

RAPHAEL LEMES HAMAWAKI

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE SOJA
PELOS MÉTODOS DE TOLER E CENTRÓIDE

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de Mestre.

Orientador

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

Co-orientadora

Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2014

RAPHAEL LEMES HAMAWAKI

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE SOJA
PELOS MÉTODOS DE TOLER E CENTRÓIDE

Dissertação apresentada à Universidade Federal de
Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-
graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração
em Fitotecnia, para obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 19 de fevereiro de 2014.

Profa. Dra. Rosana de Cássia Oliveira

UNIPAC

Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira
(co-orientador)

UFU

Profa. Dra. Maria Amelia dos Santos

UFU

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

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2014

À Deus, por guiar-me até aqui, pela paz e graças concedidas e pelo aprendizado em momentos difíceis;

À minha esposa, Mariana, pelo apoio incondicional e pela fé inspiradora em Jesus,

OFEREÇO

*Aos meus pais, Osvaldo e Cristiane, pela inspiração de vida, pelas sábias palavras e
amor eterno;*

Ao meu irmão, Thiago, pela presteza em todos os momentos e amizade singular,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus pela vida, por guiar os meus passos até aqui e pelos ensinamentos proporcionados pelos momentos difíceis.

À minha esposa, Mariana, pela fé em Jesus que me inspira e seu amor incondicional.

À minha mãe, Cristiane, minha inspiração de vida.

Ao meu pai e orientador, Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, pelas conversas e ensinamentos que sempre me guiaram em minhas decisões.

À Universidade Federal de Uberlândia, pela oportunidade de realizar o curso de Pós-graduação, Mestrado em Agronomia.

À Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira, pelos valiosos ensinamentos e presteza em todo o curso.

Às professoras Dra. Maria Amelia dos Santos e Dra. Rosana de Cássia Oliveira, pela disponibilidade em participar da banca de defesa.

Ao Coordenador do Programa de Pós-graduação em Agronomia, Prof. Dr. João Paulo Arantes Rodrigues da Cunha, pela disponibilidade e apoio.

Aos funcionários da Secretaria da Programa de Pós-graduação em Agronomia, Maria Aparecida Fontoura e Eduardo Isaac Rodrigues, pelo profissionalismo e dedicação.

Aos professores do Programa de Pós-graduação em Agronomia, pelos ensinamentos que foram essenciais para meu crescimento profissional.

À todos, que direta ou indiretamente, contribuíram para realização deste trabalho.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	i
ABSTRACT	ii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO	3
2.1 A soja no Brasil e no mundo	3
2.2 Melhoramento de Soja no Brasil	4
2.3 Interação Genótipo x Ambiente	5
2.4 Análise de Adaptabilidade e Estabilidade	8
2.5 Metodologias para Análise da Adaptabilidade e Estabilidade	9
3 MATERIAL E MÉTODOS	14
3.1 Linhagens e técnica de melhoramento	14
3.2 Ambientes de teste	15
3.3 Análises estatísticas.....	16
3.4 Delineamento experimental	17
3.5 Métodos experimentais	17
3.6 Análises de variância	18
3.7 Teste de médias	20
3.8 Análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica	20
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
4.1 Análises de Variância	25
4.2 Análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método de Toler	29
4.3 Análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método Centróide	35
5 CONCLUSÕES	41
REFERÊNCIAS	42

RESUMO

HAMAWAKI, RAPHAEL LEMES. **Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de soja avaliada pelos métodos de Toler e Centróide**. 2014. 50p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia.*

O Brasil é o segundo maior produtor e o maior exportador mundial de soja. As divisas oriundas do complexo soja somaram US\$ 26,1 bilhões na safra 2012/2013. Este resultado foi obtido com a rápida expansão do cultivo desta oleaginosa nas mais diversas regiões do território nacional. Dada a grande diversidade de condições climáticas e de solos presentes nas mais variadas regiões do Brasil, assume importância, para o melhoramento de genótipos para altas produtividades, o componente da interação genótipos x ambientes. A estimativa precisa da grandeza deste componente é de suma importância para o melhorista, pois permite a seleção de genótipos aptos a determinada condição de cultivo e também de ambientes que permitem determinado genótipo expressar seu máximo potencial produtivo. O propósito deste trabalho foi avaliar o desempenho de 13 linhagens experimentais de ciclo semitardio/tardio oriundas do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia, quanto a sua capacidade adaptativa e estabilidade de produção em três localidades (Porangatu - GO, Porto Alegre do Norte - MT e Uberaba - MG) nas safras 2005/2006 e 2007/2008. Para a análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, foram utilizadas as metodologias propostas por Toler (1990) e a do Centróide proposta por Rocha et al. (2005) e modificada por Nascimento et al. (2009). Foram realizadas as análises de variância individuais e conjunta sendo, nesta última, identificado efeito significativo para a interação genótipo x local x ano. Na análise pelo método Centróide, o genótipo de maior média de produtividade (UFU-002) foi também o único classificado no ideótipo VI, de média adaptabilidade a ambientes favoráveis. Por este mesmo método, 78,5% dos genótipos foram classificados no ideótipo V de média adaptabilidade geral. A análise pelo método de Toler (1990) identificou 5 genótipos com padrão de resposta bissegmentado, sendo os genótipos UFU-001, UFU-003, UFU-0010 e UFU-0011 classificados no grupo A com padrão convexo (duplamente desejável) e os genótipos UFU-008 e UFU-0013 no grupo E com padrão côncavo (duplamente indesejável). O genótipo UFU-006 foi classificado no grupo B, com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis. Por outro lado o genótipo UFU-0012 foi classificado no grupo D, com adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis. A análise gráfica pelo método de Toler mostrou-se mais conclusiva, com melhor caracterização do comportamento dos genótipos em ambientes favoráveis e desfavoráveis. O genótipo UFU-008 foi o único a apresentar baixa capacidade adaptativa aos ambientes estudados pelos dois métodos de análise da adaptabilidade e estabilidade. Os genótipos UFU-001, UFU-002, UFU-006, UFU-0010 e UFU-0011 são os mais indicados para o cultivo nas regiões avaliadas, com bom potencial produtivo, principalmente em ambientes de alta qualidade ambiental.

Palavras-chave: *Glycine max*, análises de adaptabilidade, regressão não-linear, análise multivariada.

* Comitê Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU (Orientador) e Ana Paula Oliveira Nogueira - UFU

ABSTRACT

HAMAWAKI, RAPHAEL LEMES. **Adaptability and phenotypic stability of soybean genotypes evaluated by the Toler and Centroid methods**. 2014. 50p. Dissertation (Master's degree in Agronomy/Crop Science) – Federal University of Uberlandia, Uberlandia – Brazil.*

Brazil is the second largest global producer and the major global exporter of soybeans. The total foreign exchange income from the soybean complex was US\$ 26.1 billion in the 2012/2013 growing season. This result comes from the fast expansion of this oilseed crop in different regions of the country. Due to the diversity of climatic and soil conditions in Brazil the genotype x environment interaction component is important in the improvement of genotypes for higher yields. The accurate estimation of the magnitude of this component is of utmost importance to the breeder as it allows selecting genotypes that fit in a certain growing region, and in a similar way selecting growing conditions for the maximum yield of a certain genotype. The purpose of this study was to evaluate the performance of 14 semi-late and late soybean genotypes, coming from the Soybean Breeding Program of the Federal University of Uberlandia, in their adaptive capacity and yield stability in three locations (Porangatu - GO, Porto Alegre do Norte - MT and Uberaba - MG) in the 2005/2006 and 2007/2008 growing seasons. For the adaptability and phenotypic stability analysis were used the methodology proposed by Toler (1990) and the Centroid method proposed by Rocha et al. (2005) and modified by Nascimento et al. (2009). A variance analysis was performed for each environment followed by a joint analysis where a significant effect for the genotype x location x year interaction component was detected. In the Centroid method analysis the genotype of higher average yield (UFU-002) was also the only one included in the ideotype VI of medium adaptability to favorable environments; by this same method 78.5% of the genotypes were included in the ideotype V of medium general adaptability. The analysis using Toler's (1990) method identified five genotypes with a divided pattern of response, being UFU-001, UFU-003, UFU-0010 and UFU-0011 classified in Group A with a convex pattern (doubly desirable), whereas genotypes UFU-008 and UFU-0013 were classified in Group E with a concave pattern (doubly undesirable). The genotype UFU-006 was classified as group B with specific adaptability to favorable environments; on the other hand genotype-UFU 0012 was classified as group D with specific adaptability to unfavorable environments. The graphic analysis using Toler's method was more conclusive, with better characterization of the genotypes' behavior in favorable and unfavorable environments. The genotype UFU-008 was the only one to show low adaptive capacity to the evaluated environments by both methodologies. The genotypes UFU-001, UFU-002, UFU-006,

* Comitê Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU (Orientador) e Ana Paula Oliveira Nogueira - UFU

UFU-0010 and UFU-0011 are the most recommended ones for the evaluated growing region, with high yield potential, specifically in high quality environments.

Keywords: *Glycine max*, adaptability analysis, non-linear regression, multivariate analysis.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é a cultura oleaginosa mais cultivada no mundo e a principal fonte de proteína vegetal para a sociedade moderna. Na safra 2012/2013, a produção mundial de soja foi estimada em 268,27 milhões de toneladas. Os EUA é o maior produtor mundial com 82,56 milhões de toneladas e o Brasil o maior exportador com 41,9 milhões de toneladas, sendo que a exportação do complexo soja somou US\$ 26,1 bilhões em divisas para o país na safra 2012/2013 (ESTADOS UNIDOS, 2014; EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 2013).

O Brasil assume papel de destaque na agricultura mundial, destacadamente na soja, cuja área cultivada no país atualmente supera 27 milhões de hectares, com uma produção de 81,5 milhões de toneladas na safra 2012/2013 (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2013).

O primeiro cultivo comercial de soja no Brasil ocorreu na década de 1940, na região sul do Brasil, em função da adaptação das variedades introduzidas ao clima das regiões tradicionais de cultivo àquela época.

Na década de 1970 programas de melhoramento no Brasil foram pioneiros no desenvolvimento de genótipos de soja adaptados às condições de baixa latitude e tolerantes aos solos ácidos do cerrado. A introdução nestes genótipos da característica de período juvenil longo foi o fator chave que permitiu o avanço do plantio desta leguminosa em regiões tropicais e subtropicais que antes eram consideradas impróprias para seu cultivo.

A soja é cultivada no Brasil em uma faixa de latitude que vai de 4° N em Pacaraíma-RR até 33° S em Santa Vitória do Palmar-RS (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2006). Assim, cabe aos programas de melhoramento o desenvolvimento de variedades altamente produtivas e adaptadas às mais diversas regiões de cultivo.

Neste contexto, além do componente genotípico e ambiental, assume importância no melhoramento de genótipos para alta produtividade o componente da interação genótipos x ambientes, identificada através da análise de variância conjunta, sobretudo por se tratar de um caráter quantitativo.

No que diz respeito à análise do componente atribuído a interação genótipos x ambientes, a falta de precisão desta estimativa interfere diretamente na capacidade de

seleção dos genótipos mais consistentes e produtivos. A baixa habilidade de um modelo de analisar a interação ocasiona a baixa correlação dos desempenhos dos genótipos de um ambiente para o outro e faz com que a estimativa do componente de herdabilidade fique comprometida, e, por consequência, o ganho esperado com a seleção (MATHESON & RAYMOND, 1986).

Tão importante quanto se estimar a interação genótipos x ambientes é atribuí-la aos respectivos genótipos e ambientes que foram responsáveis por este componente. Para isso, os melhoristas utilizam-se de métodos estatístico-genéticos capazes de realizar a análise de adaptabilidade e estabilidade de um grupo de genótipos em um grupo de ambientes, e com isso indicando os melhores genótipos para determinada região e/ou as melhores regiões de cultivo para determinado genótipo.

Dentre as metodologias mais recentes, o método de Toler (1990) é um método baseado na análise de regressão não-linear, que proporciona um entendimento adaptativo dos genótipos, já que estabelece padrões de resposta convexa, quando o genótipo tem comportamento consistente em ambientes desfavoráveis e tem alta capacidade de resposta a ambientes favoráveis, ou côncavo quando o genótipo tem baixo desempenho em ambientes pobres e não responde em ambientes favoráveis.

Outra metodologia de análise da adaptabilidade e estabilidade bastante recente é a do Centróide, criada por Rocha et al. (2005) e modificada por Nascimento et al. (2009). É uma análise multivariada dos componentes principais, fundamentada na dispersão dos genótipos em um plano em que a distância cartesiana deste com os chamados “ideótipos” de referência permite a interpretação da capacidade adaptativa do genótipo a ambientes favoráveis, desfavoráveis e de adaptabilidade geral.

Este trabalho teve o propósito de analisar linhagens experimentais de soja de ciclo semitardio/tardio do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia quanto a sua capacidade adaptativa e estabilidade de produção em três localidades nas safras 2005/2006 e 2007/2008. Utilizou-se as metodologias de Toler (1990) e a do Centróide (ROCHA et al., 2005, modificada por NASCIMENTO et al. (2009), a fim de se examinar a similaridade e dessemelhança entre as mesmas, e, finalmente, objetivou-se com isso identificar os melhores genótipos para recomendação como variedades e/ou uso como parentais em blocos de cruzamento.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A soja no Brasil e no mundo

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) foi domesticada entre 1.700 a 1.000 a.C. na região Leste do Norte da China, sendo esta região é também considerada o centro primário de diversidade. Já a região da Manchúria, localizada no nordeste da China, é considerada um centro secundário de diversidade (CHUNG & SINGH, 2008).

Inicialmente, o cultivo da soja se destinava a produção de forragem e, com este propósito, esta oleaginosa foi introduzida nos EUA em 1765, com seu cultivo como forrageira ganhando expressão neste país a partir de 1880. Foi apenas em 1941 que a área de cultivo destinada a grãos ultrapassou a área plantada como forrageira (MIYASAKA & MEDINA, 1981; CHUNG & SINGH, 2008).

Em países como Alemanha, Inglaterra e Rússia tentou-se inicialmente a produção comercial de soja, mas devido ao clima e desconhecimento de técnicas de cultivo, tal plantio não obteve sucesso. No fim do século XIX, pelo melhoramento genético, os americanos obtiveram êxito no cultivo da soja, com o desenvolvimento de novas cultivares, melhoradas para características como teor de óleo, o que ocasionou a difusão da oleaginosa pelo mundo (GIZLICE et al., 1994).

No Brasil, o cultivo comercial desta oleaginosa ocorreu pela primeira vez no Rio Grande do Sul, a partir da década de 1940. Com a introdução da soja como opção para rotação com o trigo, ocorreu uma grande expansão na área plantada a partir da década de 1960. Contudo, foi por meio dos projetos para ocupação da região dos cerrados que a cultura ganhou expressão nacional e transformou-se num dos principais produtos agrícolas brasileiros (ALVES et al., 2003).

A expansão do cultivo da soja no Brasil se dá atualmente em latitudes menores que 10° sul, principalmente nos estados do Maranhão, Piauí, Tocantins e Pará. O desenvolvimento de genótipos melhorados e adaptados às condições edafoclimáticas dos trópicos, aliado a disponibilidade de extensas áreas cultiváveis nestas regiões de baixa latitudes, é o que tem viabilizado a ocupação destas áreas antes consideradas inaptas para o cultivo. Essa expansão da soja também permitiu que diversas culturas agrícolas tivessem sua exploração econômica viabilizada nestas regiões (ALMEIDA, 1999).

2.2 Melhoramento de Soja no Brasil

O aumento da produtividade agrícola é o principal fator que tem possibilitado o atendimento à demanda crescente por alimentos, fruto de uma população mundial em expansão. A maior parte de aumento de produtividade é devido ao desenvolvimento de cultivares superiores (FEHR, 1987).

Boa parte da área cultivada de soja está localizada em regiões de clima temperado. O principal motivo para isso é o fato de se tratar de uma planta de dias curtos (noites longas). Para o avanço do cultivo da soja, em regiões tropicais e subtropicais, foi imprescindível a incorporação da característica de período juvenil longo, que possibilitou o desenvolvimento de variedades adaptadas a maior parte das condições de cultivo no Brasil. Atualmente, cerca da metade da produção de soja brasileira é colhida em latitudes menores que 20° sul (ALMEIDA et al., 1999).

O melhoramento genético foi fator crucial para a consolidação da soja como a principal lavoura do agronegócio brasileiro, permitindo ganhos contínuos de produtividade e superando desafios como a doença mancha olho-de-rã (WYSMIERSKI, 2010).

A lei de proteção de cultivares criada em 1997 foi decisiva para que os programas de melhoramento de soja privados passassem a receber um maior volume de investimentos (VIEIRA, 2009).

O uso de variedades melhoradas, com potencial genético para obtenção de altas produtividades, com ampla adaptabilidade, resistência a fatores bióticos e abióticos, é responsável, atualmente, por um dos principais fatores alavancadores do setor produtivo. O uso de novas cultivares melhoradas tem proporcionado um ganho genético de cerca de 1,38% ao ano (EMBRAPA, 2013).

Apesar dos avanços que o melhoramento genético trouxe para a cultura da soja no Brasil e da quantidade de cultivares de soja disponíveis aos produtores, Wysmierski (2010), estudando a genealogia de 444 cultivares brasileiras de soja lançadas de 1971 a 2009, constatou que estas são oriundas de 66 ancestrais, sendo que apenas quatro destes são responsáveis por 55,26% da base genética das variedades analisadas. A vulnerabilidade da cultura aos estresses bióticos e abióticos aumenta com o estreitamento da base genética, conferindo grande uniformidade genética entre os genótipos (VIEIRA, 2009).

Dentre as diversas características de importância que devem ser consideradas na obtenção de novas cultivares de soja, a alta produtividade, estabilidade de produção e ampla adaptação agrônômica são as de maior interesse para o melhorista. A estabilidade de produção exige a incorporação de genes para resistência a fatores bióticos e abióticos, assim como para adaptação a condições edafoclimáticas limitantes fazendo com que a cultivar tolere condições adversas que possam prejudicar a produtividade (ALMEIDA et al., 1999).

Por se tratar de um caráter quantitativo, e portanto de baixa herdabilidade, o melhoramento para altas produtividades requer uma rede de ensaios bastante extensa, que inclua avaliação em diversos locais e anos. Por meio destes testes, é possível estimar os componentes genético, ambiental e da interação entre eles (ALMEIDA et al., 1999).

2.3 Interação Genótipos x Ambientes

A diferença do desempenho relativo dos genótipos em ambientes distintos é chamada de interação genótipos x ambientes. Quanto maior for esta interação, menor é a correlação entre fenótipo e genótipo, sendo este um dos principais complicadores para os melhoristas na seleção e comparação de genótipos em programas de melhoramento. A importância deste fator é tão maior quanto maior for a diversidade entre os genótipos e entre os ambientes (BORÉM & MIRANDA, 2005).

Na atividade de seleção de materiais feita pelo melhorista, a presença da interação pode fazer com que a variância genética fique superestimada, o que dificulta a seleção de genótipos superiores, principalmente nas etapas preliminares do processo que normalmente são realizadas em apenas um local. Paradoxalmente, a mesma interação genótipos x ambientes é o fator responsável pela adaptação de alguns genótipos a certos ambientes, permitindo que estes obtenham vantagens de condições ambientais específicas e previsíveis. Assim, por meio de metodologias que permitam aos melhoristas captar e explorar estas informações de interação, abre-se um leque de oportunidades para obtenção de materiais de alto rendimento (DUARTE & VENCovsky, 1999).

A presença da interação genótipos x ambientes nas avaliações de genótipos em mais de um ambiente abre a possibilidade do melhor genótipo em um ambiente não o

ser em outro, este é o principal fator complicador na seleção de genótipos de ampla adaptabilidade (CRUZ et al., 2012).

O estudo da interação genótipos x ambientes permite ao melhorista obter informações que irão auxiliá-lo em tomadas de decisões que serão de grande importância para o sucesso do programa de melhoramento. Como base na análise da interação, é possível a seleção de genótipos com adaptação ampla ou específica, a escolha dos locais de seleção, a identificação do nível de estresse nos ambientes e a determinação do número ideal de genótipos e ambientes de seleção (FOX et al., 1997).

As plantas são parte de um ambiente complexo e dinâmico, que está em constante mudança, da germinação à maturidade, assim, é raro encontrar um padrão de mudanças quando é analisado um grupo de variedades em dois ambientes ou apenas uma variedade em um grupo de ambientes. As diferenças genéticas entre os genótipos, mesmo que pequenas, são responsáveis por formação de uma infinidade de moléculas. Desta forma, considerando os sistemas dinâmicos em que as plantas superiores estão inseridas, diversas oportunidades para indução da interação são geradas em cada nível de organização (ALLARD & BRADSHAW, 1964).

A principal problemática da interação diz respeito à adaptação local, uma vez que a interação permite que pequenas diferenças ambientais possam ocasionar grandes diferenças entre os genótipos. Assim, levando-se em consideração o efeito da interação, o estudo de um caráter em diferentes ambientes será visto como a análise não só de um, mas sim de dois caracteres. Esta interação pode ocorrer devido a resposta diferencial de um mesmo conjunto de genes ou de grupo de genes distintos. Uma alta correlação genética indicaria que um mesmo conjunto de genes é responsável pelo alto desempenho dos diferentes genótipos. Caso haja baixa correlação genética, isso indicaria que o conjunto de genes é diferente e exigir-se-ão genótipos adaptados aos diferentes ambientes (FALCONER, 1981).

A resposta diferencial de genótipos entre os ambientes é explicada pela expressão diferencial de um conjunto gênico às variações ambientais. Atribui-se a esta a justificativa biológica da interação genótipos x ambientes (BASFORD & COOPER, 1998).

Para fins de análise das variáveis ambientais, estas foram classificadas por Allard & Bradshaw (1964) em previsíveis e imprevisíveis. Àquela diz respeito a fatores como comprimento do dia, grau de insolação, época de semeadura, espaçamento e esta diz respeito a variáveis como precipitação, temperatura, umidade relativa, etc. No caso

de interação dupla (genótipo x ano) e tripla (genótipo x local x ano), os componentes ambientais com maior contribuição são os imprevisíveis (FEHR, 1987).

Os termos micro e macro-ambientes são frequentemente utilizados para descrever o conjunto de fatores externos que interferem no desenvolvimento de uma planta na parcela experimental. Assim, ao se considerar duas regiões de plantio ou dois anos agrícolas distintos, utiliza-se o termo macro-ambiente; já, ao se referir as diferenças ambientais a que duas plantas numa mesma parcela estão sujeitas, utiliza-se o termo micro-ambiente (BORÉM & MIRANDA, 2005).

Num grupo de experimentos contendo diversos genótipos analisados em ambientes distintos, a análise de variância conjunta é a mais tradicional na investigação dos efeitos de interação genótipos x ambientes. Diferentemente da análise de variância individual, nela a variância, devido a interação, não se confunde com a variância genética, estando disponível ao melhoramento pela seleção (LAVORANTI, 2003).

Ao melhorista interessa saber a natureza da interação que pode ser inexistente, simples ou complexa. As duas primeiras, por não alterarem a classificação dos genótipos, não é objeto de maior interesse, no entanto a interação complexa, devido a alteração no ranking dos genótipos, interfere sobremaneira a sensibilidade para seleção e recomendação de materiais. Essa interação é o principal impedimento à extensão da recomendação de materiais para outras regiões (ROBERTSON, 1959; CROSSA, 1990; RAMALHO et al., 1993).

Por meio da estimativa do quadrado médio da interação entre os genótipos e pares de ambientes obtida através da análise de variância, é possível realizar a estratificação de ambientes, onde se agrupa aqueles cuja interação não foi significativa (LIN et al., 1986). O agrupamento do terceiro ambiente é também feito através do teste F, a 5% de significância, para avaliar a possibilidade de formação de cada grupo (LAVORANTI, 2003).

A subdivisão de uma região em sub-regiões similares, realizada a partir da estratificação ambiental, baseia-se em características de macro-ambiente como temperatura, precipitação e tipo de solo. No entanto, ao se analisar experimentos em anos diferentes, a interação dos genótipos dentro das sub-regiões similares ainda continua alta (EBEHART & RUSSEL, 1966). A fim de aumentar a semelhança entre locais em sub-regiões semelhantes, pode-se analisar além da interação genótipo x ano a interação genótipos x local x ano (LIANG et al., 1966).

Na definição dos ambientes para a rede de ensaios de competição de cultivares, os estudos de estratificação ambiental é de grande valor, pois a escolha dos locais passa a ser menos subjetiva e mais ligada a fatores relacionados à cultura (VENCOVSKY et al., 1990).

A grande limitação da análise de variância simples para o estudo da interação é a falta de informações precisas sobre o comportamento de cada genótipo no que diz respeito às variações ambientais. Assim, a fim de identificar genótipos com previsibilidade de comportamento e que demonstrem resposta frente a variações ambientais específicas ou amplas, faz-se os estudos de estabilidade e adaptabilidade (CRUZ & REGAZZI, 1994).

2.4 Análise de Adaptabilidade e Estabilidade

As metodologias empregadas na análise da estabilidade e adaptabilidade de um grupo de genótipos em uma série de ambientes são complementares à análise de variância conjunta e individual. A existência de interação genótipos x ambientes significativa é o pressuposto para qualquer análise dos dados experimentais resultantes dos ensaios realizados em uma série de ambientes (LAVORANTI, 2003).

A adaptabilidade é definida como a capacidade do genótipo aproveitar vantajosamente o estímulo ambiental. Já a estabilidade é entendida como a capacidade que um genótipo possui de demonstrar um comportamento altamente previsível em função da variação ambiental (MARIOTTI et al., 1976; CRUZ & REGAZZI, 1994).

A estabilidade fenotípica também pode ser entendida como a capacidade de um indivíduo ou população demonstrarem variações fenotípicas mínimas em ambientes distintos (LEWIS, 1954). Segundo Allard e Bradshaw (1964), variável estável é aquela que apresenta potencial genotípico e fenotípico para se ajustar às flutuações ambientais.

Lin et al. (1986) propuseram uma conceituação da estabilidade fenotípica com base nos parâmetros de avaliação. Assim os três tipos básicos são: Tipo 1 - em que o genótipo é estável se sua variância entre os ambientes é pequena; Tipo 2 - quando o genótipo é estável se sua resposta aos ambientes é paralela a resposta média de todos os genótipos do experimento e Tipo 3 - no qual o genótipo é tido como estável quando a relação entre o quadrado médio do resíduo da regressão pelo índice ambiental é pequena.

No conceito Tipo 1, têm-se a chamada estabilidade biológica ou estática, que é altamente dependente do tipo do grupo de ambientes, assim, para um grupo maior de ambientes sua aplicação é restrita. Este conceito está associado à baixas produtividades em ambientes produtivos e também baixas respostas em ambientes pobres. A estabilidade agrônômica é conceituada como Tipo 2 e é dependente do grupo de genótipos avaliados. No conceito Tipo 3, observa-se o ajuste dos dados à regressão, no entanto, sem relação direta com os genótipos (LIN et al., 1986).

Segundo Becker & Léon (1988), há dois tipos de estabilidade, a estática cujo comportamento é constante entre os ambientes e é desejável para características que se deseja preservar independentemente do ambiente. O segundo tipo é o dinâmico, o qual está associado à alta previsibilidade de comportamento dos genótipos.

Apesar dos diversos conceitos de estabilidade relatados na literatura, para o melhorista, o fator relacionado a ela que é de substancial interesse é a obtenção de cultivares de alto desempenho não apenas em um ambiente específico, mas, sobretudo num conjunto de ambientes, possibilitando uma ampla faixa de cultivo. Neste caso, o conceito de ambiente deve incluir diferentes tipos de solo, clima, anos, épocas e sistema de plantio, etc. (LAVORANTI, 2003).

2.5 Metodologias para Análise da Adaptabilidade e Estabilidade

A condução de experimentos em uma série de locais e anos objetiva a avaliação do grau da interação e seus impactos sobre a seleção e recomendação de cultivares. O estudo detalhado da adaptabilidade e estabilidade de cultivares e seus caracteres visa tornar esta recomendação mais confiável, uma vez que este pode fornecer informações sobre o comportamento específico de cada genótipo. Assim, a cada dia, diversos métodos estatísticos têm sido desenvolvidos e seus usos difundidos de forma que haja uma melhor interpretação da interação genótipos x ambientes (JÚNIOR E SILVA & DUARTE, 2006).

Dentre os métodos de análise da estabilidade, aquele proposto por Plaisted & Peterson (1959) se diferencia do método da análise de variância tradicional pois baseia-se na variância da interação, ao invés de trabalhar com o quadrado médio de ambiente dentro do genótipo. Neste método, faz-se a análise da contribuição de cada genótipo para variância da interação genótipos x ambientes. Assim a medida da estabilidade é dada pela média aritmética dos componentes de variância da interação genótipos x

ambientes. Esta estimativa é feita para cada par de genótipos, tendo-se, portanto, um genótipo em comum obtém-se sua contribuição para interação.

O método proposto por Wrike (1965) baseia-se também no cálculo da contribuição individual dos genótipos para a interação. A estatística é denominada de “ecoalência” e é oriunda da decomposição da soma de quadrado da interação genótipos x ambientes devido a cada genótipo. O genótipo mais estável é aquele associado a menor estimativa de ecoalência.

As duas metodologias citadas possuem basicamente a mesma desvantagem. A variância mínima expressada pelo genótipo de menor contribuição para interação genótipos x ambientes diz respeito apenas ao parâmetro de estabilidade e não faz referência à adaptabilidade do genótipo ou a sua resposta a determinado ambiente (LAVORANTI, 2003).

Dentre as metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade, as que utilizam a análise de regressão linear têm sido as mais amplamente utilizadas. Yates & Cochran (1938) foram pioneiros neste método, propondo uma regressão linear da produtividade para cada variedade em relação à média da produtividade de todas as variedades em cada ambiente. O método proposto por Finlay & Wilkinson (1963) foi o primeiro a incluir o índice ambiental na análise de regressão linear. Esta estimativa é calculada através da média de produtividade de todos os genótipos em cada ambiente.

No entanto, foi através da metodologia proposta por Eberhart & Russell (1966) que a análise de regressão ganhou maior expressão na análise de adaptabilidade e estabilidade. Nesse método, apesar dos autores não terem distinguido estabilidade de adaptabilidade, estabeleceu-se um parâmetro para cálculo da adaptabilidade de um genótipo (coeficiente de regressão e produtividade média) e outro para estimar-se a estabilidade (variância dos desvios de regressão) (BORÉM & MIRANDA, 2005). Neste modelo, o genótipo desejável é aquele com produtividade média alta, coeficiente de regressão igual a unidade e com baixa variância do desvio da regressão.

A principal crítica associada a este método diz respeito ao índice ambiental que não é independente das variedades testadas, pois este é estimado a partir da média ambiental. Outra crítica está relacionada ao viesamento da estimativa do índice ambiental, isso ocorre quando a variância desta estimativa for de alta magnitude devido ao número de ambientes, repetições dentro de ambientes, erro experimental e variância de blocos dentro de ambientes (LIN et al., 1986; CROSSA, 1990; STORCK & VENCOSKY, 1994).

A inclusão de genótipos e a utilização de ambientes com amplitude tal que o quadrado médio destes for significativamente maior que o quadrado médio do erro podem resolver o problema da independência e da variância (LAVORANTI, 2003).

Apesar de ter seu uso bastante difundido entre os melhoristas, os parâmetros obtidos via análise de regressão linear limitam a análise de adaptabilidade e estabilidade. Suas principais desvantagens são: impossibilidade de interpretação quando a linearidade falha; alta dependência ao grupo de genótipos e ambientes estudados; o fato do padrão de resposta ser em apenas uma dimensão (coeficiente de regressão) pode simplificar a interpretação da interação (CROSSA, 1990).

O método de regressão não-linear apresentado por Toler (1990) representa um aprimoramento em relação aos métodos que utilizam a regressão linear. O modelo de regressão não-linear surge como uma alternativa para contornar os problemas relacionados ao índice ambiental, além disso esse método propõe a classificação dos genótipos em diferentes grupos em função do seu padrão de resposta.

Neste modelo, um genótipo, quando avaliado em vários ambientes, pode apresentar dois tipos de resposta, um representado por uma reta linear (modelo unissegmentado) e outro por uma junção de duas retas (modelo bissegmentado), com resposta convexa (duplamente desejável) ou côncava (duplamente indesejável) (LAVORANTI, 2003; MORAIS et al., 2008).

A padronização da resposta dos genótipos em modelos “côncavo” ou “convexo” introduzidos por este método permite a interpretação adaptativa dos genótipos. O duplamente favorável apresenta uma performance consistente em ambientes desfavoráveis e possuem capacidade de usufruir bem os ambientes favoráveis; por outro lado, os genótipos duplamente desfavoráveis apresentam baixa performance em ambientes pobres e não exploram vantagens em ambientes favoráveis (ROCHA, 2002).

Espécies melhoradas tendem a apresentar maior número de genótipos com padrão de comportamento unissegmentado. Isso ocorre devido aos altos níveis de produtividade destes genótipos nos ambientes cultivados e onde os padrões de resposta tendem a ser similares. No entanto, espécies de melhoramento mais incipiente podem apresentar genótipos cujos comportamentos são mais bem explicados por dois segmentos de reta (TOLER, 1990).

O parâmetro ambiental μ_i , que avalia o efeito ambiental, é o que distingue o modelo de regressão não-linear do linear. Quando $\mu_i = 0$, tem-se a performance média

dos genótipos (LAVORANTI, 2003). Outra diferença do método é realização do teste de hipóteses para os parâmetros avaliados (ROSSE, 2000).

Ao trabalhar com 69 genótipos de soja de ciclos precoce, médio e tardio, Morais et al. (2008) concluíram que a análise da adaptabilidade e estabilidade, pelo método de Toler (1990), permite distinguir genótipos com diferentes padrões de resposta, mesmo com materiais de base genética estreita. Num programa de melhoramento, isso possibilita caracterizar o comportamento dos genótipos e identificar linhagens com potencial para uso como parentais em cruzamentos para obtenção de genótipos superiores.

Existe uma tendência atual ao uso de métodos multivariados, dentre suas principais vantagens, pode-se citar a eliminação de ruídos e a sumarização dos dados como também a demonstração da estrutura dos dados. Nestes métodos, o desempenho de um dado genótipo num certo ambiente é avaliado com um padrão num espaço dimensional (CROSSA, 1990).

Dentre as metodologias de análise multivariada, o Centróide (ROCHA et al., 2005) é um método baseado em componentes principais. Ele consiste na dispersão dos genótipos e ambientes em um plano com poucos eixos e permite a comparação de valores de distância cartesiana entre os genótipos e quatro genótipos referência, chamados de ideótipos, e que são obtidos com base nos dados experimentais. Estes ideótipos objetivam caracterizar genótipos de máxima adaptabilidade geral e específica a ambientes favoráveis ou desfavoráveis, como também os de adaptabilidade mínima.

Uma modificação do método centróide foi proposta por Nascimento et al. (2009). Estes autores propuseram a adição de três novos centroides à dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais. Assim, genótipos de comportamento produtivo mediano seriam melhor caracterizados e o modelo teria maior sentido biológico para caracteres quantitativos. Além disso, foi proposta a dispersão gráfica em forma de seta, onde os genótipos mais próximos da ponta são os mais produtivos e os que estão mais próximos da base, são os de menor desempenho produtivo. A interpretação de adaptação a ambientes mais favoráveis ou menos favoráveis ocorre à medida que os genótipos se afastam do segmento de reta, para cima ou para baixo, respectivamente.

Em estudo realizado com 14 genótipos de soja em quatro localidades durante a safra agrícola 2006/2007, Vasconcelos et al. (2011) compararam o método centróide original com quatro ideótipos, propostos por Rocha et al. (2005) e a modificação do

método proposta por Nascimento et al. (2009). O resultado obtido demonstrou que a inclusão dos três novos ideótipos representou um aprimoramento qualitativo e quantitativo do método, uma vez que a inclusão do ideótipo cinco permitiu a identificação de genótipos que contribuíram pouco com a interação genótipos x ambientes, fazendo com que o método expressasse um conceito de estabilidade similar ao proposto por Wricke (1965).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Linhagens e técnica de melhoramento

Foram analisadas 13 linhagens experimentais de soja de ciclo semitardio/tardio, conforme apresentado na Tabela 1. Estes materiais são oriundos do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. Este grupo de linhagens foi reagrupado após seleção praticada na safra 2004/2005, englobando materiais provenientes dos programas de produtividade de grãos e alto teor de óleo de soja.

TABELA 1. Linhagens e cultivares de soja de ciclo de maturação semitardio/tardio avaliadas, com respectivas genealogias, Uberlândia, 2013.

Genótipo (L)	Genealogia	Origem
UFU-001	(DM 101 x Liderança)	UFU
UFU-002	(Br 86 11864 RCH x Vencedora)	UFU
UFU-003	RC1 (PI 416937 x IAC 8.2)	UFU
UFU-004	(FT 2000 x IAS 5) x UFU 17	UFU
UFU-005	(8411 x UFU 18) x (8400 x Conquista)	UFU
UFU-006	(8800 x Tucano)	UFU
UFU-007	(Cristalina x Conquista)	UFU
UFU-008	(DM Vitoria x FT 104) x (FT 107 x Liderança)	UFU
UFU-009	(BR 95015308 X FT 50268M) x (GO-Br 9409443 x Liderança)	UFU
UFU-0010	(IAC 8.2 x IAC 100)	UFU
UFU-0011	RC3 (X27) x (FT 8015)	UFU
UFU-0012	DM 97101 x Nobre	UFU
UFU-0013	(DM Vitoria x FT 104) x (FT 107 x Liderança)	UFU
MSOY-8914	-	MONSOY

As linhagens são originárias do programa de seleção voltado ao aumento da base genética da soja, produtividade de grãos e resistência a estresses bióticos e abióticos. A técnica de melhoramento empregada foi o método descendente de uma única semente (SSD – single seed descent) (BRIM, 1966). Conforme a descrição do método, coletou-se a semente F_3 dos indivíduos F_2 , as sementes foram agrupadas e plantadas. Posteriormente, coletou-se a semente F_4 das plantas F_3 . Este procedimento foi feito até a geração F_5 , cujos indivíduos com semente F_6 foram colhidos como planta individual. Também posteriormente, procedeu-se ao teste de progênie com semeadura de 3 a 5 fileiras de 5,0 metros cada, contendo 12 a 15 sementes por metro linear.

As linhagens são procedentes de populações obtidas através de cruzamentos simples, duplo, triplo e retrocruzamento com materiais $RC1 \times F_1$.

Foi utilizada, como testemunha, a cultivar MSOY-8914 de ciclo semitardio/tardio, de boa produtividade, resistente ao cancro da haste, à pústula bacteriana, à mancha olho-de-rã e moderadamente resistente ao oídio, indicada para cultivo nos estados de Goiás, Mato Grosso e Minas Gerais (EMBRAPA, 1998; BRASIL, 2007).

3.2 Ambientes de teste

Os experimentos foram instalados nas safras agrícolas 2005/2006 e 2007/2008. Nestas safras agrícolas, foram conduzidos nos municípios de Porangatu-GO, Porto Alegre do Norte-MT e Uberaba-MG. Estes experimentos fazem parte da rede de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. O objetivo foi avaliar o comportamento de diferentes linhagens em diferentes regiões, quanto à característica produtividade de grãos em $kg \cdot ha^{-1}$. Os ambientes de teste estão descritos na Tabela 2.

TABELA 2. Estados, municípios, períodos de semeadura e dados georeferenciais dos ensaios de avaliação de genótipos de ciclo semitardio/tardio nas safras agrícolas 2005/2006 e 2007/2008. Uberlândia, 2013.

Estado	Municípios	Latitude	Longitude	Período de Plantio	Safras
GO	Porangatu	13° 26' 27" S	49° 08' 55" W	Novembro	2005/2006
	Porto Alegre do	10 ° 52' 37" S	51° 37' 57" W	Outubro	
MT	Norte				2005/2006
MG	Uberaba	19° 44' 54" S	47° 55' 55" W	Novembro	2005/2006
GO	Porangatu	13° 26' 27" S	49° 08' 55" W	Novembro	2007/2008
	Porto Alegre do	10 ° 52' 37" S	51° 37' 57" W	Outubro	
MT	Norte				2007/2008
MG	Uberaba	19° 44' 54" S	47° 55' 55" W	Novembro	2007/2008

As técnicas de manejo do solo e adubação utilizadas nos ensaios foram semelhantes. Constituiu-se de dessecação prévia da área, 10 a 15 dias antes do plantio, usando o herbicida glifosato na dosagem de 2,5 a 3,5 L/há, dependendo do grau de infestação de plantas daninhas. O manejo de adubação constitui-se da aplicação de 350 kg.ha⁻¹ da formulação 02-28-18 (N-P₂O₅-K₂O).

Procedeu-se à inoculação das sementes com inoculante comercial contendo cepas de *Bradyrhizobium japonicum* diluído em água (800 g/20 L), por meio de pulverização com pulverizador costal. O tratamento de semente foi realizado com fungicida Maxim[®] (100 ml/100 kg sementes), inseticida Cruiser[®] (300 mL/ 100 kg sementes) e fertilizante Cobalto e Molibdênio do produto (Co 1%, Mo 10% - 20 mL/20 L).

A semeadura das parcelas foi realizada manualmente e o controle de plantas daninhas pela pulverização de herbicidas pós-emergentes. Da mesma forma, procedeu-se o controle de pragas e doenças com pulverização de inseticidas e fungicidas sempre que necessário.

3.3 Análises Estatísticas

Os dados foram submetidos aos testes de normalidade dos resíduos de Shapiro-Wilk e homogeneidade de variâncias de Levene para cada um dos seis ambientes de

cultivo (2 anos x 3 locais). Para a realização destas análises, utilizou-se o software estatístico SPSS.

Procedeu-se então à análise de variância, que foi efetuada individualmente para os seis ambientes de cultivo e em seguida realizou-se a análise de variância conjunta com 14 genótipos (13 linhagens experimentais + testemunha MSOY-8914), em três locais e em duas safras agrícolas. Utilizou-se o teste F para cada local de cultivo separadamente, e também na análise de variância conjunta para se testar o efeito dos genótipos, anos, locais e também o efeito de interação entre esses três fatores.

3.4 Delineamento Experimental

Os experimentos foram instalados seguindo o delineamento experimental de blocos casualizados, com três repetições. A análise conjunta seguiu o esquema triplo 14x3x2 (genótipos x locais x anos). Procedeu-se também ao teste de agrupamento de médias (Scott-Knott), a 5% de probabilidade, para os locais onde observou-se efeito de genótipos.

A parcela experimental foi constituída de quatro linhas de soja com 5 m de comprimento, espaçadas de 0,50 m entre si, sendo considerada área útil as duas linhas centrais de cada parcela, desconsiderando-se 0,5 m de cada extremidade. A área útil de cada parcela foi de 4,0 m².

3.5 Métodos Experimentais

Os períodos de semeadura dos experimentos coincidiram com a época normal de cultivo de cada região em cada safra agrícola, sendo 1^a quinzena de novembro para Porangatu-GO, 1^a quinzena de outubro para Porto Alegre do Norte-MT e 1^a quinzena de novembro para Uberaba-MG.

A produtividade em kg.ha⁻¹ de cada parcela foi obtida pela colheita das plantas da área útil de cada parcela, beneficiamento, determinação da massa de grãos e determinação da umidade dos grãos. Em seguida, realizou-se a transformação dos dados de gramas por parcela para kg.ha⁻¹ e feita a correção do teor de umidade para 13%, conforme fórmula abaixo:

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

Em que:

PF: peso final da amostra (peso corrigido);

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%).

3.6 Análises de variância

Utilizando o programa estatístico-genético GENES (CRUZ, 2013), foi realizada primeiramente a análise para cada um dos seis ambientes (dois anos e três locais), individualmente, conforme modelo matemático abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \epsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : observação do genótipo “i”, na repetição “j”;

μ : média geral do caráter;

G_i : efeito fixo da linhagem “i”;

B_j : efeito aleatório da repetição “j”;

ϵ_{ij} : erro experimental associado a parcela “ij”, admitido ser independente e com distribuição normal de média zero e variância σ^2 .

Na Tabela 3, é apresentado o quadro de análise de variância, com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios e teste F.

TABELA 3. Análise de variância individual com as respectivas fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM), esperanças matemáticas dos quadrados médios [E(QM)] e estatística F.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Blocos	b – 1	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	QMB/QMR
Genótipos	g – 1	QMG	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$	QMG/QMR
Resíduo	(b-1)(g-1)	QMR	σ^2	
Total	(bg) - 1			

FV: fonte de variação; GL: graus de liberdade; QM: quadrado médio; E(QM): esperança do quadrado médio

Precedendo a análise conjunta, realizou-se o teste de homogeneidade de variâncias, seguindo o critério de relação máxima igual a 7 para o quociente entre o maior e menor quadrados médios do resíduo (CRUZ & REGAZZI, 1994).

Uma vez que as variâncias residuais, foram homogêneas, foi realizada a análise de variância conjunta com efeito de anos. Esta teve por finalidade detectar possíveis interações de linhagens com locais e anos.

Abaixo, têm-se o modelo estatístico utilizado:

$$Y_{ijkm} = \mu + G_i + A_j + L_k + (B/A)/L_{jkm} + GA_{ij} + GL_{ik} + AL_{jk} + GAL_{ijk} + \epsilon_{ijkm}$$

Em que:

μ : média geral;

G_i , A_j e L_k : efeito de genótipos, anos e locais, respectivamente;

GA_{ij} , GL_{ik} e LA_{jk} : efeitos das interações de primeira ordem entre genótipos e anos, genótipos e locais e locais e anos, respectivamente;

GAL_{ijk} : efeito da interação tripla entre genótipos, anos e locais;

$(B/A)/L_{jkm}$: efeito de blocos dentro de anos e dentro de locais; e

ϵ_{ijkm} : erro aleatório.

Na Tabela 4, é apresentado o quadro de análise de variância, com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios e teste F.

TABELA 4. Quadro de análise de variância conjunta geral com as respectivas fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM), esperanças matemáticas dos quadrados médios [E(QM)] e estatística F.

FV	GL	QM	E(QM)	F
(B/A)/L	(r-1)al	Q ₁	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	Q ₁ /Q ₉
Anos (A)	a - 1	Q ₂	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + rgl\varphi_a$	Q ₂ /Q ₁
Locais (L)	l - 1	Q ₃	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + rga\varphi_l$	Q ₃ /Q ₁
Genótipos (G)	g - 1	Q ₄	$\sigma^2 + ral\varphi_g$	Q ₄ /Q ₉
G x A	(g-1)(a-1)	Q ₅	$\sigma^2 + rl\varphi_{ga}$	Q ₅ /Q ₉
G x L	(g-1)(l-1)	Q ₆	$\sigma^2 + ra\varphi_{gl}$	Q ₆ /Q ₉
A x L	(a-1)(l-1)	Q ₇	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + rg\varphi_{al}$	Q ₇ /Q ₁
GxAxL	(g-1)(a-1)(l-1)	Q ₈	$\sigma^2 + r\varphi_{gal}$	Q ₈ /Q ₉
Resíduo	(r-1)(g-1)al	Q ₉	σ^2	
Total	ralg - 1			

r: número de repetições; a: número de anos; g: número de genótipos; l: número de locais.

3.7 Teste de médias

Para o agrupamento de médias de produtividade entre os genótipos em cada um dos seis ambientes avaliados foi utilizado o teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

3.8 Análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica

Para fins de análise de adaptabilidade e estabilidade, considerou-se como ambiente a avaliação feita em cada local em cada safra agrícola. Desta forma, analisou-se seis ambientes, sejam eles: Porangatu (2005/2006) e (2007/2008), Porto Alegre do Norte (2005/2006) e (2007/2008), Uberaba (2005/2006) e (2007/2008).

As metodologias utilizadas para avaliação da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos foram a de Toler (1990) e a do Centróide (ROCHA et al., 2005 modificada por NASCIMENTO et al., 2009).

Na análise pelo método de Toler (1990), têm-se o seguinte modelo estatístico para descrever a adaptabilidade e estabilidade fenotípica:

$$Y_{ij} = \alpha_i + [Z_j \beta_{1i} + (1 - Z_j) \beta_{2i}] \mu_j + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : é a resposta média do genótipo i no ambiente j ($i = 1, 2, \dots, p$ genótipos; e $j = 1, 2, \dots, q$ ambientes);

α_i : é o parâmetro que reflete o valor da resposta do genótipo i no ambiente de produtividade média ($\mu_j = 0$);

β_1 e β_2 : são parâmetros que refletem a sensibilidade de resposta do genótipo i nos ambientes de baixa ($\mu_j \leq 0$) e de alta ($\mu_j \geq 0$) produtividade média, respectivamente;

μ_j : é o parâmetro que reflete o efeito do ambiente j ;

ε_{ij} : é o erro experimental médio;

Z_j : é uma variável indicadora *dummy*, sendo $Z_j = 1$ quando $\mu_j \leq 0$, e $Z_j = 0$ quando $\mu_j > 0$.

A denotação para o índice ambiental é μ_j , que mede a qualidade do ambiente. Assim, se $\mu_j > 0$, o ambiente é favorável e, se $\mu_j < 0$, o ambiente é desfavorável. Por este método, o índice ambiental, diferentemente do método de regressão linear, é estimado simultaneamente aos demais parâmetros da regressão.

As estimativas α_i , β_1 , β_2 e μ_j foram calculadas através do software Estabilidade (FERREIRA & ZAMBALDE, 1997).

O método de Toler (1990) preconiza cinco padrões de resposta para o genótipos, quais sejam:

- A – resposta convexa e duplamente desejável;
- B – resposta linear simples e desejável somente em ambientes de alta qualidade;
- C – resposta linear simples não desviando da resposta média;
- D – resposta linear simples e desejável somente em ambientes de baixa qualidade;
- E – resposta côncava e duplamente indesejável.

Para a classificação dos genótipos segundo os diferentes padrões de resposta preconizados pelo método, este utiliza um teste de hipóteses baseado na estatística t de

Student. A primeira hipótese testada é $H_0: \beta_{1i} = \beta_{2i}$, e determina se o modelo será bi ou unisegmentado. Se for significativo, rejeita-se a hipótese e aceita-se $H_a: \beta_{1i} \neq \beta_{2i}$. Desta forma, ocorrerá dois segmentos de reta. Caso contrário, aceita-se $H_0: \beta_{1i} = \beta_{2i}$ e o modelo terá um único segmento de reta.

No caso do modelo unisegmentado, há da mesma forma uma alteração no modelo estatístico que descreve a adaptabilidade e estabilidade fenotípica. A equação fica assim resumida a:

$$Y_{ij} = \alpha_i + \beta_i \mu_j + \epsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : é a resposta média do genótipo i no ambiente j ($i = 1, 2, \dots, p$ genótipos; e $j = 1, 2, \dots, q$ ambientes);

α_i : é o parâmetro que reflete o valor da resposta do genótipo i no ambiente de produtividade média ($\mu_j = 0$);

β_i : é o parâmetro comum que reflete a sensibilidade de resposta do genótipo i nos ambientes de baixa e alta produtividade;

μ_j : é o parâmetro que reflete o efeito do ambiente j ;

ϵ_{ij} : é o erro experimental médio.

Desta forma, segue abaixo os critérios para classificação dos genótipos em cinco grupos distintos, conforme metodologia de Toler (1990):

Grupo	Critério
A:	Rejeita-se H_0 ($\beta_{1i} = \beta_{2i}$) e aceita-se $\beta_{1i} < 1 < \beta_{2i}$;
B:	Não se rejeita H_0 ($\beta_{1i} = \beta_{2i}$) e rejeita-se H_0 ($\beta_{i \text{ comum}} = 1$), sendo o $\beta_{i \text{ comum}} > 1$;
C:	Não se rejeita H_0 ($\beta_{1i} = \beta_{2i}$) e não se rejeita-se H_0 ($\beta_{i \text{ comum}} = 1$);
D:	Não se rejeita H_0 ($\beta_{1i} = \beta_{2i}$) e rejeita-se H_0 ($\beta_{i \text{ comum}} = 1$), sendo o comum $\beta_{i \text{ comum}} < 1$;
E:	Rejeita-se H_0 ($\beta_{1i} = \beta_{2i}$) e aceita-se $\beta_{1i} > 1 > \beta_{2i}$.

A análise pelo método Centróide, segundo Rocha et al. (2005), é realizada com base na comparação de valores de distância cartesiana entre os genótipos e quatro referências ideais, o chamados ideótipos criados a partir dos dados experimentais. Nascimento et al. (2009), em sua modificação deste mesmo método, introduziu outros três ideótipos visando melhorar a sensibilidade do método à identificação de genótipos de performance mediana e que contribuíssem pouco para a interação genótipos x ambientes (VASCONCELOS et al. 2011). Desta maneira, seguem abaixo os ideótipos e suas descrições segundo este método:

Ideótipos	Descrição
1	Máxima adaptabilidade geral – cujos valores em cada ambiente são representados pelos máximos obtidos a partir do conjunto de genótipos estudado;
2	Máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis – cujos valores nos ambientes favoráveis são representados pelos máximos e, nos desfavoráveis, pelos mínimos obtidos no conjunto de genótipos estudado;
3	Máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis – cujos valores nos ambientes favoráveis são representados pelos mínimos e, nos desfavoráveis, pelos máximos obtidos no conjunto de genótipos estudado;
4	Mínima adaptabilidade – cujos valores, em cada ambiente, são representados pelos mínimos obtidos no conjunto de genótipos estudado;
5	Média adaptabilidade geral – cujos valores, em cada ambiente, são representados pelas médias obtidas pelo conjunto de genótipos estudado;
6	Média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis – cujos valores nos ambientes favoráveis são representados pelos valores máximos e, nos desfavoráveis, pelas médias obtidas pelo conjunto de genótipos estudado;
7	Média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis – cujos valores, nos ambientes favoráveis, são representados pelas médias e, nos desfavoráveis, pelos valores máximos obtidos pelo conjunto de genótipos estudado.

A classificação dos ambientes em favoráveis e desfavoráveis é realizada por meio do índice ambiental proposto por Finlay e Wilkinson (1963), conforme segue:

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

Em que:

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

Y : total das observações;

a : número de ambientes;

g : número de genótipos.

Depois de classificado os ambientes e de gerado os pontos referenciais, utiliza-se a análise de componentes principais de onde se obtém o scores que são utilizados para a dispersão gráfica dos genótipos no plano.

Através da distância cartesiana média de cada genótipo aos ideótipos de referência, se calcula a probabilidade daquele genótipo se assemelhar a cada ideótipo, isto é calculado através da fórmula a seguir:

$$P_{ik} = \left(\frac{1}{d_{ik}} \right) / \left(\sum_{k=1}^7 \frac{1}{d_{ik}} \right)$$

Em que:

P_{ik} : probabilidade do genótipo i ter padrão de estabilidade que se assemelhe ao ideótipo k ;

d_{ik} : é a distância do genótipo i ao ideótipo k gerado no plano cartesiano.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de Variância

Inicialmente, testou-se os dados de cada experimento individualmente para homogeneidade de variâncias, pelo teste de Shapiro-Wilk, e para normalidade dos resíduos, pelo teste de Levene. Nestes, verificou-se que as variâncias são homogêneas e os resíduos possuíam distribuição normal para todos os experimentos, ambos os testes a 0.01 de significância.

Procedeu-se assim às análises de variância individuais por ambiente, cujos dados são apresentados na Tabela 5. Os coeficientes de variação (CV) variaram de 14,03%, para Porto Alegre do Norte safra 2005/2006, até 21,49%, para Uberaba safra 2007/2008, indicando controle sistemático das causas de variação nos experimentos, uma vez que se trata de caráter quantitativo (produtividade de grãos), por consequência, altamente influenciado pelo ambiente.

TABELA 5. Produtividade média de grãos, variância residual (QMR) e coeficiente de variação (CV) de ensaios de competição de linhagens de soja, de ciclo semitardio/tardio em 6 ambientes (2 anos agrícolas x 3 locais).

Safra Agrícola	Local	$\bar{Y}_{.j}$	QMR	CV (%)
2005/2006	Porangatu	2408.33	208743.990385	18.97
2005/2006	Porto Alegre do Norte	3723.97	273063.454458	14.03
2005/2006	Uberaba	2535.84	169537.260373	16.24
2007/2008	Porangatu	3048.51	377481.971154	20.15
2007/2008	Porto Alegre do Norte	2941.67	298804.945055	18.58
2007/2008	Uberaba	3061.94	433065.766027	21.49

Índices de CV semelhantes foram obtidos por Pelúzio et al. (2008), que oscilaram de 7,91 a 22,28%. Dias et al. (2009) encontraram coeficiente de variação médio da análise conjunta de 22,52%, avaliando o caráter produtividade de grãos em soja.

Rocha (2002) observou que linhagens de soja de ciclo semiprecoce e semitardio em 12 ambientes de cultivo apresentaram coeficientes de variação para o caráter produtividade de grãos de 17,95 e 26,04% para os genótipos semiprecoces e

semitardios, respectivamente. Segundo Rocha e Vello (1999), genótipos de ciclo mais longo tendem a apresentar coeficientes de variação mais altos, devido ao maior tempo de exposição a fatores ambientais.

A amplitude dos quadrados médios dos resíduos dos experimentos avaliados foi considerada baixa, sendo a relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo de 2,55. Assim, as variâncias residuais dos experimentos foram consideradas homogêneas, uma vez que o valor é menor que 7, valor de referência proposto por Cruz e Regazzi (1994).

Desta forma, efetuou-se à análise conjunta de variância da produtividade média de grãos, cujos dados são apresentados na Tabela 6. A partir dela, constatou-se que a fonte de variação genótipos x anos x locais foi significativa ($P < 0,01$). Esta interação indica um comportamento diferencial dos genótipos nos diferentes ambientes analisados (RAMALHO et al., 1993).

TABELA 6. Análise conjunta de variância da produtividade de grãos (kg ha^{-1}), de 14 genótipos de soja de ciclo semitardio/tardio avaliados em 11 ambientes.

Fonte de Variação	GL	Soma de Quadrados	Quadrado Médio	F	Pr>F
(Repetições/Anos)/Locais	12	8782216.433657	731851.369471		
Genótipos (G)	13	6110077.493952	470005.961073	1.601658	8.982877 ^{ns}
Anos (A)	1	1032102.401945	1032102.401945	1.410262	25.799143 ^{ns}
Locais (L)	2	18349422.133422	9174711.066711	12.536304	0.115029 ^{**}
G x A	13	12144888.016333	934222.155103	3.183587	0.028523 ^{**}
G x L	26	20230177.287001	778083.741808	2.651508	0.010954 ^{**}
A x L	2	26238641.820089	13119320.910045	17.926209	0.024878 ^{**}
G x A X L	26	13664764.083666	525567.849372	1.790999	1.599143 [*]
Resíduo médio	156	45778132.0736	293449.564574		
Média Geral		2953.38 kg.ha^{-1}			
CV (%)		18.34			

*, **: significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Os locais e safras agrícolas analisados exerceram influências diferenciadas sobre os genótipos analisados, o que dificulta a recomendação de cultivares, uma vez que uma recomendação generalizada para todos os locais pode limitar a produtividade de grãos dos genótipos (CRUZ & CASTOLDI, 1991; VENCOSKY & BARRIGA, 1992).

Isoladamente, o fator local foi o único a apresentar efeito significativo. Da mesma forma, a grandeza do quadrado médio das interações genótipo x local e ano x local foram de alta magnitude, o que indica forte interação dos dois fatores com os

locais. Isso ocorreu, principalmente, devido ao contraste entre os locais em que os experimentos foram conduzidos. De acordo com Rocha e Vello (1999), a existência do contraste entre os locais de teste é de importância fundamental para a existência da interação genótipo x local.

Segundo Alliprandini et al. (1994), o forte efeito de locais na análise de interação genótipos x locais x anos permite inferir que, no caso de ensaios de competição de cultivares em um só ano, a análise do desempenho de genótipos pode ser feita apenas com teste em diversas localidades.

A existência de interação genótipos x locais indica a necessidade de seleção de genótipos específicos para cada local, da mesma forma deve-se identificar genótipos com maior adaptabilidade (CRUZ & REGAZZI, 1994).

Visando-se uma análise mais detalhada da interação, realizou-se um estudo da natureza da interação genótipos x ambientes através da estimativa da parte complexa da interação por pares de ambiente, conforme dados apresentados na Tabela 7.

TABELA 7. Pares de ambientes e porcentagem da parte complexa resultante da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes, segundo metodologia de Cruz e Castoldi (1991), nos ensaios de competição de linhagens de soja, de ciclo semitardio/tardio em 6 ambientes (2 safras agrícolas x 3 locais).

Pares de Ambientes	Parte Complexa da Interação	Pares de Ambientes	Parte Complexa da Interação
Porangatu 05/06 x Porto Alegre do Norte 05/06	115,62	Porangatu 05/06 x Uberaba 05/06	72,38
Porangatu 05/06 x Porangatu 07/08	107,76	Porangatu 05/06 x Porto alegre do Norte 07/08	115,70
Porangatu 05/06 x Uberaba 07/08	94,89	Porto Alegre do Norte 05/06 x Uberaba 05/06	119,41
Porto Alegre do Norte 05/06 x Porangatu 07/08	99,12	Porto alegre do Norte 05/06 x Porto Alegre do Norte 07/08	81,40
Porto Alegre do Norte 05/06 x Uberaba 07/08	80,25	Uberaba 05/06 x Porangatu 07/08	56,49
Uberaba 05/06 x Porto Alegre do Norte 07/08	68,98	Uberaba 05/06 x Uberaba 07/08	70,18

Todos os ambientes apresentaram interação do tipo complexa, uma vez que apresentaram a parte complexa da interação maior que 50%. Isso indica uma

inconsistência na superioridade dos genótipos, o que dificulta uma recomendação generalizada sem prejuízo para a produtividade máxima (CRUZ & CASTOLDI, 1991; VENCovsky & BARRIGA, 1992).

Na Tabela 8, são apresentadas as produtividades médias de grãos em kg.ha⁻¹ nos ambientes avaliados, estas variaram de 2.408,33 kg.ha⁻¹ (Porangatu 2005/2006) a 3.723,97 kg.ha⁻¹ (Porto Alegre do Norte 2005/2006), com média geral entre os ambientes de 2.953,38 kg.ha⁻¹. Este rendimento foi superior a produtividade média nacional de 2.939 kg.ha⁻¹ na safra 2012/2013 (EMBRAPA, 2013).

TABELA 8. Médias de produtividade de grãos em kg.ha⁻¹ de genótipos de soja de ciclo semitardio/tardio em seis ambientes (2 safras agrícolas x 3 locais).

Genótipos	Safra 2005/2006			Safra 2007/2008			Média
	Porangatu	Porto Alegre do Norte	Uberaba	Porangatu	Porto Alegre do Norte	Uberaba	
UFU-001	2620,83 a	4769,89 a	2506,85 a	2483,33 b	3008,33 a	3508,50 a	3149,62
UFU-002	1841,67 a	4244,02 a	2973,13 a	3766,67 a	3258,33 a	3291,67 a	3229,25
UFU-003	2437,50 a	4021,82 a	2558,56 a	2412,50 b	2708,33 a	2512,50 a	2775,20
UFU-004	2712,50 a	3555,20 b	2936,20 a	3520,83 a	3291,67 a	2770,83 a	3131,21
UFU-005	2104,17 a	3703,33 a	2326,80 a	2916,68 b	3725,00 a	2929,17 a	2950,86
UFU-006	1895,83 a	4473,63 a	2699,83 a	2666,67 b	3191,67 a	2987,50 a	2985,85
UFU-007	2575,00 a	3355,22 b	2179,99 a	2854,17 b	2816,67 a	3162,67 a	2823,95
UFU-008	1750,00 a	2325,69 b	2648,12 a	3954,17 a	2400,00 a	3029,17 a	2684,52
UFU-009	2750,00 a	3940,35 a	1877,14 a	3183,33 a	2891,67 a	2850,00 a	2915,41
UFU-0010	2295,83 a	4488,44 a	3017,45 a	2587,50 b	2775,00 a	2750,00 a	2985,70
UFU-0011	3137,50 a	4681,01 a	2221,54 a	2645,83 b	2766,67 a	3221,00 a	3112,25
UFU-0012	2841,67 a	2755,28 b	2713,68 a	3241,67 a	2483,33 a	2987,50 a	2837,19
UFU-0013	2508,33 a	2910,82 b	2575,18 a	3220,83 a	3258,33 a	3429,17 a	2983,78
MSOY-8914	2245,83 a	2910,82 b	2267,25 a	3225,00 a	2608,33 a	3437,50 a	2782,46
Média	2408,33	3723,97	2535,84	3048,51	2941,67	3061,94	2953,38

Nota: (*)Médias seguidas por letras iguais na VERTICAL não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

O genótipo UFU-001 obteve a maior média de produtividade (4.769,89 kg.ha⁻¹), no entanto, a maior média de produtividade geral em todos os ambientes foi obtida pelo genótipo UFU-002 (3.229,25 kg.ha⁻¹). O genótipo UFU-008 apresentou a menor média de produtividade em um ambiente (1.750 kg.ha⁻¹), como também a menor média em todos os ambientes (2.684,52 kg.ha⁻¹).

Barros (2007), avaliando um conjunto de 12 linhagens e oito cultivares de soja de ciclo semitardio/tardio em seis ambientes de cultivo, obteve média de produtividade

de 2.994 kg.ha⁻¹, com maior e menor médias de produtividade entre os genótipos variando de 4.576 kg.ha⁻¹ a 1.451 kg.ha⁻¹, respectivamente.

4.2 Análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método de Toler

O emprego deste método exige a classificação dos ambientes em favoráveis ou desfavoráveis, conforme índice ambiental I_j proposto por Finlay e Wilkinson (1963). Pela metodologia de Toler, este índice é denotado como \hat{I}_j . Na Tabela 9, encontram-se as estimativas obtidas para o cálculo deste índice.

De acordo com os dados apresentados na Tabela 9, os ambientes Porangatu 2005/2006, Uberaba 2005/2006 e Porto Alegre do Norte 2007/2008 foram os ambientes com índice ambiental negativo ($\hat{I}_j < 0$), sendo que Porangatu 2005/2006 foi considerado o mais desfavorável, já que apresentou o menor valor de \hat{I}_j dentre os ambientes analisados. Em contrapartida, os ambientes Porto Alegre do Norte 2005/2006, Porangatu 2007/2008 e Uberaba 2007/2008 apresentaram índice ambiental positivo ($\hat{I}_j > 0$). Destacadamente o ambiente Porto Alegre do Norte 2005/2006 demonstrou ser o mais favorável, uma vez que apresentou o maior valor de \hat{I}_j dentre os ambientes analisados.

TABELA 9. Classificação dos ambientes utilizando o índice ambiental dos genótipos de soja de ciclo semitardio/tardio em três locais em duas safras agrícolas pelo método de Toler

Safra Agrícola	Local	Ambiente	\bar{Y}_j	\hat{I}_j
2005/2006	Porangatu	1	2408.33	-545.0425
2005/2006	Porto Alegre do Norte	2	3723.97	770.5904
2005/2006	Uberaba	3	2535.84	-417.5396
2007/2008	Porangatu	4	3048.51	95.1361
2007/2008	Porto Alegre do Norte	5	2941.67	-11.7091
2007/2008	Uberaba	6	3061.94	108.5647

Na Tabela 10 são apresentadas as estimativas dos parâmetros do modelo $\hat{\alpha}_i$, $\hat{\beta}_{1i}$, $\hat{\beta}_{2i}$, $\hat{\beta}_{2i}-\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\beta}_i$ comum, assim como os respectivos grupos de cada genótipo. Nota-se, através pela significância da estimativa do parâmetro $\hat{\beta}_{2i}-\hat{\beta}_{1i}$, que a maioria dos materiais apresentaram padrões de resposta linear ($H_0: \beta_{1i} = \beta_{2i}$). Desta forma, estes materiais não mostraram diferenças nos ambientes favoráveis e desfavoráveis, sendo assim pertencentes aos grupos B, C e D.

TABELA 10. Médias observadas ($\bar{Y}_{.i}$) e estimativas dos parâmetros do modelo não linear de Toler ($\hat{\alpha}_i$, $\hat{\beta}_{1i}$, $\hat{\beta}_{2i}$), para produtividade de grãos (kg.ha^{-1}) de genótipos de soja de ciclo médio/tardio, e seus respectivos padrões de resposta (grupo), segundo a metodologia (nas safras 2005/2006 e 2007/2008 em Porangatu-GO, Porto Alegre do Norte-MT e Uberaba-MG).

Genótipo	$\bar{Y}_{.i}$	$\hat{\alpha}_i$	$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\beta}_{2i}$	$\hat{\beta}_{2i}-\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\beta}_i$ comum	Grupo
UFU-001	3149.62	2869.18	0.55	2.46**	1.91*	1.86**	A
UFU-002	3229.25	3229.25	2.49*	0.99	-1.50	1.45	C
UFU-003	2775.20	2484.31	-0.06	1.92*	1.98*	1.27	A
UFU-004	3131.21	3175.20	0.74	0.44	-0.30	0.54	C
UFU-005	2950.86	2950.86	1.88	0.70	-1.18	1.20	C
UFU-006	2985.85	2985.85	1.47	1.95*	0.48	1.82**	B
UFU-007	2823.95	2823.95	0.79	0.73	-0.06	0.77	C
UFU-008	2684.52	3172.79	2.31*	-1.01**	-3.32**	-0.02**	E
UFU-009	2915.41	2915.41	0.72	1.44	0.72	1.24	C
UFU-0010	2985.70	2689.85	0.23	2.25**	2.01*	1.55	A
UFU-0011	3112.26	2690.36	-0.30*	2.57**	2.87**	1.63*	A
UFU-0012	2837.19	2837.19	0.12	-0.07*	-0.19	-0.07**	D
UFU-0013	2983.78	3250.16	1.46	-0.35**	-1.81*	0.27*	E
MSOY-8914	2782.46	2782.46	1.59	-0.02*	-1.61	0.48	C

*, **: significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t de Student.

No entanto, 6 genótipos, sendo eles: UFU-001, UFU-003, UFU-008, UFU-0010, UFU-0011 e UFU-0013, apresentaram significância para uma resposta não-linear, resultando num modelo bissegmentado ($H_a: \beta_{1i} \neq \beta_{2i}$).

Os genótipos UFU-001, UFU-003, UFU-0010 e UFU-0011 destacaram-se por apresentar padrão de resposta convexo (Grupo A), ou seja, bem adaptados a ambientes de alta qualidade. Segundo Rosse & Vencovsky (2000), genótipos deste grupo são

exigentes em níveis de qualidade ambiental e normalmente expressam todo o seu potencial genético de produtividade em ambientes favoráveis.

Isso pode explicar a classificação do genótipo UFU-003 com média de produtividade de 2.775,20 kg.ha⁻¹ no grupo A. Ao passo que o genótipo UFU-002, com média de produtividade de 3,229,25, foi classificado no grupo C (resposta linear simples). Avaliando o comportamento do genótipo UFU-002 em todos os 6 ambientes, constata-se que este obteve altas produtividades em ambientes considerados desfavoráveis, enquanto que sua resposta foi limitada em ambientes de alta qualidade.

Os genótipos UFU-008 e UFU-0013 foram classificados no grupo E, por isso se caracterizam por apresentarem altas médias em ambientes desfavoráveis, no entanto, não responderam em ambientes favoráveis. Este padrão de comportamento é dito duplamente indesejável e o padrão de resposta é côncavo.

Já para os genótipos que demonstraram padrão de resposta explicado por um único segmento de reta, ou seja modelo linear ($H_0: \beta_{1i} = \beta_{2i}$), se sugere uma interpretação muito similar ao dado por Ebehart e Russel (1966). A classificação dos genótipos nos grupos B, C ou D passa a ser feita então pela interpretação da estimativa do parâmetro β_i comum, quando este se iguala a unidade, caso dos genótipos UFU-002, UFU-004, UFU-005, UFU-007, UFU-009 e MSOY-8914, os genótipos são classificados no grupo C, portanto de adaptabilidade geral. Estes genótipos são caracterizados por apresentar boa plasticidade e capacidade de ajustes às variações ambientais, são portanto materiais de alta previsibilidade (BRADSHAW, 1965; ROSSE & VENCOSKY, 2000).

Segundo Toler (1990), há uma tendência em espécies melhoradas da ocorrência de genótipos cujo comportamento pode ser explicado por um único segmento de reta, e isto se deveria a maior similaridade entre estes materiais.

Dentro do conjunto de genótipos avaliados, 42% foram classificados no grupo C, ou seja, de comportamento médio e produtividade próximas. Este percentual é inferior ao obtido por Moraes et al. (2008), que observaram um índice de 63% dos seus genótipos de soja de ciclo tardio classificados no grupo C. Segundo esses autores, a classificação dos materiais neste grupo poderia ser um indicativo da variabilidade genética dos materiais. Destaca-se neste grupo o comportamento da cultivar utilizada

como testemunha MSOY-8914, cuja classificação no grupo C foi análoga a obtida por Moraes et al. (2008), com esta mesma variedade, ao avaliarem genótipos de ciclo tardio em sete ambientes de cultivo.

Os genótipos cuja estimativa do parâmetro $\hat{\beta}_{i \text{ comum}}$ foi significativamente maior que a unidade, como o genótipo UFU-006, apresentam adaptabilidade específica a ambientes de alta qualidade, sendo por isso classificado no grupo B. Por fim, o genótipo UFU-0012, apresentou estimativa do parâmetro $\hat{\beta}_{i \text{ comum}}$ significativamente menor que a unidade e é por isso classificado no grupo D, cuja adaptabilidade é específica a ambientes desfavoráveis.

Conforme apresentado na Tabela 10, para os genótipos dos grupos B, C e D, as estimativas do parâmetro $\hat{\alpha}_i$ se igualam a média geral em todos os ambientes do genótipo $\bar{Y}_{.i}$. Assim, para os genótipos cujo comportamento pode ser descrito por um único segmento de reta, a produtividade esperada para o ambiente médio ($\mu_j = 0$) se igualaria a média geral deste genótipo em todos os ambientes.

As Figuras 1 e 2 permitiram uma comparação gráfica entre os comportamentos de dois genótipos classificados pelo método de Toler no grupo A (UFU-0010 e UFU-001) e outros dois genótipos contrastantes, classificados pelo mesmo método no grupo E (UFU-0013 e UFU-008).

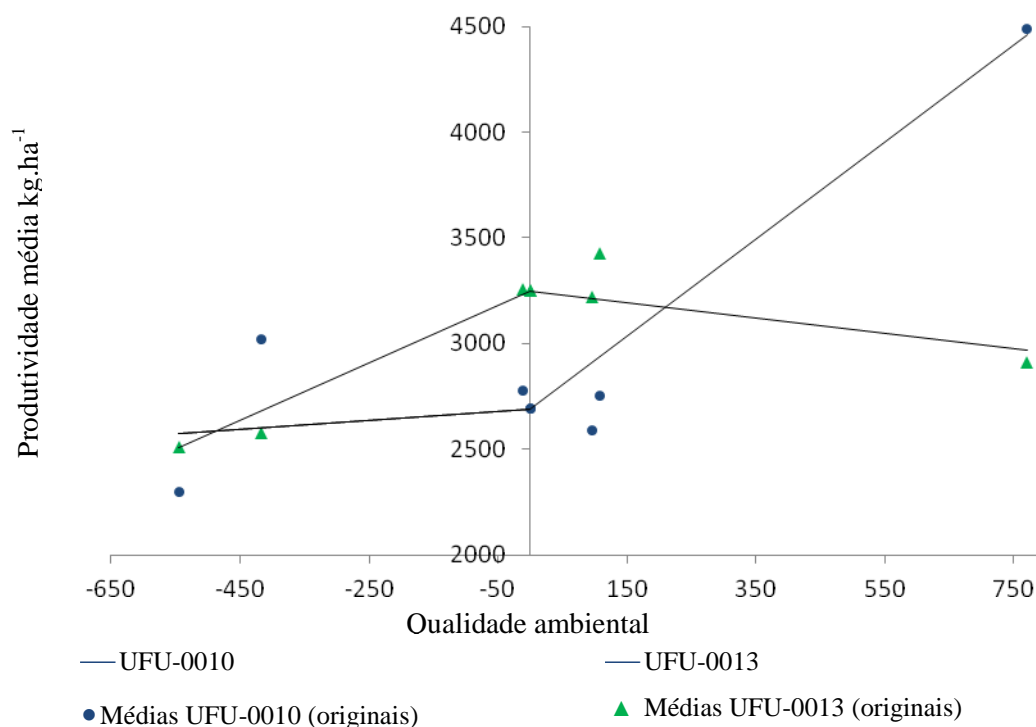


FIGURA 1. Comportamento de genótipos de soja do ciclo semitardio/tardio enquadrados nos grupos bissegmentados, padrão A (UFU-0010) e padrão E (UFU-0013), avaliados nas safras 2005/2006 e 2007/2008, em três localidades.

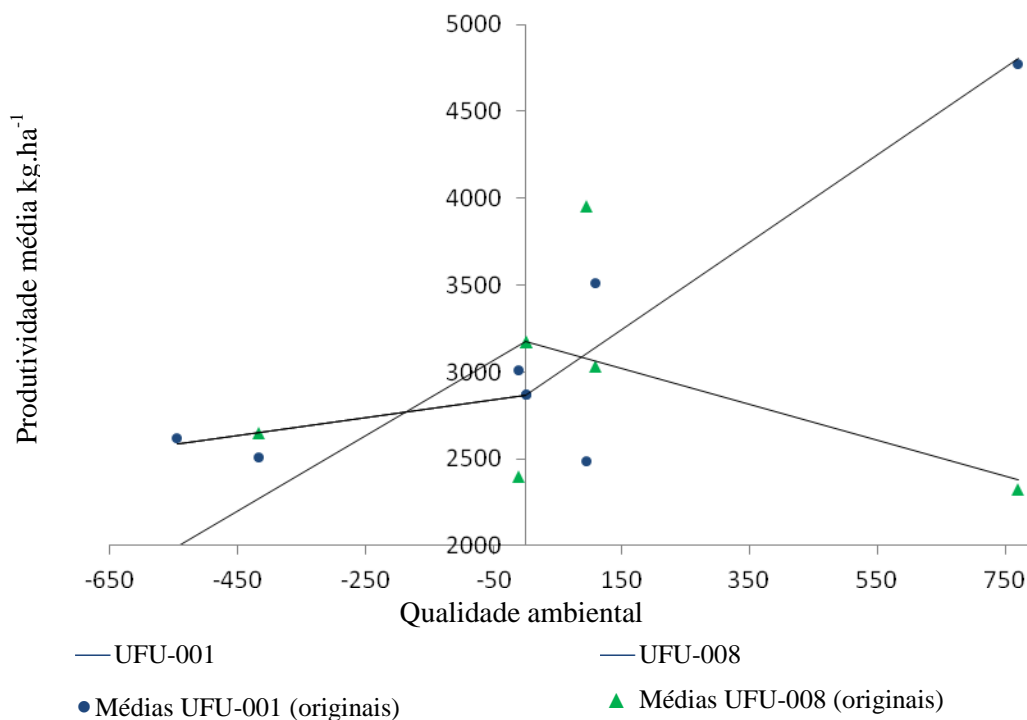


FIGURA 2. Comportamento de genótipos de soja do ciclo semitardio/tardio enquadrados nos grupos bissegmentados, padrão A (UFU-001) e padrão E (UFU-008), avaliados nas safras 2006/2006 e 2007/2008, em três localidades.

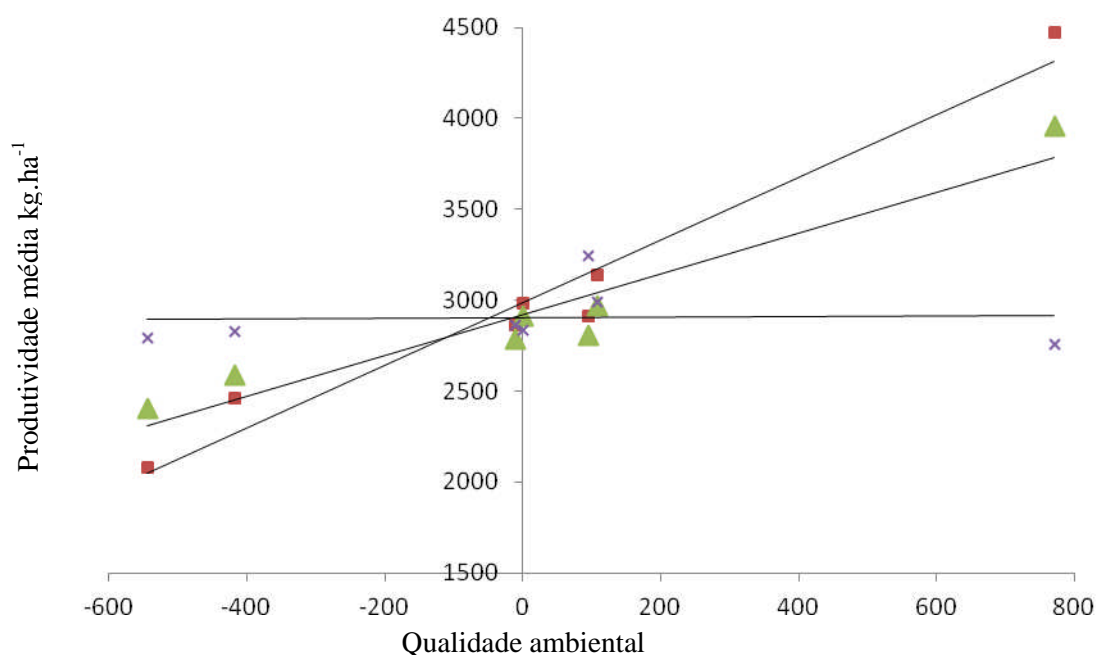
A análise dos gráficos permite caracterizar o comportamento de cada grupo de genótipos. No grupo A, os genótipos UFU-0010 e UFU-001 apresentaram curvas bissegmentadas de padrão de resposta convexo, demonstrando boa tolerância em ambientes abaixo da média, mas acima de tudo responderam eficientemente a melhora da qualidade ambiental.

Este fato pode ser verificado pelo incremento de produtividade dos dois genótipos em ambientes favoráveis, que foi aproximadamente 1800 kg.ha^{-1} , saindo de aproximadamente 2.700 kg.ha^{-1} no ambiente médio, para aproximadamente 4.500 kg.ha^{-1} no ambiente mais favorável.

Por outro lado, os genótipos UFU-0013 e UFU-008 apresentaram curvas bissegmentadas com padrão de resposta côncavo e médias relativamente altas em ambientes desfavoráveis. No entanto, estes genótipos tiveram um decréscimo de produtividade com a melhora da qualidade nos ambientes, com perdas de produtividade de aproximadamente 250 e 700 kg.ha^{-1} , respectivamente, para os genótipos UFU-0013 e UFU-008.

Rosse e Vencovsky (2000), ao avaliarem a adaptabilidade e estabilidade em genótipos de feijão pelo método de Toler, concluíram que os genótipos de grupo E podem ser os mais adequados para os produtores que utilizam baixa tecnologia. No entanto, os do grupo A parecem não apresentar uma estabilização do incremento de produtividade com a melhora da qualidade ambiental e seriam, por isso, os mais recomendados.

O padrão de resposta dos grupos B, C e D podem ser visualizados nos gráficos da Figura 3. O genótipo UFU-006, classificado no grupo B, caracterizou-se pela alta resposta nos ambientes favoráveis, com um incremento de produtividade de aproximadamente 1.250 kg.ha^{-1} , saindo de 3.000 kg.ha^{-1} no ambiente médio para aproximadamente 4.500 kg.ha^{-1} no ambiente mais favorável.



× Grupo D (UFU-0012) ▲ Grupo C (UFU-009) ■ Grupo B (UFU-006)

FIGURA 3. Comportamento de genótipos de soja do ciclo semitardio/tardio enquadrados nos grupos unissegmentados (padrão B, C e D), avaliados nas safras 2005/2006 e 2007/2008, em três localidades.

Por outro lado, o genótipo mostrou ser bem sensível a perda de qualidade ambiental, com produtividades abaixo da média nos ambientes mais pobres. Este comportamento comprova a especificidade do genótipo a ambientes favoráveis, se tratam de genótipos exigentes e que têm produtividades inferiores em ambientes de baixo nível tecnológico.

O genótipo UFU-0012 apresentou uma resposta bem característica do grupo D ao qual ele pertence. Na análise visual do seu comportamento, na Figura 3, verifica-se uma produtividade acima da média em ambientes desfavoráveis. No entanto, a resposta à melhoria ambiental em ambientes favoráveis foi próxima de zero.

4.3 Análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método Centróide

A significância da interação genótipos x anos x locais mostrou a importância de se realizar um estudo pormenorizado do comportamento destes genótipos frente às variações ambientais, para isso efetuou-se a análise de adaptabilidade e estabilidade.

A análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método Centróide diferencia-se por considerar genótipos de máxima adaptação específica como àqueles genótipos com valores máximos para certo grupo de ambientes (favoráveis ou desfavoráveis) e mínimo para o outro grupo, e não àquele que apresenta bom desempenho nos grupos de ambientes favoráveis ou desfavoráveis (ROCHA et al., 2005).

O emprego deste método exige a classificação dos ambientes em favoráveis ou desfavoráveis, conforme índice ambiental I_j , proposto por Finlay e Wilkinson (1963). Na Tabela 11, encontram-se as estimativas obtidas para o cálculo deste índice.

TABELA 11. Classificação dos ambientes utilizando o índice ambiental dos genótipos de soja de ciclo semitardio/tardio em 6 ambientes.

Safra Agrícola	Local	$\bar{Y}_{.j}$	I_j	Máximo	Mínimo
2005/2006	Porangatu	2408,33	-545,0425	3137,50	1750,00
2005/2006	Porto Alegre do Norte	3723,97	770,5904	4769,89	2325,69
2005/2006	Uberaba	2535,84	-417,5396	3017,45	1877,14
2007/2008	Porangatu	3048,51	95,1361	3954,17	2412,5
2007/2008	Porto Alegre do Norte	2941,67	-11,7091	3725	2400
2007/2008	Uberaba	3061,94	108,5647	3508,5	2512,5

Precedendo a análise gráfica de dispersão dos genótipos, foram obtidos os autovalores através da metodologia dos componentes principais.

A análise de componentes principais é uma técnica multivariada e constitui-se de um agrupamento linear de variáveis com o propósito de reter o máximo de variabilidade nos primeiros eixos (ROCHA et al., 2005; NASCIMENTO et al. 2009; RAMALHO et al., 2012).

Para isso, foram utilizados os dados originais dos genótipos e também os dos ideótipos. Os dados desta análise são apresentados na Tabela 12.

TABELA 12. Estimativas dos autovalores e fração acumulada da variância explicada pelos componentes principais.

Raiz	Raiz(%)	%Acumulada
1.9495	32.49	32.49
1.82	30.33	62.82
0.92	15.34	78.16
0.64	10.59	88.75
0.40	6.64	95.39
0.28	4.61	100.00

Os dados mostram que, partindo-se dos dois primeiros componentes principais, pode-se explicar 62,82% da variação total. Dados semelhantes foram obtidos por Barros et al. (2012) que, ao avaliarem a adaptabilidade e estabilidade de 29 genótipos em seis ambientes, obtiveram 67% da variação total explicada pelos dois primeiros componentes.

Dada a confirmação da suficiência de dois autovalores com a retenção de 62,82% da variação total, parte-se para a avaliação dos genótipos pela análise gráfica bidimensional, conforme a Figura 4.

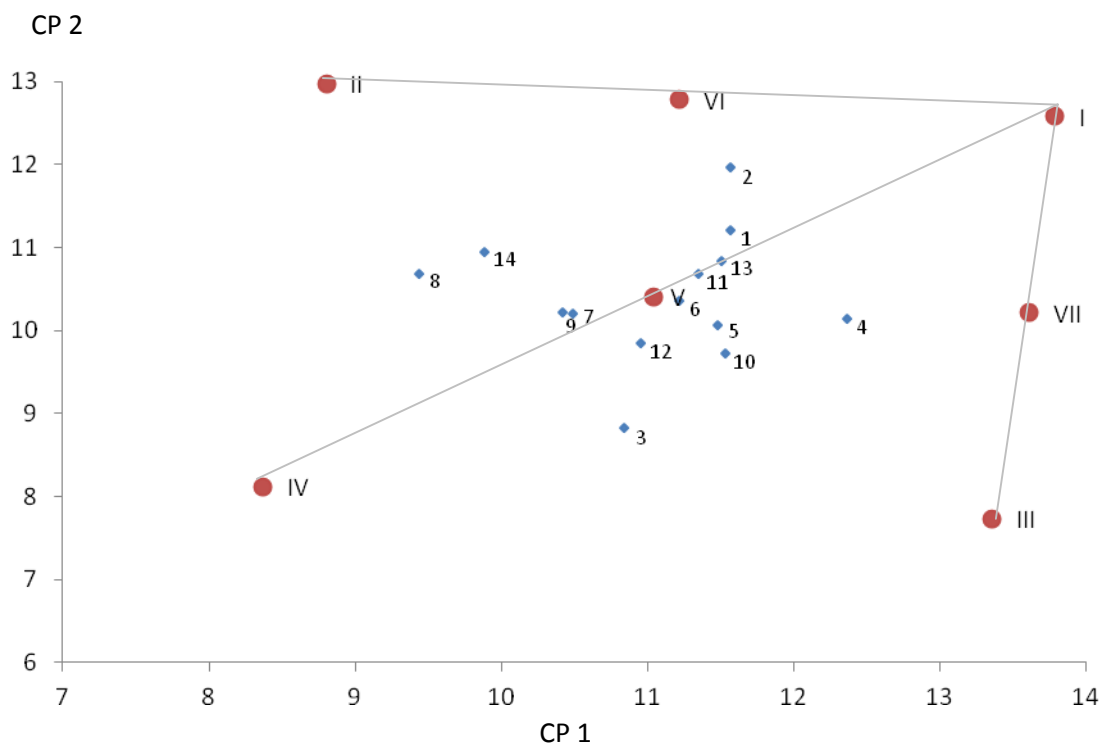


FIGURA 4. Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais dos 14 genótipos de soja, para o caráter produtividade de grãos ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$), em três locais e duas safras agrícolas. Os sete pontos numerados com algarismos romanos representam os Ideótipos em que: I, máxima adaptabilidade geral; II, máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; III, máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; IV, mínima adaptabilidade; V, média adaptabilidade geral; VI, média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; VII, média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis.

A análise deste gráfico de dispersão permite verificar o comportamento dos genótipos em relação aos ideótipos preconizados pelo método. O formato de seta que assume a ligação entre os pontos que representam os ideótipos permite uma interpretação quantitativa da adaptabilidade dos genótipos. A medida que os genótipos se distanciam da cauda para a ponta da seta a produtividade aumenta gradativamente.

Uma interpretação similar pode ser feita em relação ao eixo central da seta, aqueles genótipos posicionados acima são mais aptos a ambientes favoráveis e aqueles abaixo são aptos a ambiente desfavoráveis. A distribuição dos genótipos é heterogênea, devendo-se principalmente, ao caráter em estudo (produtividade de grãos), e permite associar os genótipos à maioria dos ideótipos.

Percebe-se uma maior concentração dos pontos próximos ao ideótipo V, o que indica média adaptabilidade geral. Destacadamente, o genótipo UFU-002 é aquele que mais se aproxima da ponta da seta, além disso está posicionado bem acima do eixo central, o que possibilita inferir que se trata de um genótipo com boa adaptabilidade a ambientes favoráveis.

Na Tabela 13, encontram-se as classificações dos genótipos em relação ao método Centróide. Verificou-se que 78.5% dos genótipos foram classificados no ideótipo V, ou seja, genótipos de média adaptabilidade geral. Entre esses, destaca-se o genótipo utilizado como testemunha MSOY-8914, e o genótipo UFU-007 que obteve maior probabilidade de pertencer a este grupo (0.3369). De acordo com Vasconcelos et al. (2011), este grupo de genótipos representam aqueles que contribuíram pouco para interação genótipos x ambientes, e expressam o conceito de estabilidade proposto por Cruz et al. (2004), sendo por isso considerados os mais estáveis.

TABELA 13. Estabelecimento dos ideótipos, calculados pelo método Centróide, dos genótipos de soja de ciclo semitardio/tardio, avaliados em três locais, e em duas safras agrícolas.

Genótipo	$\bar{Y}_{..}$	Classificação	Probabilidade
UFU-001	3149.62	V	0.2021
UFU-002	3229.25	VI	0.2266
UFU-003	2775.20	V	0.2674
UFU-004	3131.21	VII	0.2352
UFU-005	2950.86	V	0.2554
UFU-006	2985.85	V	0.2382
UFU-007	2823.95	V	0.3368
UFU-008	2684.52	IV	0.1883
UFU-009	2915.41	V	0.2702
UFU-0010	2985.70	V	0.2362
UFU-0011	3112.26	V	0.2002
UFU-0012	2837.19	V	0.2195
UFU-0013	2983.78	V	0.2391
MSOY-8914	2782.46	V	0.2446

IV: mínima adaptabilidade; V: média adaptabilidade geral; VI: média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; VII: média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis.

A produtividade do ideótipo V é formada pela produtividade média de cada ambiente (2.408,33, 3.723,97, 2.535,84, 3.048,51, 2.941,67 e 3.061,94 kg.ha⁻¹ para Porangatu 2005/2006, Porto Alegre do Norte 2005/2006, Uberaba 2005/2006,

Porangatu 2007/2008, Porto Alegre do Norte 2007/2008 e Uberaba 2007/2008, respectivamente). Desta forma, a medida que a produtividade dos ambientes aumentam, a produtividade média do ideótipo também é incrementada.

Resultados semelhantes foram obtidos por Nascimento et al. (2009), onde ao classificarem 92 genótipos de alfafa quanto a adaptabilidade e estabilidade pelo método Centróide, 84 foram classificados no grupo V (91%).

Utilizando a metodologia do Centróide proposta por Rocha et al. (2005) com quatro ideótipos, Oliveira et al. (2012) obtiveram 44% dos 16 genótipos avaliados classificados no ideótipo I de máxima adaptabilidade geral. Por outro lado, Marques et al. (2011), utilizando o método Centróide modificado por Nascimento et al. (2009), com os três ideótipos adicionais, obtiveram 43% dos sete genótipos avaliados classificados no ideótipo V.

Na classificação proposta por este método, o genótipo UFU-002 destacou-se por ser o único pertencente ao grupo VI. A média deste grupo é formada por valores máximos nos ambientes favoráveis e nos desfavoráveis pela média obtida pelo conjunto de genótipos (NASCIMENTO et al., 2009). Este ideótipo, que é uma modificação do método original proposto por Rocha et al. (2005), permite dar a análise de adaptabilidade e estabilidade um maior sentido biológico, já que a adição de ideótipos intermediários evita a comparação com ideótipos extremos (NASCIMENTO, et al., 2009).

5. CONCLUSÕES

1. A análise gráfica pelo método Centróide, apesar de ser rápida e de fácil interpretação, mostrou-se pouco conclusiva, principalmente devido à maior concentração dos pontos próximos ao ideótipo V de média adaptabilidade geral;
2. A análise gráfica pelo método de Toler permitiu boa caracterização dos genótipos quanto aos comportamentos, permitindo inclusive a estimação do incremento e decréscimo de produtividade em ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente;
3. A classificação do genótipo UFU-008 foi similar nos dois métodos empregados, onde este demonstrou ter baixa capacidade adaptativa aos ambientes avaliados;
4. As metodologias de Toler e a do Centróide também foram congruentes quanto à classificação dos genótipos UFU-005, UFU-007, UFU-009 e a testemunha MSOY-8914, demonstrando estes serem de adaptabilidade geral e tendo contribuído pouco para a interação genótipos x ambientes;
5. Os genótipos UFU-001, UFU-002, UFU-006, UFU-0010 e UFU-0011 apresentaram produtividade média geral acima da média nacional de 2.939 kg.ha⁻¹ na safra 2012/2013 e, ao mesmo tempo, mostraram ser indicados para cultivo em ambientes de alta qualidade, onde tendem a expressar alto potencial produtivo.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.
- ALLIPRANDINI, L. F.; et al. Efeitos da interação genótipos x ambientes sobre a produtividade da soja no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 9, p. 1433-1444, 1994.
- ALMEIDA, L.A; KIIHL, R.A.S; MIRANDA, M.A.C; CAMPELO, G.J.A. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. In: QUEIROZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o nordeste brasileiro**. (M.A. Queiroz, C.O. Goedert e S.R.R. Ramos, eds.) 1999.
- ALVES, B. J. R.; BODDEY, R. M.; URQUIAGA, S. The success of BNF in soybean in Brazil. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 252, n. 1, p. 1-9, 2003.
- BARROS, H. B. **Adaptabilidade e estabilidade de soja por métodos paramétricos e não-paramétricos**. 2007. 82 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- 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.
- BASFORD, K E. ; COOPER, M. Genotype x environment interactions and some considerations of their implications for wheat breeding in Australia. **Australian Journal of Agricultural Research**, Victoria, v. 49, n. 2, p. 153-174, 1998.
- BECKER, H. C.; LÉON, L. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v. 101, n. 1, p. 1-23, 1988.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2005. 525 p.
- BRADSHAW, A. D. Evolutionary significance of phenotypic plasticity. **Advances in Genetics**, New York, v. 13, p. 115-153, 1965.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Coordenador-Geral de Zoneamento Agropecuário, Substituto. Portaria nº 128, de 12 de julho de 2007. Aprovar o Zoneamento Agrícola para a cultura de soja no Estado de Goiás, ano-safra 2007/2008. **Diário Oficial da União da República Federativa do Brasil**. Brasília, 12 julho. 2007.
- BRIM, C. A. 1966. A modified pedigree method of selection in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 2, p. 220-220, 1966.
- CHUNG, G.; SINGH, R. J. Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v. 27, n. 5, p. 295-341, 2008.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos, segundo levantamento, novembro/2013**. Brasília:

CONAB, 2013, 30 p. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_10_16_14_32_01_boletim_portugues_-_setembro_2013.pdf, Acesso em: 27 jan. 2014.

CROSSA, J. Statistical analysis of multilocation trials. **Advance in Agronomy**, San Diego, v. 44, p. 55-85, 1990.

CRUZ, C.D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013

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.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390 p.

CRUZ, C.D; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. v. 2. 514 p.

CRUZ, C.D; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2004. v. 1. 480 p.

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

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p. (Série Monografias, 9).

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

EMBRAPA. **Recomendações técnicas para a cultura da soja na Região central do Brasil. 1998/99**. Londrina: 1998. 182p. (EMBRAPA-CNPSO. Documentos, 120).

EMBRAPA. **Tecnologias de Produção de Soja – Região Central do Brasil**, Londrina: EMBRAPA Soja, 2013. 261 p

EMBRAPA SOJA. 2014. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Centro Nacional de Pesquisa de Soja. **Soja em números (safra 2012/2013)**. Disponível em: <http://www.cnpso.embrapa.br/index.php?cod_pai=69&op_page=294>. Acesso em: 27 jan. 2014.

ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **Supply and use: world soybean supply and use, world oilseed supply and distribution, 2008/09 – 2012-13**. Disponível em: <http://usda.mannlib.cornell.edu>. Acesso em 27 jan. 2014.

FALCONER, D. S. **Introdução à Genética Quantitativa**. Trad. Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa, Impr. Univ., 1981. 279p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. cap. 1, p. 1-2.

FERREIRA, D. F.; ZAMBALDE, A. L. Simplificação das análises de algumas técnicas especiais da experimentação agropecuária no Mapgen e softwares correlatos. In:

CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE INFORMÁTICA APLICADA À AGROPECUÁRIA E À AGROINDÚSTRIA, 1, Belo Horizonte, 1997. **Anais...** Belo Horizonte: SBI, 1997. P. 285-291.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a Plant-Breeding Programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, Victoria, v. 14, n. 5, p. 742-754, 1963.

FOX, P. N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environmental testing and genotype x environment interaction. In: KENPTON, R. A.; FOX, P. N. **Statistical methods for plant variety evaluation**. London: Chapman & Hall, 1997. cap. 8, p. 117-138.

GIZLICE, Z.; CARTIER, T. E.; BURTON, J. W. Genetic base of North American public soybean cultivars released between 1947 and 1988. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 5, p. 1143-1151, Sept.-Oct. 1994.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE. **Censo Agropecuário 2006: Brasil, Grandes Regiões e Unidades da Federação**. Rio de Janeiro, 2006. 777 p.

JÚNIOR E SILVA, W. C.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 1, p. 23-30, 2006.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “bootstrap” no modelo AMMI**. Piracicaba, 2003. 166 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.

LEWIS, D. Gene-environment interaction. A relationship between dominance heterosis phenotype stability and variability. **Heredity**, Londres, v. 8, n. 3, p. 333-356, 1954.

LIANG, G. H. L.; HEYNE, E. G., WALTER, T. L. Estimates of variety x environment interactions in yield tests of three small grains and their significance on the breeding programs. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 2, p. 135-139, 1966.

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

MARIOTTI, J. A.; et al. Analisis de estabilidad y adaptabilidade de genótipos de cana de azúcar. Interacciones dentro de um localidade experimental. **Revista Agronomica del Noroeste Argentino**, Tucuman, v. 13, p. 105-127, 1976.

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

MATHESON, A. C.; RAYMOND, C. A. A review of provenance x environment interaction: its practical importance and use with particular reference to the tropics. **Commonwealth Forestry Review**, Oxford, v. 65, n. 4, p. 283-302, 1986.

MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. (Ed.). **A soja no Brasil**. Campinas. ITAL, 1981. 1062 p.

MORAIS, L. K. de; MOURA, M. F.; VENCOVSKY, R.; PINHEIRO, J. B. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja avaliada pelo método de Toler. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 2, p. 275-284, 2008.

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

OLIVEIRA, L. G.; et al. Adaptability and stability of soybean yield in two soybean producing regions. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 852-861. 2012.

PELÚZIO, J. M.; FIDELIS, R. R.; GIONGO, P. R.; SILVA, J. C.; CAPPELLARI, D.; BARROS, H. B. Análise de regressão e componentes principais para estudo da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 9, n. 4, p. 455-462, 2008.

PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations and seasons. **American Potato Journal**, Orono, v. 36, p. 381-385, 1959.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. Lavras: UFLA, 2012. 305 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações no melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

ROBERTSON, A. Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations. **Biometrical genetics**. New York: Pergamon, 1959. 186 p.

ROCHA, M. M. **Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade e estabilidade fenotípica**. 2002. 184 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, Piracicaba.

ROCHA, R. B., MURO-ABAD, J. L.; ARAÚJO, E. F.; CRUZ, C. D. Avaliação do método do Centróide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 15, n. 3, p. 255-266, 2005.

ROCHA, M. M.; VELLO, N. A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 1, p. 69-81, 1999.

ROSSE, L. N.; VENCOVSKY, R. Metodologia e técnicas experimentais. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 1, p. 99-107, 2000.

STORCK, L.; VENCOVSKY, R. Stability analysis on a bi-segmented discontinuous model with measurement errors in the variables. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 17, n. 1, p. 75-81, 1994.

TOLER, J. E. **Patterns of genotypic performance over environmental arrays**. Clemson, 1990. 154 p. Thesis (Ph.D.) – Clemson University.

VASCONCELOS, E. S. de; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T.; SCAPIM, C. A. Integrated method for adaptability and phenotypic stability analysis. **Acta Scientiarum** Agronomy, Maringá, v. 33, n. 2, p. 251-257, 2011.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D.; SILVA, A. C. Uma avaliação do potencial de diferentes locais para a discriminação genotípica entre cultivares de milho. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 2, p. 323-324, 1990.

VIEIRA, P. F. de M. J. **Dialelo entre genitores de soja tolerantes à ferrugem asiática**. Piracicaba, 2009. 85 f. Tese (Doutorado em Ciências) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.

WRICKE, G. Zur Berechnung der Ökovalens bei Sommerweizen und Hafer. **Pflanzenzuchtung**, Berlin, v. 52, p. 127-138, 1965.

WYSMIERSKI, P. T. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras**. Piracicaba, 2010. 99 p. Tese (Doutorado) – Universidade de São Paulo – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, SP.

YATES, F. A. Monte-Carlo trial on the behaviour of the non-additivity test with non-normal data. **Biometrics**, Washington, v. 59, p. 253-262, 1972.

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