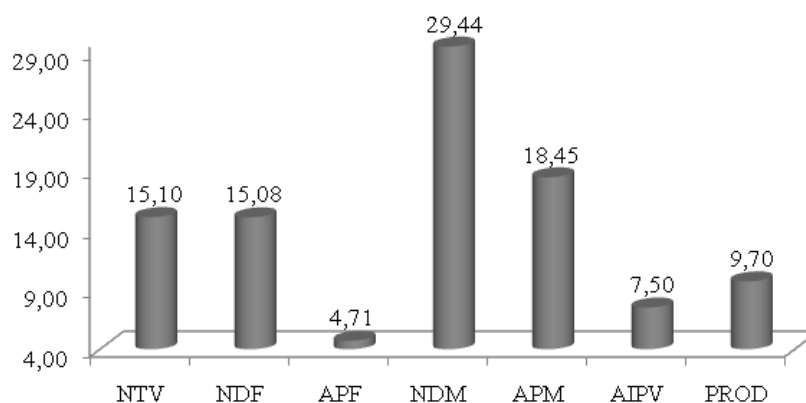


FIGURA 3.1 Contribuição relativa dos sete caracteres avaliados: número total de vagem (NTV), número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM - cm), altura de inserção de primeira vagem (AIPV - cm) e produtividade de grãos (PROD - kg ha⁻¹), para quantificar a divergência genética entre 35 genótipos de soja.

Bharadwaj *et al.* (2009) em trabalho realizado na Índia, avaliando a divergência genética entre 85 genótipos de soja e duas testemunhas (cultivares comerciais), concluíram que o caractere que mais contribuiu para divergência entre os genótipos foi NTV com 29,7% de

importância, seguido de APM com 17,5%, semelhante ao obtido nesse trabalho (47,89%) para os dois caracteres mais importantes.

O caractere produtividade de grãos apresentou importância de 9,70%; diante disso, quanto maior a variação de produtividade entre os genótipos, mais divergentes geneticamente eles serão; esse resultado ficou acima do obtido por Pelúzio *et al.* (2009) que, ao avaliarem a divergência genética entre quatorze cultivares de soja, obtiveram contribuição relativa para produtividade de grãos de 3,74%, assim como Bharadwaj *et al.* (2009) (3,4%).

Na Figura 3.2 está apresentado o dendrograma resultante da dissimilaridade dos genótipos com base em caracteres agronômicos. O coeficiente de correlação cofenética foi de 0,72, indicando que a representação gráfica está de acordo com as dissimilaridades entre os pares de genótipos.

De acordo com Barroso e Artes (2003) o coeficiente de correlação cofenética igual ou superior a 0,70 evidencia um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias genéticas entre os genótipos e a sua matriz original. Desse modo, o resultado obtido (0,72) ficou acima do limite estabelecido e corroborou com outros trabalhos que avaliaram a divergência na cultura da soja (ALMEIDA; PELÚZIO; AFERRI, 2011; NOGUEIRA, 2011, MATSUO *et al.*, 2011; MANNAN *et al.*, 2010, BHARADWAJ *et al.*, 2009; REZENDE, 2009; PELÚZIO *et al.*, 2009; BARROSO; ARTES, 2003).

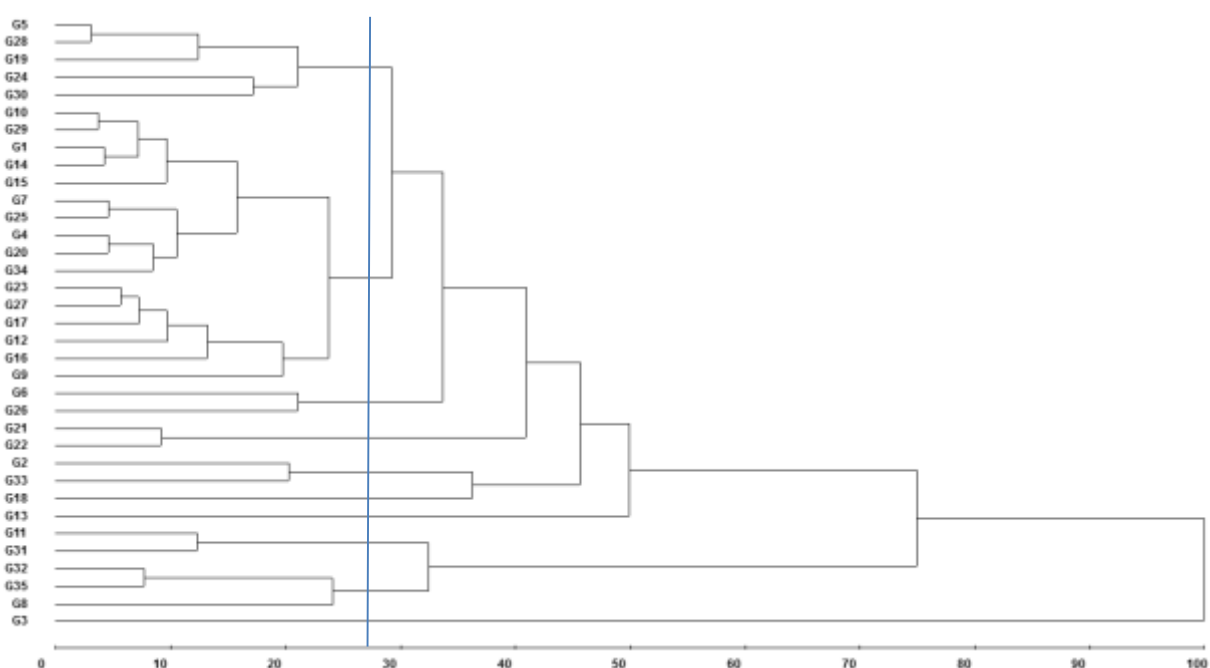


FIGURA 3.2 Dendrograma da dissimilaridade genética entre 35 genótipos de soja, resultante da análise de agrupamento pelo método UPGMA, utilizando a distância

generalizada de Mahalanobis (D^2). Coeficiente de correlação cofenética (r): 0,72**.

**Significativo ao nível de 1 % de probabilidade pelo teste t.

O critério adotado pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA, representado na Figura 3.2, estabelece que, primeiramente, há formação de um grupo inicial de genótipos similares e as distâncias dos demais são calculadas em relação ao grupo formado (CRUZ; CARNEIRO, 2006). A delimitação dos grupos é realizada, em geral, de maneira subjetiva, observando-se pontos de alta mudança de nível no dendrograma (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Pelo dendrograma (Figura 3.2), ao realizar um corte a 27% de dissimilaridade, porcentagem significativa pelo teste de Mojema, os genótipos foram separados em dez grupos, sendo que três deles, G18, G13 e G3, permaneceram em grupos individuais, apresentando, portanto, alta divergência em relação aos demais. Resultados semelhantes foram obtidos por Nogueira (2011), que também obteve a separação de três genótipos isolados. Rezende (2009) ao avaliar a divergência genética entre 37 genótipos de soja em duas safras obteve a formação de cinco grupos a um corte no dendrograma a 68,30% de dissimilaridade.

Os genótipos pertencentes a cada grupo foram no grupo 1: G5, G28, G19, G24 e G30, grupo 2: G10, G29, G1, G14, G15, G7, G25, G4, G20, G34, G23, G27, G17, G12, G16 e G9, grupo 3: G6 e G26, grupo 4: G21 e G22, grupo 5: G2 e G33, grupo 6: G18, grupo 7: G13, grupo 8: G11 e G31, grupo 9: G32, G35 e G8 e grupo 10: G3. Logo, o grupo 2 foi constituído de um maior número de genótipos, 42,86% dos genótipos estudados.

No grupo 1 ficaram os genótipos com produtividade acima de 3300,00 kg ha⁻¹, com ciclo de médio a tardio, acima de 120 dias e com menores altura de inserção de primeira vagem. O grupo 2 foi formado por genótipos bem variados para os caracteres avaliados, desde genótipos muito produtivos como o G16 (5493,33 kg ha⁻¹) até genótipos com produtividade abaixo da média, de 3475,55 kg ha⁻¹ (G34), no entanto a maioria dos genótipos apresentaram parentais em comum (Anexo 1).

No grupo 3, foram alocados os genótipos mais tardios que no grupo 1, com média de NDM de 134,5 dias e com APM de 59 cm. O grupo 4 apresentou a maior média de produtividade de grãos, 5644,45 kg ha⁻¹ e os mesmos parentais. O grupo 5 foi formado por genótipos bem diferentes, que pode ter ocorrido devido terem parentais totalmente diferentes (Anexo 1). No grupo 6 e 7 formado cada um por um genótipo ficou o genótipo com maior AIPV (16,53 cm) e menor PROD (2186,67 kg ha⁻¹), respectivamente. No grupo 8 ficaram os genótipos

com um parental em comum (Anexo 1), no grupo 9 ficaram os genótipos com a segunda menor média entre os grupos, 2989,62 kg ha⁻¹ e no grupo 10 ficou o genótipo com rendimento de 4364,44 kg ha⁻¹.

Mulato *et al.* (2010) utilizando o método UPGMA, obtiveram a formação de cinco grupos e o grupo que reuniu maior número de genótipos abrangeu cerca de apenas 29,1% dos genótipos avaliados, ficando abaixo do encontrado neste estudo.

A formação desses grupos pelo método UPGMA é útil para a escolha de genitores para cruzamentos futuros, pois as novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridades e no seu potencial *per se* (ALMEIDA; PELÚZIO; AFFÉRI, 2011). Desse modo, genótipos reunidos em grupos distintos dão indicativo de serem mais dissimilares, podendo ser considerados como promissores em hibridações artificiais. Entretanto, além de divergentes, é necessário que os genitores associem média elevada e variabilidade para os caracteres que estejam sendo melhorados (SOUSA, 2011).

Com relação ao agrupamento pelo método de Tocher (RAO, 1962), fundamentado na matriz de dissimilaridade expressa pelas distâncias de Mahalanobis (D²), ocorreu a distribuição dos genótipos em doze grupos, dois a mais que o agrupamento pelo método UPGMA, conforme se verificou na Tabela 3.2.

TABELA 3.2 Agrupamento de 35 genótipos de soja pelo método de agrupamento de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, como medida de distância genética, obtida com sete caracteres agrônômicos.

Grupo	Número de genótipos	Genótipos
1	17	G5, G28, G27, G23, G17, G1, G29, G14, G15, G12, G34, G4, G20, G7, G10, G25, G16
2	3	G32, G35, G8
3	2	G21, G22
4	2	G11, G31
5	2	G24, G30
6	2	G2, G33
7	2	G6, G26
8	1	G9
9	1	G3
10	1	G18
11	1	G13
12	1	G19

O primeiro grupo foi atribuído como o principal por abranger 48,57% dos genótipos, o grupo 2 abrangeu 8,0%, os grupos 3, 4, 5, 6 e 7 representaram cada um 5,7%; e os grupos 8, 9, 10, 11 e 12, cada um com apenas um componente, representaram 2,8% cada (Tabela 3.2).

Verificou-se semelhança na constituição dos grupos entre a metodologia da ligação média intragrupo e o método de otimização de Tocher. Predominantemente, a classificação dos genótipos nos grupos entre as duas metodologias foram coincidentes, mas com algumas exceções tais como, G28 que pelo agrupamento UPGMA ficaram no mesmo grupo do G24 e G30 e pelo Tocher em grupos separados, o G19 ficou isolado pela metodologia de agrupamento de Tocher e no UPGMA ficou no mesmo grupo dos genótipos G5 e G28, corroborando com obtido por Nogueira (2011), Sousa (2011), Mulato *et al.* 2010 e Marques, 2010.

Avaliando a divergência genética entre os genótipos por meio da análise molecular utilizando marcadores microssatélites, pode-se verificar, na Tabela 3.3, que os locos microssatélites estudados estão distribuídos entre oito grupos de ligação no genoma da soja (H, D1a, A2, G, B1, O, C1 e K).

Nove marcadores amplificaram 26 alelos, oscilando entre dois e quatro alelos por loco, com média de 2,88. O microssatélite (Satt 233), (Satt 317, Satt 436, Satt 191, Satt 487, Satt 180, Satt 309 e Satt 178) e (Satt 197) (Tabela 3.2) apresentaram dois, três e quatro alelos respectivamente, corroborando com os resultados obtidos por Vieira *et al.* (2009) ao analisar 53 cultivares de soja com 111 iniciadores polimórficos, obtiveram uma faixa de 2 a 4 alelos por loco SSR com média 2,20.

TABELA 3.3 Iniciadores polimórficos utilizados na avaliação de 35 genótipos de soja, localização no genoma (GL), cromossomo (Cr), frequência alélica e valores de conteúdo de informação polimórfica (PIC).

Iniciadores ¹	GL	Cr.	Frequência do alelo				Nº. alelos	PIC
			1	2	3	4		
Satt 317	H	12	0,14	0,77	0,08		3	0,34
Satt436	D1a	1	0,20	0,28	0,51		3	0,54
Satt 233	A2	8	0,26	0,74			2	0,30
Satt 191	G	18	0,20	0,57	0,23		3	0,51
Satt 197	B1	11	0,11	0,23	0,34	0,31	4	0,66
Satt 487	O	10	0,08	0,80	0,11		3	0,31
Satt180	C1	4	0,14	0,25	0,60		3	0,48
Satt 309	G	18	0,23	0,54	0,23		3	0,53
Satt 178	K	9	0,23	0,77	0,08		2	0,29
Total							26	
Média							2,88	0,44

⁽¹⁾A sequência dos iniciadores foi obtida em <http://soybase.org/resource/ssr.php>

Zhang *et al.* (2013), ao avaliarem a divergência genética entre 48 genótipos de soja utilizando 22 marcadores SSR, encontraram 71 alelos, com uma média de 3,23 alelos por loco. Ribeiro *et al.* (2013) ao realizarem a genotipagem de 30 cultivares de soja obtiveram de dois a sete alelos por loco com média de 3,85, sendo 33,68% superior à obtida neste estudo.

Avaliando 138 cultivares de soja quanto à divergência genética por meio de marcadores microsatélites, Priolli *et al.* (2010) encontraram valores oscilando de dois a oito alelos por loco SSR.

As informações acerca das frequências alélicas são úteis, pois possibilitam o cálculo da probabilidade de identidade ao acaso e as probabilidades de exclusão ao acaso, indicando, assim, se duas amostras possuem ou não o mesmo genótipo (SCHUSTER, VIEIRA, PADILHA, 2006). A frequência alélica variou de 0,08 a 0,80 quando foram utilizados os *primers* Satt 178 e Satt 487.

O valor de conteúdo de informação polimórfica (PIC) que reflete a frequência e diversidade alélica entre os genótipos estudados (NOGUEIRA, 2011) variou entre 0,29 (Satt 178) a 0,66 (Satt 197) com média de 0,44. Esse valor ficou acima do obtido por Zhang *et al.* (2013), que obtiveram valores de PIC entre 0,14 e 0,63, com média de 0,38, e ao obtido por Liu *et al.* (2011) que ao avaliarem 91 cultivares de soja obtiveram valores entre 0,11 e 0,60, com média e 0,26. Diferenças no conteúdo de informação por marcador microsatélite podem ser explicadas pelo número de genótipos envolvidos na avaliação em cada caso, tendo-se maior chance de encontrar mais alelos quando o número de genótipos também é maior.

O maior valor obtido de PIC foi de 0,66 para o *primer* Satt 197, sendo este considerado o mais polimórfico entre os demais, uma vez que, para ser considerado polimórfico, o loco deve apresentar valor $\geq 0,7$ (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Quanto à dissimilaridade genética entre os genótipos estimada utilizando o complemento do índice ponderado pelo número de alelos, avaliada por meio do dendrograma gerado com base na matriz de dissimilaridade (Figura 5.3) verificou-se que o coeficiente de correlação cofenética foi 0,74, significativo ao nível de 1 % de probabilidade pelo teste t, indicando um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias genéticas entre os genótipos e a sua matriz original. Resultados semelhantes foram obtidos em estudos que avaliaram a divergência genética por meio de marcadores microsatélites (RIBEIRO *et al.*, 2013; ZANG *et al.*, 2013; LIU *et al.*, 2011; JUN, MICHEL, MIAN, 2011; TANTASAWAT *et al.*, 2011; SINGH *et al.*, 2010).

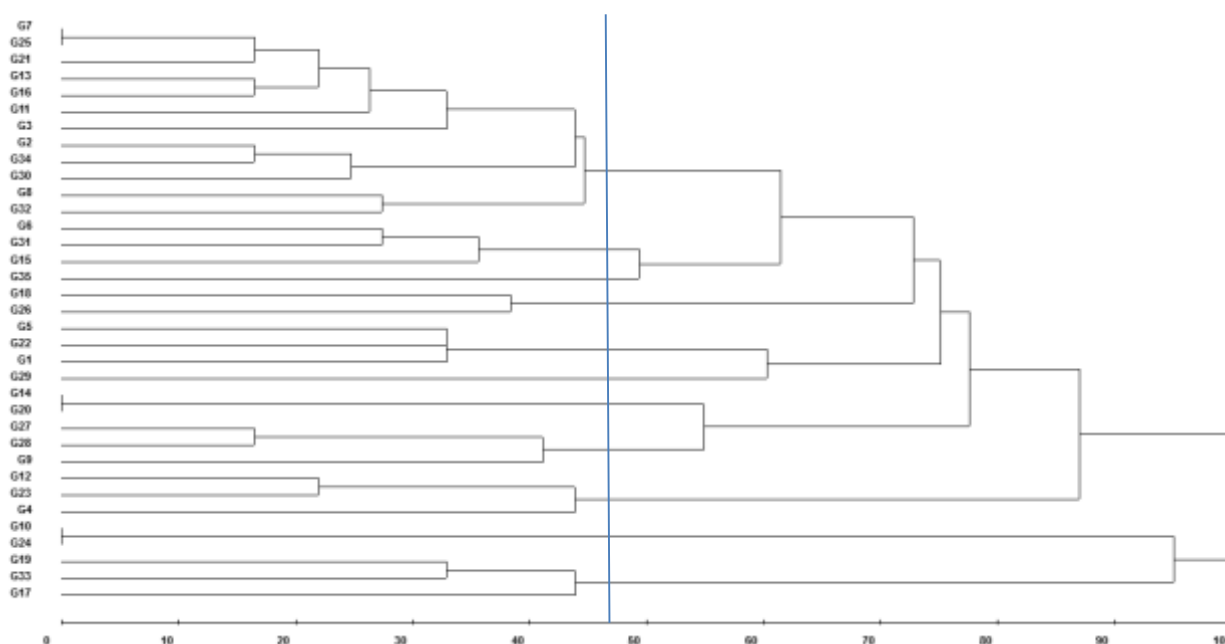


FIGURA 3.3 Dendrograma gerado pela metodologia da ligação média entre grupo (UPGMA) com base na matriz da dissimilaridade genética em 35 genótipos de soja avaliados com nove marcadores microssatélites. Coeficiente correlação cofenética: 0,74**.

**Significativo ao nível de 1 % de probabilidade pelo teste t.

Ao realizar um corte no dendrograma a 48 % de dissimilaridade, verificou-se a formação de onze grupos com número distintos de genótipos por grupo. O grupo 1, constituído de doze genótipos (G7, G25, G21, G13, G16, G11, G3, G2, G34, G30, G8 e G32), o grupo 2 foi constituído por três genótipos (G6, G31 e G15), grupo 3 por um genótipo (G35), o grupo 4 por dois genótipos (G18 e G26), o grupo 5 por três genótipos (G5, G22 e G1), o grupo 6 por um genótipo (G29), o grupo 7 por dois (G14 e G20), o grupo 8 por três (G27, G28 e G9), o grupo 9 por três (G12, G23 e G4), o grupo 10 por dois (G10 e G24) e o grupo 11 por três (G19, G33 e G17). Zhang *et al.* (2013) obtiveram sete grupos pelo método UPGMA.

O agrupamento dos genótipos pela metodologia de Tocher (Tabela 3.4) pela análise molecular foi concordante ao obtido pelo dendrograma. Entretanto, se observou um grupo a mais de genótipo isolado, como por exemplo, o genótipo G9. O G7 não ficou no mesmo grupo do G8 no UPGMA.

TABELA 3.4 Agrupamento de 35 genótipos de soja pelo método de Tocher utilizando a matriz de dissimilaridade ponderada pelo número de alelos em nove marcadores microssatélites.

Grupo	Número de genótipos	Genótipos
1	11	G7, G25, G13, G16, G21, G11, G32, G34, G3, G2, G30

2	2	G10, G24
3	4	G14, G20, G27, G28
4	3	G12, G23, G4
5	3	G6, G31, G15
6	3	G1, G5, G22
7	2	G8, G17
8	2	G19, G33
9	2	G18, G26
10	1	G35
11	1	G29
12	1	G9

Um dos objetivos principais de estudo de divergência genética é identificar genitores que apresentem características ideais e que sejam divergentes, neste contexto, considerando, que um caractere fundamental no melhoramento de soja é a produtividade de grãos, notaram-se, na Tabela 3.1, sete potenciais genitores (G11, G12, G16, G21, G22, G26 e G33), que apresentaram médias de produtividade de grãos superiores a 5000,00 kg ha⁻¹. Pelos agrupamentos obtidos pelo método UPGMA e Tocher, gerados pela matriz obtida com dados fenotípicos e moleculares, verificou-se que entre os sete genótipos alguns se encontraram no mesmo grupo (Tabela 3.5).

TABELA 3.5 Agrupamento dos genótipos potenciais considerando o dendrograma gerado pelo método UPGMA e o método Tocher.

Grupo	Agrupamento dos genótipos	
	Dados fenotípicos	Dados moleculares
A	G12 e G16	G11, G16 e G21
B	G26	G26
C	G21 e G22	G22
D	G33	G12
E	G11	G33

Considerando cruzamentos biparentais, seriam possíveis 21 combinações, entretanto, partindo do princípio de que é recomendada a utilização de genitores divergentes e com alto rendimento, do total de combinações possíveis, apenas onze cruzamentos podem ser indicados (Tabela 3.6), pois alguns cruzamentos que poderiam ser indicados pelos agrupamentos com dados fenotípicos não podem ser pelos dados moleculares e vice versa.

TABELA 3.6 Possíveis cruzamentos biparentais considerando sete genitores potenciais.

Cruzamentos		
G12	G16	G26
G12 x G26	G16 x G22	G26 x G33

G12 x G21
G12 x G33
G12 x G11
G12 x G22

G16 x G33
G16 x G33

G26 x G11
G26 x G22

3.6 Conclusões

Caracteres agronômicos e marcadores microssatélites são ferramentas eficientes no estudo de diversidade genética de soja. Seu uso permitiu detectar significativa variabilidade genética entre os genótipos de soja.

Hibridações entre os genótipos G11, G12, G16, G22, G26 e G33 são promissoras para obtenção de populações segregantes com variabilidade genética superior.

3.7 Referências

- ALMEIDA, F. A. ; et al. Desempenho agronômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 56, n. 2, p. 88-94, 2013.
- ALMEIDA, R. D. ; PELÚZIO, J. M. ; AFFÉRRI, 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.
- AMORIM, F. A. ; et al. Época de semeadura no Potencial produtivo de Soja em Uberlândia-MG. **Semina: ciências agrárias**, Londrina, v. 32, n. 1, p. 1793-1802, 2011.
- BARROSO, L. P. ; ARTES, R. **Análise multivariada**. Lavras: UFLA, 2003. 151p.
- BENIN, G. ; et al. Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 4, 2003.
- BHARADWAJ, C. H. ; et al. Divergence studies in early-maturing soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] germplasm accessions in India. **Plant Genetic Resources Newsletter**, n. 149, p. 17-21, 2009.
- CAIXETA, E. T. ; FERRÃO, L. F. V. ; MACIEL-ZAMBOLIM, E. Marcadores moleculares. In: BORÉM, A. ; FRITSCHÉ-NETO, R. **Biotecnologia aplicada ao melhoramento de plantas**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2013, p. 31-68.
- CRUZ, C. D. **Programa GENES: Biometria**. Viçosa: UFV, 2006. 382p.
- CRUZ, C. D. ; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D. ; FERREIRA, F. M. ; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011, 620p.

DOYLE, J. J.; J. L. DOYLE. A rapid total DNA preparation procedure for fresh plant tissue. **Focus**, [S.L.], v.12, p.13-15, 1990.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja: região central do Brasil 2012 e 2013**. - Londrina: Embrapa Soja, 2011. 261 p.

FEHR, W. R. ; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University. Special Report, 80, Iowa Cooperative Extensive Service, Iowa, 12 p, 1977.

GUO, J. ; et al. A single origin and moderate bottleneck during domestication of soybean (*Glycine max*): implications from microsatellites and nucleotide sequences. **Annals of botany**, New York, v. 106, n. 3, p. 505-514, 2010.

HAMAWAKI, O. T. ; et al. Yield and agronomic characteristics of soybean breeding lines in Minas Gerais State, Brazil. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 1, n. 1, p. 43-47, 2010.

JUN, T. H. ; MICHEL, A. P. ; MIAN, M. A. R. Development of soybean aphid genomic SSR markers using next generation sequencing. **Genome**, Washington, n. 54, p. 360-367, 2011.

LIU, M. ; et al. Genetic diversity of Shaanxi soybean landraces based on agronomic traits and SSR markers. **African Journal of Biotechnology**, Bowie, v. 10, n. 24, p. 4823-4837, 2011.

MANNAN, M. A. ; et al. Assessment of genetic divergence in salt tolerance of soybean (*Glycine max* L.) genotypes. **Crop Science and Biotechnology**, Netherlands, v. 13, n. 1, p. 33-37, 2010.

MARQUES, M. C. Adaptabilidade , estabilidade e diversidade genética de cultivares de soja em três épocas de semeadura, em Uberlândia-MG. Viçosa, 2010. 84f. **Dissertação** (Mestrado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Federal de Viçosa, 2010.

MATSUO, E. ; et al. Genetic diversity in soybean genotypes with resistance to *Heterodera glycines*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, n. 1, p. 304-312, 2011.

MULATO, B. M. ; et al. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 3, p. 276-283, 2010.

NARVEL, J. M. , et al. Simple sequence repeat diversity among soybean plant introductions and elite genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 1452- 1458, 2000.

NICHOLS, D. M., et al. Variability among Chinese Glycine soja and Chinese and north American soybean genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 1289-1298, 2007.

NOGUEIRA, A. P. O. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja**. Viçosa, 2011. 139f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Federal de Viçosa – Departamento de fitotecnia, 2011.

NOGUEIRA, A. P. O. Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja. Viçosa, 2011. 139f. **Tese** (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Federal de Viçosa – Departamento de fitotecnia, 2011.

- NOGUEIRA, A. P. O. ; et al. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenass, 2009, 7-16p.
- PELÚZIO, J.M. ; et al. Variabilidade genética entre cultivares de soja, sob diferentes condições edafoclimáticas. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, Guarapuava, v. 2, n. 3, 2009.
- PRIOLLI, R. H. G. ; et al. Genetic Diversity among Brazilian Soybean Cultivars Based on SSR Loci and Pedigree Data. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 53, n. 3, P. 519-531, 2010.
- RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1962. 390p.
- REZENDE, D. F. **Implicações da interação genótipo por ambiente e divergência genética das linhagens de soja**. Uberlândia, 2009. 147f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia, 2009.
- RIBEIRO, C. A. G. ; et al. Molecular characterization of soybean cultivars by microsatellite markers with universal tail sequence. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 3, p. 270-279, 2013.
- 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, 2012.
- SANTOS, E. R. ; et al. Divergência genética entre genótipos de soja com base na qualidade de sementes. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 7, n. 2, p. 247-254, 2012.
- SANTOS, E. R. ; et al. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, n. 6, p. 755-764, 2011.
- SCHUSTER, I. ; VIEIRA, E. S. N. ; PADILHA, L. Marcadores moleculares no pós-melhoramento. In: BORÉM, A. ; CAIXETA, E. T. (Eds). **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, 2006, 205-230p.
- SINGH, R. K. ; et al. SSR and AFLP based genetic diversity of soybean germplasm differing in photoperiod sensitivity. **Genetics and Molecular Biology**, [S.l.], v. 33, n. 2, p. 319-324, 2010.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic Plant Breeding**, New York, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.
- SOUSA, L. B. Parâmetros genéticos e variabilidade em genótipos de soja. Uberlândia, 2011. 62f. **Dissertação** (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia – Instituto de Ciências Agrárias, 2011.
- TANTASAWAT, P. ; et al. SSR analysis of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] genetic relationship and variety identification in Thailand. **Australian Journal of Crop Science**, Madison, n. 5, v. 3, p. 283-290, 2011.
- UNÊDA-TREVISOLI, S. H. ; et al. Avaliação de cultivares de soja precoces para cultivo em áreas de reforma de cana-de-açúcar. **Ciência & Tecnologia**, Jaboticabal, v. 1, n. 1, p. 50-57, 2010.

VIEIRA, E. S. ; et al. Variabilidade genética em cultivares de soja determinada com marcadores microssatélites em gel de agarose. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 11, p. 1460-1466, 2009.

WANG, L. ; et al. Genetic Diversity of Chinese Cultivated Soybean Revealed by SSR Markers. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 3, p. 1032-1038, 2006.

ZHANG, G. W.; et al. Determination of the genetic diversity of vegetable soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] using EST-SSR markers. **Journal of Zhejiang University**, Zhejiang, v. 14, n. 4, p. 279-288, 2013.

CAPÍTULO 3

CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES EM PROGÊNIES F6 DE SOJA PROVENIENTES DE SETE CRUZAMENTOS BIPARENTAIS

4 CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES EM PROGÊNIES F6 DE SOJA PROVENIENTES DE SETE CRUZAMENTOS BIPARENTAIS

4.1 Resumo

O objetivo dos programas de melhoramento genéticos de qualquer cultura é a obtenção de cultivares que superem com vantagens as pré-existentes. Desse modo, o conhecimento das relações entre caracteres, tais como estimadas pelas correlações, tem apresentado grande importância para o sucesso dos processos de seleção no melhoramento. Os objetivos deste estudo foram avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres agrônômicos de linhagens de soja oriundas de diferentes cruzamentos, visando fornecer subsídios para fins de seleção a ser adotado no programa de melhoramento genético de soja da Universidade Federal de Uberlândia. O experimento foi conduzido em uma área experimental localizada na Fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, Minas Gerais, na safra 2011/2012. Foram avaliados 71 linhagens de soja em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Avaliaram-se os caracteres: número total de vagens, produção de grãos por planta, número de dias para o florescimento, altura da planta no florescimento, número de dias para maturidade, altura da planta na maturidade, altura de inserção de primeira vagem, número de grãos por vagem e produção de grãos por planta. Houve variabilidade entre as linhagens para todos os caracteres. As estimativas dos coeficientes de determinação genotípico oscilaram de 42,43% para o número de dias para o florescimento a 89,92% para o número de grãos por vagem. Para todos os caracteres, com exceção da correlação entre altura da planta no florescimento e maturidade em que a apesar de apresentarem mesma direção, a magnitude da correlação fenotípica superou a correlação genotípica, as correlações genotípicas foram superiores as fenotípicas e de igual sinal, indicando menor influência do ambiente na expressão dos caracteres. A seleção de plantas mais tardias no florescimento e maturidade, resulta em plantas mais altas nesses estádios de desenvolvimento, bem como a seleção de plantas com maior número de vagens favorece a seleção e melhoramento para o caractere produção de grãos por planta.

Palavras-chave: seleção indireta, melhoramento, coeficiente de determinação.

4.2 Abstract

Breeding programs strive to obtain cultivars with superior traits. Thus, relationships between traits, such as those estimated by correlations, are important to the breeding selection process. We evaluated phenotypic and genotypic correlations between agronomic traits and soybeans derived from various crosses to provide selection data for the soybean breeding program at the Universidade Federal de Uberlândia (Federal University of Uberlândia - UFU). The experiment was carried out on the 2011/2012 crop at UFU's Capim Branco farm in Uberlândia, Minas Gerais, Brazil. Seventy-one soybean lines were evaluated using a completely randomized block design and three repetitions. We assessed the total number of pods, grain yield per plant, number

of days to flower, plant height at flowering, number of days to maturity, plant height at maturity, height of first pod insertion, grains per pod and grain yield per plant. Variability among lines existed for all of the traits. Estimated genotypic correlation coefficients ranged from 42.43% for the number of days to flower to 89.92% for the number of grains per pod. Genotype correlations were of equal sign and greater than phenotype correlations for all traits, indicating less environmental influence on trait expression. The only exception to this was the correlation between plant height at flowering and plant height at maturity. Here, the sign of the correlation was the same; however, the magnitude of the phenotypic correlation was higher than the genotypic. Late-flowering and late-maturing plants were taller at these same stages. Additionally, plants with higher numbers of pods favored the selection and development of grain yield per plant.

Keywords: indirect selection, breeding, coefficient of determination.

4.3 Introdução

Um aspecto importante no melhoramento de plantas é a decisão sobre quais caracteres devem ser utilizados para seleção indireta. Geralmente procuram-se caracteres de fácil determinação e que representem adequadamente a variação nos fatores estudados (NASCIMENTO-FILHO; ATROCH; REGAZZI, 2011).

Para o melhoramento de plantas o conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância, principalmente, se a seleção em um deles apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade, e/ou tenha problemas de medição e identificação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O objetivo final de qualquer programa de melhoramento é a obtenção de cultivares que superem com vantagens as pré-existentes no mercado. Incluir novas características de interesse só é possível se a nova cultivar reunir, simultaneamente, uma série de fenótipos favoráveis para esses caracteres. Além da alta produtividade de grãos, outros caracteres são objetivados, tais como aqueles que contribuem para redução de custos na produção, entre eles a resistência a pragas e patógenos, uso mais eficiente da água e nutrientes etc. (RAMALHO *et al.*, 2012).

A importância da correlação entre caracteres no melhoramento genético está ligada à possibilidade de se avaliar quantitativamente o quanto a alteração em um caractere pode influenciar outros. No geral, ao longo do processo de seleção, objetiva-se melhorar um caractere principal e manter ou melhorar a expressão de outros simultaneamente (LOPES *et al.*, 2002). Desse modo, o conhecimento das relações existentes entre caracteres tem sido de grande relevância no melhoramento vegetal, pois fornece informações úteis ao melhorista no processo de seleção (NOGUEIRA *et al.*, 2012).

Quando se trabalha com caracteres de baixa herdabilidade no processo de melhoramento, pode-se utilizar a seleção indireta, por meio de outro caractere que apresente alta herdabilidade e fácil avaliação, desde que ele esteja altamente correlacionado com aquele caractere de difícil seleção direta (ALMEIDA; PELÚZIO; AFERRI, 2010).

No melhoramento de soja, um dos principais objetivos tem sido o aumento do rendimento de grãos por área e da estabilidade dos genótipos, isto é, o desenvolvimento de cultivares que são bem adaptadas a uma ampla faixa de ambientes e com alta produtividade de grãos (POPOVIC *et al.*, 2012).

A correlação é um parâmetro estatístico que mede o grau de associação linear entre duas variáveis ou uma medida do grau de variação conjunta, que pode ser negativa ou positiva (RAMALHO *et al.*, 2012). Com base em estimativas de correlação, é possível praticar a seleção indireta, obtendo-se ganhos genéticos mais rápidos em relação ao uso da seleção direta (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os coeficientes de correlação são adimensionais e seu valor absoluto não ultrapassa a unidade. Quanto mais próxima de -1 ou +1 for a magnitude da estimativa da correlação, implica a existência de associação forte entre duas variáveis e, quando o coeficiente de correlação é igual a zero evidencia a falta de relação linear entre duas variáveis e não a ausência de relação ou de dependência (NOGUEIRA, 2011). A correlação negativa indica que os caracteres são inversamente correlacionados, ou seja, eles variam em direções opostas e positivas, o que significa que variam na mesma direção.

A correlação entre dois caracteres pode ser de natureza fenotípica, genotípica ou ambiental e somente as correlações fenotípicas e as genotípicas que envolvem uma relação de natureza herdável são de maior interesse para o melhoramento genético (NOGUEIRA *et al.*, 2012).

Os valores de correlações são determinados pela base genética da população para a qual os caracteres são avaliados, apresentando oscilação entre estimativas positivas e negativas, propiciando indicativo de como a seleção de um caractere pode influenciar outro (HEIKO, 2001).

Na cultura da soja, estudos sobre correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente têm envolvido caracteres avaliados desde o florescimento até a maturidade, destacando-se a produtividade de grãos e seus componentes, altura da planta na floração e maturidade, número de dias para florescimento e maturidade etc. (ROMANATO, 2013; ALMEIDA; PELÚZIO;

AFERRI, 2010, NOGUEIRA *et al.*, 2012; POPOVIC *et al.*, 2012; PERINI *et al.*, 2012; BÁRBARO *et al.*, 2007; PELÚZIO *et al.*, 1997).

Os objetivos deste estudo foram avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres agronômicos de linhagens de soja oriundas de diferentes cruzamentos, visando fornecer subsídios para fins de seleção a ser adotada no programa de melhoramento genético de soja da Universidade Federal de Uberlândia.

4.4 Material e métodos

O experimento foi conduzido em uma área experimental localizada na Fazenda Capim Branco (18°52'S; 48°20'W e 805m de altitude), pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, Minas Gerais, na safra 2011/2012.

A área em que foi realizado o experimento situa-se sobre um Latossolo Vermelho Escuro distrófico. Antes da implantação do experimento, coletou-se uma amostra composta de solo, para realização das análises química e física para fins de recomendação de calagem e adubação.

O preparo do solo foi realizado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada, conforme análise do solo para cada local.

Foram avaliadas 71 linhagens de soja provenientes de sete cruzamentos biparentais. Para a condução das populações segregantes, utilizou-se o método genealógico, em que, a partir da geração F2 foi feita a seleção de plantas individuais. Na geração F3, cada planta selecionada em F2 foi plantada em linha e realizou-se a seleção entre linhas e dentro de cada linha. Como na geração anterior, as plantas individuais selecionadas foram novamente plantadas em linhas e uma nova seleção entre e dentro da linha foi realizada. Esses procedimentos foram repetidos até a geração do presente trabalho (F6).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados (DBC) com três repetições. A parcela experimental constituiu-se de duas linhas de plantas de soja, com quatro metros de comprimento e espaçadas em 0,5 m.

Foram semeadas vinte sementes por metro linear a três centímetros de profundidade. O desbaste foi realizado no estágio V1 (FEHR; CAVINESS, 1977), deixando-se quinze plantas por metro linear, para uma população adotada de 300 mil plantas ha⁻¹.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com fungicida Fludioxonil – nome comercial Maxim® XL e inseticida Tiametoxam – nome comercial Cruiser® 350 FS, ambos na dose de 200 mL do produto comercial para cada 100 kg de sementes e, posteriormente, realizou-se a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*.

Quanto aos tratos culturais empregados, no controle de plantas daninhas, foram utilizados herbicidas em pré e pós-emergência, complementados com capinas manuais, quando necessário. As doenças e insetos pragas foram controlados conforme recomendações técnicas apropriadas à cultura (EMBRAPA, 2011).

Os caracteres agronômicos avaliados foram os mais relevantes em cultivares de soja, sendo esse procedimento realizado mediante observações visuais e medições de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura proposto por Fehr; Caviness (1977). Sendo eles:

a) Altura da planta na floração (APF): foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal de cinco plantas aleatoriamente.

b) Altura da planta na maturidade (APM): foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal de cinco plantas aleatoriamente quando essas se encontravam no estágio reprodutivo R8, onde 95% das vagens atingiram a cor de vagem madura.

c) Número de dias para a floração (NDF): definido como número de dias desde a emergência até a floração, quando aproximadamente 50% das plantas da parcela útil apresentavam pelo menos uma flor aberta (R1).

d) Número de dias para a maturidade (NDM): foi considerado o número de dias da emergência até a maturação, quando 95% das vagens da área útil da parcela estavam maduras (R8).

e) Altura de inserção da primeira vagem (AIPV): foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal, medida em cinco plantas quando as mesmas estavam no estágio R8.

f) Número total de vagens: foram amostradas aleatoriamente cinco plantas da parcela útil, nas quais foi contado o número total de vagens por planta e feito uma média;

g) Número de grãos por vagem: foram amostradas aleatoriamente cinco plantas da parcela útil, nas quais foi contado o número de grãos por vagem e feito uma média;

h) Produção de grãos por planta (PG): após a debulha das vagens, por meio da pesagem das sementes das cinco plantas amostradas aleatoriamente.

Foram estimadas as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres, conforme estimadores abaixo:

a) Correlação fenotípica:

$$r_f = \frac{PMG_{xy}}{\sqrt{QMG_x QMG_y}}$$

Em que:

r_f : estimador da correlação fenotípica;

PMG_{xy} : produto médio entre os genótipos para os caracteres X e Y;

QMG_x : quadrado médio entre os genótipos para o caractere X;

QMG_y : quadrado médio entre os genótipos para o caractere Y;

b) Correlação genotípica:

$$r_G = \frac{\hat{\phi}_{g(xy)}}{\sqrt{\hat{\phi}_{g(x)} \hat{\phi}_{g(y)}}}$$

$$\hat{\phi}_{g(xy)} = \frac{(PMG_{xy} - PMR_{xy})}{r}$$

$$\hat{\phi}_{g(X)} = \frac{QMG_x - QMR_x}{r}$$

$$\hat{\phi}_{g(Y)} = \frac{QMG_y - QMR_y}{r}$$

Em que:

$\hat{\phi}_{g(xy)}$: estimador da covariância genotípica;

$\hat{\phi}_{g(x)}$ e $\hat{\phi}_{g(y)}$: estimadores dos componentes quadráticos associados a variabilidade genotípica para os caracteres X e Y, respectivamente.

Foi estimado o coeficiente de determinação genotípico (h^2) com base no método da análise de variância dado por:

$$h^2 = \frac{\hat{\phi}_g}{QMT/r}$$

$$\hat{\phi}_g = \frac{QMG - QMR}{r}$$

Em que:

h^2 : coeficiente de determinação genotípico;

$\hat{\phi}_g$: componente quadrático genético;

QMG : quadrado médio de genótipos;

QMR : quadrado médio do resíduo; e

r : número de repetições.

A significância da correlação fenotípica foi estimada pelo test t com n-2 graus de liberdade, em que n corresponde ao número de genótipos avaliados. A significância das correlações genotípicas foi avaliada pelo *bootstrap* com cinco mil simulações.

As análises estatísticas foram realizadas com o Programa Genes (Aplicativo computacional em genética e estatística) (CRUZ, 2006).

4.5 Resultados e discussão

Na Tabela 4.1 são apresentados o resumo das análises de variância para os caracteres agronômicos avaliados. Verificaram-se efeitos significativos para a fonte de variação linhagens, indicando existência de variabilidade genética.

TABELA 4.1 Resumo da análise de variância para oito caracteres agronômicos avaliados em 71 linhagens de soja, cultivadas em Uberlândia-MG.

FONTE DE VARIAÇÃO	QUADRADO MÉDIO							
	NVT	PROD	NDF	APF	NDM	APM	AIPV	NGV
Bloco	211,37	69,89	12,97	319,22	168,88	237,83	30,18	0,02
Linhagens	463,94**	37,25**	9,83*	73,00**	81,15**	206,26**	10,61**	0,18**
Resíduo	140,56	10,71	5,66	37,72	21,97	43,26	4,66	0,02
CV (%)	19,33	12,97	5,04	14,71	3,74	11,02	20,96	5,51
h^2	69,70	71,24	42,43	48,32	72,93	79,03	56,03	89,92

** : significativo 0,01 de significância pelo teste F. CV (%): coeficiente de variação, h^2 : coeficiente de determinação genotípico. NVT: número total de vagens, PROD: produção de grãos por planta (kg planta^{-1}), NDF: número de dias para o floração, APF: altura da planta na floração, NDM: número de dias para maturidade, APM: altura da planta na maturidade, AIPV: altura de inserção de primeira vagem e NGV: número de grãos por vagem.

Os coeficientes de variação (CV) para os oito caracteres oscilaram entre 3,74% a 20,96%, respectivamente, para o número de dias para maturidade (NDM) e altura de inserção de primeira vagem (AIPV). Os CVs obtidos são considerados de baixos a médios (PIMENTEL,

1985), evidenciando controle das causas de variação ambiental de ordem sistemática. Os maiores valores obtidos podem ser atribuídos à natureza quantitativa e poligênica desses caracteres, estando esses valores de acordo com os limites observados em outros trabalhos com a cultura da soja (ESPINDOLA *et al.*, 2011, PERINI JÚNIOR *et al.*, 2012; NOGUEIRA *et al.*, 2012; BÁRBARO *et al.*, 2007; HEIKO, 2001).

O ao avaliar correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas, também obtiveram o menor valor de CV para o caractere número de dias para maturidade (2,70%) e o maior valor para produtividade de grãos (37,71%), mais que o dobro superior ao obtido nesse estudo para o mesmo caractere.

Conforme Carvalho *et al.* (2003), o limite máximo aceitável de coeficientes de variação para soja é de 12% para altura de planta e de 16% para produtividade de grãos. Para tais caracteres, no presente estudo, verificaram-se CVs próximos dos limites sugeridos, com exceção, do CV de 5,04% para número de dias para o florescimento (NDF) (5,04%) e número de dias para maturação (NDM) (3,74%) que ficaram bem abaixo.

As estimativas dos coeficientes de determinação genotípica (h^2) oscilaram de 42,43% (NDF) a 89,92% (NGV). O coeficiente de determinação genotípico fornece a proporção da variabilidade genética presente na variância fenotípica total. Desse modo, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico (RAMALHO *et al.*, 2012) (Tabela 4.1), diante disso, o caractere NDF foi muito influenciado pelo ambiente e a seleção de genótipos superiores para esse caractere não é segura.

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica, entre pares de caracteres, encontram-se na Tabela 4.2. Na interpretação de correlações, três aspectos devem ser considerados: a magnitude, a direção e a significância. Estimativas de coeficientes de correlações positivas indicam a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, correlações negativas indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui (NOGUEIRA *et al.*, 2012).

A correlação fenotípica é o tipo de correlação mensurada no processo de melhoramento, sendo proveniente de causas genéticas e ambientais (FALCONER, MACKAY, 1996). Para todos os caracteres, com exceção da correlação entre APF e APM que embora apresentaram mesma direção, a magnitude da correlação fenotípica superou a correlação genotípica, as correlações genotípicas foram superiores as fenotípicas e de igual sinal, indicando menor influência do ambiente na expressão dos caracteres (ALMEIDA, PELUZIO, AFERRI, 2010). Resultados semelhantes foram obtidos em outros estudos de correlação entre caracteres em soja

(CARVALHO *et al.*, 2002; LOPES *et al.*, 2002; PELÚZIO *et al.*, 2005; GONÇALVES *et al.*, 2005, ARSHAD, ALI, GHAFOR, 2006; ALMEIDA, PELUZIO, AFERRI, 2010; SHOWKAT; TYAGI, 2010, ROMANATO, 2013).

TABELA 4.2 Correlações fenotípicas (r_f) e genotípicas (r_g) entre oito caracteres agronômicos avaliados em 71 linhagens de soja, cultivadas em Uberlândia-MG

CARATERES			CORRELAÇÕES	
			r_f	r_g
NTV	X	PROD	0,5951**	0,6699 ⁺⁺
NTV	X	NDF	0,1599 ^{ns}	0,2718
NTV	X	APF	-0,1087 ^{ns}	-0,2544
NTV	X	NDM	-0,0809 ^{ns}	-0,1818
NTV	X	APM	-0,0290 ^{ns}	-0,0721
NTV	X	AIPV	-0,2295 ^{ns}	-0,2998
NTV	X	NGV	-0,4491**	-0,5648 ⁺⁺
PROD	X	NDF	0,1379 ^{ns}	0,2155
PROD	X	APF	-0,0806 ^{ns}	-0,1808
PROD	X	NDM	-0,081 ^{ns}	-0,1319
PROD	X	APM	0,0585 ^{ns}	0,0878
PROD	X	AIPV	-0,1786 ^{ns}	-0,2792
PROD	X	NGV	-0,1145 ^{ns}	-0,1577 ⁺
NDF	X	APF	0,5905**	0,7520 ⁺
NDF	X	NDM	0,407**	0,5627 ⁺
NDF	X	APM	0,4678**	0,8067 ⁺⁺
NDF	X	AIPV	0,4061**	0,8383 ⁺⁺
NDF	X	NGV	0,0409 ^{ns}	0,0340
APF	X	NDM	0,0033 ^{ns}	-0,0898
APF	X	APM	0,3056**	0,2634
APF	X	AIPV	0,5348**	0,8383 ⁺⁺
APF	X	NGV	0,1063 ^{ns}	0,1260
NDM	X	APM	0,2689*	0,3227 ⁺
NDM	X	AIPV	-0,0335 ^{ns}	-0,1283
NDM	X	NGV	-0,0401 ^{ns}	-0,0497 ⁺
APM	X	AIPV	0,373**	0,3747
APM	X	NGV	0,0225 ^{ns}	0,0301
AIPV	X	NGV	0,2132 ^{ns}	0,3294

**, *: significativo ao nível de 0,01 e 0,05 de significância pelo test t, respectivamente; ^{ns}: não significativo. ⁺⁺, ⁺: significativo ao nível de 0,01 e 0,05 de significância pelo método de *bootstrap* com 5 mil simulações. NVT: número total de vagens, PROD: produção de grãos por planta (g planta⁻¹), NDF: número de dias para o florescimento, APF: altura da planta no florescimento, NDM: número de dias para maturidade, APM: altura da planta na maturidade, AIPV: altura de inserção de primeira vagem e NGV: número de grãos por vagem.

Correlações genotípicas superiores as correlações fenotípicas constituem uma característica bastante favorável para os programas de melhoramento cujo objetivo é praticar seleção indireta. Contudo, é válido enfatizar, que uma alta correlação entre dois caracteres não implica que a seleção em um resultará em alteração no outro, pois deve-se levar em

consideração a herdabilidade ou coeficiente de determinação genotípico do caractere sob seleção (ROMANATO, 2013).

As maiores correlações fenotípicas e genotípicas de mesmo sinal e significativas foram observadas entre os caracteres NTV e PROD (0,5951), NDF e APF (0,5905), e entre APF e AIPV (0,5348), apesar da magnitude não ter sido elevada, a significancia e a direção foram concordantes. Desse modo, a seleção direta de plantas com maior número de vagens pode favorecer plantas com maior produtividade de grãos, uma vez que o número de vagens é um dos componentes de produção de grãos (PERINI JÚNIOR *et al.*, 2012), esses resultados corroboram com os obtidos por Nogueira *et al.* (2012) que ao avaliarem a correlação fenotípica e genotípica entre caracteres agronômicos em 90 genótipos de soja, obtiveram correlação fenotípica de 0,767 para os mesmos caracteres.

De acordo com os resultados, quanto maior o número de dias para o florescimento, maior a altura da planta nesse estágio de desenvolvimento. Plantas que atrasam sua fase reprodutiva, continuam a vegetar e acumular mais matéria seca, logo a seleção de plantas mais tardias para iniciar a reprodutiva resulta em plantas mais altas nessa fase. Resultado semelhante foi obtido por Almeida, Pelúzio, Aferri (2010) ao estudarem a correlação entre caracteres agronômicos em 12 genótipos de soja.

O NDF também apresentou correlação fenotípica e genotípica significativa com NDM, logo a seleção de plantas tardias para iniciar sua fase reprodutiva resulta na seleção de plantas ciclo mais longo. Resultado semelhante foi obtido por Romanato (2013), ao avaliar a correlação fenotípica e genotípica entre nove caracteres agronômicos em 27 genótipos de soja, em que obteve correlações fenotípicas e genotípicas significativas, de 0,61 e 0,64, respectivamente, e semelhantes ao obtido por Salimi; Moradi (2012), que obtiveram correlações para os mesmos caracteres ao estudarem o efeito da correlação, regressão e análise de trilha em genótipos de soja sob condições normais e de excesso de umidade.

A altura da planta na floração apresentou correlação fenotípica significativa e positiva com altura da planta na maturidade, assim, a seleção de plantas mais altas no estágio reprodutivo resulta em maior altura em plantas na maturidade corroborando com o resultado obtido por Pelúzio *et al.* (2005) e Nogueira *et al.* (2012).

As correlações positivas ocorrem, possivelmente, em razão da ocorrência de pleiotropismo ou desequilíbrio de ligação gênica entre os pares de caracteres e favorecem a seleção simultânea de dois ou mais caracteres, pela seleção em apenas um destes (FALCONER,

MACKAY, 1996). Por outro lado, por causa dessa relação, a seleção de um caractere pode acarretar uma seleção indesejável de outro (ALMEIDA; PELÚZIO; AFERRI 2010).

O número total de vagens apresentou correlação negativa com número de grãos por vagem. De acordo com Carvalho; Lorencetti; Benin (2004), se o coeficiente apresentar sinal negativo, os caracteres avaliados tendem a variar em sentidos contrários, logo, a seleção de plantas com maior número de vagens resultará em plantas com menor número de grãos por vagem, uma vez que os fotossimilados serão translocados para produzir maior número de vagens e em consequência menor será a quantidade translocada para a formação de grãos, e estes se apresentaram em menor número.

Pandini, Vello e Lopes (2002) ao avaliarem correlações entre caracteres em soja relataram que o caractere número de vagens por planta demonstrou ter potencial para a seleção indireta de genótipos mais produtivos. Segundo esses autores, os caracteres de importância agronômica podem estar correlacionados entre si em diferentes magnitudes, podendo assim, a seleção para um caractere trazer reflexos em outros, com interesse ou não para o melhoramento.

O conhecimento das correlações entre os caracteres ligados à produtividade de grãos é primordial nos programas de melhoramento genético, pois facilita a seleção dos genótipos favoráveis e permite um direcionamento a metodologia de seleção (PELUZIO *et al.*, 1998).

A maioria dos caracteres não apresentou correlações significativas com o caractere produtividade de grãos e foi de baixa magnitude, no entanto, não significa que esse caractere não tenha correlação com os demais, mas apenas que a correlação entre eles não é linear, podendo ser de outra natureza.

4.6 Conclusões

As correlações genotípicas entre os caracteres agronômicos de soja apresentaram igual sinal e, na maioria dos casos, valores superiores às suas respectivas correlações fenotípicas, demonstrando que a expressão fenotípica é reduzida ante as influências ambiental.

A seleção de plantas mais tardias no florescimento e maturidade resulta em plantas mais altas nesses estádios de desenvolvimento, bem como a seleção de plantas com maior número de vagens possibilitaria a seleção e melhoramento para o caractere produtividade de grãos.

4.7 Referências

ALMEIDA, R.P.; PELÚZIO, J.M.; AFERRI, F.S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.

ARSHAD M.; ALI N.; GHAFOR A.B. Character correlation and path coefficient in soybean *Glycine max* (L.) Merrill. **Pakistan Journal Botany**, Karachi, v. 38, n.1, p. 121-130, 2006.

BÁRBARO I.M.; et al. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agronômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas para reforma de canavial. **Científica**, Jaboticabal, v.35, n.2, p.136 - 145, 2007.

CARVALHO, C.G.P.; et al. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 3, p. 311-320, 2002.

CARVALHO, C.G.P.; et al. Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 2, p. 187-193, 2003.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e Implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: UFPel, p 142. 2004.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: Biometria**. Viçosa: UFV, 2006. 382p.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja: região central do Brasil 2012 e 2013**. - Londrina: Embrapa Soja, 2011. 261 p.

ESPINDOLA, S.M.C.G.; et al. Avaliação da *performance* produtiva e agrônômica de genótipos de soja para a região de Jaboticabal, SP. **FAZU em Revista**, Uberaba, n. 8, p. 20-24, 2011.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**, 4.ed. Longmans Green, Harlow, Essex, UK, 1996, 464p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University. Special Report, 80, Iowa Cooperative Extensive Service, Iowa, 12 p, 1977.

GONÇALVES, E.C.P.; et al. Estimativas de correlações fenotípicas em populações em populações de soja em plantio de safrinha. **Revista Pesquisa & Tecnologia**, São Paulo, v. 2, n.2, 2005.

HEIKO, R. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba, 2001.

LOPES A.C.A.; et al. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 59 n. 2 p. 341-348, 2002.

NASCIMENTO-FILHO, F.J.; ATROCH, A.L.; REGAZZI, A.J. Avaliação de características de mudas de clones de guaranazeiro utilizando análise de fatores. **Revista Ciências Agrárias**, Belém, v.54, n.2, p.107-112, 2011.

NOGUEIRA, A.P.O.; et al. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

NOGUEIRA, A.P.O. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja**. Viçosa, 2011. 139f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Federal de Viçosa, 2011.

PANDINI, F.; VELLO, N. A.; LOPES, A. C. A. Heterosis in soybeans for seed yield components and associated traits. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 45, n. 4, p. 401-412, 2002.

PELÚZIO J. M.; et al. Correlações entre caracteres de soja em Gurupi Tocantins. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 52 p. 779-786 2005.

PELUZIO, J. M.; et al. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambiente entre alguns caracteres de soja, em Pedro Afonso, Tocantins. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 45, p. 303-308, 1998.

PELÚZIO, J. M.; et al. Correlações entre caracteres agronômicos em cultivares de soja, em Gurupi-To. **Revista Agricultura Tropical**, Cuiabá, v.3, n.1, p.15-24, 1997.

PERINI JÚNIOR, L.; et al. Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semina - Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n.1, p. 2531-2544, 2012.

PIMENTEL, G.F. **Curso de estatística experimental**. São Paulo: Esalq, 1985. 467p.

POPOVIC, V.; et al. Variability and correlations between soybean yield and quality components. **Romanian agricultural research**, Ălărași, v29, n.29, 2012.

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

ROMANATO, F.N. Correlação, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja. Uberlândia, 2013. 62. **Dissertação** (Mestrado em Agronomia - fitotecnia) – Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, 2013.

SALIMI,S.; MORADI,S. Effect the Correlation, Regression and Path Analysis in Soybean Genotypes (*Glycine max* L.) under Moisture and normal condition. **Journal of Agronomy and Plant Production**. Tehran, v. 3, n.10, p. 447-454, 2012.

SHOWKAT, M.; TYAGI, D. Correlation and path analysis of some quantitative traits in soybean (*Glycine max* L. Merrill). **Research Journal of Agricultural Sciences**, Timișoara, v. 1, p. 102-106, 2010.

CAPÍTULO 4

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE CICLO PRECOCE DE SOJA NO ESTADO DO MATO GROSSO PELOS MÉTODOS AMMI, GGE BILOT E ANÁLISE DE FATORES

5 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE CICLO PRECOCE DE SOJA NO ESTADO DO MATO GROSSO PELOS MÉTODOS AMMI, GGE BIPLLOT E ANÁLISE DE FATORES

5.1 Resumo

Em fases finais do processo de desenvolvimento de novas cultivares de soja, as linhagens são cultivadas em vários locais e anos com intuito de identificar e selecionar genótipos superiores para características quantitativas. Nesse contexto, objetivou-se com este trabalho estudar a interação genótipos por ambientes para o caractere produtividade de grãos, avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclo precoce pelos métodos AMMI, GGE Biplot e análise de fatores, bem como comparar a eficiência dos métodos. Os experimentos foram realizados em cinco municípios do Estado do Mato Grosso, Alto Taquari, Lucas do Rio Verde, Sinop, Querência e Rondonópolis, nas safras 2011/2012 e 2012/2013. Foram avaliados 27 genótipos de soja de ciclo precoce, sendo 22 linhagens desenvolvidas pelo Programa melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia-UFU e cinco testemunhas: UFUS Carajás, MSOY 6101, MSOY 7211, UFUS Guarani e UFUS Riqueza. O caractere avaliado foi produtividade de grãos (kg ha^{-1}). Verificou-se interação genótipos por ambientes significativa e de natureza complexa. O modelo AMMI apresentou maior eficiência por reter maior parte da variação nos dois primeiros componentes principais (61,46%), seguido do modelo GGE Biplot (57,90%) e análise de fatores (54,12%). Os agrupamentos ambientais entre as metodologias foram semelhantes, constituindo um mesmo grupo ambientes de um mesmo local, porém de safras distintas. O genótipo G5 apresentou nas metodologias AMMI, análise de fatores e GGE biplot elevada produtividade de grãos e alta adaptabilidade e estabilidade.

Palavras-chave: *Glycine max.*, seleção de genótipos, produtividade de grãos, técnicas multivariadas.

5.2 Abstract

In the final stages of developing new soybean cultivars, strains are grown in multiple location and years in order to identify and select superior genotypes using quantitative traits. Thus, we studied the interaction between genotype and environment and its impact on grain yield. We also evaluated the adaptability and stability of early-cycle soybean genotypes by AMMI, GGE Biplot and factor analysis and assessed the efficiency of these methods. The experiments were conducted on 2011/2012 and 2012/2013 crops in the municipalities of Alto Taquari, Lucas do Rio Verde, Sinop, Querência and Rondonópolis in the state of Mato Grosso, Brazil. Twenty-seven early-cycle soybean genotypes were assessed. These consisted of 22 strains developed by the soybean-breeding program at the Universidade Federal de Uberlândia-UFU and five controls (UFUS Carajas, MSOY 6101, MSOY 7211, UFUS Guarani and UFUS Riqueza). We evaluated grain yield (kg ha^{-1}) and found significant and complex interactions between

genotype and environment. The AMMI model was the most efficient at retaining the variation in the first two principal components (61.46%), followed by GGE Byplot (57.90%) and factor analysis (54.12%). Environmental clustering was similar among models with the same environmental group in the same location but from separate crops. AMMI, factor analysis and GGE Biplot showed that the G5 genotype had high grain yield, adaptability and stability and that the 2012/2013 crop at Lucas do Rio Verde had greater stability and yield.

Keywords: *Glycine max*, genotype selection, grain yield, multivariate techniques.

5.3 Introdução

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] está entre as principais plantas exploradas no Estado do Mato Grosso, onde ocupa aproximadamente 7,81 milhões hectares, o que corresponde a maior área cultivada com a cultura no Brasil (CONAB, 2013). Nas últimas safras, as regiões produtoras do Estado têm enfrentado períodos de instabilidade climática, principalmente no que se refere à quantidade de água precipitada, temperaturas mais elevadas, o que torna ainda mais essencial o cultivo de genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade para cada região.

As respostas fenotípicas das plantas refletem a influência de seus genótipos e dos ambientes em que são cultivados. Entretanto, quando são submetidas a diferentes condições ambientais, surge um componente adicional, a interação genótipos por ambientes (G x A) que também influencia a manifestação fenotípica (MOHAMMADI *et al.*, 2007; RAMALHO *et al.*, 2012).

A interação G x A pode ser classificada em dois tipos, interação simples e interação complexa. A tipo simples é proporcionada pela diferença de variabilidade entre os genótipos nos ambientes, de forma que a posição relativa desses genótipos não é alterada com a oscilação ambiental, nesse caso, esse tipo de interação não traz dificuldade para seleção e indicação de genótipos superiores. A interação do tipo complexa indica a inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental, ou seja, haverá genótipo superior em um ambiente, mas não em outro, tornando mais difícil a seleção e, ou sua recomendação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Em virtude das diferenças edafoclimáticas e do lançamento de novas cultivares, são necessários mais estudos regionalizados para que se possam atenuar os efeitos dos fatores ambientais no desenvolvimento de novas cultivares de soja, em diferentes locais e/ou épocas de semeadura (MEOTTI *et al.*, 2012). Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) recomendam a

estratificação de regiões de adaptação das culturas em sub-regiões mais homogêneas, com o objetivo de atenuar os problemas gerados pela interação G x A.

Para a seleção de cultivares mais adaptadas e estáveis a determinados locais, regiões ou épocas de semeadura, é importante utilizar ferramentas estatísticas biométricas que não subestimem ou superestimem o efeito do ambiente sobre a produtividade de grãos (SILVA *et al.*, 2011).

Vários métodos estatísticos têm sido utilizados para avaliar a adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos quando a interação GxA é significativa, tais como, as metodologias de Wricke, Eberhart e Russell, de Lin e Binns etc. (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Entretanto, a maioria desses métodos não é capaz de explicar adequadamente a resposta dos genótipos quando submetidos a cultivo em diferentes localidades (OSMANZAI; SHARMA, 2008; NAMORATO *et al.*, 2003).

Nesse contexto, há metodologias recentes e que explicam adequadamente os efeitos principais (genótipo e ambiente) e a sua interação, podendo-se destacar o modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis* - AMMI), análise dos efeitos principais do genótipo e da interação genótipos x ambientes (*Genotype main effects and Genotype x Environment interaction* GGE biplot) e análise de fatores que é baseada no princípio da similaridade do desempenho genotípico.

Utilizando as metodologias multivariadas, baseadas em gráfico biplot, é possível captar grande parte da variação do conjunto de dados referentes à importância relativa do genótipo e da interação G x A (ROOZEBOOM *et al.*, 2008).

O objetivo deste trabalho foi estudar a interação genótipos por ambientes para o caráter produtividade de grãos e avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclo precoce pelos métodos AMMI, GGE biplot e análise de fatores, bem como comparar a eficiência dos métodos.

5.4 Material e métodos

Os experimentos foram realizados em cinco municípios do Estado do Mato Grosso (Tabela 5.1), nas safras 2011/2012 e 2012/2013. Utilizaram-se 27 genótipos de soja de ciclo precoce, sendo 22 linhagens desenvolvidas pelo Programa de melhoramento de soja da

Universidade Federal de Uberlândia - UFU e cinco testemunhas: UFUS Carajás, MSOY 6101, MSOY 7211, UFUS Guarani e UFUS Riqueza.

TABELA 5.1 Altitude, latitude, longitude e safra de ensaios de competição de genótipos de soja de ciclo precoce, no Estado do Mato Grosso.

Ambiente	Altitude	Latitude	Longitude	Safra
Alto Taquari	851	17°49'34"	53°16'56"	2011/2012
Lucas do Rio Verde	390	13°03'01"	55°54'40"	2011/2012
Sinop	384	11°50'53"	55°38'57"	2011/2012
Alto Taquari	851	17°49'34"	53°16'56"	2012/2013
Lucas do Rio Verde	390	13°03'01"	55°54'40"	2012/2013
Querência	350	12°35'49"	52°11'59"	2012/2013
Rondonópolis	227	16°28'15"	54°38'08"	2012/2013

Antes da implantação de cada experimento, coletou-se uma amostra composta de solo, para realização das análises química e física para fins de recomendação de calagem e adubação. O preparo do solo foi realizado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada, conforme análise do solo para cada local.

Para todos os experimentos, o delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados (DBC) com três repetições. A parcela experimental constituiu-se de cinco linhas de plantas de soja com cinco metros de comprimento espaçadas em 0,5 m. A parcela útil foi constituída pelas três linhas centrais, desprezando-se 0,5 m de cada extremidade.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com fungicida Fludioxonil – nome comercial Maxim® XL e inseticida Tiametoxam – nome comercial Cruiser® 350 FS, ambos na dose de 200 mL do produto comercial para cada 100 kg de sementes e, posteriormente, realizou-se a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*.

Quanto aos tratos culturais empregados, no controle de plantas daninhas, foram utilizados herbicidas em pré e pós-emergência. O manejo de doenças e insetos pragas foi realizado conforme recomendações técnicas apropriadas à cultura (EMBRAPA, 2011).

Avaliou-se o caractere produtividade de grãos (kg ha⁻¹), obtido por meio da colheita da área útil de cada parcela e pesagem dos grãos obtidos após trilha dos feixes de plantas e limpeza dos grãos. Os dados obtidos (gramas por parcela) foram transformados para kg ha⁻¹, sendo esta produtividade corrigida para umidade de 13%, conforme a equação abaixo:

$$PF = PI \frac{100 - UI}{100 - UF}$$

Em que:

PF: peso final corrigido da amostra;
 PI: peso inicial da amostra;
 UI: umidade inicial da amostra;
 UF: umidade final da amostra (13%),

Para as análises estatísticas, inicialmente, realizaram-se as análises de variância para cada experimento. Posteriormente, avaliou-se a homogeneidade das variâncias residuais, por meio da razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (QMR), considerando-se sete como valor limitante, para realização da análise de variância conjunta, conforme descrito Ramalho *et al.* (2012). Os efeitos de genótipos e ambientes foram considerados fixos.

Realizou-se o estudo da interação G x A, a partir da decomposição em parte complexa entre pares de ambientes, conforme descrito por Cruz e Castoldi (1991). Assim, a parte complexa foi obtida pela expressão:

$$C = \sqrt{(1-r)^3} \sqrt{Q_1 Q_2}$$

Sendo Q1 e Q2 corresponderam aos quadrados médios dos genótipos nos ambientes 1 e 2, respectivamente, e r a correlação entre as médias dos genótipos nos dois ambientes.

Estimaram-se as correlações fenotípicas e genotípicas entre os pares de ambientes. O coeficiente de correlação fenotípico foi estimado pela seguinte expressão:

$$r_f = \frac{\text{COV}(Y_{ij}, Y_{ij'})}{\sqrt{\hat{V}(Y_j) \hat{V}(Y_{j'})}}$$

$\text{COV}(Y_{ij}, Y_{ij'})$: covariância fenotípica da característica X avaliada no ambiente j e j';

$\hat{V}(Y_j)$: variância fenotípica da característica X no ambiente j; e

$\hat{V}(Y_{j'})$: variância fenotípica da característica X no ambiente j'.

O coeficiente de correlação genotípico foi estimado utilizando a seguinte expressão:

$$r_g = \frac{\hat{\phi}_{g(jj')}}{\hat{\phi}_{g(jj)} + \hat{\phi}_{ga(jj')}}}$$

$\hat{\phi}_{g(jj')}$: variabilidade genética da característica X entre o ambiente j e j'; e

$\hat{\phi}_{ga(jj')}$: variabilidade da interação.

A significância estatística do coeficiente de correlação fenotípico foi testada pelo teste *t*, ao nível 5% de probabilidade e a significância das correlações genotípicas foi avaliada pelo *bootstrap* com cinco mil simulações.

Uma vez detectada interação G x A significativa, procedeu-se à análise de estratificação e de adaptabilidade e estabilidade fenotípica pela metodologia AMMI (ZOBEL *et al.*, 1988), GGE Biplot (YAN *et al.*, 2000) e análise de fatores (MURAKAMI; CRUZ, 2004).

A análise AMMI, proposta inicialmente por Mandel (1971), é um tipo de metodologia que permite um detalhamento maior da soma de quadrados da interação. A análise AMMI considera modelos aditivos para os efeitos principais: genótipos (g)_{*i*} e ambientes (a)_{*j*} e, multiplicativos para os efeitos da interação, (ga)_{*ij*} (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013). Assim, a resposta média de um genótipo *i* em um ambiente *j* é dada por:

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

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...*g*;

a_j : efeito do ambiente *j*, *j* = 1...*a*;

λ_c : autovalor do *c*-ésimo componente principal relacionado à interação G x 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 índice *c* varia de 1 a *q*, sendo *q* = mínimo (*g*-1; *a*-1), O valor de *q* corresponde ao posto da matriz de interação G x A.

A análise GGE Biplot permite explorar respostas dos genótipos a ambientes específicos. O modelo multiplicativo GGE biplot é semelhante ao modelo multiplicativo AMMI (SOUZA, 2010).

As análises GGE biplot foram realizadas considerando o modelo simplificado para dois componentes principais, centrado no ambiente (YAN, 2001):

$$\bar{Y}_{ij} - \mu_j = \lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1} + \lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

Em que:

$\bar{Y}_{ij}$: é a média do genótipo i no local j;

μ_j : é a média de todos os genótipos no local j;

$\lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1}$: é o primeiro componente principal (CP1) do efeito de genótipo + interação genótipos x ambientes, resultante da análise de componentes principais aplicada a matriz de interações;

$\lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2}$: é o segundo componente principal (CP2) do efeito de genótipo + interação genótipos x ambientes, resultante da análise de componentes principais aplicada a matriz de interações;

λ_1 e λ_2 : são os autovalores associados ao CP1 e CP2;

γ_{i1} e γ_{i2} : são os escores do CP1 e CP2, respectivamente, para os genótipos;

α_{j1} e α_{j2} : são os escores do CP1 e CP2, respectivamente, para ambientes;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$: é o resíduo do modelo com NID (0, σ^2/r) (em que σ^2 é a variância do erro entre parcelas e r é o número de repetições).

A análise de fatores é uma técnica multivariada utilizada, entre outras formas, nos estudos de estratificação ambiental e permite reduzir um número elevado de variáveis originais a um pequeno número de variáveis abstratas, chamadas de fatores (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Esses fatores podem ser independentes ou correlacionados, sendo que cada fator pode reunir variáveis originais fortemente correlacionadas entre si, mas fracamente correlacionadas com as variáveis dos outros fatores (JOHNSON; WICHERN, 1992). Assim, postula-se que a análise de fatores seja capaz de formar subgrupos de ambientes de modo a haver altas correlações na característica de interesse dentro de subgrupos e baixa, ou nenhuma, entre subgrupos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

As análises foram realizadas com o auxílio dos aplicativos computacionais: GENES (CRUZ, 2006), Estabilidade (FERREIRA, 2002) e GGE Biplot (YAN; TINKER, 2006).

5.5 Resultados e discussão

Pela análise de variância conjunta, observaram-se efeitos significativos para ambientes, genótipos e para a interação G x A, indicando comportamento diferencial dos genótipos em relação aos ambientes de cultivo (Tabela 5.2).

TABELA 5.2 Resumo da análise de variância conjunta para o caractere produtividade de grãos (kg ha⁻¹) avaliada em 27 genótipos de soja de ciclo precoce cultivados em sete ambientes.

Fontes de variação (FV)	GL	Quadrado médio
-------------------------	----	----------------

Blocos/Ambientes	14	610072,40564
Genótipos (G)	26	1763945,33591**
Ambientes (A)	6	75874149,99765**
GxA	156	1457188,75345**
Erro	364	331673,77927
Média		3616,52
CV (%)		15,92
h^2		81,20

** significativo a 0,01 de significância pelo teste F. GL: graus de liberdade, CV (%): coeficiente de variação, h^2 : coeficiente de determinação genotípica.

A média de produtividade de grãos obtida foi de 3616,52 kg ha⁻¹, 20,15% superior à média nacional do Estado do Mato Grosso (3010,00 kg ha⁻¹) (CONAB, 2013), demonstrando que entre as linhagens avaliadas existem genótipos com potencial de serem lançados como novas cultivares indicadas para a região.

O coeficiente de variação experimental foi de 15,92% (Tabela 2), evidenciando precisão no controle das causas de variação de ordem sistemática dos ambientes experimentais, valor considerado aceitável, por se tratar do caractere produtividade de grãos, que é quantitativo e consequentemente muito influenciado pelo ambiente. Além disso, o coeficiente de variação deste estudo foi inferior ao limite de 16%, sugerido por Carvalho *et al.* (2003).

A herdabilidade (h^2) é um dos parâmetros genéticos úteis ao melhoramento, pois permite prever o ganho genético e, também, orientar o melhorista na escolha do método de melhoramento. Em gerações avançadas do processo de melhoramento, o parâmetro h^2 é denominado como coeficiente de determinação genotípico, por se tratar de genótipos já fixados e que foram pré-selecionados.

O coeficiente de determinação genotípico fornece a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total. Desse modo, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993). O valor de h^2 encontrado neste estudo foi de 81,20%, superior ao relatado por Yokomizo; Vello (2000) (57,57%) para o mesmo caractere, indicando que a variação genética foi superior a ambiental.

As estimativas das correlações fenotípicas entre os pares de ambientes não foram significativas e com exceção dos pares formados pelos ambientes Alto Taquari (2011/2012) e Alto Taquari (2012/2013) com Rondonópolis (2012/2013), que apresentaram valores mais próximos de 0,7. Todas as demais as correlações foram de baixa magnitude. Esses resultados corroboram os encontrados por Mendonça *et al.* (2007) que, ao avaliarem a eficiência de diferentes métodos de estratificação ambiental, a representatividade dos locais de avaliação e a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja, por meio de ensaios de produtividade de

grãos, nos estados do Paraná e Santa Catarina, não encontraram correlações significativas entre os ambientes.

As estimativas de correlações genotípicas entre todas as combinações de ambientes superaram as correlações fenotípicas, o que é explicado pela alta variabilidade genética para produtividade de grãos dentro de cada ambiente (Tabela 5.3); resultado semelhante foi verificado por Barros *et al.* (2012) em estudos realizados com 29 genótipos de soja em seis ambientes no Estado do Mato Grosso.

TABELA 5.3 Coeficiente de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) entre ambientes e decomposição da interação em parte complexa.

Ambientes		r_f	r_g	GxA (%)
Alto Taquari (2011/2012)	Lucas do Rio Verde (2011/2012)	0,32 ^{ns}	0,49	81,59
Alto Taquari (2011/2012)	Sinop (2011/2012)	0,36 ^{ns}	0,49	70,14
Alto Taquari (2011/2012)	Alto Taquari (2012/2013)	0,25 ^{ns}	0,34	83,86
Alto Taquari (2011/2012)	Lucas do Rio Verde (2012/2013)	0,18 ^{ns}	0,30	90,41
Alto Taquari (2011/2012)	Querência (2012/2013)	-0,10 ^{ns}	-0,14	98,25
Alto Taquari (2011/2012)	Rondonópolis (2012/2013)	-0,41 ^{ns}	-0,55	111,81
Lucas do Rio Verde (2011/2012)	Sinop (2011/2012)	0,25 ^{ns}	0,34	71,92
Lucas do Rio Verde (2011/2012)	Alto Taquari (2012/2013)	-0,16 ^{ns}	-0,23	102,59
Lucas do Rio Verde (2011/2012)	Lucas do Rio Verde (2012/2013)	0,29 ^{ns}	0,49	83,29
Lucas do Rio Verde (2011/2012)	Querência (2012/2013)	-0,10 ^{ns}	-0,14	93,19
Lucas do Rio Verde (2011/2012)	Rondonópolis (2012/2013)	0,07 ^{ns}	0,09	82,45
Sinop (2011/2012)	Alto Taquari (2012/2013)	0,11 ^{ns}	0,13	92,37
Sinop (2011/2012)	Lucas do Rio Verde (2012/2013)	0,27 ^{ns}	0,39	75,39
Sinop (2011/2012)	Querência (2012/2013)	0,15 ^{ns}	0,18	91,95
Sinop (2011/2012)	Rondonópolis (2012/2013)	-0,35 ^{ns}	-0,41	116,32
Alto Taquari (2012/2013)	Lucas do Rio Verde (2012/2013)	0,26	0,38	83,02
Alto Taquari (2012/2013)	Querência (2012/2013)	0,33 ^{ns}	0,40	79,95
Alto Taquari (2012/2013)	Rondonópolis (2012/2013)	-0,62 ^{ns}	-0,75	125,78
Lucas do Rio Verde (2012/2013)	Querência (2012/2013)	0,16 ^{ns}	0,24	82,92
Lucas do Rio Verde (2012/2013)	Rondonópolis (2012/2013)	0,03 ^{ns}	0,05	89,08
Rondonópolis (2012/2013)	Rondonópolis (2012/2013)	-0,04 ^{ns}	-0,05	102,18

^{ns}: não significativo pelo teste t a 0,05 de significância.

Estimativas da decomposição da interação G x A em parte complexa superiores a 50% evidenciam predominância de interação do tipo complexa, ao passo que, estimativas inferiores a 50% denotam predominância de interação do tipo simples. As interações de natureza complexa dificultam a identificação de genótipos superiores e, por essa razão, justifica-se a realização de análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica (CRUZ; CARNEIRO, 2006) (Tabela 5.3).

Todos os pares de ambientes apresentaram interação do tipo complexa (Tabela 5.3), ou seja, houve inconsistência na superioridade do genótipo com a variação ambiental, o que dificulta a indicação das cultivares e linhagens (CRUZ; CASTOLDI, 1991; VENCovsky; BARRIGA, 1992; PELÚZIO *et al.*, 2008). Barros *et al.* (2008) também observaram predominância de interação do tipo complexa para a produtividade de grãos ao avaliar 30 genótipos de soja em seis ambientes no Mato Grosso.

Observou-se que cinco estimativas da decomposição da interação G x A entre pares de ambientes (Tabela 5.3), superaram 100%, o que pode ocorrer em situações em que as correlações entre os ambientes são negativas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Esse resultado corrobora os obtidos por Pelúzio *et al.* (2008) em estudos com vinte cultivares de soja, avaliadas em quatro épocas de semeadura no estado do Tocantins.

Diante de uma interação G x A significativa e na busca de atenuar seus efeitos sobre a recomendação de cultivares, uma das alternativas é realizar o estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica e de estratificação ambiental. Desse modo, quanto a decomposição da interação G x A pela metodologia AMMI, pode-se observar na Tabela 5.4 que todos os componentes principais foram significativos. Meotti *et al.* (2012) observaram resultado semelhante ao realizar estudos para indicação de cultivares estáveis e adaptadas a diferentes épocas de semeadura.

TABELA 5.4 Proporção da SQgxa da interação para cada eixo principal da análise AMMI, para sete ambientes e 27 genótipos.

Componente principal	Explicação (%)	Explicação acumulada (%)
CP1**	40,07	40,08
CP2**	21,38	61,46
CP3**	17,46	78,93
CP4**	10,62	89,55
CP5**	5,73	95,28
CP6**	4,72	100,00

** Significativo pelo teste F a 0,01 de significância. Componente principal = eixo principal.

Quanto à explicação dos componentes principais, pode-se observar que para captar maior porcentagem de explicação da variação das somas de quadrado da interação, isto é, 78,93%, foram necessários três componentes principais para superar o limite de 70%, conforme sugerido por Ramalho *et al.* (2012) para análise AMMI. Resultado semelhante foi observado por Oliveira, Duarte e Pinheiro (2003) que ao avaliarem 18 genótipos precoces de soja em onze ambientes encontraram 44% para CP1, 23% para CP2 e 22% para CP3.

Sabe-se que os dois primeiros componentes principais captam maior parte da variação, com diminuição nos componentes subsequentes. Gauch e Zobel (1996) mostraram que a inclusão excessiva de termos multiplicativos (componente principais) pode reduzir seriamente a acurácia da análise. Por isso, para construir o gráfico biplot, adotaram-se os dois primeiros componentes principais, sendo esse procedimento similar ao realizados em outros estudos de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja (ASFAW *et al.*, 2009; CORREA, 2007; OLIVEIRA; DUARTE; PINHEIRO, 2003).

Embora não exista um consenso sobre qual seria a proporção mínima da soma de quadrados da interação $G \times A$ que deve ser acumulada pelo primeiro componente principal para a construção do biplot, a dispersão gráfica é desejável (CARBONELL *et al.*, 2004), pois permite inferir sobre a adaptabilidade, estabilidade e produtividade dos genótipos.

A interpretação da estabilidade pelo modelo AMMI é realizada a partir da distância dos pontos representativos dos genótipos e ambientes ao escore zero dos dois componentes principais, desse modo pela Figura 5.1 constatou-se que o genótipo G23 é o mais estável, seguido dos genótipos G2, G3, G5, G8, G15 e MSOY 7211. Por outro lado, os genótipos G1, G4 e G13 foram os mais instáveis (baixa estabilidade), sendo, portanto os genótipos que mais contribuíram para interação $G \times A$.

No geral, genótipos mais estáveis não são os mais produtivos, bem como os mais instáveis, ou seja, os que mais contribuem para interação. O que se busca é selecionar genótipos estáveis e que apresentem alto rendimento, nesse caso o genótipo mais estável, G23, apresentou produtividade de grãos de $3326,14 \text{ kg ha}^{-1}$ (Tabela 5.3), 8,03% inferior à média geral dos genótipos em todos os ambientes, mas considerada satisfatória, já que está acima da média nacional do Estado do Mato Grosso ($3010,00 \text{ kg ha}^{-1}$) (CONAB, 2013). Por outro lado, o genótipo G5, classificado como de alta estabilidade, apresentou elevada produtividade média de grãos, superando a média geral.

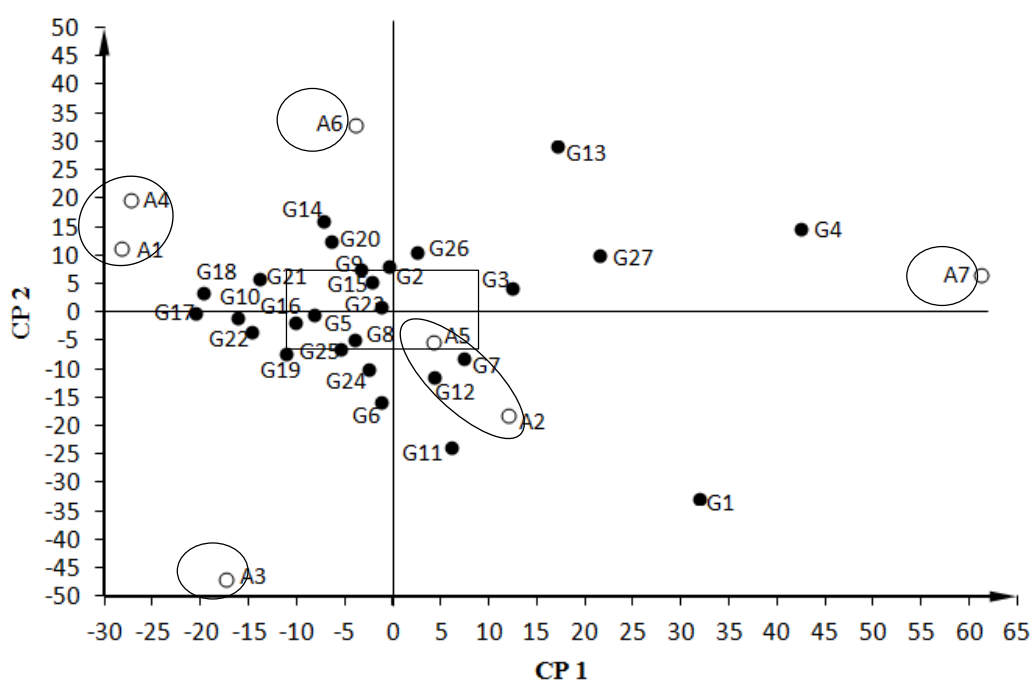


FIGURA 5.1 Plotagem dos escores dos dois primeiros componentes principais, quanto à estratificação ambiental, segundo o modelo AMMI para o caractere produtividade

de grãos, para 27 genótipos de soja de ciclo precoce: G1, G2, G3, G4, G5, G6 (UFUS Carajás), G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23, G24 (MSOY 6101), G25 (MSOY 7211), G26 (UFUS Guarani) e G27 (UFUS Riqueza), em sete ambientes: A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013), A7 (Rondonópolis – 2012/2013). CP1: componente principal 1 e CP2: componente principal 2.

Os genótipos mais instáveis G1 e G4, apresentaram média acima do G23, de 3490,05 e 3683,62 kg ha⁻¹, respectivamente. O genótipo que apresentou maior rendimento foi o G7, com maiores médias para maioria dos ambientes estudados e maior média geral, 5916,67 kg ha⁻¹ obtida em Sinop na safra 2011/2012 (Tabela 5.3), corroborando com os resultados encontrados por Amira *et al.* (2013) que também observaram que entre os genótipos instáveis foram observadas maiores produtividade de grãos. Genótipos instáveis respondem mais as oscilações do ambiente, desse modo, se o ambiente é favorável seu comportamento será favorável e se este é desfavorável seu comportamento também será desfavorável, por exemplo, poderá apresentar menor rendimento.

TABELA 5.5 Média de produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 27 genótipos de soja de ciclo precoce cultivados em sete ambientes do Estado do Mato Grosso.

Genótipos	Ambientes							Média
	1	2	3	4	5	6	7	
G1	2793,00	3490,00	5547,33	2048,33	4379,00	2522,67	3650,00	3490,05
G2	3394,00	1879,00	4666,00	3006,67	4114,00	4038,67	2781,67	3411,43
G3	1994,00	2178,00	5466,67	3698,00	5395,67	4912,00	3797,00	3920,19
G4	2778,00	2626,00	3841,33	1849,33	4552,00	4486,67	5652,00	3683,62
G5	3746,33	2970,00	5611,67	4124,33	5126,00	4262,67	2718,00	4079,86
UFUS Carajás	4002,00	3266,00	5549,67	3002,67	5798,00	3042,67	2790,33	3921,62
G7	3042,00	3330,33	5916,67	3037,67	5256,00	4693,33	3406,67	4097,52
G8	3358,00	2795,00	5674,00	3015,33	5082,00	4544,00	2511,33	3854,24
G9	3258,67	2785,67	5032,33	3432,67	4397,33	4837,33	2592,33	3762,33
G10	3766,00	2321,00	5766,67	4392,67	5338,00	4022,67	2233,33	3977,19
G11	2701,00	2082,00	5517,00	2787,67	4924,00	1736,00	2971,00	3245,52
G12	3150,33	2116,00	5650,00	2342,67	3266,00	3361,33	3062,00	3278,33
G13	2916,67	2071,00	2600,00	3555,00	4672,00	3594,67	3765,33	3310,67
G14	2095,33	1467,00	4596,00	3902,00	4956,00	4890,67	2001,33	3415,48
G15	3105,67	2271,00	4926,67	3026,67	4346,00	4446,67	2500,00	3517,52
G16	3614,33	2517,00	4299,67	3705,00	3888,67	2242,67	1950,00	3173,90

G17	4188,67	2395,00	5826,67	3747,00	4850,00	4496,00	1800,00	3900,48
G18	3701,00	2753,00	5164,67	4432,67	4470,00	3946,67	1676,00	3734,86
G19	3198,00	2346,00	5800,00	3270,33	4618,00	4074,67	2003,33	3615,76
G20	2826,00	2625,00	3968,00	4107,67	4574,00	3760,00	2048,33	3415,57
G21	3438,33	2582,00	5053,33	4252,67	4626,00	4168,00	2029,33	3735,67
G22	3407,00	2267,00	5906,00	3301,67	4400,00	4560,00	1866,67	3672,62
G23	2275,33	2323,00	5116,67	3241,00	3698,00	4253,33	2375,67	3326,14
MSOY 6101	3615,67	2089,67	5533,33	2994,33	5012,00	3120,00	2775,00	3591,43
MSOY 7211	3080,00	3300,00	5491,00	3472,67	5094,67	4200,00	2275,33	3844,81
UFUS Guarani	2679,00	1777,00	5104,33	4042,67	4382,00	4450,67	3341,67	3682,48
UFUS Riqueza	2374,67	2410,67	3121,00	2250,33	4290,00	3040,00	3420,00	2986,67
Média	3129,59	2482,72	5064,69	3334,80	4648,35	3914,96	2740,51	3616,52

Ambientes: A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013), A7 (Rondonópolis – 2012/2013).

O ambiente que menos contribuiu para interação G x A e, portanto, mais estável foi Lucas do Rio Verde, na safra 2012/2013, seguido de Lucas do Rio Verde na safra 2011/2012 e os mais instáveis foram Sinop na safra 2011/2012 e Rondonópolis na safra 2012/2013 (Figura 1).

Por meio da análise AMMI2, é possível identificar os genótipos com adaptações específicas, ao considerar a maior proximidade dos pontos referentes aos genótipos e ambientes e observando-se os sinais dos escores para genótipos e ambientes, visto que quando são de mesmo sinal interagem positivamente e quando apresentam sinais contrários interagem negativamente (DUARTE; VENCOSKY, 1999). Os genótipos G7, G11 e G12 foram mais adaptados e estáveis a Lucas do Rio Verde independente da safra, sendo que o genótipo G7 apresentou adaptação específica a este ambiente (Figura 1).

Os genótipos G5, UFUS Carajás, G8, G19, G22, MSOY 7211 e UFUS Riqueza foram mais adaptados a Sinop (safra 2011/2012) e quando cultivados nesse ambiente, espera-se maior rendimento (Figura 5.2).

Quanto à estratificação ambiental, houve a formação de cinco grupos, sendo dois formados por dois ambientes, um com Alto Taquari safra 2011/2012 e Alto Taquari safra 2012/2013 e o outro com Lucas do Rio Verde safra 2011/2012 e Lucas do Rio Verde safra 2012/2013 (Figura 5.2), embora as correlações entre os ambientes não tenham sido significativas (Tabela 5.4). A formação de poucos grupos e de ambientes isolados pode ser explicada pela natureza complexa da interação e por não existir correlação entre os ambientes (Tabela 5.4).

A estratificação ambiental e a adaptabilidade fenotípica podem ser estudadas pela análise de fatores. Na Tabela 5.31, verificou-se que foi necessário o número de quatro fatores

finais para atingir um valor superior a 80% da variação total dos dados, conforme indicado por Murakami e Cruz (2004).

TABELA 5.6 Autovalor, valor percentual e porcentagem acumulada na análise de fatores realizada com 27 genótipos de soja de ciclo precoce, cultivados em sete ambientes.

Autovalor	Valor percentual	Porcentagem acumulada
2,25	32,17	32,17
1,54	21,95	54,12
1,20	17,18	71,30
0,77	11,08	82,39
0,58	8,37	90,77
0,45	6,51	97,29
0,18	2,70	100,00

Para fazer uso das informações obtidas pela análise de fatores, é fundamental que cada variável considerada possa, de fato, ser adequadamente representada pelos fatores comuns, os quais proporcionarão valores que irão permitir a inferência sobre os estratos de ambiente e sobre a adaptabilidade dos genótipos estudados. Assim, observou-se a comunalidade, que representa a proporção da variância da variável, padronizada, em cada ambiente devido aos fatores comuns, ou pode ser considerada como a medida da eficiência da representação das variáveis por uma parte comum (CRUZ; CARNEIRO, 2006). O menor valor de comunalidade foi de 0,71 (Tabela 5.4), indicando que a descrição do desempenho dos genótipos, considerando a produtividade de grãos nos ambientes foi adequada.

De acordo com as cargas fatoriais do fator 1 e 2, os ambientes não foram agrupados. Para o fator 1, apenas dois ambientes apresentaram cargas fatoriais acima da ideal, Alto Taquari – 2012/2013 (0,88) e Rondonópolis – 2012/2013 (-0,85), no entanto, não foram agrupados por apresentarem sinais opostos. Para o fator 2 apenas um ambiente apresentou carga fatorial acima de 0,7, Lucas do Rio Verde – 2012/2013 (0,90). Resultados semelhantes foram observados por Mendonça *et al.* (2007) ao verificar a impossibilidade de agrupar ambientes pela ausência de cargas fatoriais superiores a 0,8 em um mesmo fator, no estudo de estratificação ambiental, adaptabilidade e estabilidade de 21 genótipos de soja no estado do Paraná e Santa Catarina.

No entanto, em virtude das comunalidades terem sido superiores a 0,7, optou-se por agrupar os ambientes com cargas fatoriais mais próximas e de mesmo sinal. Dessa maneira, para o fator 1, Alto Taquari – 2011/2012 e Alto Taquari – 2012/2013 foram alocados no grupo 1 (Região 1), e para o fator 2, Lucas do Rio Verde – 2011/2012 e Lucas do Rio Verde – 2012/2013, formaram o grupo 2 (Região 2).

TABELA 5.7 Descrição do índice ambiental para sete ambientes, comunalidade e cargas fatoriais iniciais e finais resultantes da decomposição da produtividade em cada ambiente e fatores comuns e específicos.

Ambiente	Índice	Comunalidade	Cargas iniciais		Cargas finais	
			Fator 1	Fator 2	Fator 1	Fator 2
1	-486,92	0,71	0,67	0,32	0,47	0,24
2	-1133,80	0,71	0,25	0,80	-0,24	0,56
3	1448,17	0,85	0,64	0,29	0,13	0,07
4	-281,71	0,90	0,69	-0,55	0,88	0,20
5	1031,82	0,86	0,45	0,33	0,11	0,90
6	298,44	0,84	0,27	-0,40	0,11	0,10
7	-876,01	0,86	-0,73	0,36	-0,85	0,18

Ambiente: A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013), A7 (Rondonópolis – 2012/2013).

Os ambientes considerados favoráveis foram Sinop – 2011/2012, Lucas do Rio Verde – 2012/2013 e Querência – 2012/2013, pois apresentaram índices positivos e desfavoráveis foram Alto Taquari – 2011/2012, Lucas do Rio Verde – 2011/2012, Alto Taquari – 2012/2013 e Rondonópolis – 2012/2013, que apresentaram índices negativos (Tabela 5.7). Desse modo, aproximadamente 58% dos ambientes mostraram-se desfavoráveis para expressão do potencial produtivo dos genótipos. Os ambientes favoráveis apresentaram as maiores médias de produtividade de grãos (kg ha^{-1}), 5.064,69; 4.648,35 e 3.914,96 kg ha^{-1} , respectivamente (Tabela 5.5).

A análise da adaptabilidade fenotípica foi realizada por meio da dispersão dos escores em gráficos em que os eixos foram apresentados pelos fatores comuns, os quais passam a ter interpretação, ou seja, cada fator representa uma região, ou um estrato, em que há similaridade no comportamento genotípico (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Nos quadrantes II e IV estão situados os genótipos com adaptabilidade específica à região determinada pelo fator, nesse caso tem-se duas regiões (R1 e R2) (Figura 2). Assim, o genótipo G1, G3, G4, G6, G7, G8 e MSOY 6101 apresentaram adaptabilidade específica a Lucas do Rio Verde, ao passo que os genótipos G2, G14, G16, G19, G22 e MSOY 7211 apresentam melhores desempenhos produtivos em Alto Taquari, ambos independentes da safra.

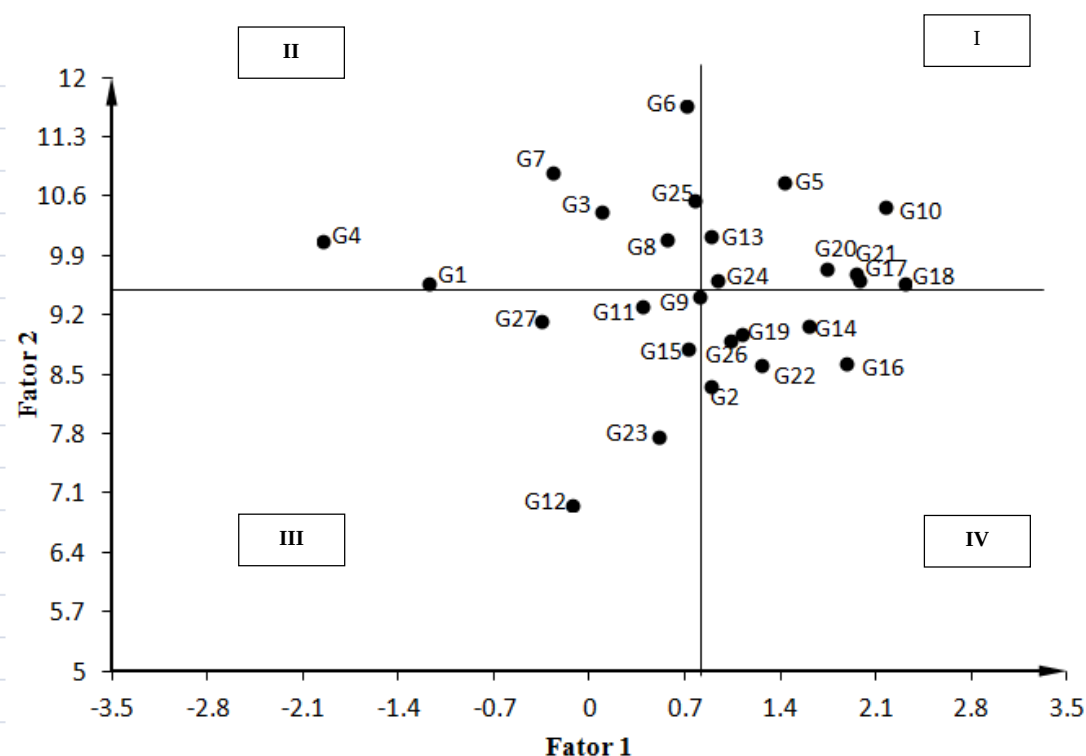


FIGURA 5.2 Dispersão de 27 genótipos, G1, G2, G3, G4, G5, G6 (UFUS Carajás), G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23, G24 (MSOY 6101), G25 (MSOY 7211), G26 (UFUS Guarani) e G27 (UFUS Riqueza) em relação a eixos representativos de estratos ambientais. O fator 1 representa a região R1, formada pelos locais: Alto Taquari – 2011/2012 e Alto Taquari – 2012/2013, e o fator 2 representa a região R2, formada pelos locais: Lucas do Rio Verde – 2011/2012 e Lucas do Rio Verde – 2012/2013.

O quadrante I representa a adaptabilidade do tipo ampla, nesse caso, os genótipos G5, G10, G13, G17, G18, G20, G21 e MSOY 6101 apresentam esse tipo de adaptabilidade. No quadrante III encontram-se os genótipos que apresentaram baixo desempenho, sendo eles: G9, G11, G12, G15, G23 e UFUS Riqueza, diante disso, esses genótipos não devem ser indicados para essa região. Além disso, para a região 1, foram os que realmente apresentaram as menores médias de produtividade (Tabela 5.5).

Pela análise GGE Biplot, os dois primeiros componentes principais captaram 57,9% da variação, e embora estejam abaixo do limite ideal (70%), pode ser considerado satisfatório, uma vez que toda interação entre os ambientes foram complexa e pela variabilidade de condições climáticas nos ambientes. Esse resultado ficou abaixo do observado por Amira *et al.* (2013) (86,6%) e próximo do encontrado por Asfaw *et al.* (2009) (61,50%).

Ao utilizar os dois primeiros componentes principais, houve a formação de quatro grupos de ambientes (mega-ambientes) pela metodologia GGE Biplot (Figura 3), corroborando com os resultados obtidos por Amira *et al.* (2013).

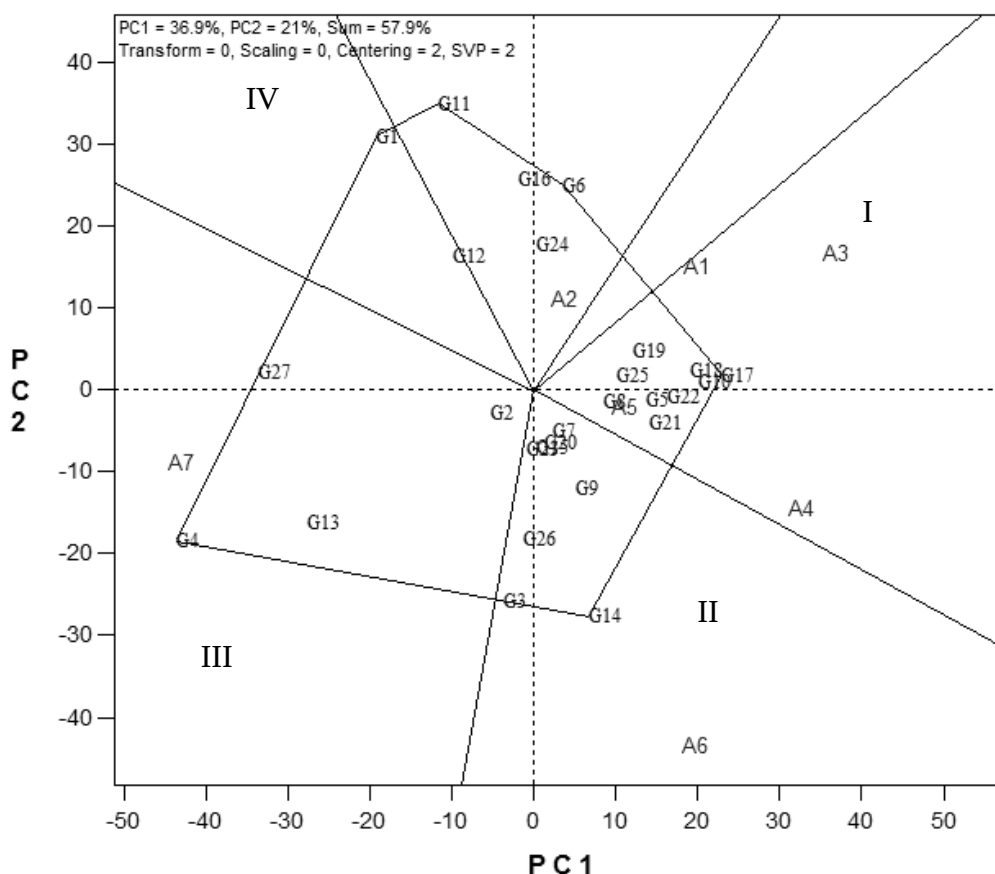


FIGURA 5.3 Plotagem dos escores dos componentes principais, quanto à estratificação ambiental, segundo o modelo GGE biplot para o caractere produtividade de grãos, para 27 genótipos: G1, G2, G3, G4, G5, G6 (UFUS Carajás), G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23, G24 (MSOY 6101), G25 (MSOY 7211), G26 (UFUS Guarani) e G27 (UFUS Riqueza), em sete ambientes: A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013) e A7 (Rondonópolis – 2012/2013). PC1: componente principal 1, PC2: componente principal 2.

Os melhores ambientes foram Sinop – 2011/2012 e Alto Taquari – 2012/2013, que apresentaram maior valor para CP1 e mais próximos do escore zero para CP2, apresentando maior poder de discriminação dos genótipos (Figura 5.3), e maior rendimento em relação aos demais ambientes (Tabela 5.5). Acredita-se que esse comportamento tenha ocorrido devido às boas condições de cultivo em relação à disponibilidade hídrica durante a condução dos

experimentos nesses locais, proporcionando maior capacidade fotossintética das plantas e consequentemente maior rendimento.

Os genótipos G5, G10, G17, G18 e G22, apresentaram-se mais produtivos e mais estáveis, sendo indicados para o mega-ambiente 1 formado pelos ambientes Alto Taquari – 2011/2012, Alto Taquari – 2012/2013, Lucas do Rio Verde – 2012/2013 e Sinop – 2011/2012.

Para o mega-ambiente II os genótipos mais adaptados foram G3, G7, G9, G14, MSOY 7211 e UFUS Guarani, para o mega-ambiente III foram os genótipos G2, G4, G13 e UFUS Riqueza, e para o mega-ambiente IV os genótipos mais adaptados foram G1, G11, G12, G16, UFUS Carajás e MSOY 6101.

Comparando-se os resultados obtidos por todos os métodos, o modelo AMMI apresentou maior eficiência em reter maior parte da variação nos dois primeiros componentes principais (61,46%), seguido do modelo GGE Biplot (57,90%) e análise de fatores (54,12%).

De maneira geral, a composição dos grupos realizada pelos métodos foram semelhantes para alguns ambientes, os modelos formaram o conjunto de ambientes correspondentes a uma mesma localidade, porém em safras distintas. O ambiente mais estável e com maior rendimento dos genótipos foi Lucas do Rio Verde na safra 2012/2013 e o genótipo G5 considerando a análise AMMI2, análise de fatores e GGE biplot foi mais estável.

5.6 Conclusões

A interação genótipos por ambientes para a produtividade de grão em soja foi de natureza complexa.

As análises AMMI, Análise de Fatores e GGE Biplot permitiram o agrupamento de ambientes de forma similar;

O método AMMI foi superior aos modelos GGE Biplot e análise de fatores, por explicar maior proporção da soma de quadrados da interação genótipos por ambientes;

O genótipo G5 apresentou nas metodologias AMMI, análise de fatores e GGE biplot elevada produtividade de grãos e alta adaptabilidade e estabilidade.

Lucas do Rio Verde na safra 2012/2013 apresentou maior estabilidade e maior rendimento de grãos.

5.7 Referências

- AMIRA, J.O.; et al. Relative discriminating powers of GGE and AMMI models in the selection of tropical soybean genotypes. **African Crop Science Journal**, Uganda, v. 21, n. 1, p. 67 – 73, 2013.
- ASFAW, A.; et al. AMMI and SREG GGE biplot analysis for matching varieties onto soybean production environments in Ethiopia. **Scientific Research and Essay**, Nairobi, v.4, n.11, p. 1322-1330, 2009.
- BARROS, H.B.; et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja por meio de métodos uni e multivariado. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, Gurupi, v. 3, n.2: p. 49-58, 2012.
- BARROS, H.B.; et al. Análises paramétricas e não-paramétricas para determinação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja. **Scientia Agraria**, Piracicaba, v.9, p.299-309, 2008.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira: grãos – nono levantamento. Brasília: CONAB, junho de 2013, 31p. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_06_06_09_09_27_boletim_graos_-_junho_2013.pdf. Acesso em: 01 de julho 2013.
- CARBONELL, S.A.M.; et al. Common Bean Cultivars and lines interactions with environments. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.61, n.2, p. 169-177, 2004.

CARVALHO, C.G.P.; et al. Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 2, p. 187-193, 2003.

CORREA, W.R. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em Minas Gerais**. 2007. 39f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Instituto de Ciência Agrária. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2007.

CRUZ, C.D. **Programa GENES**: Biometria. Viçosa: UFV, 2006. 382p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.

CRUZ C. D. CASTOLDI F. L. Decomposição da interação genótipo x ambiente em parte simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 38 n. 219 p. 422-430 1991.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja – região central do Brasil 2012 e 2013**. - Londrina: Embrapa Soja, 2011. 261 p.

DUARTE, J.B.; VENCovsky, R. **Interação genótipos × ambientes - uma introdução à análise “AMMI”**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999, 60p.

FERREIRA, D.F. **Programa Estabilidade**, 2002. Disponível em: <www.dex.ufla.br>. Acesso em 10 jun. 2013.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH JÚNIOR, H. G. (Ed.). **Genotype-by-environment proved and under what conditions this can be most environment interaction**. Boca Raton: CRC, 1996. p.1-40.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey-USA: Englewood Cliffs, 1992. 942p.

MALOSETTI, M; RIBAUT, J.M.; EEUWIJK, F.A.V. The statistic alanalysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in physiology**, Lausanne, v.4, n.1, p.1-17, 2013.

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

MENDONÇA, O.; et al. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.11, p.1567-1575, 2007.

MEOTTI, G.V.; et al. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.1, p.14-21, 2012.

MOHAMMADI, R.; et al. Biplot Analysis of Multi-Environment Trials for Identification of Winter Wheat Megaenvironments in Iran. **World Journal of Agricultural Sciences**, Deira, v.3, p.475-480, 2007.

MURAKAMI, D.M.; CRUZ, C.D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.4, p.7-11, 2004.

- NAMORATO, H.; et al. Emprego da Análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, p.357-364, 2003.
- 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, p. 357-364, 2003.
- OSMANZAI, M.; SHARMA, R.C. High yielding stable wheat genotypes for the diverse environments in Afghanistan. **International Journal of Agricultural Research**, Bangladesh, v.3, p.340-348, 2008.
- 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**, Viçosa, v.55, n.1, p.034-040, 2008.
- RAMALHO, M.A.P.; et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Ed. Lavras: Ed. UFLA, Lavras, 2012, 522p.
- RAMALHO, M.A.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. UFG: Goiânia, 1993, 271p.
- ROOZEBOOM, K.L.; et al. Testing wheat in variable environments: genotype, environment, interaction effects, and grouping test locations. **Crop Science**, Madison, v.48, p.317-330, 2008.
- SILVA, R.R.; et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de trigo em diferentes épocas de semeadura, no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.46, n.11, p.1439-1447, 2011.
- SOUZA, E.C. **Os Métodos Biplot e Escalonamento Multidimensional nos delineamentos experimentais**. 2010. 135 f. Tese (Doutorado em Ciências, estatística e experimentação agrônoma) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo, 2010.
- VENCOVSKY R; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 496p.
- YAN W.; HUNT L.A.; SHENG Q.; SZLAVNICS Z. Cultivar evaluation and mega environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 597-605, 2000.
- YAN, W. GGE Biplot. A windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types two-way data. **Agronomy Journal**, Stanford, v. 93, p. 1111-1118, 2001.
- YAN, W.; TINKER, N.A. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v.1, n.1, p. 623-645, 2006.
- YOKOMIZO, G.K.; VELLO, N.A. Coeficiente de determinação genotípica em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n.11, p. 2223-2228, 2000.
- ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v.80, p.388-393, 1988.

CAPÍTULO 5

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA DE CICLO TARDIO: AMMI, GGE BILOT E ANÁLISE DE FATORES

6 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA DE CICLO TARDIO: AMMI, GGE BILOT E ANÁLISE DE FATORES

6.1 Resumo

O sucesso de um programa de melhoramento de plantas depende da sua capacidade de desenvolver e lançar novas cultivares com garantia de desempenho superior e capacidade de resistir a estresses bióticos e/ou abióticos. O objetivo deste trabalho foi estudar a interação genótipos por ambientes para o caractere produtividade de grãos e avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclo tardio por métodos multivariados: AMMI, GGE Biplot e análise de fatores, bem como comparar a eficiência dos métodos. Os experimentos foram realizados em cinco municípios do estado do Mato Grosso nas safras 2011/2012 e 2012/2013. Foram avaliados 30 genótipos de soja de ciclo tardio, sendo 25 linhagens desenvolvidas pelo Programa melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia-UFU e cinco testemunhas: UFUS Xavante, UFUS Impacta, MSOY 8866, MSOY 8787 e MSOY 9350. O caractere avaliado foi a produtividade de grãos (kg ha^{-1}). Verificou-se interação genótipos por ambientes significativa e de natureza complexa. O coeficiente de determinação genotípico foi de 80,26%, indicando que a variação genética foi superior a ambiental. O modelo AMMI apresentou maior eficiência em por reter maior parte da variação nos dois primeiros componentes principais (53,17%), seguido do modelo análise de fatores (52,10%) e GGE Biplot (41,82%). O ambiente mais estável e com maior rendimento dos genótipos foi Lucas do Rio Verde na safra 2012/2013 e o genótipo G10 considerando a análise AMMI2, análise de fatores e GGE Biplot foi o mais estável.

Palavras-chave: *Glycine max.*, melhoramento, análises multivariadas, produtividade de grãos.

6.2 Abstract

The success of a plant-breeding program depends on its ability to develop and introduce new cultivars with guaranteed superior performance and ability to withstand biotic and abiotic stress. We studied the interaction between genotypes and environments and their impact on grain yield. We also evaluated the adaptability and stability of late-cycle soybean genotypes by multivariate methods: AMMI, GGE Biplot and factor analysis and compared the efficiency of these multivariate methods. The experiments were conducted on the 2011/2012 and 2012/2013 crops located in five municipalities in the state of Mato Grosso, Brazil. Thirty late-cycle soybean genotypes were analyzed. These comprised 25 lines developed by the soybean-breeding program at the Universidade Federal de Uberlândia-UFU and five controls (UFUS Xavante, UFUS Impacta, MSOY 8866, MSOY 8787 and MSOY 9350). We evaluated grain yield (kg ha^{-1}) and found significant and complex interaction between genotype and environment. The genotypic coefficient of determination was 80.26%, which indicates that genetic variation was greater than environmental variation. The AMMI model was the most efficient at retaining most of the variation of the first two principal components (53.17%), followed by factor analysis

(52.10%) and GGE Biplot (41.82%). The most stable environment was in the 2012/2013 crop at the Lucas do Rio Verde farm and G10 was the most stable genotype according to AMMI2, GGE Biplot and factor analysis.

Keywords: Glycine max, breeding, multivariate analysis, grain yield.

6.3 Introdução

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma importante leguminosa que ocupa lugar de destaque no cenário mundial. Atualmente, o Brasil é o segundo maior produtor, sendo a cultura cultivada em todas as regiões do País (CONAB, 2013).

A diversidade de condições ambientais em que a soja é cultivada requer que os ensaios de Valor Cultivo e Uso (VCU) sejam conduzidos em rede, em vários locais e safras, para selecionar genótipos que sejam comprovadamente superiores. A exposição de genótipos às condições ambientais distintas pode provocar uma variação do desempenho das cultivares, devido a ocorrência da interação genótipos x ambientes (G x A) (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Visando amenizar os efeitos da interação G x A, a condução dos experimentos em maior número possível de locais e anos é necessária, para se avaliar a magnitude da interação e seu possível impacto sobre a seleção e a recomendação de cultivares, que se constitui um dos principais problemas dos programas de melhoramento de plantas (RAMALHO *et al.*, 2012; MEOTTI *et al.*, 2012), por dificultar a seleção de genótipos superiores.

Quando a interação G x A é significativa, o desempenho observado de um conjunto de genótipos, em um ambiente, pode não ser muito informativo para o desempenho dos mesmos em outros. Ambientes com características semelhantes induzem respostas correspondentes em plantas e a fortes correlações fenotípicas e genéticas (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013).

Uma partição do quadrado médio da interação G x A, em parte simples e complexa, permite verificar qual o tipo de interação é predominante. A metodologia proposta por Cruz e Castoldi (1991) tem sido muito utilizada para quantificar o percentual da parte simples ou complexa da interação G x A para o caractere produtividade de grãos em soja (MENDONÇA *et al.*, 2007; BARROS *et al.*, 2012; PELÚZIO *et al.*, 2008).

O emprego de métodos estatísticos permite estudar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica, com a identificação dos genótipos que menos contribuem para a interação, ou seja,

genótipos mais adaptados, estáveis e que podem ser recomendados para vários ambientes, desde que mostrem também características desejáveis (DUARTE; VENCovsky, 1999).

A partir das análises de adaptabilidade e estabilidade, torna-se possível a identificação de genótipos que apresentam comportamentos previsíveis e que sejam responsivos às variações ambientais. Existem inúmeros métodos utilizados para se avaliar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica de genótipos em fase final do processo de melhoramento genético. A diferença entre eles está nos parâmetros adotados para a sua avaliação, nos procedimentos estatísticos empregados para avaliá-los, na informação ou facilidade de interpretação de sua análise (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), o que dificulta a escolha do modelo ideal a ser utilizado (FRANCESCHI *et al.*, 2010; GOUVÊA *et al.*, 2011).

Aspectos relacionados à facilidade de análise e de interpretação dos resultados devem ser considerados para a escolha do método para estudos de adaptabilidade e estabilidade (SILVA *et al.*, 2013). Atualmente, métodos que envolvem princípios de análise multivariada têm sido utilizados para avaliar genótipos de soja quando expostos às oscilações ambientais (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013).

Entre as técnicas multivariadas utilizadas em estudos em soja, têm-se as que explicam os efeitos principais (genótipo e ambiente) e a sua interação, podendo-se destacar o modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis* - AMMI), análise dos efeitos principais do genótipo e da interação genótipos x ambientes (*Genotype main effects and Genotype x Environment interaction* - GGE biplot) (AMIRA *et al.*, 2013; ASFAW *et al.*, 2009; OLIVEIRA; DUARTE; PINHEIRO, 2003), e análise baseada no princípio da similaridade do desempenho genotípico (Análise de fatores) (MENDONÇA *et al.*, 2007).

A maioria das técnicas multivariadas gera gráficos biplots e tem-se mostrado eficientes no entendimento e interpretação dos efeitos da interação (LEE *et al.*, 2003; PACHECO *et al.*, 2009; CAMARGO-BUITRAGO *et al.*, 2011).

O objetivo deste trabalho foi estudar a interação genótipos por ambientes para o caractere produtividade de grãos e avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclo tardio pelos métodos multivariados AMMI, GGE Biplot e análise de fatores.

6.4 Material e métodos

Os experimentos foram realizados em cinco municípios do Estado do Mato Grosso (Tabela 6.1), nas safras 2011/2012 e 2012/2013. Utilizaram-se 30 genótipos de soja de ciclo tardio, sendo 25 linhagens desenvolvidas pelo Programa de melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia - UFU e cinco testemunhas: UFUS Xavante, UFUS Impacta, MSOY 8866, MSOY 8787 e MSOY 9350.

TABELA 6.1 Altitude, latitude, longitude e safra de ensaios de competição de genótipos de soja de ciclo tardio no Estado do Mato Grosso.

Ambiente	Altitude	Latitude	Longitude	Safra
Alto Taquari	851	17°49'34"	53°16'56"	2011/2012
Lucas do Rio Verde	390	13°03'01"	55°54'40"	2011/2012
Sinop	384	11°50'53"	55°38'57"	2011/2012
Alto Taquari	851	17°49'34"	53°16'56"	2012/2013
Lucas do Rio Verde	390	13°03'01"	55°54'40"	2012/2013
Querência	350	12°35'49"	52°11'59"	2012/2013
Rondonópolis	227	16°28'15"	54°38'08"	2012/2013
Sinop	384	11°50'53"	55°38'57"	2012/2013

Antes da implantação de cada experimento, coletou-se uma amostra de solo composta, para realização das análises química e física para fins de recomendação de calagem e adubação. O preparo do solo foi realizado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada, conforme análise do solo para cada local.

Para todos os experimentos, o delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados, com três repetições. A parcela experimental constituiu-se de cinco linhas de plantas de soja, com cinco metros de comprimento, espaçadas em 0,5 m. Como parcela útil consideraram-se as três linhas centrais, desprezando 0,5 m de cada extremidade.

Quanto aos tratamentos culturais empregados, no controle de plantas daninhas, foram utilizados herbicidas em pré e pós-emergência. As doenças e insetos pragas foram controlados conforme recomendações técnicas apropriadas à cultura (EMBRAPA, 2011).

Avaliou-se o caractere produtividade de grãos (kg ha^{-1}), obtido por meio da colheita da área útil de cada parcela e pesagem dos grãos obtidos após trilha dos feixes de plantas e limpeza dos grãos. Os dados obtidos (gramas por parcela) foram transformados para kg ha^{-1} , sendo esta produtividade corrigida para umidade de 13%, conforme a equação abaixo:

$$PF = PI \frac{100 - UI}{100 - UF}$$

Em que:

PF: peso final corrigido da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%),

Os dados foram submetidos a análises estatísticas e foram, inicialmente, avaliadas as pressuposições tais como: homogeneidade das variâncias residuais (Teste de Levene), aditividade (Teste de Tukey) e normalidade dos resíduos (Shapiro-Wilk). Posteriormente, realizaram-se as análises de variância para cada experimento. Em seguida, avaliou-se a homogeneidade das variâncias residuais, por meio da razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (QMR), considerando-se sete como valor limitante, para realização da análise de variância conjunta, conforme descrito RAMALHO *et al.*, (2012). Os efeitos de genótipos e ambientes foram considerados fixos.

Realizou-se o estudo da interação G x A, a partir da decomposição em parte complexa entre pares de ambientes, conforme descrito por Cruz e Castoldi (1991). Assim, a parte complexa foi obtida pela expressão:

$$C = \sqrt{(1-r)^3} \sqrt{Q_1 Q_2}$$

Q1 e Q2 correspondem ao quadrados médios dos genótipos nos ambientes 1 e 2, respectivamente, e r a correlação entre as médias dos genótipos nos dois ambientes.

Foram estimadas as correlações fenotípicas e genotípicas entre os pares de ambientes. O coeficiente de correlação fenotípico foi estimado pela seguinte expressão:

$$r_f = \frac{\text{COV}(Y_{ij}, Y_{ij'})}{\sqrt{\hat{V}(Y_j) \hat{V}(Y_{j'})}}$$

Em que:

$\text{COV}(Y_{ij}, Y_{ij'})$: covariância fenotípica da característica X avaliada no ambiente j e j';

$\hat{V}(Y_j)$: variância fenotípica da característica X no ambiente j; e

$\hat{V}(Y_{j'})$: variância fenotípica da característica X no ambiente j'.

O coeficiente de correlação genotípico foi estimado utilizando a seguinte expressão:

$$r_f = \frac{\hat{\phi}_{g(ij)}}{\hat{\phi}_{g(ij)} + \hat{\phi}_{ga(ij)}}$$

Em que:

$\hat{\phi}_{g(ij)}$: variabilidade genética da característica X entre o ambiente j e j'; e

$\hat{\phi}_{ga(ij)}$: variabilidade da interação.

A significância estatística do coeficiente de correlação fenotípico foi testada pelo teste t, ao nível 5% de probabilidade. Foi estimado o coeficiente de determinação genotípica (h^2) com base no método da análise de variância dado por:

$$h^2 = \frac{\hat{\phi}_g}{QMG/r}$$

$$\hat{\phi}_g = \frac{QMG - QMR}{r}$$

Em que:

h^2 = coeficiente de determinação genotípico;

$\hat{\phi}_g$ = componente quadrático genético;

QMG = quadrado médio de genótipos;

QMR = quadrado médio do resíduo; e

r = número de repetições.

Uma vez detectada interação G x A significativa, procedeu-se à análise de estratificação e de adaptabilidade e estabilidade fenotípica pela metodologia AMMI (ZOBEL *et al.*, 1988), GGE Biplot (YAN *et al.*, 2000) e análise de fatores (MURAKAMI; CRUZ, 2004).

A análise AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*), proposta inicialmente por Mandel (1971), é um tipo de metodologia que permite um detalhamento maior da soma de quadrados da interação. A análise considera modelos aditivos para os efeitos principais: genótipos (g_i) e ambientes (a_j) e, multiplicativos para os efeitos da interação, (ga)_{ij} (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013). Assim, a resposta média de um genótipo i em um ambiente j é dada por:

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

Em que:

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

μ : média geral dos ensaios;

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 índice c varia de 1 a q , sendo $q = \min(t-1; k-1)$. O valor de q corresponde ao posto da matriz de interação $G \times A$.

A análise GGE Biplot utiliza o gráfico conhecido em inglês como GGE (*Genotype main effects and Genotype $\times$ Environment interaction*) que permite explorar respostas dos genótipos a ambientes específicos. O modelo multiplicativo GGE biplot é semelhante ao modelo multiplicativo AMMI (SOUZA, 2010).

As análises GGE biplot são realizadas considerando o modelo simplificado para dois componentes principais, centrado no ambiente (YAN, 2001):

$$\bar{Y}_{ij} - \mu_j = \lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1} + \lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2} + \bar{e}_{ij}$$

Em que:

$\bar{Y}_{ij}$: é a média do genótipo i no local j ;

μ_j : é a média de todos os genótipos no local j ;

$\lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1}$: é o primeiro componente principal (CP1) do efeito de genótipo + interação genótipos $\times$ ambientes, resultante da análise de componentes principais aplicada a matriz de interações;

$\lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2}$: é o segundo componente principal (CP2) do efeito de genótipo + interação genótipos $\times$ ambientes, resultante da análise de componentes principais aplicada a matriz de interações;

λ_1 e λ_2 : são os autovalores associados ao CP1 e CP2;

γ_{i1} e γ_{i2} : são os escores do CP1 e CP2, respectivamente, para os genótipos;

α_{j1} e α_{j2} : são os escores do PC1 e PC2, respectivamente, para ambientes;

$\bar{e}_{ij}$: é o resíduo do modelo com NID $(0, \sigma^2/r)$ (onde σ^2 é a variância do erro entre parcelas e r é o número de repetições).

A análise de fatores é uma técnica multivariada utilizada, entre outras formas, nos estudos de estratificação ambiental e permite reduzir um número elevado de variáveis originais a um pequeno número de variáveis abstratas, chamadas de fatores (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Esses fatores podem ser independentes ou correlacionados; cada fator pode reunir variáveis originais fortemente correlacionadas entre si, mas fracamente correlacionadas com as variáveis dos outros fatores (JOHNSON; WICHERN, 1992). Assim, postula-se que a análise de fatores seja capaz de formar subgrupos de ambientes de modo a haver altas correlações na característica de interesse dentro de subgrupos e baixa, ou nenhuma, entre subgrupos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

O modelo fatorial pressupõe que cada variável resposta pode ser expresso por uma combinação linear de fatores comuns (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Para análise “AMMI” utilizou-se o *software* Estabilidade, desenvolvido por Ferreira (2002), para análise “GGE biplot” o software GGE biplot, desenvolvido por Yan (2001) e para análise de fatores o software Genes desenvolvido por Cruz (2006).

6.5 Resultados e discussão

Pela análise de variância conjunta, observaram-se efeitos significativos para a interação genótipos x ambientes, indicando alteração no comportamento dos genótipos em relação aos ambientes de cultivo (Tabela 6.2). Resultado semelhante foi obtido por Oliveira *et al.*, (2012) ao avaliarem a adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de genótipos de soja em duas regiões sojícolas.

A média de produtividade de grãos obtida foi de 4155,26 kg ha⁻¹, 38% superior à média do Estado e 41,67% superior a média nacional (CONAB, 2013), o que demonstra a possibilidade de identificação de possíveis novas cultivares para cultivo no Estado com produtividade acima da obtida atualmente.

TABELA 6.2 Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos (kg ha⁻¹), de 30 genótipos de soja (ciclo tardio) cultivados em oito ambientes.

Fontes de variação (FV)	Quadrado médio
Blocos/Ambientes	581112,85624

Genótipos (g)	2062844,91937**
Ambientes (a)	53818342,97752**
Interação GxA	1329711,92104**
Erro	407113,27928
Média	4155,26
CV (%)	15,36
h^2	80,26

** significativo a 0,01 de significância pelo teste F, CV (%): coeficiente de variação, h^2 : coeficiente de determinação genotípica.

O coeficiente de variação (CV) foi de 15,36%, demonstrando precisão no controle das causas de variação experimental, principalmente por se tratar do caractere produtividade de grãos, que é quantitativo e, conseqüentemente, muito influenciado pelo fator ambiente. O CV observado foi inferior ao obtido por Rocha *et al.* (2009) (17,95%) ao avaliar 38 linhagens de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos, e ao obtido por Franco e Hamawaki (2009) (17,66%) em análise de variância conjunta para produtividade de grãos de 32 cultivares de soja de ciclo tardio, semeadas em duas épocas e cinco locais. Além disso, o coeficiente de variação deste estudo ficou inferior ao limite sugerido por Carvalho *et al.* (2003), de 16%.

O coeficiente de determinação genotípico (h^2) que fornece a proporção da variabilidade genética presente na variância fenotípica total, foi de 80,26% indicando que a variação genética foi superior a ambiental. Esse resultado ficou acima do obtido por Yokomizo e Vello (2000), que observaram estimativa de 57,57%, para o parâmetro h^2 , ao avaliarem progênies de soja para o caractere produtividade de grãos.

As estimativas das correlações fenotípicas entre os pares de ambientes foram de baixa magnitude e não significativas (Tabela 6.3). Todos os pares de ambientes apresentaram interação do tipo complexa, ou seja, houve inconsistência na superioridade do genótipo com a variação ambiental, o que gera dificuldades na indicação de genótipos (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

TABELA 6.3 Coeficiente de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) entre ambientes e decomposição da interação em parte complexa.

Ambientes		r_f	r_g	GxA (%)
A1	A2	0,23 ^{ns}	0,30	86,83

A1	A3	0,16 ^{ns}	0,24	88,48
A1	A4	-0,24 ^{ns}	-0,31	106,17
A1	A5	0,32 ^{ns}	0,44	78,88
A1	A6	0,03 ^{ns}	0,04	91,49
A1	A7	-0,18 ^{ns}	-0,23	103,79
A1	A8	0,05 ^{ns}	0,07	79,89
A2	A3	-0,16 ^{ns}	-0,24	106,92
A2	A4	0,17 ^{ns}	0,23	80,98
A2	A5	0,30 ^{ns}	0,41	82,71
A2	A6	-0,21 ^{ns}	-0,32	97,80
A2	A7	-0,12 ^{ns}	-0,16	103,70
A2	A8	0,16 ^{ns}	0,21	78,42
A3	A4	-0,12 ^{ns}	-0,18	91,81
A3	A5	0,10 ^{ns}	0,16	94,69
A3	A6	0,22 ^{ns}	0,39	70,21
A3	A7	-0,06 ^{ns}	-0,08	102,38
A3	A8	0,29 ^{ns}	0,45	75,38
A4	A5	-0,15 ^{ns}	-0,21	93,12
A4	A6	0,16 ^{ns}	0,25	91,27
A4	A7	-0,28 ^{ns}	-0,38	96,18
A4	A8	-0,04 ^{ns}	-0,06	68,66
A5	A6	-0,01 ^{ns}	-0,02	83,99
A5	A7	0,16 ^{ns}	0,23	91,07
A5	A8	0,35 ^{ns}	0,49	72,32
A6	A7	0,17 ^{ns}	0,25	69,18
A6	A8	0,08 ^{ns}	0,12	59,39
A7	A8	-0,02 ^{ns}	-0,03	96,72

^{ns}: não significativo pelo teste T a 0,05 de significância. Ambientes: A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013), A7 (Rondonópolis – 2012/2013), A8 (Sinop – 2012/2013).

A predominância de interação do tipo complexa e valores acima de 100%, indicou a falta de correlação entre os ambientes, que também foi observada por Pelúzio *et al.* (2008) ao avaliarem vinte cultivares de soja em quatro locais do estado de Tocantins. Valores acima de 100% ocorrem em situações em que as correlações entre os ambientes são negativas (CRUZ; REGAZZI; CAINEIRO, 2012). Em condições de predominância de parte complexa da interação, torna-se necessário agrupar os ambientes com respostas similares e realizar estudos de adaptabilidade e estabilidade, para atenuar os efeitos desse tipo de interação.

Obtiveram-se pelo método AMMI, análise de fatores e GGE Biplot (Tabela 4) componentes principais resultantes da decomposição da interação GxA significativos. Os dois primeiros componentes principais da análise AMMI explicaram 53,17% da interação GxA, valor abaixo do limite de 70%, sugerido por Ramalho *et al.* (2012) para análise AMMI para que se tenha um bom ajuste do modelo e maior acurácia das predições. Na análise de fatores e GGE biplot, os dois primeiros componentes explicaram 41,82% e 52,10% da interação G x A, respectivamente.

TABELA 6.4 Percentual de explicação acumulada pelos métodos multivariados empregados para análise e estratificação ambiental em sete ambientes do estado do Mato Grosso.

Componentes principais	% de Explicação acumulada		
	AMMI	Análise de Fatores	GGE biplot
CP1	28,95	22,83	34,90
CP2	53,17	41,82	52,10
CP3	69,29	58,07	65,60
CP4	82,71	71,66	75,60
CP5	91,58	82,94	81,10

Apesar de os primeiros componentes principais para ambos os modelos não terem atingido os limites ideais para plotagem no gráfico biplot, foram adotados, com o objetivo de facilitar a análise e interpretação dos resultados, uma vez que não existe um consenso sobre qual seria a proporção mínima da soma de quadrados da interação G x A que deve ser acumulada pelos primeiros componentes principais para a construção do biplot, mas a dispersão gráfica é desejável (CARBONELL *et al.*, 2004).

A utilização dos dois primeiros componentes principais em técnicas multivariadas, sem que atinjam os limites recomendados para a plotagem gráfica foi adotada em outros estudos de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja (ASFAW *et al.*, 2009; CORREA, 2007; OLIVEIRA, DUARTE; PINHEIRO, 2003).

Para a interpretação da estabilidade pelo modelo AMMI2 deve-se observar a distância dos pontos representativos dos genótipos e ambientes ao escore zero dos dois componentes principais, desse modo pela figura 1 constatou-se que o genótipo G23 foi o mais estável, seguido dos genótipos G19 e G10. Os genótipos G1, G4, G12, G14, G15 e G20 foram os mais instáveis (baixa estabilidade), sendo, portanto, os genótipos que mais contribuíram para interação G x A.

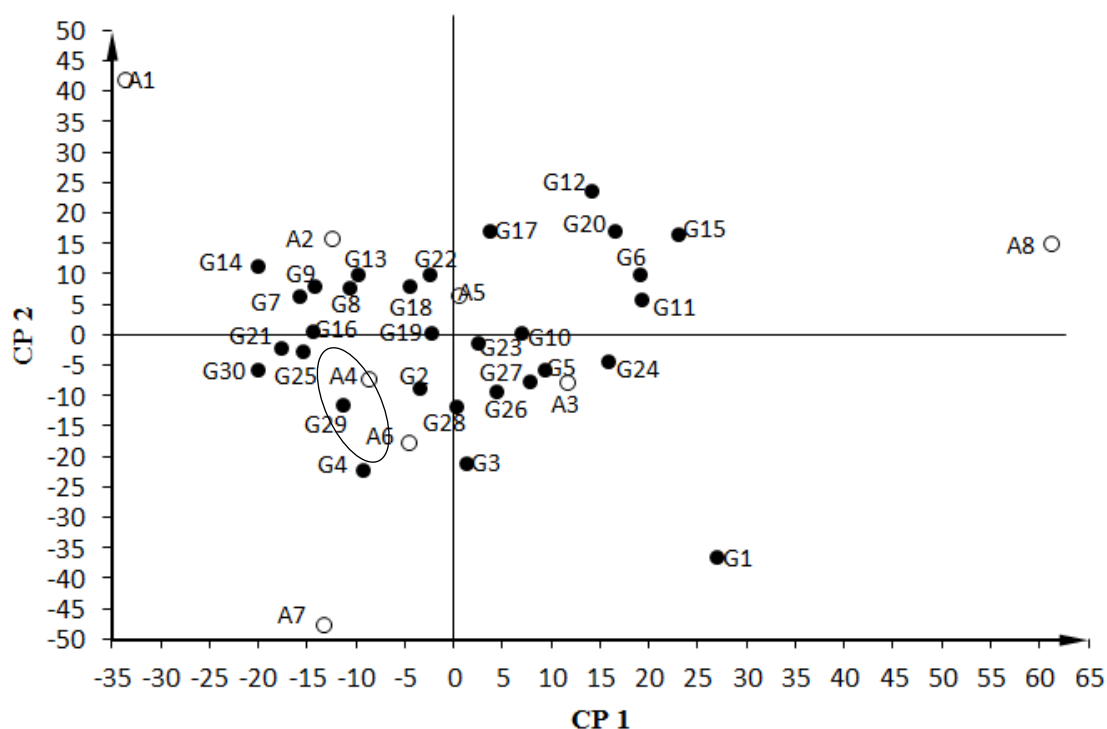


FIGURA 6.1 Plotagem dos “escores” dos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2), quanto à estratificação ambiental, segundo o modelo AMMI para o caractere produtividade de grãos, para 30 genótipos de soja de ciclo tardio: G1, G2, G3, G4, G5, G6,, G7, G8, G9, G10 (UFUS Guará), G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23, G24, G25, G26 (UFUS Xavante), G27 (UFUS Impacta), G28 (MSOY 8866), G29 (MSOY 8787), G30 (MSOY 9350) em oito ambientes: A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013), A7 (Rondonópolis – 2012/2013), A8 (Sinop – 2012/2013).

Gonçalves, Di Mauro e Cargnelutti-Filho (2007) estudando 28 genótipos de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade para produtividade de grãos, em diferentes épocas de semeadura, concluíram que os genótipos mais instáveis foram os mais produtivos. Um dos principais objetivos do melhoramento de plantas é selecionar genótipos estáveis e que apresentem alto rendimento. Nesse contexto, o genótipo mais estável foi o G23, que apresentou produtividade de grãos de 3977,96 kg ha⁻¹ (Tabela 6.5), apenas 4,30% inferior à média geral dos genótipos em todos os ambientes. Por outro lado, o genótipo G19 apresentou alta estabilidade e produtividade de grãos 0,28% superior à média geral.

O genótipo G4 apresentou a maior média em relação aos ambientes, mas foi um dos mais instáveis, ou seja, um dos que mais contribuíram para a interação G x A. No entanto, Vicente, Pinto e Scapim (2003) ao avaliarem nove linhagens de soja em 11 locais obtiveram estabilidade variável tanto entre os genótipos mais produtivos quanto entre os menos

produtivos, não confirmando a aparente associação entre estabilidade e baixos rendimentos, corroborando com os resultados obtidos neste trabalho, uma vez que entre os genótipos estáveis, o genótipo G10 apresentou produtividade de 4538,50 kg ha⁻¹, 9,22% superior a média geral.

TABELA 6.5 Média de produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 30 genótipos de soja de ciclo tardio cultivados em oito ambientes do estado do Mato Grosso.

Genótipos	Ambientes								Média
	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	
G1	3385,83	3974,00	5400,00	3385,67	4717,77	3935,43	3302,93	4424,53	4065,77
G2	3206,67	4490,00	4733,33	3123,67	4610,43	4329,20	3143,77	3682,90	3915,00
G3	2909,17	3804,00	5890,47	3525,67	4760,43	3545,87	4060,70	3788,90	4035,65
G4	4084,50	5144,00	5700,00	3213,00	5577,10	3966,70	5817,27	4166,00	4708,57
G5	3163,17	4900,00	5666,67	3369,33	5745,87	3570,83	3547,47	4761,20	4340,57
G6	4055,83	4400,00	5700,00	3070,67	4875,03	3816,70	2667,17	5807,93	4299,17
G7	4493,17	5474,00	5704,77	3112,67	5777,10	3537,50	3219,83	3266,10	4323,14
G8	4160,50	5682,33	5143,60	3187,33	5833,33	3539,60	3069,20	3661,27	4284,65
G9	4666,67	4062,00	5733,33	2440,67	5529,20	2800,00	2976,40	2998,70	3900,87
G10	3380,07	5322,00	5900,00	4281,67	5841,67	3889,60	2947,33	4745,67	4538,50
G11	3633,33	5306,67	5633,33	3533,00	4927,10	3685,43	3063,30	5927,00	4463,65
G12	4771,67	5082,00	4870,00	3570,00	5752,10	3410,43	2523,57	6055,57	4504,42
G13	5079,67	5622,00	4239,03	3467,33	5220,87	3731,27	3872,10	4643,40	4484,46
G14	4923,33	4439,33	5133,33	3605,00	5850,03	4043,80	2479,37	2974,30	4181,06
G15	3808,00	5172,00	5808,33	3376,33	5531,30	3068,77	2410,77	6082,40	4407,24
G16	3223,50	4845,33	2966,67	4138,33	5200,03	3310,43	2701,77	3093,53	3684,95
G17	3962,00	5806,00	5307,40	3412,67	5693,77	2945,83	2420,10	4676,13	4277,99
G18	3628,33	4802,00	4816,67	3923,33	5566,70	3097,93	2362,63	3716,27	3989,23
G19	3622,50	5168,00	5121,73	3908,33	4733,37	3625,03	3035,90	4121,30	4167,02
G20	4352,83	5300,00	5900,00	3556,00	5179,20	3397,93	2614,10	5916,13	4527,02
G21	3589,83	5038,00	4606,67	3080,00	3577,10	2897,93	3059,07	2640,00	3561,07
G22	3481,33	5766,67	4048,90	3516,33	4558,37	3210,43	2480,47	4145,77	3901,03
G23	3589,83	4428,00	5040,00	3259,67	4260,43	4070,83	2869,37	4305,53	3977,96
G24	3613,17	3536,00	5683,33	3504,67	5208,37	3802,10	3324,17	5301,20	4246,63
G25	3659,83	4206,00	5180,00	3549,00	3464,60	3252,13	2586,10	2587,03	3560,59
Xavante	2991,50	5500,00	4247,07	3357,67	5793,80	3010,43	4391,67	4758,97	4256,39
Impacta	3413,67	4400,00	3848,80	2706,67	5575,03	3110,43	4418,40	5067,50	4067,56
MSOY 8866	3693,33	3966,67	4800,00	3059,00	5633,33	3500,00	4381,67	4359,37	4174,17
MSOY 8787	3369,33	4300,00	4951,10	4195,33	3331,27	3429,17	3293,33	3116,67	3748,28
MSOY 9350	3866,67	5076,67	4435,47	3647,00	5308,37	3610,47	3687,23	2889,13	4065,12
Média	3792,64	4833,79	5073,67	3435,87	5121,10	3504,74	3224,24	4256,01	4155,26

A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013), A7 (Rondonópolis – 2012/2013), A8 (Sinop – 2012/2013).

O ambiente que menos contribuiu para interação G x A e, portanto, mais estável foi Lucas do Rio Verde na safra 2012/2013, seguido de Alto Taquari na safra 2012/2013 e Sinop – 2011/2012, e os mais instáveis foram Alto Taquari na safra 2011/2012, Rondonópolis na safra 2012/2013 e Sinop na safra 2012/2013 (Figura 6.1).

A análise AMMI2 possibilita identificar também os genótipos com adaptações específicas, ao considerar a maior proximidade dos pontos referentes aos genótipos e ambientes e observando-se os sinais dos escores para genótipos e ambientes. Genótipos e ambientes de mesmo sinal interagem positivamente e de sinais contrários interagem negativamente (DUARTE; VENCOSKY, 1999). Nesse caso, os genótipos G5, G10, G23, G24, UFUS Xavante e UFUS Impacta foram mais adaptados e estáveis a Sinop – 2011/2012, sendo que o genótipo G5 apresentou adaptação específica a este ambiente.

Pela análise de fatores, foi necessário o número de cinco fatores finais para atingir um valor superior a 80% da variação total dos dados, conforme indicado por Murakami e Cruz (2004) (Tabela 6), obtendo-se assim 82,94% da variação.

TABELA 6.6 Autovalor, valor percentual e porcentagem acumulada na análise de fatores realizada com 30 genótipos de soja de ciclo tardio em cada par de ambientes estudados.

Autovalor	Valor percentual	Porcentagem acumulada
1,826644	22,833052	22,833052
1,51911	18,988869	41,821921
1,299982	16,249777	58,071698
1,087423	13,592793	71,664491
0,902021	11,275262	82,939753
0,537641	6,720508	89,660261
0,506838	6,335477	95,995739
0,320341	4,004261	100,00000

Os valores de comunalidade, que representa a proporção da variância da variável, padronizada, em cada ambiente devido aos fatores comuns e à medida de eficiência da representação das variáveis por uma parte comum foram superiores ao valor sugerido por Cruz e Carneiro (2006) de 0,70 (Tabela 6.7), indicando que a descrição do desempenho dos genótipos, considerando a produtividade de grãos nos ambientes foi adequada.

Segundo Souza (1988) valores de comunalidades superiores a 0,64 são aceitos como razoáveis, que é equivalente a uma correlação próxima de 0,80 entre a variável padronizada e a parte comum, que explica esta variável.

Para as cargas fatoriais do fator 1 após a rotação, apenas um ambiente apresentou valor acima do ideal (0,80), Lucas do Rio Verde - 2011/2012 (0,844811), no entanto, Lucas do Rio Verde – 2012/2013 por mais que não tenha alcançado o limite ideal, apresentou o segundo maior valor (0,572887), sendo considerado para o agrupamento desses ambientes, que formaram o grupo 1 (região 1), que representam o mesmo local, porém, em safras distintas.

TABELA 6.7 Descrição do índice ambiental para oito ambientes, comunalidade e cargas fatoriais iniciais e finais resultantes da decomposição da produtividade em cada ambiente e fatores comuns e específicos.

Ambiente	Comunalidade	Índice	Cargas iniciais		Cargas finais	
			Fator 1	Fator 2	Fator 1	Fator 2
A1	0,905822	-362,616129	0,632069	-0,144314	0,206592	0,016878
A2	0,762355	678,531665	0,42574	-0,691675	0,844811	0,002161
A3	0,758026	918,409459	0,406029	0,498197	-0,375902	0,691717
A4	0,86627	-719,390544	-0,33176	-0,38442	0,33231	-0,12246
A5	0,730164	965,845006	0,772613	-0,04565	0,572887	0,382901
A6	0,906112	-650,516116	0,007914	0,568095	-0,151896	0,098257
A7	0,874804	-931,019452	0,025997	0,533744	-0,018067	-0,06189
A8	0,831626	100,756109	0,610969	0,119109	0,260182	0,866254

A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013), A7 (Rondonópolis – 2012/2013), A8 (Sinop – 2012/2013).

O mesmo aconteceu para o fator 2, em que apenas Sinop – 2012/2013 apresentou valor acima do recomendado (0,866254), porém Sinop – 2011/2012 apresentou valor próximo do obtido para Sinop – 2012/2013, sendo inserido no grupo 2 (região 2). Os demais ambientes apresentaram valores muito baixos tanto para o fator 1 quanto para o fator 2, ficando isolados. O agrupamento de ambientes com carga fatorial abaixo da recomendada foi realizado em virtude das comunalidades terem sido de alta magnitude, o que garante um bom ajuste do modelo.

Mendonça *et al.* (2007) ao estudarem a estratificação ambiental, adaptabilidade e estabilidade de 21 genótipos de soja no estado do Paraná e Santa Catarina, também encontraram maior proporção de cargas fatoriais abaixo do recomendado, para os dois primeiros fatores após a rotação.

Os ambientes pertencentes ao mesmo grupo apresentam características semelhantes, no caso do grupo I, os ambientes estão à mesma altitude, que reflete em condições semelhantes de temperatura, umidade relativa do ar e precipitação. Desse modo, torna-se possível a escolha de um deles para representar a região.

Os ambientes considerados favoráveis foram Lucas do Rio Verde – 2011/2012, Sinop – 2011/2012, Lucas do Rio Verde – 2012/2013 e Sinop – 2012/2013 e desfavoráveis foram Alto Taquari – 2011/2012, Alto Taquari – 2012/2013, Querência – 2012/2013 e Rondonópolis – 2012/2013 (Tabela 7). Desse modo, 50% dos ambientes mostraram-se favoráveis. Os ambientes favoráveis apresentaram as maiores médias de produtividade de grãos (kg ha^{-1}), 4833,79; 5073,67; 5121,10 e 4256,01 kg ha^{-1} , respectivamente (Tabela 6.5).

Diante do exposto, os ambientes favoráveis são indicados para seleção de linhagens de soja com alto rendimento de grãos, e por estarem na mesma altitude e proporcionam desempenho semelhante quanto à produtividade de grãos dos genótipos, pode-se selecionar apenas um ambiente por região para os próximos anos de avaliação.

A análise de adaptabilidade e estabilidade pela análise de fatores é feita por meio da dispersão dos escores em gráficos em que os eixos são representados por fatores comuns, os quais passam a ter interpretação, ou seja, cada fator representa uma região ou grupos de ambientes, em que há similaridade no comportamento dos genótipos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Nos quadrantes II e IV estão situados os genótipos com adaptabilidade específica à região determinada pelo fator, nesse caso há duas regiões (R1 - fator 1 e R2 - fator 2) (Figura 6.2). Assim, os genótipos G7, G8, G13, G14, G16, G18, G19, G22 e MSOY 9350 apresentaram adaptação a Lucas do Rio Verde, ao passo que os genótipos G1, G3, G6, G24 e MSOY 8866 apresentaram adaptabilidade específica e melhores desempenhos produtivos em Sinop, ambos independentes da safra.

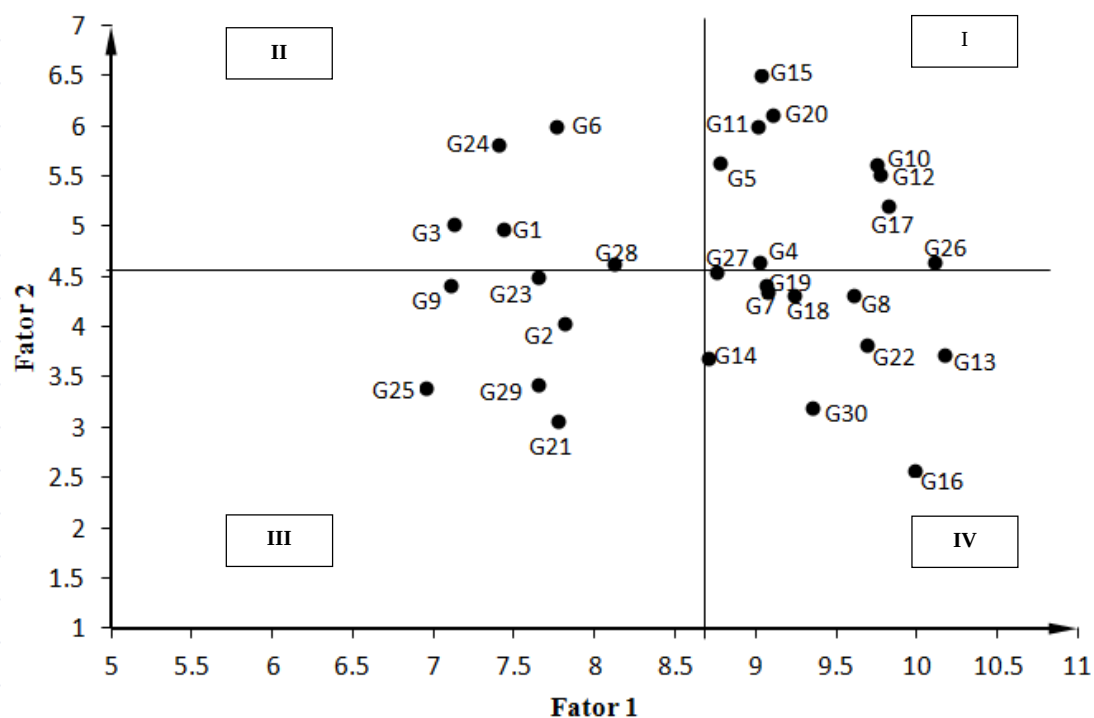


FIGURA 6.2 Dispersão de genótipos em relação a eixos representativos de estratos ambientais. O fator 1 representa a região R1, formada pelos locais: Lucas do Rio Verde - 2011/2012 e Lucas do Rio Verde - 2012/2013, e o fator 2 representa a região 2, formada pelos locais Sinop 2011/2012 e Sinop 2012/2013.

O quadrante I representa a adaptabilidade do tipo ampla, nesse caso, os genótipos G4, G5, G10, G11, G12, G15, G17, G20, UFUS Xavante e UFUS Impacta apresentam esse tipo de adaptabilidade. No quadrante III encontram-se os genótipos que apresentaram baixo desempenho, sendo eles: G2, G9, G21, G23, G25 e MSOY 8787, diante disso, podendo ser descartados para o cultivo no ano seguinte, além disso, foram os que realmente apresentaram as menores médias de produtividade (Tabela 6.5).

Pela análise GGE biplot, ao utilizar os dois primeiros componentes principais, que captaram 52,1% da variação, houve a formação de quatro grupos de ambientes (mega-ambientes) (Figura 6.3), ficando acima do obtido por Meotti *et al.* (2012) ao avaliarem seis cultivares de soja quanto a adaptabilidade e estabilidade pelo método GGE biplot obtiveram três grupos ou mega-ambientes, e abaixo do obtido por Amira *et al.* (2013) ao avaliarem a adaptabilidade e estabilidade de seis genótipos de soja em dez ambientes.

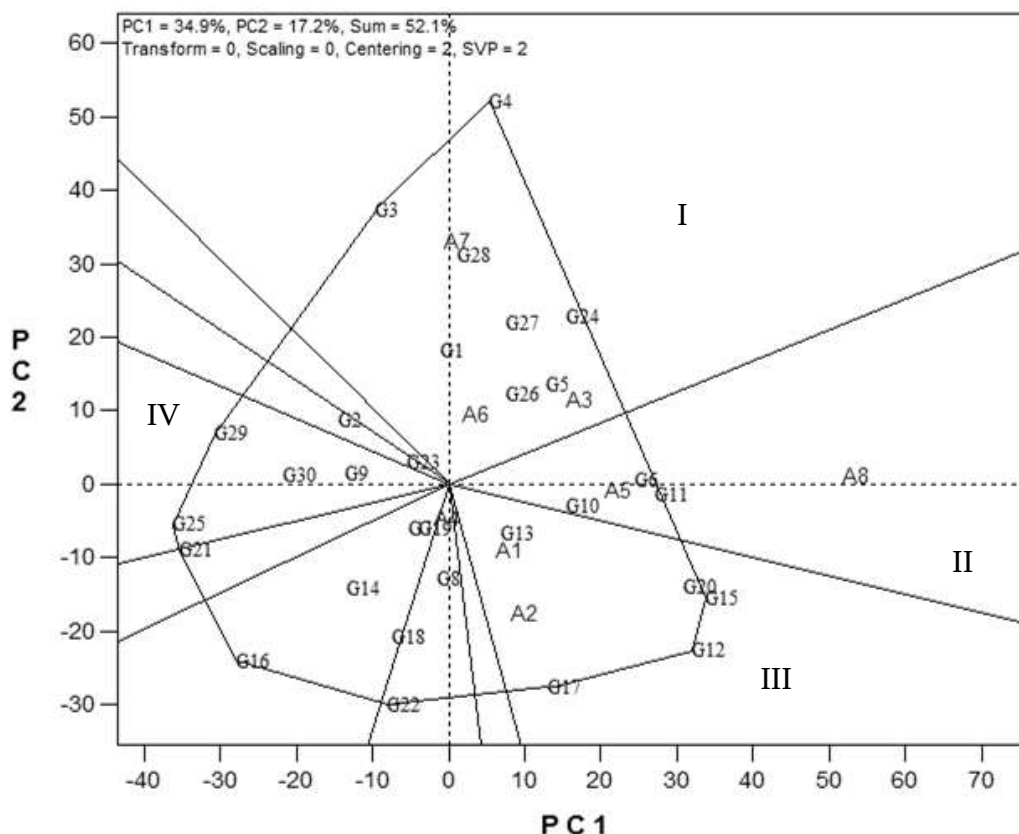


FIGURA 6.3 Plotagem dos “escores” dos componentes principais, quanto à estratificação ambiental, segundo o modelo GGE Biplot para o caractere produtividade de grãos, para 30 genótipos de soja de ciclo tardio: G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9, G10 (UFUS Guará), G11, G12, G13, G14, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23, G24, G25, G26 (UFUS Xavante), G27 (UFUS Impacta), G28 (MSOY 8866), G29 (MSOY 8787), G30 (MSOY 9350) em oito ambientes: A1 (Alto Taquari – 2011/2012), A2 (Lucas do Rio Verde – 2011/2012), A3 (Sinop – 2011/2012), A4 (Alto Taquari – 2012/2013), A5 (Lucas do Rio Verde – 2012/2013), A6 (Querência – 2012/2013), A7 (Rondonópolis – 2012/2013), A8 (Sinop – 2012/2013).

Ao observar os ambientes e genótipos que apresentaram maior valor para CP1 e mais próximos de zero para CP2, os genótipos mais produtivos e mais estáveis foram: G11 e G6, sendo indicados para o cultivo com maior possibilidade de altos rendimentos no mega-ambiente 2 representado pelos ambientes Lucas do Rio Verde – 2012/2013 e Sinop – 2012/2013.

No entanto, no mega-ambiente 2, o ambiente mais responsivo e com maior chance de selecionar genótipos superiores foi Sinop – 2012/2013, que também se sobressaiu dos demais, pois apresentou maior valor para CP1 e mais próximo de escore zero para CP2 (Figura 6.3). Embora a produtividade média de grãos desse ambiente não ter sido uma das maiores (Tabela 6.5), ele se apresentou como mais estável, o que é fundamental para o processo de

melhoramento que visa à seleção e à indicação de genótipos produtivos e estáveis a maior faixa de ambientes.

Para o mega-ambiente 1 (Sinop – 2011/2012, Querência – 2012/2013 e Rondonópolis – 2012/2013) os genótipos mais estáveis e produtivos foram: G5 e UFUS Xavante, que apresentam produtividade de grãos de 4340,57 e 4256,39 kg ha⁻¹ (Tabela 5), respectivamente, superiores em média em 44 % a produtividade média de grãos do Estado (CONAB, 2013). Sinop – 2011/2012 foi o ambiente mais indicado para cultivo dos genótipos pertencentes ao mega-ambiente 1, sendo o genótipos G5 o que apresentou maior adaptabilidade a este ambiente, por se posicionar mais próximo no gráfico (Figura 6.3). Os demais genótipos pertencentes ao mega-ambiente I foram: G4, G24, UFUS Impacta e MSOY 8866.

Para o mega-ambiente III, formado pelos ambientes: Ato Taquari – 2011/2012 e Lucas do Rio Verde – 2011/2012, os genótipos na ordem dos mais adaptados e mais produtivos foram: G20, G15, G12, G13 e G17. E para o mega-ambiente IV, formado apenas por Alto Taquari – 2012/2013, os genótipos mais adaptados foram: G2, G8, G9, G16, G18, G19, G21, G22, G23, G25, MSOY 8787 e MSOY 9350.

Diante dos resultados obtidos, o método AMMI2 apresentou maior eficiência em reter maior parte da variação, sendo superior ao GGE biplot e análise de fatores. Resultados diferentes são encontrados (SILVA *et al.*, 2011; AMIRA *et al.*, 2013) na literatura, em que o GGE biplot se mostrou superior ao AMMI. Todavia, Balestre *et al.* (2009) em estudo comparando os métodos GGE Biplot e AMMI afirmam que o modelo GGE Biplot é superior ao AMMI apenas quando há a seleção do modelo AMMI1, nesse caso há superioridade da GGE Biplot devido à maior captação da soma de quadrados da interação GxA, enquanto quando se utiliza o modelo AMMI2, este se mostra superior.

O melhoramento genético de plantas visa à obtenção de genótipos de ampla adaptabilidade, oferecendo ao setor produtivo cultivares que se sobressaíam em ampla faixa ambiental e/ou cultivares adaptadas a condições específicas, que podem ser adversas ou extremamente favoráveis (FELIPE PAIVA; DUARTE; AMARANO, 2010). Diante disso, selecionar ambientes representativos e que proporcionem alta adaptabilidade e estabilidade de genótipos e alto rendimento, torna-se fundamental para o sucesso do desenvolvimento e lançamento de novas cultivares.

Os ambientes Lucas do Rio Verde 2011/2012 e 2012/2013 e Sinop 2011/2012 e 2012/2013, formaram grupos com as duas épocas de cultivo para os métodos AMMI e análise de fatores, não corroborando com o método GGE biplot. O ambiente mais estável e com maior

rendimento dos genótipos foi Lucas do Rio Verde na safra 2012/2013 e o genótipo G10 considerando a análise AMMI2, análise de fatores e GGE Biplot foi mais estável.

6.6 Conclusões

A interação genótipos por ambientes para a produtividade de grão em soja foi de natureza complexa.

As análises AMMI e Análise de Fatores permitiram o agrupamento de ambientes de forma similar;

O método AMMI foi superior aos modelos GGE Biplot e análise de fatores, por explicar maior proporção da soma de quadrados da interação genótipos por ambientes;

O ambiente Lucas do Rio Verde apresentou maior estabilidade para o cultivo de genótipos de soja de ciclo tardio;

O genótipo G10 apresentou elevada produtividade de grãos, alta adaptabilidade e estabilidade pelos métodos AMMI2, análise de fatores e GGE biplot.

6.7 Referências

- AMIRA, J.O.; et al. Relative discriminating powers of GGE and AMMI models in the selection of tropical soybean genotypes. **African Crop Science Journal**, Uganda, v. 21, n. 1, p. 67 – 73, 2013.
- ASFAW, A.; et al. AMMI and SREG GGE biplot analysis for matching varieties onto soybean production environments in Ethiopia. **Scientific Research and Essay**, [S.l.], v.4, n.11, p. 1322-1330, 2009.
- BALESTRE, M.; et al. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.9, p.219-228, 2009.
- BARROS, H.B.; et al. A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja por meio de métodos uni e multivariado. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, Gurupi, v. 3, n.2: p. 49-58, 2012.
- CAMARGO-BUITRAGO, I.; INTIRE, E.Q-Mc; GÓRDON-MENDOZA, R. Identificación de mega-ambientes para potenciar el uso de genotipos superiores de arroz en Panamá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.46, p.1061-1069, 2011.
- CARBONELL, S.A.M.; et al. Common Bean Cultivars and lines interactions with environments. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.61, n.2, p. 169-177, 2004.
- CARVALHO, C.G.P.; et al. Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 2, p. 187-193, 2003.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos – nono levantamento**. Brasília: CONAB, junho de 2013, 31p. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_06_06_09_09_27_boletim_graos_-_junho_2013.pdf, acesso em: 01 jul 2013.
- CORREA, W.R. **Adaptabilidade estabilidade de genótipos de soja em Minas Gerais**. 2007. 39f. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2007.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES: Biometria**. Viçosa: UFV, 2006. 382p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.
- CRUZ C. D. CASTOLDI F. L. Decomposição da interação genótipo x ambiente em parte simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 38 n. 219 p. 422-430 1991.
- DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos × ambientes - uma introdução à análise “AMMI”**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999, 60p.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja: região central do Brasil 2012 e 2013**. - Londrina: Embrapa Soja, 2011. 261 p.

FELIPE PAIVA, C.R.; DUARTE, J.B.; CAMARANO, L.F. Estratificação ambiental para avaliação e recomendação de variedades de milho no estado de Goiás. **Revista Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 40, n. 2, p. 186-199, 2010.

FERREIRA, D.F. **Programa Estabilidade**, 2002. Disponível em: <www.dex.ufla.br>. Acesso em 10 jun. 2013.

FRANCESCHI, L., et al. Métodos para análise de adaptabilidade e estabilidade em cultivares de trigo no Estado do Paraná. **Bragantia**, Campinas, v.69, p.797-805, 2010.

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.

GONÇALVES, E.C.P.; MAURO, A.O.; CARGNELUTTI-FILHO, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja conduzidos em duas épocas de semeadura, na região de Jaboticabal – SP. **Revista Científica**, Jaboticabal, v.35, n.1, p.61 - 70, 2007.

GOUVÊA, L.R.L.; SILVA, G.A.P.; SCALOPPI JUNIOR, E.J.; GONÇALVES, P. de S. Different methods to assess yield temporal stability in rubber. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.46, p.491-498, 2011.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey-USA: Englewood Cliffs, 1992. 942p.

LEE, S.J.; et al. Effects of year, site, genotype and their interactions on various soybean isoflavones. **Field Crops Research**, Bonn, v.81, p.181-192, 2003.

MALOSETTI, M; RIBAUT, J.M.; EEUWIJK, F.A.V. The statistic alanalysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in physiology**, Lausanne, v.4, n.1, p.1-17, 2013.

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

MENDONÇA, O.; et al. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.11, p.1567-1575, 2007.

MEOTTI, G.V.; et al. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.1, p.14-21, 2012.

MURAKAMI, D.M.; CRUZ, C.D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.4, p.7-11, 2004.

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, p. 357-364, 2003.

OLIVEIRA, L.G.; et al. Adaptabilidade e estabilidade da produtividade de soja em duas regiões sojícolas. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 852-861. 2012.

PACHECO, R.M.; et al. Key locations for soybean genotype assessment in Central Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, p.478-486, 2009.

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**, Viçosa, v.55, n.1, p.034-040, 2008.

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

ROCHA, M.M.; et al. Estabilidade e adaptabilidade produtiva em linhagens de soja de ciclo médio. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 56, n.6, p. 764-771, 2009.

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

SILVA, G.A.P.; et al. Análise da adaptabilidade e estabilidade de produção em ensaios regionais de feijoeiro para o Estado de São Paulo. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 60, n.1, p. 059-065, 2013.

SILVA, R.R.; et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de trigo em diferentes épocas de semeadura, no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.46, n.11, p.1439-1447, 2011.

SOUZA, E.C. **Os Métodos Biplot e Escalonamento Multidimensional nos delineamentos experimentais**. 2010. 135 f. Tese (Doutorado em Ciências, estatística e experimentação agrônoma). Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2010.

SOUZA, J. **Métodos estatísticos nas ciências psicossociais: análises de componentes principais**. Brasília: Thesaurus, 1988. 67p.

VENCOVSKY R; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 496p.

VICENTE, D.; PINTO, R.J.B.; SCAPIM, C.A. Análise da adaptabilidade e estabilidade de linhagens elite de soja. **Revista Acta Scientiarum – Agronomy**, Maringá, v. 26, n. 3, p. 301-307, 2004.

YAN W.; et al. Cultivar evaluation and mega environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 597- 605, 2000.

YAN, W.; GGE Biplot. A windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types two-way data. **Agronomy Journal**, Stanford, v. 93, p.1111-1118, 2001.

YOKOMIZO, G.K.; VELLO, N.A. Coeficiente de determinação genotípica em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n.11, p. 2223-2228, 2000.

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v.80, p.388-393, 1988.

7 ANEXOS

7.1 Anexo 1

TABELA 7.1 Lista de cruzamentos realizados pelo Programa melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, genótipos e parentais codificados.

CRUZAMENTO	GENÓTIPOS	PARENTAIS
CR1	G6	P1 X P2
CR2	G32	P3 X P4
CR3	G18, G27, G31 e G35	P1 x P5
CR4	G11	P6 x P5
CR5	G1, G5, G10, G14, G20, G21, G22, G24, G26, G28 e G29	P7 x P5
CR6	G8, G16 e G19	P1 x P7
CR7	G30	P8 x P9
CR8	G3	P7 x P10
CR9	G2 e G15	P11 x P12
CR10	G4, G7, G12, G23 e G25	P13 x P14
CR11	G17 e G34	P1 x P15
CR12	G9	P7 x P9
CR13	G33	P16 x P5
CR14	G13	P1 x P17

CR: cruzamento, G: genótipo e P: parental.