

PAULO HENRIQUE NARDON FELICI

MÉTODOS MULTIVARIADOS NO ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA E
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM SOJA CONVENCIONAL

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

Orientador

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

Co-orientadora

Profa. Dra. Ana Paula de Oliveira Nogueira

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2017

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

F314m Felici, Paulo Henrique Nardon, 1983-
2017 Métodos multivariados no estudo da diversidade genética e adaptabilidade e estabilidade em soja convencional / Paulo Henrique Nardon Felici. - 2017.
92 f. : il.

Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki.
Coorientador: Ana Paula Oliveira Nogueira.
Tese (doutorado) -- Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia.
Inclui bibliografia.

1. Agronomia - Teses. 2. Soja - Melhoramento genético - Teses. 3. Variação (Genética) - Teses. 4. Seleção de plantas - Melhoramento genético - Teses. I. Hamawaki, Osvaldo Toshiyuki. II. Nogueira, Ana Paula Oliveira. III. Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. IV. Título.

CDU: 631

PAULO HENRIQUE NARDON FELICI

MÉTODOS MULTIVARIADOS NO ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA E
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM SOJA CONVENCIONAL

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

APROVADA em 22 de fevereiro de 2017.

Dra. Flavia Amorim	Naturalle
Dr. Rudimar Conte	Monsanto
Dra. Jacqueline Siqueira Glasenapp	UFU
Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira (coorientadora)	UFU

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

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2017

*Aos que acreditam na importância da educação e da pesquisa científica para o
desenvolvimento social, econômico e sustentável do Brasil,
ofereço.*

*À minha família,
dedico.*

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a Deus pela vida, pela saúde, pela família que tenho e por todas as bênçãos e oportunidades concedidas.

À Universidade Federal de Uberlândia, pela infraestrutura disponibilizada.

Ao professor Dr. Osvaldo T. Hamawaki, pela confiança depositada desde nossa primeira troca de e-mails em 2012, quando decidi buscar o doutoramento em Agronomia.

À Professora Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira, pela orientação durante meu doutorado e pelas fundamentais sugestões que, certamente, contribuíram para lapidar este trabalho. Agradeço-lhe a paciência, o tempo disponibilizado e as valiosas discussões que culminaram na produção de conhecimento.

Aos alunos dos cursos de graduação em Agronomia e em Biotecnologia da UFU e da pós-graduação em Agronomia, membros do programa de melhoramento genético de soja, pela colaboração na condução dos experimentos e nas jornadas de estágio aos sábados na fazenda Capim Branco.

Aos membros da Banca Examinadora, por aceitarem o convite de avaliar esta tese.

Aos meus pais, pela base e cuidados para a minha formação, bem como todo o afeto e incondicional confiança. Aos meus irmãos pela amizade e constante apoio.

Ao meu filho, que mesmo estando em sua primeiríssima infância, incentiva-me a construir o meu legado e a evoluir como ser humano.

Meu agradecimento mais profundo e sincero à minha esposa, pelo amor, carinho, companheirismo, motivação, suporte e paciência. Obrigado por toda dedicação com nossa família e por compreender os estresses e ausências dessa jornada.

Por fim, a todos aqueles que contribuíram, de uma forma ou de outra, para a conclusão desta importante etapa. Durante todo esse período, o apoio de cada um foi fundamental para a minha formação pessoal e profissional.

Muito obrigado!

DADOS ACADÊMICOS DO AUTOR

PAULO HENRIQUE NARDON FELICI – nascido em 26 de fevereiro de 1983 na cidade de Presidente Prudente, São Paulo, é Engenheiro Agrônomo formado pela Universidade Estadual de Londrina (UEL), Paraná, desde dezembro de 2005. Foi bolsista de iniciação científica, em 2003, pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), no Laboratório de Melhoramento de Plantas da UEL. Em 2004, foi bolsista da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), participando da extensão universitária na École Nationale Supérieure Agronomique de Toulouse (ENSAT), França. Em 2005, foi bolsista de iniciação tecnológica industrial pelo CNPq, na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) - Soja, na área de Agroenergia, tendo desenvolvido trabalhos com produção de biodiesel de soja. Em novembro de 2007, foi titulado mestre em Agronomia pela UEL. Em agosto de 2008, concluiu o MBA em Gestão Estratégica do Agronegócio pela Escola de Economia de São Paulo da Fundação Getúlio Vargas (EESP-FGV), São Paulo. Em março de 2013, iniciou o curso de Doutorado em Agronomia (Área de concentração: Fitotecnia; Área de atuação: Produção e Melhoramento de Soja) na Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Minas Gerais, submetendo-se à defesa de tese em fevereiro de 2017.

SUMÁRIO

RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO	4
2.1 Aspectos botânicos, morfológicos e de desenvolvimento da soja	4
2.2 Centro de origem e expansão da soja no Brasil	6
2.3 Importância econômica e usos da soja	8
2.4 Base genética da soja brasileira.....	10
2.5 Estudos de diversidade genética da soja	11
2.5.1 Estudos de diversidade genética baseados em informações fenotípicas	13
2.5.2 Métodos de estudos de diversidade genética	13
2.6 Interação genótipos por ambientes.....	16
2.7 Adaptabilidade e Estabilidade.....	18
2.7.1 Métodos de estudo de adaptabilidade e estabilidade.....	18
2.8 Programa de Melhoramento e de Estudos Genéticos em Soja da UFU	22
2.9 Referências	24
3. MÉTODOS MULTIVARIADOS NA DETERMINAÇÃO DA DIVERSIDADE FENOTÍPICA EM SOJA CONVENCIONAL DE CICLO PRECOCE EM AMBIENTES DISTINTOS.....	33
Resumo.....	33
Abstract	34
3.1 Introdução.....	35
3.2 Material e Métodos.....	36
3.3 Resultados e Discussão	40
3.4 Conclusões	61
3.5 Referências	62
4. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE SOJA CONVENCIONAL DE CICLO PRECOCE EM 15 AMBIENTES DISTINTOS	70
Resumo.....	70
Abstract	71
4.1 Introdução.....	72
4.2 Material e Métodos.....	74
4.3 Resultados e Discussão	77
4.4 Conclusões	88
4.5 Referências	89
ANEXO	92

RESUMO

FELICI, PAULO HENRIQUE NARDON. **Métodos multivariados no estudo da diversidade genética e adaptabilidade e estabilidade em soja convencional.** 2017. 100f. Tese (Doutorado em Agronomia / Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia.¹

O estudo da diversidade genética e o conhecimento das relações entre cultivares melhoradas é fundamental para os programas de melhoramento de soja, pois auxiliam na seleção de genitores e recomendação de cultivares. Esta tese está subdividida em três capítulos, sendo que o primeiro traz o referencial teórico relacionado à cultura, à importância econômica e ao melhoramento da soja. O segundo capítulo, por sua vez, foi desenvolvido com os objetivos de: avaliar a diversidade genética a partir de caracteres fenotípicos de genótipos de soja convencional de ciclo precoce em ambientes distintos; determinar a importância de caracteres na divergência genética de soja; e selecionar genitores de ampla diversidade genética para programa de melhoramento, utilizando diferentes métodos de agrupamento multivariados. O experimento foi conduzido em dois locais distintos, Campo Novo dos Parecis - MT, safra 2010/2011 e Urutaí - GO, safra 2012/2013. Foram avaliados dez genótipos de soja convencional de ciclo precoce, em delineamento de blocos completos casualizados, nos quais foram mensurados oito caracteres agrônômicos. Por meio de análises uni e multivariadas, foi possível concluir que os agrupamentos formados por todos os métodos multivariados, aliados às médias dos valores fenotípicos dos genótipos, permitiram inferir sobre as combinações promissoras para hibridações artificiais. Ao considerar os dois ambientes de cultivo, o número de dias para a floração, a altura da planta na maturidade e altura de inserção da primeira vagem foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética em soja. As linhagens UFU 106 e UFU 108 são as mais recomendadas como parte das hibridações com genótipos divergentes, pois são complementares em produtividade de grãos e menor fase vegetativa. Recomenda-se hibridações entre os seguintes pares de genótipos: UFU 106 x UFU 112; UFU 106 x Emgopa 316; UFU 108 x Emgopa 316; UFU 112 x Emgopa 316, para a obtenção de populações segregantes com variabilidade genética superior. O terceiro capítulo foi elaborado para avaliar a interação genótipos por ambientes para o caráter produtividade de grãos em genótipos de soja convencional, de ciclo precoce. Assim, os genótipos foram cultivados em 15 ambientes, distribuídos em cinco estados brasileiros, para determinar sua adaptabilidade e estabilidade por intermédio de métodos paramétricos, não paramétricos e multivariados. O método Wricke (1965), Eberhart e Russel (1966) e AMMI identificaram as linhagens UFU 21 e UFU 22 como as mais estáveis, sendo que ambas apresentaram produtividade de grãos superior a 3800,00 kg ha⁻¹. A linhagem UFU 06 obteve média de produtividade de grãos superior a 4000,00 kg ha⁻¹ e apresentou adaptação ampla pelos métodos Annicchiarico (1992) e Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e Centróide.

Palavras-chave: *Glycine max.*, caracteres fenotípicos, variabilidade genética, análise de agrupamento, seleção de genitores, potencial produtivo, ciclo precoce.

¹ Comitê Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU (Orientador) e Ana Paula de Oliveira Nogueira – UFU

ABSTRACT

FELICI, PAULO HENRIQUE NARDON. **Multivariate methods in the study of genetic diversity and adaptability and stability in conventional soybean.** 2017. (Doctor's Degree in Agronomy / Crop Science) – Federal University of Uberlandia, Uberlandia.¹

The study of genetic diversity and the knowledge of the relationships among improved cultivars are fundamental for soybean breeding programs, since they help the selection of breeders and recommendation of cultivars. This thesis is subdivided into three chapters, the first one deals with a theoretical reference regarding the culture, the economic importance and the improvement of soybean. The second chapter was developed with the objective of evaluating the genetic diversity from phenotypic traits, of conventional early maturity soybean genotypes in different environments, determining the importance of traits in soybean genetic divergence and selecting parents of broad genetic diversity for breeding programs, using different multivariate clustering methods. The experiment was conducted in two distinct locations, Campo Novo dos Parecis - MT, season 2010/2011 and Urutai - GO, season 2012/2013. Ten genotypes of conventional early maturity soybean were evaluated in a randomized complete block design, in which eight agronomic characters were measured. By univariate and multivariate analyzes it was possible to conclude that the groupings formed by all the multivariate methods, with the means of the phenotypic values of the genotypes, allowed to infer about the promising combinations for artificial hybridizations. Number of days for flowering, plant height at maturity and height of insertion of the first pod were the characters that contributed the most to the genetic divergence in soybean when considering the two crop environments. UFU 106 and UFU 108 lines are the most recommended as part of the hybridizations with divergent genotypes, since they are complementary in grain yield and lower vegetative phase. Hybridizations between the following pairs of genotypes are recommended to obtain segregating populations with superior genetic variability: UFU 106 x UFU 112; UFU 106 x Emgopa 316; UFU 108 x Emgopa 316; UFU 112 x Emgopa 316. The third chapter was elaborated to evaluate the genotype interaction by environments for grain yield characteristics in conventional soybean genotypes of early maturity, grown in 15 environments distributed in five Brazilian states, to determine the adaptability and stability of the genotypes by parametric, non-parametric and multivariate methods. Wricke (1965), Eberhart and Russel (1966) and AMMI methods identified UFU 21 and UFU 22 lines as the most stable, both with grain yields higher than 3800,00 kg ha⁻¹. The strain UFU 06 obtained an average grain yield of more than 4000,00 kg ha⁻¹ and presented wide adaptation by Annicchiarico (1992), Lin and Binns (1988) modified by Carneiro (1998) and Centroid methods.

Keywords: *Glycine max.*, phenotypic traits, genetic variability, clustering analysis, parental selection, yield potential, early maturity.

¹ Supervising Committee: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU (Major Professor) and Ana Paula de Oliveira Nogueira – UFU.

1 INTRODUÇÃO GERAL

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das principais espécies agrícolas cultivadas no mundo. O Brasil é o segundo maior produtor mundial, cuja área plantada na safra atual (2016/2017) foi estimada em 33,8 milhões de hectares (Mha) com produção esperada de 104 milhões de toneladas de grãos pela Conab (2017). De acordo com Céleres (2016), a área com cultivares de soja geneticamente modificada (GM) nessa safra foi de 32,7 Mha, ou seja, 96,7% da área total. Assim, os 3,3% restantes (1,1 Mha) são de lavouras de soja convencional (não GM).

Nota-se um crescimento do mercado para a soja convencional brasileira, principalmente para exportação, o que tem proporcionado maior lucratividade em relação à produção da soja GM. O produtor recebe um prêmio ou valor adicional que pode chegar a até R\$ 8,00 por saca vendida do grão convencional (CONAB, 2016).

De acordo com a Conab (2016), os resultados mostram que a diferença entre os dois modelos de cultivo e o menor custo da segunda alternativa (GM), em virtude da menor utilização de insumos e operações sobre cada hectare cultivado, não é mais o fator preponderante para a escolha do agricultor. A opção pela tecnologia mais adequada deve buscar, obviamente, além da redução de custos, um incremento na remuneração. Ademais, a evolução da produtividade de grãos nas lavouras de soja convencional tem crescimento semelhante ou, em alguns casos, superiores aos das GM.

O Programa de Melhoramento Genético (PMG) de soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) concentra seus esforços em explorar esse mercado de soja convencional (não GM), com o propósito de aprimorar as tecnologias de produção da soja em ambientes tropicais, por meio do desenvolvimento de novas cultivares convencionais produtivas, resistentes aos estresses bióticos e abióticos e com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípica (PMSOJA, 2017).

Os PMGs de plantas, em geral, possuem como objetivo a obtenção de cultivares adaptadas às distintas regiões de cultivo e que apresentem caracteres que possibilitem o incremento da produtividade de grãos (SOUZA, 2015). Para tanto, é preciso que os melhoristas disponham de variabilidade genética ampla, obtida ao serem selecionados genitores divergentes nas hibridações artificiais, normalmente realizadas nos PMGs para obtenção de populações segregantes (BORÉM; ALMEIDA; KIIHL, 2009).

O estudo de divergência genética pode auxiliar na escolha dos genitores a serem utilizados em hibridações artificiais, uma vez que cruzamentos entre genótipos

provenientes de grupos geneticamente distintos são considerados mais promissores para originar descendentes superiores via recombinação genética e variação transgressiva (BENIN et al., 2002). Pesquisas têm demonstrado que o germoplasma brasileiro da soja é de base genética restrita (VELLO et al., 1988; BONATO, 2000; PRIOLLI et al., 2004; MIRANDA, 2005; BONATO et al., 2006; MIRANDA et al., 2007; WYSMIERSKI, 2011; WYSMIERSKI; VELLO, 2013; PRIOLLI et al., 2013; RODRIGUES et al., 2017), porém tem se mantido constante ao longo do tempo (ODA et al., 2015).

O desenvolvimento de novas cultivares convencionais é uma das tecnologias que mais tem contribuído para os aumentos de produtividade e estabilidade de produção. Uma cultivar de soja deve ter alta produtividade, estabilidade de produção de grãos e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes existentes na região onde é recomendada (HAMAWAKI et al., 2010). Assim, é fundamental realizar ensaios em vários locais e anos agrícolas, para que o efeito da interação de genótipos por ambientes seja mensurado e possa ser explorado (SOUSA, 2015). É essencial desenvolver um estudo detalhado da resposta de cada genótipo, objetivando a identificação daqueles com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições ampla e específica (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Durante a fase final do desenvolvimento de linhagens de soja são realizados os ensaios preliminares, intermediários, finais e os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), em vários locais, safras consecutivas e em diferentes condições edafoclimáticas. Nos VCUs, a produtividade de grãos e outras características qualitativas e quantitativas de importância agrônômica são avaliadas (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015). Com base nos dados coletados nos ensaios, podem ser realizados estudos de interação de genótipos por ambientes, seguidos de adaptabilidade e estabilidade. Tais análises auxiliam os melhoristas no conhecimento das cultivares de ampla adaptação, estáveis e responsivas às melhorias das condições ambientais.

Nesse seguimento, os objetivos da pesquisa foram: avaliar o desempenho de linhagens de soja convencional desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético de soja da UFU; determinar a diversidade genética de linhagens cultivadas em ambientes distintos por meio de métodos multivariados; estudar a interação genótipos por ambientes; e determinar a adaptabilidade e estabilidade produtiva.

CAPÍTULO 1

REFERENCIAL TEÓRICO

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Aspectos botânicos, morfológicos e de desenvolvimento da soja

A soja, atualmente cultivada no Brasil e em diversos outros países, é uma planta pertencente ao reino *Plantae*, divisão *Magnoliophyta*, classe *Magnoliopsida*, ordem *Fabales*, família *Fabaceae* (*Leguminosae*), subfamília *Faboideae* (*Papilionoideae*), gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* (L.) Merrill (SEDIYAMA, 2009), e possui 2n=40 cromossomos.

É uma planta anual, sua altura pode variar de 0,3 a 2,5 metros, com desenvolvimento completo de 70 dias, para as cultivares mais precoces, e 200 dias para as mais tardias, de acordo com as condições de cultivo (SEDIYAMA et al., 2015).

O sistema radicular é predominantemente axial fasciculado. Da raiz pivotante surgem as raízes secundárias que se ramificam, apresentando nódulos ligados à epiderme por filamentos. Os nódulos são consequências da presença de bactérias *Bradyrhizobium japonicum* e *B. elkanii* localizadas no seu interior e são capazes de fixar o nitrogênio do ar atmosférico, fornecendo-o à planta e recebendo em troca hidrato de carbono. O caule é do tipo herbáceo, ereto, mais ou menos pubescente e com ramificação diversificada de acordo com a cultivar. As pilosidades podem ser acinzentadas ou marrons, em diferentes tonalidades (SEDIYAMA, 2016).

Nas cultivares comerciais, as folhas são, predominantemente, de três tipos: duas cotiledonares, duas folhas unifoliadas e folhas trifolioladas que variam no formato lanceoladas estreita, lanceolada, triangular, oval pontiaguda e oval arredondada (SEDIYAMA, 2016).

As flores da soja são completas, ou seja, formadas pelo cálice, corola, androceu e gineceu, e ocorrem em racemos terminais ou axilares. O número de flores varia de 2 a 35 por racemo e, quando abertas, medem de 3 a 8 mm. A abertura floral ocorre pela manhã e é influenciada pelas condições de temperatura e umidade (NOGUEIRA et al., 2009).

O fruto da soja é do tipo vagem e contém de uma a cinco sementes. Pode ser achatado, arredondado, reto ou curvado, apresentando pubescência de coloração cinza clara, cinza escura, marrom clara, marrom média e marrom escura (SEDIYAMA, 2016).

A semente da soja é composta pelo tegumento que envolve o embrião completamente desenvolvido. Possui variações quanto à forma, tamanho, cor do tegumento, cor do hilo e cor dos cotilédones. Sua forma é variável, podendo ser esférica, esférica-achatada, alongada e alongada-achatada. Além disso, a coloração do tegumento pode ser amarela, amarela esverdeada, verde, marrom clara, marrom média, marrom escura, preta, com listras prestas sobre o tegumento marrom, marrom avermelhado, halos concentrados de cor preta sobre o tegumento marrom, variegado de cores e outras. No tegumento, encontra-se o hilo, no qual há em sua extremidade a micrópila e, abaixo desta, o hipocótilo. O hilo é um tipo de cicatriz com formato linear-elíptico a ovalado e sua cor pode ser verde, amarela, amarelo alaranjado, marrom, marrom claro, marrom castanho, marrom escuro, marrom avermelhada, acinzentada claro, acinzentada escuro, preto imperfeito, preto e por último do tipo cela, quando a cor do hilo derrama sobre o tegumento (SEDIYAMA, 2013).

O tipo de crescimento é uma característica diferenciadora de cultivares de soja e abrange os tipos: determinado, semideterminado e indeterminado. Essa classificação tem como base a presença e posição da inflorescência racemosa, podendo ser axilar ou axilar e terminal (NOGUEIRA et al., 2009).

O tipo determinado abrange plantas que possuem inflorescência racemosa terminal e axilar, tendo crescimento vegetativo paralisado após o florescimento, ou em algumas circunstâncias as plantas ainda podem crescer cerca de 10% de sua altura final. No tipo de crescimento semideterminado, as plantas possuem inflorescência racemosa terminal e axilar. Ao florescerem, já atingiram cerca de 70% da altura final. A maturação das vagens é semelhante às de tipo determinado. Nas plantas com tipo de crescimento indeterminado, a gema vegetativa é mantida após o florescimento, desenvolvendo, assim, os nós, com alongamento do caule e sem inflorescência racemosa terminal (NOGUEIRA et al., 2009).

Gazzoni (2016) afirma que a soja é uma planta autógama, cleistógama e apresenta taxa de polinização cruzada baixa, em níveis médios de 2%, sendo os insetos, especialmente as abelhas, promotores dessa hibridação.

As cultivares estão divididas em 13 grupos de maturidade, iniciando-se pelas cultivares mais precoces: 000, 00, 0, I, II, III, IV, V, VI, VII, VIII, IX e X, no hemisfério norte. As cultivares do grupo de maturidade 000 são cultivadas em latitudes maiores, enquanto as do grupo X são cultivadas próximas à linha do Equador (SEDIYAMA, 2016). Dentro de cada grupo de maturidade, podem existir vários ciclos

(número de dias entre a semeadura ou a emergência e a maturação plena ou estágio fenológico R₈): precoce, semi-precoce, médio, semi-tardio e tardio (SOUSA, 2015).

Trabalhos realizados no Brasil, por Alliprandini et al. (2009), indicaram que predominam cultivares do grupo de maturidade 5,0 a 8,0 para aquelas adaptadas para Região Sul, com ciclo variando entre 106 e 137 dias, já para aquelas adaptadas a Região Centro-Oeste, predominam as do grupo 7,0 a 9,4, com ciclo variando de 108 e 147 dias.

2.2. Centro de origem e expansão da soja no Brasil

A origem mais provável da soja é a região ao longo do Vale do Rio Amarelo na China, a qual possui expressiva diversidade genética e, dessa forma, acredita-se que seja seu centro de origem primário. A região da Manchúria (noroeste da China), por sua vez, é o centro secundário, onde ocorreu a domesticação da planta (CHUNG; SINGH, 2008). No Oriente, a soja tem uma longa história, sendo cultivada há mais de 5.000 anos, para consumo humano e animal, além de ser considerada como um dos cinco grãos sagrados: arroz, soja, trigo, cevada e milheto (SEDIYAMA, 2016). A soja foi levada da China para Europa em 1740 e, em 1804, introduzida nos Estados Unidos da América (SEDIYAMA, 2009).

No Brasil, a primeira referência data de 1882, quando ocorreu o cultivo experimental de soja, os quais foram levados por Gustavo Dutra ao Recôncavo Baiano. A iniciativa não teve êxito, pois o material genético testado não era adaptado à região. Nessa época, a produção comercial de soja no mundo estava restrita à região leste da Ásia, em latitudes próximas a 40°N, onde o clima é temperado, em contraste com o clima tropical e a baixa latitude (12°S) da Bahia (DALL'AGNOL, 2016).

A soja somente teve êxito no Brasil a partir dos anos 40, quando foi semeada no estado do Rio Grande do Sul (RS), localizado entre as latitudes de 27°S e 34°S (DALL'AGNOL, 2016).

O preço excepcional da soja no mercado mundial em meados dos anos 70 foi o principal motor a impulsionar o rápido avanço do seu cultivo nos campos da região Sul, nos quais as cultivares introduzidas dos EUA (Bragg, Davis, Hill, Hood, Hardee, Bienville, Bossier, entre outras) apresentavam boa adaptação (DALL'AGNOL, 2016).

Os produtores da região Sul, no entanto, enfrentavam dificuldades para ampliar a área cultivada em virtude do preço elevado da terra. Nesse cenário, muitos produtores aproveitaram para vender sua propriedade e comprar áreas maiores no estado do Paraná,

no Paraguai e na região do Cerrado brasileiro, onde a terra era mais barata e abundante (DALL'AGNOL, 2016).

Ainda de acordo com Dall'Agnol (2016), as cultivares dos EUA introduzidas e cultivadas com êxito no sul do Brasil não se adaptavam às baixas latitudes do Cerrado e não havia outro lugar onde se pudesse encontrar cultivares de soja adaptadas às condições tropicais brasileiras. Os produtores mundiais de soja daquela época (majoritariamente, China e EUA) não cultivavam soja em regiões de baixa latitude e, portanto, não desenvolviam cultivares para essas condições, o que poderia beneficiar o Brasil.

Na inquietação por cultivar soja no Cerrado, os agricultores pioneiros, migrantes da região Sul, sentiram a necessidade de uma soja adaptada à nova fronteira agrícola. Os pesquisadores brasileiros, vislumbrando o potencial da região, buscaram desenvolver variedades adaptadas, conquistadas por meio da incorporação de características genéticas (período juvenil longo) que inibem o florescimento precoce da soja em condições de baixa latitude, resultando em cultivares perfeitamente adaptadas às condições do Cerrado. Hoje, o Brasil produz soja com a mesma eficiência em qualquer parte do seu território e a produtividade média da região Centro-Oeste (Cerrado) é, consistentemente, superior àquela obtida no RS, estado considerado o produtor da oleaginosa mais tradicional (DALL'AGNOL, 2016).

A participação do Cerrado (tropical) na produção nacional de soja passou de 14% para 61%, de 1980 para 2015: 2,1 milhões de toneladas em 1980 versus 57,9 milhões de toneladas em 2015, um salto de quase 28 vezes em 35 anos. A produção na região Sul (subtropical) também cresceu, mas apenas cerca de 3 vezes (11,7 milhões de toneladas em 1980 versus 36,2 milhões de toneladas em 2015) (DALL'AGNOL, 2016).

O cultivo da soja em todas as regiões do Brasil se tornou possível graças a diversos fatores, tais como a expansão das fronteiras agrícolas, as melhorias na fertilidade do solo, os incentivos fiscais, a substituição de gordura animal pelo óleo vegetal na alimentação humana, o desenvolvimento de máquinas agrícolas, o melhoramento genético, que desenvolveu cultivares com o gene que condiciona o período juvenil longo (SEDIYAMA, 2013), o uso de tecnologia e inovações no manejo, como sistema de plantio direto, fixação biológica de nitrogênio (FBN) e o controle fitossanitário, os quais também conferiram mais sustentabilidade ao crescente aumento na produção de soja (GAZZONI, 2013).

2.3. Importância econômica e usos da soja

Dall'Agnol (2016) afirma que a soja constitui um marco no processo do desenvolvimento agroindustrial do Brasil. Sua influência é tão profunda, que é possível dividir esse processo em duas fases: antes (agricultura de subsistência) e depois da soja (agricultura empresarial). O estabelecimento da soja no Brasil foi um importante fator de desenvolvimento econômico e social.

O aumento da produção de soja de 1,5 milhões de toneladas em 1970 para 95,6 milhões de toneladas em 2015 determinou uma cadeia de mudanças sem precedentes no setor agrícola brasileiro. Foi a soja, inicialmente apoiada pelo trigo, a grande responsável por: promover a agricultura empresarial no Brasil; apoiar o desenvolvimento da indústria nacional de maquinário agrícola e sua ampla utilização no processo produtivo; ampliar e modernizar o sistema de transporte e armazenagem; expandir a fronteira agrícola rumo ao oeste; profissionalizar e incrementar o comércio internacional; modificar a dieta alimentar dos brasileiros (menos gordura animal, mais gordura vegetal); acelerar a urbanização (prósperas cidades foram criadas na região sojícola do meio-oeste brasileiro); estimular a migração da população para o interior (anteriormente concentrada no Sul, Sudeste e litoral do Nordeste); impulsionar e descentralizar a agroindústria nacional, patrocinando a expansão, igualmente espetacular, da produção de carnes (DALL'AGNOL, 2016).

O Brasil é o segundo maior produtor mundial do grão, sendo os Estados Unidos da América o líder. A área cultivada na safra 2015/2016 foi de 33,25 milhões de hectares com a produção de 95,43 milhões de toneladas. Na safra 2016/2017, espera-se um incremento máximo de 1,6% na área cultivada, passando para 33,79 milhões de hectares e uma produção estimada em 103,78 milhões de toneladas (CONAB, 2017). O estado de Mato Grosso é o maior produtor brasileiro de soja, o Rio Grande do Sul ocupa a segunda posição e o Paraná a terceira. A diferença entre o RS e PR é pequena, tendo em vista que, na safra 2015/2016, a área cultivada foi de 9,140; 5,455 e 5,451 milhões de hectares, respectivamente (CONAB, 2017).

A estimativa da consultoria Céleres (2016) é que, na safra 2016/2017, a área com cultivares de soja transgênicas seja de 32,70 milhões de hectares, ou seja, cerca de 96,77% da área total do cultivo de soja projetada pela Conab (2017). Assim, os 3,23% restantes (1,09 milhões de hectares) são de lavouras de soja convencional.

A evolução da produtividade de grãos nas lavouras de soja convencional tem crescimento semelhante ou, em alguns casos, superior ao pacote de Organismos Geneticamente Modificados – OGM (CONAB, 2016).

Atualmente, nota-se o crescimento do mercado para a soja convencional brasileira, principalmente visando à exportação para Europa e Japão, o que tem proporcionado maior lucratividade em relação à produção da soja transgênica. O produtor recebe um prêmio ou valor adicional que pode chegar a até R\$ 8,00 por saca vendida do grão convencional. Tal fenômeno é observado no estado de Roraima, por exemplo, onde empresas multinacionais fecham acordos de parceria com os sojicultores para a produção exclusiva da variedade convencional (CONAB, 2016).

O comércio mundial da soja foi mantido unicamente pela China até o início da Segunda Guerra Mundial. A partir do final do conflito, os EUA dominaram o comércio mundial desse produto durante 20 anos. No final da década de 1960 e nos anos subsequentes, o Brasil e a Argentina tornaram-se importantes exportadores, por isso esses três países destacam-se atualmente como maiores exportadores de soja em grãos do mundo (FERREIRA et al., 2014).

Os EUA, o Brasil e a Argentina responderam por 83% da produção mundial na safra 2015/2016 (260 milhões de toneladas, sobre um total de 313 milhões de toneladas) (CONAB, 2017). O comportamento da produção, no médio prazo, parece indicar que os EUA não irão dispor de área adicional para expansão da cultura, dependendo de escolha entre culturas e do aumento da produtividade. O Brasil, por sua vez, é o país que apresenta as maiores vantagens comparativas, podendo tanto expandir sua produção pela incorporação de áreas com explorações pouco produtivas (pastagens degradadas, por exemplo), quanto aumentar sua produtividade. A Argentina, terceiro maior produtor mundial (56,8 milhões de toneladas em 2015/2016), possui como vantagens comparativas a terra fértil, a proximidade dos centros de produção com os canais de escoamento e processamento, a boa infraestrutura de transporte, o câmbio favorável e um moderno parque de processamento. Entretanto, pesa em sentido contrário, o esgotamento das áreas mais férteis e próximas dos portos (DALL'AGNOL, 2016).

A principal utilidade da soja é fornecer óleo e farelo. De acordo com Sediya (2016), a maioria das cultivares de soja apresentam, em média 37 a 42% de proteínas, podendo alcançar cerca de 52%, e o teor de óleo entre 17 a 22%, podendo atingir cerca de 28%. A planta de soja pode ser utilizada como adubo verde, forragem, feno e pastagem. Os grãos podem ser utilizados como farinha (achocolatados, sorvetes, bolos,

alimentos matinais, alimentação animal e outros). A torta pode ser utilizada na indústria de materiais adesivos, tintas, colas, plásticos, produtos alimentares (farinha, molho, leite e outros) e alimentação animal (bovinos, aves, suínos, caninos, equinos e peixes). O óleo de soja pode ser utilizado em produtos alimentares (margarina, salada e uso na cozinha) e fins industriais como desinfetantes, celulose, lubrificantes, combustível, glicerina, inseticidas, substitutos da borracha, sabões, tintas, verniz, produtos para iluminação, lecitina (doces, confeitos, emulsificadores e produtos medicinais).

O óleo de soja é um dos óleos vegetais mais produzidos no mundo e sua demanda deverá aumentar no futuro, pelo aumento do uso de biocombustíveis (WYSMIERSKI, 2015).

O aumento da produtividade de grãos e da área cultivada de soja, ocorrido nos últimos anos, foi significativo graças aos avanços tecnológicos, à disponibilização de tecnologias para o setor produtivo e, com igual importância, aos esforços dos programas de melhoramento genético da cultura que, a cada ano, conseguem desenvolver cultivares cada vez mais adaptadas e estáveis, com alta capacidade produtiva em diversos ambientes, o que possibilita a expansão e abertura de novas fronteiras agrícolas (BISINOTTO, 2013).

2.4. Base genética da soja brasileira

Estudos sobre variabilidade genética da cultura da soja têm demonstrado que o germoplasma brasileiro é de base genética restrita, cuja origem deriva de poucas linhagens ancestrais (HIROMOTO; VELLO, 1986; VELLO et al., 1988; BONATO, 2000; PRIOLLI et al., 2004; MIRANDA, 2005; BONATO et al., 2006; MIRANDA et al., 2007; WYSMIERSKI, 2011; WYSMIERSKI; VELLO, 2013; PRIOLLI et al., 2013; ODA et al., 2015), o que justifica a similaridade frequente entre duas ou mais cultivares no momento do pedido de proteção (NOGUEIRA, 2011). Esses estudos são primordiais no melhoramento, pois permitem a identificação de genótipos divergentes, auxiliando na seleção de genitores de grupos geneticamente distintos (HAMAWAKI et al., 2014).

O uso de poucos genitores no início dos programas de melhoramento, tanto brasileiro como americano, levou a um estreitamento da base genética, trazendo consigo alguns riscos, como patamares de produtividade e suscetibilidade a doenças (WYSMIERSKI, 2011).

Bonetti (1983) estimou que cerca de 70% das cultivares desenvolvidas para o Rio Grande do Sul, na década de 1960, descendiam das cultivares americanas Hill, Hood ou ambas. Hiromoto & Vello (1986) informaram que todas as cultivares recomendadas para cultivo no ano agrícola de 1983/1984 descendiam de 26 cultivares, sendo que, desse total, apenas quatro eram responsáveis por cerca da metade daquele conjunto gênico.

O estreitamento da base genética limita o desenvolvimento dos programas de melhoramento, em virtude da indisponibilidade de alelos para enfrentar estresses bióticos e abióticos, pela menor adaptabilidade e pela limitação do potencial produtivo (PRIOLLI et al., 2002; HYTEN et al., 2006). Por outro lado, Oda et al. (2015) concluíram que, apesar da base ser estreita, a diversidade genética se manteve constante ao longo dos últimos 40 anos de melhoramento no Brasil, havendo ainda, para novas cultivares, variabilidade genética útil para programas de melhoramento genético de soja.

Para promover a variabilidade genética necessária para o desenvolvimento das cultivares, para que estas sejam cada vez mais produtivas e adaptadas, podem-se introduzir novas fontes de germoplasma no melhoramento, como *Plant Introductions* – PIs. A utilização de germoplasmas exóticos é fundamental para o aumento da variabilidade da soja, bem como para a introdução de alguma característica desejada (SNELLER et al., 1997). No entanto, apesar do número de cultivares ter apresentado grande crescimento no Brasil nos últimos anos há pouca dissimilaridade genética entre elas em razão, principalmente, de serem originárias de poucos ancestrais, o que resultou em uma base genética estreita (ALCÂNTARA NETO, 2007).

2.5. Estudos de diversidade genética da soja

A diversidade genética é uma importante forma das espécies manterem a capacidade natural de responder às mudanças climáticas e a todos os tipos de estresses bióticos e abióticos. Em razão das condições enfrentadas nos últimos anos, tais como: longos períodos de estiagem e altas temperaturas, existe uma grande preocupação em avaliar a divergência genética das espécies, pela sua perda acentuada, sobretudo devido à ação do homem, substituindo cultivares locais por cultivares modernas, que muitas vezes são de base genética estreita, formando grandes extensões de área ocupadas por uma ou poucas variedades (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

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

O estudo da diversidade genética é utilizado para quantificar a variabilidade existente em um programa de melhoramento, bem como sua distribuição entre ou dentro de uma amostra, representada por populações, cultivares, linhagens e acessos de bancos de germoplasma (BOLDT, 2011). Além disso, esse estudo pode auxiliar na escolha dos genitores a serem utilizados em hibridações artificiais, uma vez que cruzamentos entre genótipos provenientes de grupos geneticamente distintos são considerados mais promissores para originar descendentes superiores via recombinação genética e variação transgressiva (BENIN et al., 2002).

Genitores selecionados apenas com base em características agronômicas podem estreitar a base genética do programa de melhoramento, caso não haja uma preocupação do melhorista em complementar as informações com dados de pedigree e diversidade genética (FALEIRO et al., 2011).

Verneti e Verneti Junior (2009) afirmam que a diversidade genética é a fonte de caracteres específicos para os programas de melhoramento genético deste século, para os programas do futuro, assim como foi para os conduzidos no século passado.

Kim et al. (2012) indicam que, durante a domesticação da soja, muitos dos genes úteis – a exemplo dos relacionados à resistência a doenças e ao conteúdo de proteína – podem ter sido perdidos ao longo do processo de seleção artificial.

Os efeitos do melhoramento sobre a diversidade genética da cultura da soja no Brasil, com base em cinco períodos de lançamento de cultivares e seis programas de melhoramento, foi alvo de estudo de Prioli et al. (2004). Os autores apontaram maior variação dentro do que entre programas de melhoramento de soja no Brasil e assinalaram também que o germoplasma brasileiro de soja manteve a diversidade genética constante nos últimos 30 anos de melhoramento e expansão da cultura.

Villela et al. (2014) estimaram a diversidade genética em 74 cultivares de soja com tolerância ao herbicida glifosato, as quais pertenciam a distintos programas de melhoramento de soja no Brasil. Utilizando marcadores moleculares e informações

fenotípicas observaram, por meio da análise dos resultados, uma variabilidade genética entre os cultivares. Porém, alguns programas obtiveram menor diversidade genética entre suas cultivares, indicando base genética estreita para desenvolverem novas cultivares com tolerância ao glifosato.

Oda et al. (2015) avaliaram 21 cultivares de soja provenientes de diferentes programas de melhoramento, adaptadas a diferentes regiões do Brasil e do mundo e lançadas no mercado em diferentes períodos. Os autores, considerando caracteres fenotípicos, moleculares (marcadores microsatélites *Simple Sequence Repeats*) e o coeficiente de parentesco, concluíram que a variabilidade genética se manteve a mesma ao longo de quase 40 anos de melhoramento.

2.5.1. Estudos de diversidade genética baseados em informações fenotípicas

Apesar do número de informações genéticas provenientes de marcadores moleculares ter aumentando em grandes proporções para os estudos de diversidade genética, continua-se a enfatizar a diversidade por meio de características fenotípicas, especialmente as de natureza quantitativa. Essas características exibem, comumente, distribuição contínua, são determinadas por polígenes de pequenos efeitos e influenciadas pelo ambiente. Todavia, são de grande interesse, em virtude de sua importância econômica e do anseio de maximizar o sucesso na escolha correta de combinações híbridas, de maneira que o sucesso das estratégias de seleção não seja comprometido (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

A análise de divergência genética tem sido praticada com base em caracteres fenotípicos em soja (SALIMI et al., 2012; PELUZIO et al., 2012; VILLELA et al., 2014; SOUSA, 2015; CANTELLI et al., 2016; RODRIGUES et al., 2017).

2.5.2. Métodos de estudos de diversidade genética

Baseando-se em processos preditivos, observa-se um aumento no uso de técnicas multivariadas para qualificação da divergência genética, pois elas permitem considerar simultaneamente diversos caracteres, sem a necessidade de obtenção prévia das combinações híbridas (SUDRÉ et al., 2006). Estimativas de diversidade genética por meio de análises multivariadas se mostraram eficientes em prover informações sobre a

variabilidade genética de diversas culturas (CHIORATO et al., 2007; AMORIM et al., 2009; GOUVÊA et al., 2010; VILLELA et al., 2014; CANTELLI et al., 2016).

Técnicas multivariadas, como componentes principais, variáveis canônicas e de agrupamento (hierárquicos e de otimização), podem ser aplicadas no estudo da diversidade, com a vantagem de conseguir unificar múltiplas informações de um conjunto de variáveis de interesse no melhoramento genético. A escolha do método mais adequado depende dos objetivos traçados pelo pesquisador, da facilidade de análise e da forma com que os dados foram obtidos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os métodos de agrupamento dependem da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada entre os genótipos, entre as quais se encontram a distância Euclidiana média e a distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Esta última é uma medida obtida a partir de dados quantitativos, com repetições, sendo empregada em estudos de divergência em diferentes culturas (MULATO et al., 2010). De acordo com Cruz, Carneiro e Regazzi (2014), além de possibilitar o estudo da diversidade genética, é possível, por meio das distâncias generalizadas de Mahalanobis, quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética utilizando o critério proposto por Singh (1981).

Esses métodos têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro dos subgrupos e heterogeneidade entre eles. Entre esses métodos de agrupamento, os hierárquicos e os de otimização são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas (RAMALHO et al., 2012).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja construído um dendrograma, não existindo preocupação quanto ao número ideal de grupos, uma vez que o interesse maior está no quadro de ramificações que são obtidas no dendrograma. As delimitações são estabelecidas por um exame visual do dendrograma, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível, tomando-se em geral como delimitadores do número de genitores para determinado grupo (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Os métodos hierárquicos são também divididos em métodos aglomerativos e divisivos. Entre os métodos aglomerativos, pode-se citar o método de ligação simples (*Single Linkage Method*), também conhecido como método do vizinho mais próximo; o

de ligação completa (*Complete Linkage Method*), também conhecido como método do vizinho mais distante; o da ligação média entre pares de grupos não ponderado (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* - UPGMA); o do Centróide; e o de Ward (1963). (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Em estudos de diversidade genética de soja, a metodologia de UPGMA tem sido utilizada com mais frequência para a identificação de grupos de genótipos mais similares (NOGUEIRA, 2011; SOUSA, 2013; VILLELA et al., 2014; SOUSA, 2015; CANTELLI et al., 2016).

Nos métodos de otimização, o conjunto de genótipos são separados em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização de alguma medida de dissimilaridade preestabelecida (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Entre os métodos de otimização mais utilizados no melhoramento genético, o método de Tocher usa o critério do estabelecimento de grupos, de forma que a distância média intragrupo seja sempre inferior a qualquer distância média intergrupo (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Rodrigues et al. (2017) estimaram a divergência genética entre 49 genótipos de soja, visando auxiliar programas de melhoramento voltados à qualidade do grão na escolha de progenitores. Utilizaram a distância generalizada de Mahalanobis para a estimativa de dissimilaridade e o método de otimização de Tocher e o método hierárquico UPGMA para o agrupamento. Houve variabilidade genética entre os acessos, bem como foi possível indicar as hibridações mais promissoras no que concerne ao alto teor de proteína ou de óleo.

Cantelli et al. (2016) estudaram a padrão de agrupamento de 51 linhagens de soja e 3 testemunhas, por meio de sete métodos diferentes de agrupamento: método de otimização de Tocher; métodos hierárquicos: Vizinho mais próximo, vizinho mais distante, Ward, WPGMA, centróide e UPGMA. O método do vizinho mais próximo mostrou a maior similaridade ao método de otimização de Tocher.

Ferreira Júnior et al. (2015), ao avaliarem o desempenho agronômico e a divergência genética entre linhagens avançadas e superiores de soja, utilizaram os métodos de Tocher e Ward e verificaram variabilidade entre os genótipos, sendo possível a identificação de genótipos divergentes e com características agronômicas desejáveis.

Villela et al. (2014), ao estudarem a diversidade genética em 74 cultivares de soja com tolerância ao herbicida glifosato, baseando-se em técnicas multivariadas (distância Euclidiana, agrupamento de Tocher, UPGMA e componentes principais), descreveram que tanto os marcadores moleculares SSR quanto os caracteres fenotípicos concederam a caracterização adequada da variabilidade genética de germoplasma de soja e da estimativa da diversidade genética entre os cultivares ensaiados.

2.6. Interação genótipos por ambientes

Os programas de melhoramento genético de plantas objetivam proporcionar aos agricultores cultivares superiores às existentes no mercado em rendimento de grão, alta estabilidade e adaptabilidade a determinadas condições ambientais. Para atingir esse objetivo, faz-se necessário compreender os fatores que levam a um fenótipo vantajoso (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013).

O valor fenotípico de um indivíduo, quando avaliado em um ambiente, é o resultado da ação do efeito genotípico sob influência do meio ao qual é submetido. Todavia, ao ensaiar o mesmo indivíduo em vários ambientes, surge, seguidamente, um componente extra que influencia o seu valor fenotípico, que é denominado interação entre os efeitos genotípicos e os ambientais. Essa interação quantifica o comportamento diferenciado dos genótipos diante das variações ambientais (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Borém e Miranda (2013) classificaram o ambiente como as condições edafoclimáticas associadas com práticas culturais, ocorrência de patógenos e outras variáveis que afetam o desenvolvimento das plantas. Para Silva et al. (2011), o ambiente (época de semeadura, ano e práticas culturais) pode ser definido como o resultado dos componentes biofísicos que influenciam o desenvolvimento e o crescimento das plantas.

Como a interação de genótipos por ambientes ($G \times A$) resulta da resposta diferenciada dos genótipos à variação ambiental, essa não deve ser vista como um simples efeito estatístico e, sim, como um fenômeno biológico com suas aplicações no melhoramento de plantas (CHAVES, 2001). Assim, é por meio de procedimentos estatísticos, juntamente com conhecimento biológico, que se podem obter melhores informações para entender a interação $G \times A$ e propor alternativas para minimizá-la ou aproveitá-la em benefício do melhoramento e do lançamento de cultivar com maior especificidade (GARBUGLIO; FERREIRA, 2015).

A divisão de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes é o procedimento mais utilizado pelos melhoristas para enfrentar a interação de genótipos por ambientes, possibilitando identificar genótipos específicos para cada uma das sub-regiões (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

A interação $G \times A$ pode ser classificada em dois tipos: simples e complexa. A interação simples é proporcionada pela diferença de variabilidade entre os genótipos nos ambientes, de forma que a posição relativa desses genótipos não é alterada. Esse tipo de interação não impõe dificuldade à seleção dos genótipos superiores e à indicação de cultivares, uma vez que os melhores genótipos em um ambiente também o são em outros. A interação complexa ocorre pela falta de correlação entre os desempenhos dos genótipos, de modo que esses apresentam diferentes respostas em função das variações ambientais, causando alteração na sua classificação nos diferentes ambientes (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Os programas de melhoramento genético de soja desenvolvem a cada ano novas cultivares, buscando obter ganhos quantitativos e qualitativos para antecipar o seu uso pelos produtores. Uma etapa anterior à indicação de uma cultivar para os agricultores é a avaliação dos genótipos em vários ambientes representativos do local de recomendação do material selecionado (MAIA et al., 2014). Na etapa final do programa de melhoramento, as empresas obtentoras de cultivares conduzem ensaios durante dois anos em pelo menos um local por região edafoclimática, para fins de determinação de VCU, nos quais devem ser incluídas cultivares comerciais já registradas e protegidas e as linhagens que o obtentor acredita possuírem potencialidades para comercialização futura (MAPA, 2017).

Esses ensaios fazem parte da avaliação final que antecede a indicação de uma cultivar e, devido a isso, devem ser instalados em um grande número de ambientes, com diversas condições ambientais. Nessas condições, é esperada uma acentuada interação $G \times A$, especialmente quanto ao caráter de produtividade de grãos, conforme apontam Ramalho et al. (2012).

De acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), estudos a respeito da interação $G \times A$, apesar de serem de grande importância para o melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo diante das variações ambientais. Para esse objetivo ser alcançado, são realizados os estudos de adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

2.7. Adaptabilidade e Estabilidade

A interação G x A se constitui como um dos maiores desafios dos programas de melhoramento, seja durante a seleção ou na recomendação de cultivares. Entre as alternativas para se amenizar a influência dessa interação, recomenda-se o emprego de cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Estudos de adaptabilidade e estabilidade são úteis, pois, dependendo da metodologia utilizada, informações do ambiente podem ser obtidas, caracterizando-o como favorável ou desfavorável. Além disso, também é possível adquirir informações sobre o genótipo, identificando aquele com capacidade de aproveitar o estímulo do ambiente, apresentar um comportamento previsível e que seja responsivo às variações ambientais, em diferentes condições (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

As metodologias para estudo da adaptabilidade e estabilidade são várias e, à medida que foram sendo criadas, houve uma tendência de aumento no número de parâmetros para se avaliar a *performance* genotípica (desempenho, comportamento e flutuações de um genótipo quando exposto a vários ambientes) das cultivares, o que tem tornado a interpretação mais difícil. Metodologias simples, com base em uma só informação, apresentam grande facilidade de interpretação. Entretanto, os parâmetros estimados por esses métodos deixam a desejar quanto à análise da *performance* genotípica (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

2.7.1. Métodos de estudo de adaptabilidade e estabilidade

Os métodos de Wricke (1965), Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988), o qual foi modificado por Carneiro (1998), Annicchiarico (1992), Centróide (Rocha et al., 2005) e AMMI (ZOBEL et al., 1988) foram referenciados abaixo:

O **método de Wricke (1965)**, denominado como “ecovalência” (ω_i), propõe um parâmetro de estabilidade estimado pela decomposição da soma de quadrados da interação G x A em componentes associados a genótipos individuais, ou seja, cada genótipo contribui para a interação geral, de modo que aquele com menor ecovalência seria o que menos contribui para a soma de quadrado da interação.

É estimado, conforme Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), decompondo-se a soma de quadrados da interação genótipo x ambientes nas partes devidas a genótipos isolados. A partição foi feita por meio da estatística ω_i , dada por:

$$\omega_i = r \sum_j \hat{GA}_{ij}^2 = \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..})^2$$

Em que:

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

$\bar{Y}_{i.}$: média do genótipo i;

$\bar{Y}_{.j}$: média do ambiente j;

$\bar{Y}_{..}$: média geral.

O **método de Eberhart e Russell (1966)** é um método paramétrico que se baseia em uma análise de regressão linear simples da média genotípica em cada ambiente com um índice ambiental, função da média dos ambientes para todos os genótipos. Os coeficientes de regressão e os desvios de regressão proporcionam estimativas de parâmetros de estabilidade e adaptabilidade. Desse modo, um genótipo ideal é aquele que possui média alta, coeficiente de regressão igual a 1,0 e desvio de regressão tão pequeno quanto possível. O modelo matemático é expresso a seguir:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

Em que:

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

β_{0i} : média geral do genótipo i

β_{1i} : coeficiente de regressão linear, que descreve a resposta do i-ésimo genótipo à variação do ambiente

I_j : índice ambiental codificado ($\sum_j I_j = 0$)

δ_{ij} : desvio de regressão

$\bar{\epsilon}_{ij}$: erro experimental médio

O **método de Lin e Binns (1988), modificado por Carneiro (1998)**, baseia-se em uma análise não paramétrica e tem sido empregado pela sua facilidade de análise e simplicidade dos resultados obtidos. Além de ser uma boa alternativa na avaliação da

estabilidade, pois não apresenta as limitações mencionadas com uso da regressão e possibilita identificar uma cultivar ou mais cultivares com desempenho próximo do máximo nos vários ambientes testados. O método foi modificado por Carneiro (1998) para suprir as necessidades de identificar genótipos superiores nos grupos de ambientes favoráveis e desfavoráveis.

Nessa metodologia, o parâmetro principal de estabilidade é definido como índice de estabilidade (P_i), que é a medida de superioridade máxima de um genótipo. Esse parâmetro corresponde ao quadrado médio da distância entre a resposta de determinado genótipo que apresenta produtividade máxima comparada com a dos demais genótipos, em um dado ambiente. Dessa forma, o quadrado médio indica uma superioridade geral do genótipo em questão, pois quanto menor for o valor de P_i , mais estável é o genótipo (DAHER et al., 2003). O modelo matemático é dado por:

$$P_i = \frac{\sum_{j=1}^n (X_{ij} - M_j)^2}{2n}$$

Em que:

P_i : estimativa do parâmetro da estabilidade e adaptabilidade do genótipo i

X_{ij} : produtividade do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente

M_j : resposta máxima observada entre todos os genótipos no ambiente j

n : número de ambientes

Assim, para o parâmetro P_i em ambientes favoráveis P_{if} :

$$P_{if} = \frac{\sum_{j=1}^f (X_{ij} - M_j)^2}{2f}$$

Em que:

f : é o número de ambientes favoráveis.

X_{ij} : produtividade do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente

M_j : resposta máxima observada entre todos os genótipos no ambiente j

E para o parâmetro P_i decomposto em ambientes desfavoráveis P_{id} .

$$P_{id} = \frac{\sum_{j=1}^d (X_{ij} - M_j)^2}{2d}$$

Em que:

d : é o número de ambientes desfavoráveis.

O índice de confiança, proposto por **Annicchiarico (1992)** para a recomendação de cultivar, considera a probabilidade de risco em um índice de recomendação, o qual incorpora a média de cultivar e o conceito de estabilidade. Nesse caso, as médias dos genótipos expressam uma porcentagem dos valores médios de ambientes. A média e o desvio padrão de cada genótipo foram calculados para todos os ambientes com base nessa transformação.

De acordo com Cruz, Carneiro e Regazzi (2014) o índice de recomendação é calculado por meio da expressão:

$$\omega_{i(g)} = \hat{\mu}_{i(g)} - Z (1-\alpha)\hat{\sigma}_{Zi(g)}: \text{considerando todos os ambientes}$$

$$\omega_{i(f)} = \hat{\mu}_{i(f)} - Z (1-\alpha)\hat{\sigma}_{Zi(f)}: \text{considerando apenas os ambientes favoráveis}$$

$$\omega_{i(d)} = \hat{\mu}_{i(d)} - Z (1-\alpha)\hat{\sigma}_{Zi(d)}: \text{considerando apenas os ambientes desfavoráveis}$$

Em que $Z (1-\alpha)$ corresponde ao percentil da função de distribuição normal padrão, para qual a função de distribuição acumulada atinge o valor $1-\alpha$.

O **método Centróide**, por sua vez, baseou-se em uma metodologia de análise multivariada utilizando componentes principais, que se caracterizam por associar as vantagens dessa metodologia a estudos da interação genótipo x ambiente. Ademais, ele se fundamenta na comparação de valores de distância cartesiana entre os genótipos e quatro referências ideais (de máxima ou mínima resposta em relação ao conjunto de dados avaliados) em uma dispersão de componentes principais, visando facilitar a recomendação de genótipos. Esse método difere em relação aos métodos baseados em análise de variância por permitir o direcionamento dos cultivares em relação à variação ambiental e pela facilidade de identificação dos genótipos, dispensando a análise simultânea de vários parâmetros como nos métodos baseados em regressão (ROCHA et al., 2005).

O **método multivariado AMMI** (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*), proposto inicialmente por Mandel (1971), é um tipo de análise que permite um detalhamento maior da soma de quadrados da interação e, conseqüentemente, traz vantagens no entendimento desse efeito, quando comparados a outros métodos tradicionais de análise (ZOBEL et al., 1988).

2.8. Programa de Melhoramento e de Estudos Genéticos em Soja da UFU

A Universidade Federal de Uberlândia implantou em 1996 (PII, 2011), o Programa de Melhoramento e de Estudos Genéticos em Soja (PMEGS-UFU), sob coordenação do professor Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki. A meta desse programa é aprimorar as tecnologias de produção da soja em ambientes tropicais, desenvolvendo-se novas cultivares convencionais, produtivas, resistentes aos estresses bióticos e abióticos, com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípicas, resultado da aplicação de métodos de melhoramento clássico e molecular (PMSOJA, 2017).

Os programas de melhoramento genético têm buscado avaliar e quantificar a diversidade genética entre genótipos, uma vez que a base genética estreita da soja é a causa direta de sua vulnerabilidade genética (SOUSA et al., 2015), assim ampliar a base genética é de extrema importância. De acordo com Bisinotto (2013), alguns resultados já foram alcançados com a incorporação de germoplasmas exóticos no programa de melhoramento da UFU, e os estudos realizados por Hamawaki et al. (2002) comprovam a eficiência de cruzamentos ócuplos no aumento de variabilidade genética, sendo possível selecionar genótipos superiores para caracteres de importância agrônômica.

As pesquisas do PMEGS-UFU envolvem hibridações, avanços das gerações iniciais nas casas de vegetações e gerações avançadas no campo, avaliação de populações em gerações segregantes, testes de progênies, testes de adaptabilidade e estabilidade, avaliações de resistências às pragas, doenças e aos estresses térmicos e hídricos, seleção de linhagens promissoras e produção de semente genética. Existe, ainda, uma ampla rede universitária de pesquisas com a soja, envolvendo as seguintes instituições universitárias: a Universidade Federal do Piauí; a Universidade Federal de Mato Grosso, Campus Rondonópolis; o Instituto Federal Goiano, Campus Urutaí; a Universidade Estadual de Minas Gerais, Campus Ituiutaba; Fundação Educacional de Ituverava e a Faculdade Arnaldo Horácio Ferreira de Luís Eduardo Magalhães, na Bahia (PMSOJA, 2017).

A partir do ano 2000, os ensaios de VCU das linhagens desenvolvidas pelo programa foram instalados nas principais regiões produtoras de Minas Gerais, e ao longo dos anos, as parcerias entre instituições de ensino e pesquisadores de vários locais do Brasil foram firmadas para condução desses ensaios (BISINOTTO, 2013). Atualmente, as novas cultivares do programa são testadas em nove estados brasileiros:

Bahia, Goiás, Maranhão, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Piauí, Rondônia e Tocantins (PMSOJA, 2017).

No ano de 2016, o PMEGS-UFU completou 20 anos, sendo que, durante esse período, foram desenvolvidas 12 novas cultivares de soja convencional já registradas e protegidas junto ao Registro Nacional de Cultivares no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (RNC-MAPA). As cultivares, em ordem cronológica de registro, são: UFUS IMPACTA; UFUS MILIONÁRIA; UFUS RIQUEZA; UFUS GUARANI; UFUS 7910; UFUS 8710; UFUS XAVANTE; UFUS 7415; UFUS 7401; UFUS 6901; UFUS 8301 e UFUS 7801. As cultivares desenvolvidas apresentam alguns destaques, como: elevado potencial produtivo em grãos e óleo; adaptabilidade e estabilidade produtiva às regiões recomendadas; resistência parcial ou total à ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) da soja, aos nematoides formadores de galhas (*Meloidogyne spp*), às lesões radiculares (*Pratylenchus brachyurus*), ao cisto (*Heterodera glycines*), ao mofo branco (*Sclerotinia sclerotiorum*), à mancha alva (*Corynespora cassiicola*) e à podridão parda da haste (*Phialophora gregata*).

2.9. Referências

- ALCÂNTARA NETO, F. **Caracterização genético - molecular de um banco ativo de germoplasma de soja**. 2005. 75 f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento) – Faculdade de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2001. Disponível em: <<http://alexandria.cpd.ufv.br:8000/teses/fitotecnia/2005/187259f.pdf>>. Acesso em: 18 dez. 2016.
- ALLIPRANDINI, L. F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P. F.; CAVASSIM, J. E.; GABE, H. L.; KUREK, A.; MATSUMOTO, M. N.; OLIVEIRA, M. A. R. de; PITOL, C.; PRADO, L. C.; STECKLING, C. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 801-808, 2009. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/127659/1/SP-15720.pdf>>. Acesso em: 6 jan. 2017.
- AMORIM, E. P.; LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; AMORIM, V. B. O.; REIS, R. V. dos; SANTOS-SEREJO, J. A. dos; SILVA, S. O. Caracterização agrônômica e molecular de genótipos diplóides melhorados de bananeira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 31, n. 1, p. 154-161, 2009. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/rbf/v31n1/v31n1a22.pdf>>. Acesso em: 6 jan. 2017.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. **J. Genetics & Breeding**, [S.L.], v. 46, p. 269-278, 1992.
- BENIN, G.; CARVALHO, F. I.; ASSMANN, I. C.; CIGOLINI, J.; CRUZ, P. J.; MARCHIORO, V. V.; LORENCETTI, C.; SILVA, J. A. G. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 8, p. 179-184, 2002. Disponível em: <<https://periodicos.ufpel.edu.br/ojs2/index.php/CAST/article/download/474/463>>. Acesso em: 6 jan. 2017.
- BISINOTTO, F. F. **Correlações entre caracteres como critério de seleção indireta, adaptabilidade e estabilidade em genótipos de soja**. 77 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) - Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2013.
- BOLDT, A.S. **Diversidade genética, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja no Mato Grosso**. 204 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011. Disponível em: <<http://locus.ufv.br/bitstream/handle/123456789/4750/texto%20completo.pdf?sequence=1&isAllowed=y>>. Acesso em: 21 jan. 2017.
- BONATO, A. L. V. **Avaliação da diversidade genética entre cultivares brasileiras de soja, através de marcadores AFLP**. 89 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. 2000.

BONATO, A. L. V.; CALVO, E. S.; GERALDI, I. O.; ARIAS, C. A. A. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**. v. 29, p. 692-704, 2006. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/gmb/v29n4/32122.pdf>>. Acesso em: 21 jan 2017.

BONETTI, L. P. Cultivares e seu melhoramento genético. In: VERNETTI, F. J. (Ed.) **Soja: genética e melhoramento**. Campinas: Fundação Cargill, 1983. p. 741-800.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. Interação genótipo x ambiente. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013, p.131-144.

BORÉM, A.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Hibridação em soja. In: BORÉM, A (Ed.) **Hibridação artificial de plantas**. 2. ed., Viçosa: Editora UFV, 2009, p.514-536.

CANTELLI, D. A. V.; HAMAWAKI, O. T.; ROCHA, M. R.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, C. D. L. Analysis of the genetic divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetic and Molecular Research** 15, 2016. Disponível em: <<http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2016/vol15-4/pdf/gmr8836.pdf>>. Acesso em: 21 mai 2017.

CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 155 f. Tese. Doutorado em Genética e Melhoramento Universidade Federal de Viçosa. 1998.

CÉLERES, Adoção de Biotecnologia 2016/17. **Informativo Biotecnologia**. IB16.03. 09 dez. 2016. Disponível em: < <http://www.celeres.com.br/2o-levantamento-de-adocao-da-biotecnologia-agricola-no-brasil-safra-201617/>>. Acesso em: 13 fev. 2017.

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

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; BENCHIMOL, L. L.; CHIAVEGATO, M. B.; DIAS, L. A. S.; COLOMBO, C. A. Genetic diversity in common bean accessions evaluated by means of morpho-agronomical and RAPD data. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 64, n. 3, p. 256-262, 2007. Disponível em: < <http://www.scielo.br/pdf/sa/v64n3/07.pdf>>. Acesso em: 6 jan. 2017.

CHUNG, G.; SINGH, R.J. **Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach**. **Critical Reviews in Plant Sciences**, London, v. 27, p. 295-341, 2008. Disponível em: <https://www.researchgate.net/profile/Gyuhwa_Chung/publication/248936573_Broadening_the_Genetic_Base_of_Soybean_A_Multidisciplinary_Approach/links/0f317531bb89705c49000000.pdf>. Acesso em: 6 jan. 2017.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos** – v.4 – SAFRA 2016/17 – N.4 – Quarto levantamento. Brasília: CONAB, janeiro 2017, 162p.

Disponível em:

<http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_01_11_11_30_39_boletim_graos_janeiro_2017.pdf>. Acesso em: 14 jan. 2017.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. Evolução dos custos de produção de soja no Brasil. **Compêncio de estudos Conab**, v. 2, 2016.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Imprensa Universitária. 2014. v. 2, 668p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Imprensa Universitária. 2012. v. 1, 514p.

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

DAHER, R.F.; PEREIRA, M. G.; AMARAL, J.R. A. T.; PEREIRA, A. V.; LÉDO, F. J. S.; DAROS, M. Estabilidade da produção forrageira em genótipos de capim elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). **Ciência Agrotecnologia**; 27(4): 788-797. 2003.

DALL'AGNOL, A.; **A Embrapa Soja no contexto do desenvolvimento da soja no Brasil: histórico e contribuições**. Brasília, DF: Embrapa, 2016.

DIAS, A. R.; BORGES, E. P. Soja: produção, patologias e manejos no Brasil. In: LEMES, E.; CASTRO, L.; ASSIS, R.; (Ed.). **Doenças da soja: melhoramento genético e técnica de manejo**. Campinas: Millennium, 2015, p. 1-14.

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

FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M. de; REIS JUNIOR, F. B. **Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária**. [S.I.]. 2011. Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/916213/1/LivroFaleiro01.pdf>>. Acesso em: 6 jan. 2017.

FERREIRA JÚNIOR, J. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ESPINDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V. F.; DI MAURO, A. O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Ciência Agronômica**, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015. Disponível em: <<http://www.ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista/article/view/3768/1180>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

FERREIRA, M.; SANTOS, C. M.; FERNANDES R. A. S. Fontes de crescimento das exportações brasileiras de soja em grão: uma análise de *constant market share*. In: Reunião de Pesquisa de Soja. 34., 2014, Londrina. **Anais...**: Londrina, PR. EMBRAPA, 2014. p. 21-23.

GARBUGLIO, D. D.; FERREIRA, D. F. (2015) FGGE method: description and application in data from maize cultivars. **Euphytica** 204: 723-737.

GAZZONI, D. L. **Soybean and bees**. Londrina: Embrapa Soja, 2016. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/153168/1/livro-SOYBEAN-AND-BEES-baixa.pdf>>. Acesso em: 22 jan. 2017.

GAZZONI, D. L. **A sustentabilidade da soja no contexto do agronegócio brasileiro e mundial**. Documentos 344. Londrina: Embrapa Soja, 2013. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/94641/1/Doc-344-online.pdf>>. Acesso em: 6 jan. 2017.

GOUVÊA, L. R. L.; RUBIANO, L. B.; CHIORATO, A. F.; ZUCHI, M. I.; GONÇALVES, P. S. Genetic divergence of rubber tree estimated by multivariate techniques and microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 33, n. 2, p. 308-318, 2010. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/gmb/v33n2/2009-177.pdf>>. Acesso em: 6 jan. 2017.

HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; SOUSA, L. B.; FELICI, P. H. N.; ALCÂNTARA NETO, F.; TAVARES, S. O.; SILVA, R. H. O. **Anais...** Sinabiotec. Coeficiente de determinação genotípico e variabilidade fenotípica para caracteres agronômicos em soja. 2014. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/horizontecientifico/issue/download/1180/40>>. Acesso em: 4 dez. 2016.

HAMAWAKI, O. T.; REZENDE, D. F.; SAGATA, E.; SOUSA, L. B.; UFUS-MINEIRA: new soybean cultivar for the state Minas Gerais. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.26, n.3, p.424-427, May/June 2010. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/viewFile/7207/6830>>. Acesso em: 14 jan. 2017.

HAMAWAKI, O. T.; VELLO, N. A.; HAMAWAKI, R. L. Seleção de progênie superiores em cruzamentos óctuplos de soja. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.2, n.18, p.49-58, 01 jan. 2002. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/viewFile/6419/4154>>. Acesso em: 7 jan. 2017.

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

HYTEN, D. L.; SONG, Q.; ZHU, Y.; CHOI, I. Y.; NELSON, R. L.; COSTA, J. M.; SPECHT, J. E.; SHOEMAKER, R. C.; CREGAM, P. B. Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, v. 103, p. 16666 – 16671, 2006. Disponível em: <<http://www.pnas.org/content/103/45/16666.full.pdf>>. Acesso em: 18 dez. 2016.

KIM, M. Y.; VAN, K.; KANG, Y. J.; KIM, K. H.; LEE, S. Tracing soybean domestication: from nucleotide to genome. **Breed Science**, 61 (5), 2012.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A method of analyzing cultivar x location x year experiment: a new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.76, n.3, p. 425-430, 1988.

MAIA, C. C.; VELLO, N. A.; ARAÚJO, L. B. de; DIAS, C. T. dos S.; OLIVEIRA, L. C. de; ROCHA, M. de M. Interação genótipo-ambiente em soja via análise de componentes principais com múltiplas matrizes de dados. **Revista Agro@ambiente On-line**, v.8, n.1, .104-111, janeiro-abril, 2014.

MALOSETTI, M.; RIBAUT, J. M.; EEUWIJK, F. A. V. The statistic analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in physiology**, Lausanne, v.4, n.1, p.1–17, 2013. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3594989/pdf/fphys-04-00044.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

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

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO - MAPA, 2017. Disponível em: < <http://www.agricultura.gov.br/portal/page/portal/Internet-MAPA/pagina-inicial/vegetal/registros-autorizacoes/registro/registro-nacional-cultivares/formularios-registro-cultivares-requisitos>>. Acesso em: 14 jan. 2017.

MIRANDA, Z. F. S.; ARIAS, C. A. A.; KIHIL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A. A.; TOLEDO, J. F. F. de; DESTRO, D. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 3, p. 363-396, 2007. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/pab/v42n3/09.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

MIRANDA, Z. F. S.; **Base Genética de cultivares de soja no Brasil**. 2005. 871 f. Tese (Doutorado em Agronomia) Universidade Estadual de Londrina, PR. 2005.

MULATO, B. M.; MOLLER, M.; ZUCCHI, M. I.; QUECINI, V.; PINHEIRO, J. B. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.45, n.3, p.276-283, 2010. Disponível em: < <http://www.scielo.br/pdf/pab/v45n3/v45n3a07.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. D. Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas últimas décadas. In: LEMES, E.; CASTRO, L.; ASSIS, R.; (Ed.). **Doenças da soja: melhoramento genético e técnica de manejo**. Campinas: Millennium, 2015, p. 159–178.

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

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; BARROS, H. B.; TEIXEIRA, R. C. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenias, 2009, p. 7–16.

ODA, M. C.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; BARROS, E. G.; FERREIRA, M. F. S. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in

forty years of genetic improvement. **Agronomy Science and Biotechnology**. 1(1), pp. 1-9. 2015.

PELUZIO, J. M.; PIRES, L. P. M.; CANCELLIER, L. L.; AFFÉRI, F. S.; COLOMBO, G. A.; TEIXEIRA JUNIOR, T.; RIBEIRO, G. R. S. Genetic divergence among soybean cultivars in irrigated lowland in the State of Tocantins. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 3, p. 395-400. Mar. 2012. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/cr/v42n3/a8812cr5438.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

PPI. Programa de Incentivo à Inovação (MG). Melhoramento da soja. **PII - Programa de Incentivo à Inovação na UFU / PII**. Uberlândia: UFU, 2011. Disponível em: <https://issuu.com/julianasgarcia/docs/pii-8_uvu>. Acesso em: 21 jan. 2017.

PMSOJA. **Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia**. Site. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/>>. Acesso em: 7 jan. 2017.

PRIOLLI, R. H. G.; WYSMIERSKI, P. T.; CUNHA, C. P.; PINHEIRO, J. B.; VELLO, N. A. Genetic structure and a selected core set of brazilian soybean cultivars. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo. v. 36, n. 3, p. 382-390, 2013. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/gmb/v36n3/2012-379.pdf>>. Acesso em: 14 jan. 2017.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; SOUSA, S. M. B.; SOUSA, N. E. A.; CONTEL, E. P. B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004. Disponível em: <<http://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/112539/1/39n10a04.pdf>>. Acesso em: 4 dez. 2016.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; ARANTES, N. E.; CONTEL, E. P. B. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, p. 185-193, 2002.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

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

RODRIGUES, J. I. S.; ARRUDA, K. M. A.; CRUZ, C. D.; BARROS, E. G.; PIOVESAN, N. D.; MOREIRA, M. A. Genetic divergence of soybean genotypes in relation to grain components. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 47, n. 2. 2017. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/cr/v47n2/1678-4596-cr-47-02-20151258.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

SALIMI, S.; LAHIJI, H. S.; ABADI, G. M.; SALIMI, S.; MORADI, S. Genetic diversity in soybean genotypes under drought stress condition using factor analysis and cluster analysis. **World Applied Sciences Journal**, Dubai, v. 16, n. 4, p. 474-478,

2012. Disponível em: <
<https://pdfs.semanticscholar.org/df05/1f238fd6e279c65be01d204a909135533d9e.pdf>>.
Acesso em: 21 jan. 2017.

SEDIYAMA, T. **Produtividade da soja**. Londrina: Ed. Mecenass, 2016. 310p.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: Ed. UFV, 2015. 333p.

SEDIYAMA, T. **Tecnologia de produção de sementes de soja**. Londrina: Mecenass, 2013. 352p.

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

SILVA, R. R.; BENIN, G.; SILVA, G. O.; MARCHIORO, V. S.; ALMEIDA, J. L.; MATEI, G. 2011. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de trigo em diferentes épocas de semeadura, no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 46(11), 1439-1447. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/pab/v46n11/v46n11a04.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

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

SNELLER, R. C.; MILES, J.; HOYT, J. M. Agronomic performance of soybean plant introduction and their genetic similarity to elite lines. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 5, p. 1595-1600, 1997.

SOUSA, I. S. **Caracterização agromorfológica, adaptabilidade e estabilidade de populações e divergência genética entre linhagens de soja**. Piracicaba, 2015. 178 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Disponível em: <http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde-16032016-153531/publico/Iradenia_da_Silva_Sousa.pdf>. Acesso em: 18 dez. 2016.

SOUSA, L. B.; MATSUO, E.; BORÉM, A. Vulnerabilidade genética da soja às doenças. In: LEMES, E.; CASTRO, L.; ASSIS, R.; (Ed.). **Doenças da soja: melhoramento genético e técnica de manejo**. Campinas: Millennium, 2015, p. 1–14.

SOUSA, L. B. **Melhoramento genético de soja: diversidade fenotípica e molecular, correlações entre caracteres e adaptabilidade e estabilidade por métodos multivariados**, 2013, 139 f. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

SUDRÉ, C. P.; CRUZ, C. D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. SILVA, D. J. H.; PEREIRA, T. N. S. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, p 88-93, 2006. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/%0D/hb/v24n1/a18v24n1.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

VELLO, N. A.; HIROMOTO, D. M.; AZEVEDO FILHO, A. J. B. V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. **Revista Brasileira de Genética** 11(1), pp. 679-97. 1988.

VERNETTI, F. J.; VERNETTI JUNIOR, F. J. **Genética da soja: caracteres qualitativos e diversidade genética**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2009. 221p.

VILLELA, O. T.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M. D.; BÁRBARO, L. S. J.; MAURO, A. O. D. Genetic divergence of roundup ready (RR) soybean cultivars estimated by phenotypic characteristics and molecular markers. **African Journal of Biotechnology**. Vol 13 (26), pp. 2613-2625, 25 June, 2014.

WARD, J. H. J. Hierarchical Grouping to Optimize na Objective Function. **Journal of the American Statistical Association**, Volume 58, Issue 301. Mar., 1963. Disponível em: <<http://iv.slis.indiana.edu/sw/data/ward.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hofer. **Pflanzenzuchturg**, Berlin, v.52, p.127-138, 1965.

WYSMIERSKI, P. T. **Seleção de linhagens experimentais de soja para tolerância à ferrugem asiática e produtividade**. 2015. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.

WYSMIERSKI, P. T.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, 36 (4), pp. 547-55. 2013. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3873187/pdf/gmb-36-547.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

WYSMIERSKI, P. T. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras**. 2011. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v.80, p.388-393, 1988.

CAPÍTULO 2

MÉTODOS MULTIVARIADOS NA DETERMINAÇÃO DA DIVERSIDADE FENOTÍPICA EM SOJA CONVENCIONAL DE CICLO PRECOCE EM AMBIENTES DISTINTOS

MÉTODOS MULTIVARIADOS NA DETERMINAÇÃO DA DIVERSIDADE FENOTÍPICA EM SOJA CONVENCIONAL DE CICLO PRECOCE EM AMBIENTES DISTINTOS

Resumo

O estudo da diversidade genética e o conhecimento das relações entre cultivares melhoradas é fundamental para os programas de melhoramento de soja. Os objetivos deste capítulo foram: avaliar a diversidade genética, a partir de caracteres fenotípicos, de genótipos de soja convencional de ciclo precoce, em ambientes distintos, determinar a importância de caracteres na divergência genética de soja e selecionar genitores de ampla diversidade genética para programa de melhoramento, utilizando diferentes métodos de agrupamento multivariados. O experimento foi conduzido em dois locais distintos, Campo Novo dos Parecis - MT, safra 2010/2011 e Urutaí - GO, safra 2012/2013. Foram avaliados dez genótipos de soja convencional de ciclo precoce, em delineamento de blocos completos casualizados, nos quais foram mensurados oito caracteres agronômicos. Ao nível de 1% pelo teste F, observou-se a predominância da existência de variabilidade genética para os caracteres agronômicos dos genótipos cultivados em Campo Novo dos Parecis - MT (CNP-MT) e Urutaí - GO (URU-GO). No ambiente CNP-MT, as estimativas para H^2 oscilaram de 0,00% (APF) a 86,78% (AIV) e em URU-GO de 81,71% (PROD) a 99,52% (APM) para os caracteres avaliados. Os valores do coeficiente cVg/cVe obtidos em CNP-MT, foram superiores a uma unidade para os caracteres AIV, NNO, NVAG e PCG, e em URU-GO, foram superiores para todos os caracteres, o que indicou condição favorável para seleção. Notou-se predominância de interação entre genótipos por ambientes significativa para a maioria dos caracteres agronômicos, que foram também na maior parte, de natureza complexa. As medidas de dissimilaridade genética apresentaram alta magnitude das distâncias (30,10 a 473,54) para CNP-MT e elevada magnitude para URU-GO (48,07 a 3005,31). Pelos dendrogramas de CNP-MT, ao realizar um corte a 33% de dissimilaridade, os genótipos foram separados em cinco, três e dez grupos pelos métodos UPGMA, vizinho mais distante e vizinho mais próximo respectivamente. Já em URU-GO, ao realizar um corte a 33% de dissimilaridade, os genótipos foram separados em quatro, três e quatro para UPGMA, VMD e VMP, respectivamente. Considerando ambos os ambientes, notou-se uma concordância parcial na separação dos genótipos pelos métodos hierárquicos e de otimização de Tocher. Os agrupamentos formados por todos os métodos multivariados, aliados às médias dos valores fenotípicos dos genótipos, permitiram inferir sobre combinações promissoras para hibridações artificiais. O número de dias para a floração, a altura da planta na maturidade e altura de inserção da primeira vagem foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética em soja ao considerarmos os dois ambientes de cultivos. As linhagens UFU 106 e UFU 108 são as mais recomendadas como parte das hibridações com genótipos divergentes, pois são complementares em produtividade de grãos e menor fase vegetativa. Recomendam-se hibridações entre os seguintes pares de genótipos: UFU 106 x UFU 112; UFU 106 x Emgopa 316; UFU 108 x Emgopa 316; UFU 112 x Emgopa 316; para obtenção de populações segregantes com variabilidade genética superior.

Palavras-chave: *Glycine max.*, caracteres fenotípicos, variabilidade genética, análise de agrupamento, seleção de genitores.

MULTIVARIATE METHODS ON THE DETERMINATION OF PHENOTYPIC DIVERSITY IN EARLY MATURITY CONVENTIONAL SOYBEAN IN DIFFERENT ENVIRONMENTS

Abstract

The study of genetic diversity and the knowledge of relationships among improved cultivars is fundamental for soybean breeding programs. The goal was to evaluate the genetic diversity from phenotypic traits of conventional early maturity soybean genotypes in different environments, to determine the importance of traits in soybean genetic divergence, and to select parents of broad genetic diversity for breeding program using different multivariate grouping methods. The experiment was conducted in two distinct locations, Campo Novo dos Parecis - MT, season 2010/2011 and Urutaí - GO, season 2012/2013. Ten genotypes of conventional early-stage soybean were evaluated in a randomized complete block design, in which eight agronomic characters were measured. Prevalence of genetic variability for the genotypes cultivated in Campo Novo dos Parecis - MT (CNP-MT) and Urutaí-GO (URU-GO) was observed at the 1% level by the F test. In the CNP-MT environment the estimates for H^2 varied from 0.00% (APF) to 86.78% (AIV) and in URU-GO from 81.71% (PROD) to 99.52% (APM) for the characters evaluated. The values of the coefficient cVg / cVe obtained in CNP-MT, were higher than one unit for the characters AIV, NNO, NVAG and PCG and in URU-GO were superior for all characters which indicated a favorable condition for selection. It was noted predominance of significative interaction genotypes by environments, for most agronomic characters, which they were also mostly of complex nature. The genetic dissimilarity measures presented high magnitude of distances (30.10 to 473.54) for CNP-MT and extra high magnitude for URU-GO (48.07 to 3005.31). By CNP-MT dendrograms, when cutting 33% dissimilarity, the genotypes were separated into five, three and ten groups by UPGMA, nearest and near neighbor respectively. In URU-GO when performing a cut at 33% dissimilarity, the genotypes were separated into four, three and four respectively for UPGMA, VMD and VMP. Considering both environments, it was noticed that there was partial agreement on the separation of genotypes by hierarchical and Tocher optimization methods. The clusters formed by all multivariate methods, together with the averages of the phenotypic values of the genotypes, allowed to infer about promising combinations for artificial hybridizations. The number of days for flowering, plant height at maturity and height of insertion of the first pod were the characters that most contributed to the genetic divergence in soybean when considering the two crop environments. UFU 106 and UFU 108 strains are the most recommended as part of the hybridizations with divergent genotypes, since they are complementary in grain yield and lower vegetative phase. Hybridizations between the following pairs of genotypes are recommended to obtain segregating populations with superior genetic variability: UFU 106 x UFU 112; UFU 106 x Emgopa 316; UFU 108 x Emgopa 316; UFU 112 x Emgopa 316.

Keywords: *Glycine max.*, phenotypic traits, genetic variability, clustering analysis, parental selection

3.1. Introdução

As pesquisas com soja estão direcionadas à obtenção de cultivares adaptadas às diversas e distintas regiões de cultivo e que apresentem características que possibilitem o incremento da produtividade de grãos. Para tanto, é preciso que os melhoristas disponham de variabilidade genética ampla, a qual pode ser obtida quando se selecionam genitores divergentes nas hibridações artificiais, comumente realizadas nos programas de melhoramento (BORÉM; ALMEIDA; KIIHL, 2009).

O estudo de divergência genética pode auxiliar na escolha dos genitores a serem utilizados em hibridações artificiais, uma vez que cruzamentos entre genótipos provenientes de grupos geneticamente distintos são considerados mais promissores para originar descendentes superiores via recombinação genética e variação transgressiva (BENIN et al, 2002). Pesquisas têm demonstrado que o germoplasma brasileiro da soja é de base genética restrita (HIROMOTO; VELLO, 1986; VELLO et al., 1988; BONATO, 2000; PRIOLLI et al., 2004; MIRANDA, 2005; BONATO et al., 2006; MIRANDA et al., 2007; WYSMIERSKI, 2011; WYSMIERSKI; VELLO, 2013; PRIOLLI et al., 2013; RODRIGUES et al., 2017), porém tem se mantido constante ao longo do tempo (ODA et al., 2015).

Análises multivariadas são amplamente utilizadas em estudo de diversidade genética, entre as quais as mais empregadas são as medidas de dissimilaridade, métodos de agrupamentos, componentes principais e variáveis canônicas (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). O conhecimento da divergência entre genótipos é útil em programas de melhoramento genético, pois propicia informação acerca do grau de semelhança ou diferença entre dois ou mais genótipos. As análises de agrupamentos procuram discriminar geneticamente os genótipos e permitem separá-los em grupos pela análise de um conjunto de características inerentes a cada genótipo, agrupando-os por algum critério de classificação, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Os objetivos desta pesquisa foram: avaliar a diversidade genética de genótipos de soja convencional de ciclo precoce, a partir de caracteres fenotípicos, em ambientes distintos; determinar a importância de caracteres na divergência genética de soja; e selecionar genitores de ampla diversidade genética para programa de melhoramento, utilizando diferentes métodos de agrupamento multivariados.

3.2. Material e Métodos

O experimento foi conduzido em dois locais: Campo Novo dos Parecis – Mato Grosso, na safra 2010/2011 e Urutaí – Goiás, na safra 2012/2013.

Foram avaliados dez genótipos de soja convencional de ciclo precoce: sete linhagens desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético de soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU 104, UFU 106, UFU 108, UFU 110, UFU 112, UFU 117 e UFU 199) e três cultivares (M-SOY 6101, Emgopa 316 e M-SOY 8001) em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. As genealogias dos genótipos estão na Tabela 1 e as características principais das cultivares, na Tabela 2.

Tabela 1. Genealogia dos genótipos de soja convencional, de ciclo precoce, cultivados no município de Campo Novo dos Parecis-MT, safra 2010/2011 e no município de Urutaí-GO, safra 2012/2013.

GENÓTIPOS	GENEALOGIA
UFU 104	(UFV 16 x Liderança) x (BR 95-015308 x UFV 18)
UFU 106	Canário x MG/BR 46 (Conquista)
UFU 108	(UFV16 x Liderança) x (BR 95-015308 x UFV18)
UFU 110	(DM 97-193 x UFV 19) x (BR 95-014745 x MG BR 95-1578)
UFU 112	BR 93-12320 x BR 95-014745
UFU 117	UFV16 x MG BR 934916
UFU 199	(RC1 PI 416937 x IAC 8.2)
M-SOY 6101	--
Emgopa 316	FT79-2564 x Emgopa 302*
M-SOY 8001	EMPAER 10 (MS/BR-34) x COKER 6738**

-- Genealogia protegida pela empresa detentora; * MIRANDA, (2005); ** WYSMIERSKI, (2010).

Tabela 2. Ciclo e região de adaptação das cultivares de soja convencional, de ciclo precoce, utilizadas como testemunhas, no município de Campo Novo dos Parecis-MT, safra 2010/2011 e no município de Urutaí-GO, safra 2012/2013.

CULTIVAR	CICLO*	REGIÃO DE ADAPTAÇÃO*
Emgopa 316	101 a 120	GO, MG, MT, SP
M-SOY 6101	101a 125	GO, MG, PR, SP
M-SOY 8001	105 a 110	GO, MG

* EMBRAPA, (2013).

A parcela experimental constituiu-se de 4 linhas de plantas de soja, com 5 metros de comprimento e espaçadas em 0,5 m. A área útil foi formada pelas 2 fileiras centrais, desprezando 0,5 m em ambas as extremidades, o que resultou em 4 m² para cada parcela.

Foram semeadas 20 sementes por metro linear a três centímetros de profundidade. O desbaste foi realizado no estágio V1 (FEHR; CAVINESS, 1977), deixando-se 12 a 13 plantas por metro linear, para uma população adotada de 240 a 260 mil plantas ha⁻¹.

Quanto aos tratos culturais empregados, no controle de plantas daninhas, foram utilizados herbicidas em pré e pós-emergência. As doenças e insetos-praga foram controlados conforme recomendações técnicas próprias à cultura (EMBRAPA, 2013).

A colheita das plantas foi realizada manualmente e beneficiada com o auxílio de uma trilhadeira de soja. Na parcela útil, foram amostradas cinco plantas aleatoriamente e mensurados os seguintes caracteres por meio de observações visuais e medições de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura, propostos por Fehr & Caviness (1977).

- 1) Número de dias para a floração (NDF):** definido como o número de dias desde a emergência até a floração, quando aproximadamente 50% das plantas da parcela útil apresentavam pelo menos uma flor aberta (estádio R1);
- 2) Altura da planta na floração (APF):** foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal nas cinco plantas no estágio R1;
- 3) Altura da planta na maturidade (APM):** foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal nas cinco plantas no estágio R8;
- 4) Altura de inserção da primeira vagem (AIV):** foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal nas cinco plantas amostradas;
- 5) Número de nós na haste principal (NNO):** Após a colheita, realizou-se a contagem do número de nós produzidos pela haste principal das cinco plantas a partir do nó cotiledonar;
- 6) Número total de vagens por planta (NVAG):** Após a colheita, realizou-se a contagem do número de vagens nas cinco plantas da área útil de cada parcela.
- 7) Peso de 100 grãos (PCG):** Após a colheita e beneficiamento das plantas da área útil da parcela, realizou-se a determinação do peso, em gramas, de 100 grãos;
- 8) Produtividade de grãos (PROD):** obtida por meio da colheita da área útil de cada parcela e pesagem dos grãos obtidos após o beneficiamento dos feixes

de plantas. Os dados obtidos (gramas por parcela) foram transformados para kg ha^{-1} , sendo essa produtividade corrigida para a umidade de 13%, conforme a equação abaixo:

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

Em que:

PF: peso final corrigido da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%).

Com o intuito de avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres quantitativos, análises de variância foram realizadas conforme o modelo abaixo, adotando-se efeitos fixos para genótipos:

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

Em que:

Y_{ij} : é o valor de cada caráter para o i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ : média geral;

B_j : efeito do j-ésimo bloco,

G_i : efeito do i-ésimo genótipo;

ε_{ij} : erro aleatório.

Foi estimado o coeficiente de determinação genotípico (H^2) da seguinte maneira:

$$H^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{QMT/r}$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{(QMT - QMR)}{r}$$

Em que:

H^2 : coeficiente de determinação genotípico;

$\hat{\sigma}_g^2$: componente quadrático genético;

QMT: quadrado médio de genótipos;

QMR: quadrado médio do resíduo,

r: número de repetições.

Os genótipos foram agrupados com base no teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

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

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

Em que:

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

Ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

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

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

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre genótipos, foram obtidos os dendrogramas pelos métodos hierárquicos de ligação média entre grupos (UPGMA), ligação completa (vizinho mais distante) e ligação simples (vizinho mais próximo) (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Utilizando a matriz de dissimilaridade, procedeu-se ao método de agrupamento de otimização de Tocher (RAO, 1952). O primeiro grupo foi constituído por genótipos cuja medida de dissimilaridade era menor; posteriormente, outros genótipos foram incluídos nesse grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido pré-estabelecido (θ) da medida da dissimilaridade encontrado no conjunto de menores distâncias que envolvem cada genótipo. A inclusão ou não de cada genótipo foi determinada por:

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

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

Em que:

n : número de genótipos do grupo original.

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

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

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

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

Em que:

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

Todas as análises foram realizadas utilizando o Programa Computacional em Genética e Estatística (GENES) (CRUZ, 2016).

3.3. Resultados e Discussão

Predominantemente, ao nível de 1% pelo teste F, observou-se a existência de variabilidade genética para os caracteres agrônômicos dos genótipos cultivados em Campo Novo dos Parecis - MT (CNP-MT) e Urutaí - GO (URU-GO) (Tabela 3), o que indica a possibilidade de seleção de linhagens. Cantelli et al. (2016), Adsul & Monpara (2014), Sammour (2014), Liu et al. (2016) também verificaram a existência de variabilidade genética para a maioria dos caracteres avaliados, ao estudarem divergência genética em genótipos de soja no Brasil, na Índia, no Japão e na China, respectivamente.

Tabela 3. Variabilidade fenotípica, parâmetros genéticos e coeficiente de variação de caracteres agrônômicos em linhagens e cultivares de soja convencional cultivada no município de Campo Novo dos Parecis-MT, safra 2010/2011 e no município de Urutaí-GO, safra 2012/2013.

Caracteres	Campo Novo dos Parecis – MT				Urutaí – GO			
	QMG	CV (%)	H ² (%)	cVg/cVe	QMG	CV (%)	H ² (%)	cVg/cVe
NDF	15,07 ^{ns}	6,68	35,86	0,43	61,95 **	2,89	96,44	3,01
APF	73,91 ^{ns}	14,89	0,00	0,00	201,41 **	6,83	84,58	1,35
APM	76,03 *	6,46	70,13	0,88	576,52 **	1,43	99,52	8,29
AIV	12,54 **	6,52	86,78	1,48	45,41 **	6,05	97,93	3,97
NNO	2,70 **	6,05	84,46	1,35	10,37 **	5,49	94,45	2,38
NVAG	699,75 **	23,75	82,07	1,24	691,81 **	5,66	94,27	2,34
PCG	10,21 **	16,14	81,23	1,20	10,33 **	7,56	93,76	2,24
PROD	106213,81 ^{ns}	17,53	48,11	0,56	317333,52 **	14,29	81,71	1,22

ns: não significativo; * e **: significativo a 5% e 1%, respectivamente, pelo teste de F; QMG: quadrado médio dos genótipos; CV(%):coeficiente de variação; H²: coeficiente de determinação genotípico; cVg: coeficiente de variação genético; cVe: coeficiente de variação ambiental; NDF: número de dias para a floração; APF e APM: altura da planta na floração e na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NNO: número de nós na haste principal; NVAG: número total de vagens por planta; PCG: peso de cem grãos; PROD: produtividade de grãos.

O coeficiente de variação (CV) para CNP-MT oscilou entre 6,05% (NNO) a 23,75% (NVAG), enquanto que para URU-GO variou de 1,43% (APM) a 14,29% (PROD). Os CVs para todos os caracteres em estudo apresentaram valores de baixo a médio segundo Pimentel-Gomes (2009), com exceção do número de vagens por planta em CNP-MT que foi superior a 20% (Tabela 3). Valores altos para CV de componentes de produção são aceitáveis, pois estes caracteres são de natureza quantitativa, logo, altamente influenciados pelo ambiente (LEITE et al., 2015). A variação de CV entre os caracteres é muito comum na pesquisa agrônômica, dependendo em grande parte do tipo de herança e dos caracteres avaliados.

Considerando que a produtividade de grãos está sujeita a uma ampla gama de interferências da parte experimental, pode-se, dessa forma, obter CV mais elevado que os outros caracteres avaliados. No entanto, os valores obtidos foram satisfatórios (CNP-MT, 17,53% e URU-GO, 14,29%) (Tabela 3), sendo considerados adequados de acordo com as normas do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2017) para os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCUs). Essas normas consideram aceitáveis apenas os ensaios cujos coeficientes de variação sejam de até 20% e médios, segundo Pimentel-Gomes (2009), que em experimentos de campo, considerou valores dos CVs como baixos (<10%), médios (10% a 20%) e altos (20% a 30%). Quando considerada a classificação de Carvalho et al. (2003), os quais propuseram um CV para produtividade de grãos igual a 16% como um limite aceitável, apenas o ambiente URU-GO se enquadrou.

Em gerações avançadas do processo de melhoramento, o parâmetro H^2 é denominado como coeficiente de determinação genotípico, por se tratar de genótipos já fixados e que foram pré-selecionados durante os avanços de gerações segregantes (VASCONCELOS et al., 2012; YOKOMIZO; VELLO, 2000). As estimativas de H^2 maior ou igual a 70% são consideradas de elevada magnitude (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

No ambiente CNP-MT as estimativas para H^2 oscilaram de 0,00% (APF) a 86,78% (AIV) e em URU-GO de 81,71% (PROD) a 99,52% (APM) para os caracteres avaliados (Tabela 3). As estimativas foram elevadas para APM (70,13%), PCG (81,23%), NVAG (82,07%), NNO (84,46%) e AIV (86,78%) em CNP-MT e em todos os caracteres avaliados em URU-GO ficaram acima de 81% (Tabela 3), indicativo de que as diferenças entre os genótipos são predominantemente de natureza genética. Na comparação entre as estimativas dos dois ambientes nota-se que o H^2 de URU-GO apresentou níveis bem mais elevados em todos os caracteres avaliados (Tabela 3), podendo indicar que o ambiente foi mais adequado para expressão das diferenças de natureza genética.

Glaserapp et al. (2015), ao estudarem a diversidade de caracteres agrônômicos em cultivares de soja com diferentes graus de resistência à *Phakopsora pachyrhizi*, obtiveram variação de 51,32% a 99% no H^2 , corroborando com os resultados obtidos neste estudo.

A razão entre o coeficiente de variação genético (cVg) e o coeficiente de variação ambiental (cVe) pode ser empregada como índice indicativo do grau de

facilidade de seleção de genótipos para cada caráter (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Valores acima de uma unidade são considerados ideais para a seleção (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Os valores do coeficiente cVg/cVe obtidos em CNP-MT, foram superiores à uma unidade para os caracteres AIV, NNO, NVAG e PCG e, em URU-GO, foram superiores para todos caracteres, o que indica condição favorável para seleção (Tabela 3). Resultados similares foram obtidos por Leite et al. (2016) e Andrade et al. (2016).

Os diferentes grupos, formados pelo teste Scott e Knott nos dois ambientes experimentados, evidenciam valores fenotípicos médios distintos entre os genótipos estudados (Tabelas 4 e 5).

Na Tabela 4, no ambiente CNP-MT, observou-se que os caracteres APM, AIV e PCG permitiram separar os genótipos em dois grupos. Já o NNO e o NVAG separaram os genótipos em três grupos. Por outro lado, não foi possível separar os genótipos em grupos para os caracteres NDF, APF e PROD, inferindo que o ensaio sofreu algum estresse ambiental (p.e. hídrico, mato-competição, alta pressão de doenças), reforçado ainda pelas baixas médias de NVAG, PCG e PROD, tanto nas linhagens quanto nas cultivares avaliadas.

Tabela 4. Médias* de caracteres agrônômicos e produtividade de grãos avaliados em linhagens e cultivares de soja convencional cultivada no município de Campo Novo dos Parecis-MT, safra 2010/2011.

Genótipos	NDF	APF	APM	AIV	NNO	NVAG	PCG	PROD
UFU 104	44,00 a	57,50 a	79,50 a	22,00 a	12,00 a	56,00 b	7,90 b	1.105,01 a
UFU 106	45,50 a	59,50 a	78,50 a	19,00 b	10,50 b	31,00 c	7,10 b	1.258,11 a
UFU 108	45,50 a	62,50 a	73,00 a	22,50 a	11,00 b	46,50 c	5,95 b	1.262,37 a
UFU 110	48,00 a	52,50 a	66,00 b	18,00 b	12,00 a	76,50 a	11,40 a	1.417,96 a
UFU 112	48,00 a	66,00 a	76,50 a	20,50 b	10,50 b	47,00 c	9,85 a	1.524,03 a
UFU 117	46,50 a	67,50 a	76,00 a	19,50 b	10,50 b	58,00 b	6,00 b	1.287,24 a
UFU 199	45,50 a	63,00 a	75,50 a	19,00 b	11,00 b	21,50 c	10,30 a	1.275,53 a
M-SOY 6101	48,00 a	60,50 a	78,00 a	19,00 b	11,00 b	53,50 b	9,70 a	1.494,23 a
Emgopa 316	51,00 a	53,50 a	67,50 b	18,50 b	9,50 c	40,50 c	9,30 a	1.088,00 a
M-SOY 8001	43,50 a	57,00 a	67,50 b	17,50 b	9,00 c	41,00 c	8,25 b	1.681,35 a
Média linhagens	46,14	61,21	75,00	20,07	11,07	48,07	8,36	1.304,32
Média cultivares	47,50	57,00	71,00	18,33	9,83	45,00	9,08	1.421,19
Média geral	46,55	59,95	73,80	19,55	10,70	47,15	8,58	1.339,38

*: Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade. NDF: número de dias para a floração; APF e APM: altura da planta na floração e na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NNO: número de nós na haste principal; NVAG: número total de vagens por planta; PCG: peso de cem grãos; PROD: produtividade de grãos. Média linhagens: média das sete linhagens; Média cultivares: média dos três cultivares (testemunhas); Média geral: média geral (sete linhagens e três cultivares).

Na Tabela 5, no ambiente URU-GO, notou-se a formação de 2 ou mais grupos para todos os caracteres avaliados, sendo que APF, NVAG e PROD permitiram separar os genótipos em dois grupos. Já NNO e PCG separaram em três grupos, NDF e AIV separaram os genótipos em quatro grupos e APM separou os genótipos em seis grupos, corroborando com o resultado obtido por Almeida et al. (2013) que, ao avaliarem o desempenho agrônomo de 30 genótipos de soja por meio de oito caracteres, obtiveram até cinco grupos.

Observou-se, que para a maioria dos caracteres agrônomo no ambiente URU-GO, foi possível separar os genótipos em 2 ou mais grupos (Tabela 5), comparativamente ao ambiente CNP-MT (Tabela 4).

Tabela 5. Médias* de caracteres agrônomo e produtividade de grãos avaliados em linhagens e cultivares de soja convencional cultivada no município de Urutaí-GO, safra 2012/2013.

Genótipos	NDF	APF	APM	AIV	NNO	NVAG	PCG	PROD
UFU 104	49,50 c	80,00 b	102,50 f	10,00 d	13,00 b	123,00 a	12,50 b	4.836,40 b
UFU 106	44,00 d	88,00 a	137,00 b	18,50 b	11,50 c	103,50 b	10,00 c	4.837,77 b
UFU 108	51,50 b	93,00 a	141,00 a	21,00 a	14,00 b	114,50 a	9,99 c	6.212,36 a
UFU 110	53,50 b	75,50 b	111,50 e	16,00 b	14,00 b	118,50 a	10,00 c	4.485,74 b
UFU 112	52,50 b	82,50 a	114,50 e	17,00 b	11,00 c	127,00 a	10,00 c	6.773,30 a
UFU 117	57,00 a	68,50 b	116,50 d	21,00 a	17,00 a	120,50 a	8,18 c	6.657,44 a
UFU 199	57,50 a	93,00 a	124,00 c	14,00 c	16,00 a	118,50 a	10,52 c	5.948,56 a
M-SOY 6101	49,50 c	77,50 b	101,50 f	17,00 b	13,00 b	75,50 c	10,00 c	4.018,17 b
Emgopa 316	44,67 d	73,00 b	102,33 f	11,00 d	15,00 a	111,33 a	15,00 a	5.481,63 a
M-SOY 8001	53,50 b	85,00 a	118,50 d	16,00 b	13,50 b	99,00 b	10,00 c	4.076,57 b
Média linhagens	52,21	82,93	121,00	16,79	13,79	117,93	10,17	5.678,80
Média cultivares	49,22	78,50	107,44	14,67	13,83	95,28	11,67	4.525,46
Média total	51,32	81,60	116,93	16,15	13,80	111,13	10,62	5.332,79

*: Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade. NDF: número de dias para a floração; APF e APM: altura da planta na floração e na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NNO: número de nós na haste principal; NVAG: número total de vagens por planta; PCG: peso de cem grãos; PROD: produtividade de grãos. Média linhagens: média das sete linhagens; Média cultivares: média dos três cultivares (testemunhas); Média geral: média geral (sete linhagens e três cultivares).

Quanto à fase vegetativa em CNP-MT, notou-se que o número de dias para a floração (NDF) variou de 43,5 dias (M-SOY 8001) a 51 dias (Emgopa 316). No entanto, todos os genótipos constituíram apenas um grupo, indicando haver semelhança entre eles nesse local (Tabela 4). Já para o ambiente URU-GO (Tabela 5), houve oscilação de 44 dias (UFU 106) a 57,5 dias (UFU 199) e quatro grupos foram formados, nos quais os genótipos de menor fase vegetativa foram UFU 106 (44 dias) e a testemunha Emgopa

316 (≈ 45 dias), sendo, portanto, considerados os mais precoces em floração. Por outro lado, os genótipos de maior fase vegetativa foram UFU 117 (57 dias) e UFU 199 (57, 5 dias), cerca de treze dias menos precoces. As testemunhas Emgopa 316, M-SOY 6101 e M-SOY 8001 obtiveram ≈ 45 dias, 49,5 e 53,5 dias, respectivamente. Esses resultados condizem com os estudos de Diniz et al. (2014), conduzidos na mesma macrorregião sojícola proposta por Kaster e Farias (2011). Almeida, Pelúzio e Afférri (2011) avaliaram a divergência genética entre doze cultivares de soja sob condições de várzea irrigada, no sul do estado do Tocantins e obtiveram valores inferiores (≈ 36 a ≈ 42 dias) aos observados para os dois ambientes dessa pesquisa para o NDF. Valores inferiores e similares, oscilando de 34,5 a 47 dias, foram estimados por Selestrino et al. (2014), em ensaio sobre o desempenho agrônômico de genótipos precoces de soja na região Mogiana do estado de São Paulo.

Almeida et al. (2013) afirmaram que são necessários intervalos de 45 a 58 dias de pleno florescimento para que as plantas de soja apresentem alto potencial produtivo, corroborando com os valores encontrados para os dois ambientes desse estudo. Sousa et al. (2015), por sua vez, encontraram correlação significativa entre o NDF e o número de dias para maturidade. Assim, dentro dos resultados obtidos em NDF infere-se que os genótipos com fase vegetativa mais curta sejam também os de ciclo total mais curto, pois, conforme Pires et al. (2012), plantas de soja com maior ciclo vegetativo no município de Gurupi, no estado do Tocantins, apresentaram também maior período para a atingir maturação.

Cultivares mais precoces são desejadas nos diversos programas de melhoramento de soja, visto que têm a vantagem de possibilitar uma segunda safra na mesma área, a exemplo do milho safrinha no Cerrado. Além de serem utilizadas para diminuir riscos da alta pressão de algumas doenças e insetos-praga (UNÊDA-TREVISOLI et al., 2010; FERREIRA JUNIOR et al., 2015; SILVA et al., 2015). Genótipos de ciclo precoce são desenvolvidos também para atender às áreas de renovação de canaviais (BIZARI et al., 2014).

A média da altura da planta na floração (APF) foi de 59,95 cm em CNP-MT e não ocorreu formação de grupos. Já para altura da planta na maturação (APM), formaram-se dois grupos, sendo os genótipos UFU 110, Emgopa 316 e M-SOY 8001 os que obtiveram menores alturas (média de 67 cm) (Tabela 4). Câmara et al. (1998) relataram que a altura da planta no início da floração deve ser de no mínimo 50 cm. A competição com plantas daninhas, o baixo estande de plantas e a época atrasada de

semeadura são fatores que podem dificultar o crescimento das plantas de soja, reduzindo a APF. No ambiente URU-GO, ocorreu formação de grupos para ambos os caracteres, sendo que as maiores APF e APM foram para o genótipo UFU 108 com 93 cm e 141 cm, respectivamente; e a menor APM foi para o genótipo M-SOY 6101, com 101,5 cm (Tabela 5). Diniz et al. (2014), ao ensaiarem genótipos de soja de ciclo precoce no município de Ituverava – SP, obtiveram valores próximos aos observados neste estudo, ou seja, médias entre 60 (CNP-MT) e 82 cm (URU-GO) para APF. Almeida et al. (2013) obtiveram valores de APF oscilando de 25 a 42 cm, em linhagens de soja, limites estes inferiores aos estimados neste estudo.

A altura de planta na floração e maturidade é um caráter de grande importância, pois influencia o acamamento da planta. Sendo assim, alturas de plantas acima de 100 cm são inadequadas para a cultura da soja, pois tendem a acamar e dificultam a eficiência da colheita mecanizada (NOGUEIRA et al. 2009; SEDIYAMA et al., 2013). A maioria das cultivares comerciais brasileiras apresenta cerca de 50 a 90 cm de altura (SEDIYAMA et al., 2016).

Para altura da inserção da primeira vagem (AIV), dois grupos foram formados em CNP-MT, sendo os genótipos UFU 104 e UFU 108 classificados no grupo com maior altura, 22 e 22,5 cm, respectivamente, e os outros 8 genótipos classificados no grupo de menor altura, sendo 17,5 cm (M-SOY 8001) com a AIV mais baixa e a média total foi de 19,5 cm (Tabela 4), corroborando com as AIVs obtidas por Amorim et al. (2011) que, ao avaliarem sete cultivares de soja em quatro épocas de semeadura, obtiveram valores entre 15,73 e 18,05 cm. Já para URU-GO, quatro grupos foram formados, sendo os genótipos UFU 108 e UFU 117 classificados no grupo com maior altura, ambos com 21 cm. E os genótipos UFU 104 e Emgopa 316 classificados no grupo de menor altura, 10 e 11 cm, respectivamente (Tabela 5). Todas essas médias foram superiores ao limite de AIV (10 cm) estimado por Valadão Júnior et al. (2008) para cultivares de soja. A inserção da primeira vagem determina a regulagem da altura da barra de corte da colhedora, visando obter a máxima eficiência durante esse processo e evitando perdas durante a colheita. Para que não haja perdas, a altura mínima da vagem deve ser de 10 a 15 cm (SEDIYAMA et al., 2015).

O número de nós na haste principal (NNO) oscilou entre 9 (M-SOY 8001) e 12 (UFU 108) para CNP-MT e três grupos se formaram (Tabela 4). Já para URU-GO, houve oscilação entre 11 (UFU 199) e 17 (UFU 117) e também ocorreu formação de três grupos (Tabela 5). Sedyama (2015) afirmou que uma planta de soja com alto

potencial produtivo deve possuir em média 17 a 18 nós na haste principal. Nenhum genótipo testado em CNP-MT (Tabela 4) obteve o proposto por esse autor e, em URU-GO, um único genótipo (UFU 117) alcançou número de nós afirmado pelo autor (Tabela 5).

O número total de vagens (NVAG) é um dos mais importantes componentes de produção da soja, em virtude de sua correlação com a produtividade (IQBAL et al., 2010; PELUZIO et al., 2010; VIANNA et al., 2013; BORDIGNON et al., 2015; LEITE et al., 2016). Ocorreu formação de três grupos em CNP-MT, com oscilação entre 21,5 (UFU 112) a 76,5 (UFU 108) de vagens por planta (Tabela 4). Para URU-GO (Tabela 5), também se formaram três grupos, porém a oscilação ficou em patamar superior ao registrado em CNP-MT (Tabela 4), com valores entre 75,50 (M-SOY 6101) e 127,00 (UFU 199) (Tabela 5). Resultados semelhantes aos obtidos por Selestrino et al. (2014), Silva et al. (2014) e Val et al. (2014), ao avaliarem desempenho agrônomo de cultivares de soja. Almeida, Pelúzio e Afférri (2011), em estudo da divergência genética entre doze cultivares de soja sob condições de várzea irrigada, no sul do estado do Tocantins, obtiveram 25,8 a 44,7 vagens por planta, valores similares aos obtidos em CNP-MT (Tabela 4) do presente estudo. Já Santos et al. (2011) encontraram média de 127 vagens por planta ao quantificar a divergência genética entre 48 genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada no estado do Tocantins, superior à média encontrada em URU-GO (111,13) (Tabela 5) do presente trabalho.

De acordo com Sediya (2016), as cultivares normalmente utilizadas para produção de óleo e farelo apresentam o peso médio entre 12 a 20g por 100 sementes. Os genótipos em CNP-MT (Tabela 4) se dividiram em dois grupos para o peso de cem grãos e os valores oscilaram entre 5,95 (M-SOY 8001) a 11,4 gramas (UFU 108), o que é abaixo do peso médio referenciado pelo autor. Já em URU-GO (Tabela 5), três grupos foram constituídos, o PCG mínimo foi de 8,18 gramas (UFU 117) e o máximo em 15 gramas (UFU 106). Carpentieri-Pípolo et al. (2005) encontraram correlações positivas entre o número de vagens por planta e o peso de cem grãos e Rigon et al. (2012), por sua vez, relataram correlação direta entre esse caráter e rendimento de grãos, relatando que é possível obter ganhos de produtividade ao utilizar o PCG por meio da seleção indireta. Em estudo sobre divergência genética entre genótipos de soja quanto à qualidade das sementes, realizado por Santos et al. (2012), o PCG foi o caráter que formou o maior número de grupos (oito) pelo teste de Scott e Knott, com valores entre 11,45 e 20,19 gramas. Os resultados encontrados neste estudo são inferiores aos

relatados por Rocha et al. (2012), que obtiveram amplitudes entre 15,30 e 20,78 gramas, ao estudarem 32 linhagens e cultivares de soja sob manejo em condições de baixa latitude.

A principal característica a ser considerada no melhoramento da soja é a produtividade de grãos (PROD). Não houve formação de grupos nas médias para CNP-MT (Tabela 4) e a média total do ensaio foi de 1339 kg ha⁻¹. Esse resultado foi inferior à média de PROD estimada pela Conab (2011) para o estado do Mato Grosso na safra 2010/2011 de 3190 kg ha⁻¹. Pelúzio et al. (2009), com o escopo de quantificar a variabilidade genética das cultivares de soja, obtiveram médias entre 2239 e 3211 kg ha⁻¹, também superiores às obtidas para CNP-MT, no presente estudo. É importante salientar que a produtividade de grãos é de caráter quantitativo e com grandes alelos modificadores (pequeno efeito), sendo influenciada fortemente pelas condições do ambiente e, conseqüentemente, de herdabilidade baixa (RIGON et al., 2012).

No ambiente URU-GO (Tabela 5), dois grupos foram formados e a média total do ensaio foi de 5332,79 kg ha⁻¹. Os genótipos obtiveram médias de PROD que oscilam entre 4018,17 kg ha⁻¹ (M-SOY 6101) e 6773,30 kg ha⁻¹ (UFU 112). Esse resultado foi superior à média de produtividade de grãos estimada pela Conab (2013) para o estado de Goiás na safra 2012/2013 de 2965 kg ha⁻¹. As linhagens UFU 108, UFU 112, UFU 117, UFU 199 e a cultivar Emgopa 316 apresentaram PROD elevadas em relação as demais (acima de 5480 kg ha⁻¹). Selestrino et al. (2014) observaram patamares de PROD oscilando entre 1250 e 4854 kg ha⁻¹ para genótipos precoces de soja avaliados no estado de São Paulo. A média de PROD das linhagens foi de 5679 kg ha⁻¹, enquanto das cultivares (testemunhas) foi de 4525 kg ha⁻¹.

Os destaques entre as linhagens foram UFU 112, UFU 117, UFU 108 e UFU 199, que apresentaram os maiores rendimentos, 27%, 25%, 16% e 12% superiores à média, respectivamente, e, número de vagens de 127, 120,5, 114,5 e 118,5, respectivamente. Ao buscar a combinação entre menor fase vegetativa (inferindo menor ciclo total) e maior produtividade de grãos, a linhagem destaque foi UFU 112, com NDF de 52,5 dias e PROD de 6773,30 kg ha⁻¹. Todos os destaques, porém, devem ser inseridos em novos ensaios de VCU do Programa de Melhoramento de Soja da UFU (Tabela 5).

De acordo com a Tabela 6, verificou-se a ocorrência da interação entre genótipos por ambientes (G x A) ao nível de 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, para a maioria dos caracteres. Esse resultado indica o comportamento diferencial das linhagens e

cultivares em relação aos fenótipos com a oscilação ambiental. Glasenapp et al. (2015), com o intuito de orientar melhoristas na escolha de parentais visando à resistência à ferrugem-asiática também verificaram ocorrência de interação G x A significativa para caracteres agronômicos em soja, ao comparar o mesmo grupo de genótipos em duas condições distintas (sem e com inoculação de *Phakopsora pachyrhizi*).

Tabela 6. Quadrados médios, parâmetros genéticos e coeficiente de variação de caracteres agronômicos em linhagens e cultivares de soja convencional cultivada no município de Campo Novo dos Parecis-MT, safra 2010/2011 e no município de Urutaí-GO, safra 2012/2013.

Caracteres	QMGA ¹	QME ¹	CV (%)
NDF	48,07 **	5,93	4,98
APF	118,07 ^{ns}	55,35	10,52
APM	307,29 **	20,86	4,79
AIV	32,77 **	1,3	6,37
PROD	1803339,18 *	544794,53	22,12
NNO	6,82 **	0,50	5,76
NVAG	629,20 **	82,53	11,48
PCG	7,76 **	1,28	11,79

ns: não significativo; * e **: significativo a 5% e 1%, respectivamente, pelo teste de F; QMGA: quadrado médio de genótipos por ambientes; QME: quadrado médio do erro; CV (%): coeficiente de variação; NDF: número de dias para a floração; APF e APM: altura da planta na floração e na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NNO: número de nós na haste principal; NVAG: número total de vagens por planta; PCG: peso de cem grãos; PROD: produtividade de grãos. ¹Resultado proveniente da análise de variância conjunta.

O CV oscilou entre 4,79% (APM) e 22,12% (PROD). Considerando que a produtividade de grãos está sujeita a uma ampla gama de interferências da parte experimental, pode-se, assim, obter CV mais elevado que os outros caracteres avaliados. O valor obtido (22,12%) foi satisfatório se comparado a outros trabalhos com o mesmo tipo de parcela (LEITE et al., 2015; TEODORO et al., 2015; LEITE et al., 2016).

A interação G x A é considerada como um dos principais desafios dos programas de melhoramento, tanto na fase de seleção quanto na de recomendação de cultivares (MARQUES et al., 2011), uma vez que a seleção pode ser dificultada pela interação G x A, resultando em respostas variáveis dos genótipos sob diferentes condições de ambientes. Além de detectar a presença da interação, também é necessário levar em consideração a sua natureza, que pode ser simples ou complexa (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992)

Na Tabela 7, a decomposição da interação G x A pela metodologia de Cruz e Castoldi (1991), foi predominantemente de natureza complexa, pois as estimativas da parte simples da interação foram inferiores a 50%. A interação complexa também ficou

evidente ao analisar as correlações genotípicas e fenotípicas entre pares de ambientes cujas estimativas foram em sua maioria de baixa magnitude, isto é, inferior a 0,7 e não significativas pelo teste t, corroborando com os resultados de Glasenapp et al. (2015).

Tabela 7. Decomposição da interação em parte simples de caracteres agrônômicos em linhagens e cultivares de soja convencional cultivada no município de Campo Novo dos Parecis-MT, safra 2010/2011 e no município de Urutaí-GO, safra 2012/2013.

Caracteres	% S	rf	rg	Classificação
NDF	4,39	-0,31 ^{ns}	0,35	complexa
APM	40,92	0,09 ^{ns}	0,53	simples
AIV	9,14	-0,16 ^{ns}	0,43	complexa
PROD	53,28	-0,28 ^{ns}	0,44	complexa
NNO	16,07	-0,05 ^{ns}	0,48	complexa
NVAG	4,90	0,096 ^{ns}	0,55	simples
PCG	13,08	0,244 ^{ns}	0,64	simples

% S: Porcentagem da estimativa da parte simples da interação G x A pelo método de Cruz e Castoldi (1991); ^{ns}: não significativa pelo teste t; rf: coeficiente de correlação fenotípica entre pares de ambientes; rg: coeficiente de correlação genotípica entre pares de ambientes; Classificação: simples ou complexa; NDF: número de dias para a floração; APF e APM: altura da planta na floração e na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NNO: número de nós na haste principal; NVAG: número total de vagens por planta; PCG: peso de cem grãos; PROD: produtividade de grãos.

No tocante à divergência genética, as medidas de dissimilaridade foram estimadas a partir da distância generalizada de Mahalanobis envolvendo dez genótipos e oito caracteres avaliados em dois ambientes conforme apresentando na Tabela 8.

Tabela 8. Dissimilaridade entre 10 genótipos de soja convencional em relação a 8 caracteres, com base na distância generalizada de Mahalanobis. Campo Novo dos Parecis - MT (abaixo da diagonal) e Urutaí - GO (acima da diagonal)

Genótipos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1-UFU 104	-	1929,92	1799,96	206,17	508,28	595,32	673,20	781,63	48,07	394,37
2-UFU 106	134,30	-	173,62	1661,38	1084,58	2288,80	178,61	3005,31	2301,04	978,59
3-UFU 108	60,29	113,25	-	1411,48	942,69	1788,61	686,19	2754,76	2201,91	1716,51
4-UFU 110	234,39	147,78	173,99	-	146,91	146,02	624,86	364,11	285,70	144,61
5-UFU 112	152,97	78,30	91,09	30,10	-	333,80	740,66	583,89	640,48	149,61
6-UFU 117	45,66	42,20	61,81	180,08	92,97	-	855,91	308,53	656,71	355,67
7-UFU 199	473,54	244,96	259,24	135,53	128,20	358,72	-	1749,27	963,55	289,52
8-MS 6101	149,85	52,88	191,42	95,39	70,79	76,00	320,85	-	698,08	771,70
9-EM 316	315,30	113,85	168,93	81,77	53,25	198,81	41,67	168,63	-	578,71
10-MS 8001	270,50	127,59	100,00	128,58	69,47	168,52	65,75	225,27	36,92	-

Correlação entre matrizes de dissimilaridade foi de -0,06, não significativo, pelo teste Mantel com 5000 simulações. MS 6101: M-SOY 6101; EM 316: Emgopa 316; MS 8001: M-SOY 8001

As medidas de dissimilaridade genética apresentaram alta magnitude das distâncias (30,10 a 473,54) para CNP-MT e elevada magnitude para URU-GO (48,07 a

3005,31), indicando a presença de ampla variabilidade genética entre os genótipos avaliados (Tabela 8), em concordância com os resultados obtidos por Rodrigues et al. (2017). Não houve correlação entre as matrizes dos dois ambientes pelo teste de Mantel com 5000 simulações, evidenciando que não houve uma relação linear da divergência genética entre CNP-MT e URU-GO.

Para o ambiente CNP-MT a combinação entre as linhagens UFU 104 e UFU 199 foi a mais divergente ($D_2 = 473,54$). A menor distância foi obtida entre os genótipos UFU 110 e UFU 112 ($D_2 = 30,10$), e, utilizando-se a genealogia dos genótipos (Tabela 1), foi observado que os dois genótipos com menor distância possuem parentesco. As linhagens UFU 104 e UFU 108 são linhas irmãs e também apresentaram baixo D_2 (60,29), o mesmo ocorreu para UFU 104 e UFU 117 (45,66), UFU 108 e UFU 117 (61,81) que possuem um parental comum (UFV 16), em acordo com os resultados obtidos por Miranda et al. (2007). Entre as maiores distâncias encontradas, a linhagem UFU 199 esteve presente na maioria das combinações, o que indica que esse genótipo pode ser o mais divergente entre os estudados nesse ambiente (Tabela 8). Ademais, sua genealogia (Tabela 1) não tem parentesco com as outras conhecidas.

Para o ambiente URU-GO, a combinação entre os genótipos UFU 106 e M-SOY 6101 foi a mais divergente ($D_2 = 3005,31$). A menor distância foi obtida entre os genótipos UFU 104 e Emgopa 316 ($D_2 = 48,07$). Apesar das linhagens UFU 104 e UFU 108 serem linhas irmãs (Tabela 1), não apresentaram baixo D_2 (1799,96), o que também ocorreu para UFU 104 e UFU 117 (595,32), UFU 108 e UFU 117 (1788,61) que possuem um parental comum (UFV 16). Entre as maiores distâncias encontradas, a linhagem UFU 106 esteve presente na maioria das combinações, o que indica que esse genótipo pode ser o mais divergente entre os estudados nesse ambiente (Tabela 8). Além disso, sua genealogia (Tabela 1) não tem parentesco com as outras conhecidas.

Ferreira Júnior et al. (2015), em experimento com 41 genótipos de soja, obtiveram D_2 entre 3,18 e 279,81 com formação de dez grupos. Rodrigues et al. (2017), em experimento com 49 genótipos de soja, tiveram como resultado que as distâncias genéticas variaram de 0,11 a 251,02 com a formação de onze grupos distintos.

Dessa forma, houve divergência genética entre os pares de genótipos estudados, indicando grande variabilidade, sendo semelhantes aos resultados obtidos em outros trabalhos com a cultura da soja (MALIK et al., 2007; RIGON et al., 2012). É importante ressaltar que, entre os genótipos mais divergentes no ambiente URU-GO, têm-se UFU 108 e UFU 117, que apresentaram alto rendimento de grãos, e UFU 106 que apresentou

bom rendimento de grãos e fase vegetativa reduzida (Tabela 5), sendo que esses caracteres constituem o grupo de maior importância para a cultura da soja.

Os dendrogramas resultantes da dissimilaridade dos genótipos com base nos caracteres agronômicos foram obtidos pelos métodos hierárquicos de ligação média entre grupos (UPGMA), ligação completa (vizinho mais distante) e ligação simples (vizinho mais próximo). O coeficiente de correlação cofenética (CCC) igual ou superior a 0,70 evidencia um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias genéticas entre os genótipos e a sua matriz original (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Na Figura 1, observa-se os dendrogramas de CNP-MT, nos quais os resultados do CCC obtidos foram de 0,60; 0,60; 0,58 para os métodos UPGMA, vizinho mais distante e vizinho mais próximo, respectivamente. Embora estejam abaixo do valor considerado ideal (0,70), os CCCs encontrados neste estudo assemelhavam-se aos obtidos em pesquisas com soja e caracteres agronômicos (CANTELLI et al., 2016).

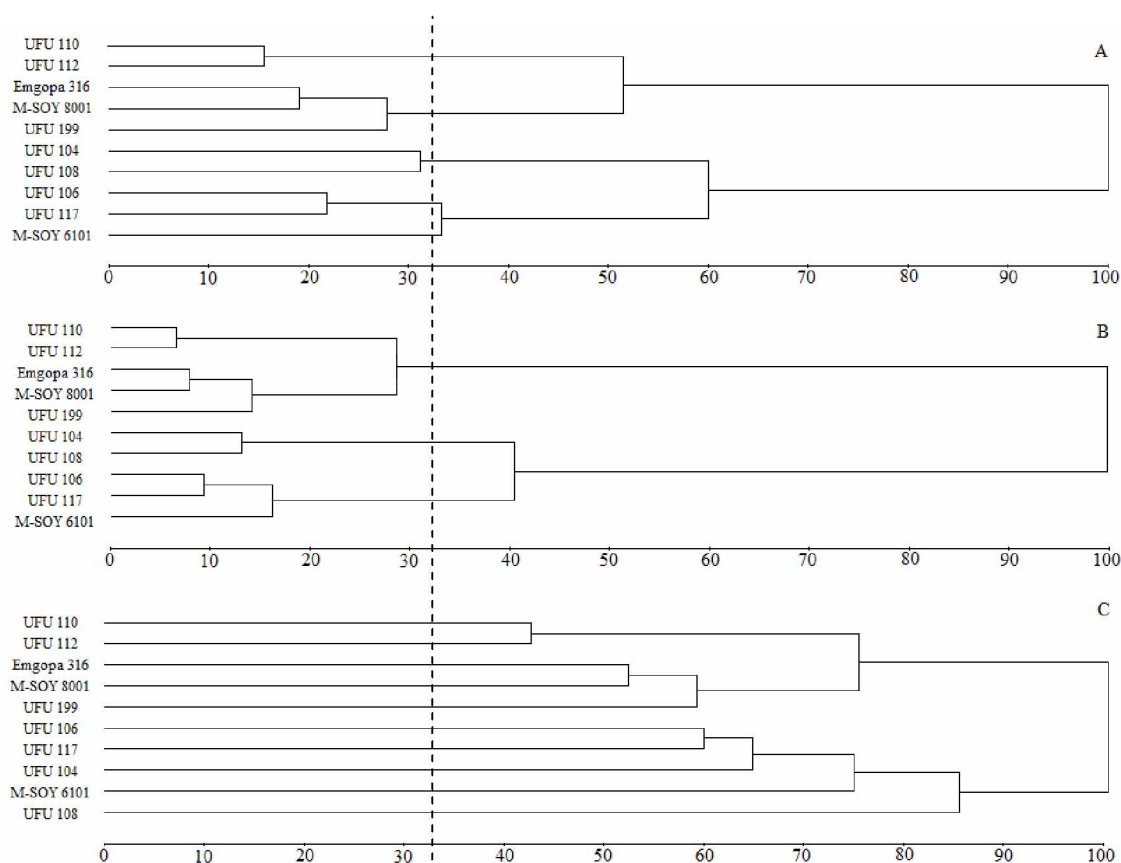


Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 10 genótipos precoces de soja convencional avaliados em Campo Novo dos Parecis - MT safra 2010/2011: A) Método UPGMA; B) Método do vizinho mais distante; C) Método do vizinho mais próximo; utilizando a matriz generalizada de Mahalanobis (D^2). Coeficiente de correlação cofenética (r): 0,60**; 0,60**; 0,58**, respectivamente para os métodos UPGMA, vizinho mais distante e vizinho mais próximo. **Significativo ao nível de 1 % de probabilidade pelo teste t.

O resultado da hierarquização dos genótipos pelos métodos do UPGMA, vizinho mais distante (VMD) e vizinho mais próximo (VMP) (Figura 1) mostra as diferenças no posicionamento dos genótipos. Nos agrupamentos hierárquicos, a delimitação dos grupos é feita de maneira subjetiva, observando-se pontos de alta mudança de nível no dendrograma (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011), como também o uso do teste de Mojena (1977) e, por isso, diferentes padrões de agrupamento podem ocorrer.

De acordo com Arriel et al. (2006), quando não se tem informação sobre a relação genética entre a maioria dos genótipos não é possível determinar que método de agrupamento é mais acurado. Assim, ao se comparar os resultados de diferentes métodos, pode-se evitar inferências errôneas. Verificou-se que, apesar da estrutura final ter se mostrado semelhante, principalmente entre os métodos UPGMA e VMD, ocorreram alterações nos níveis em que os genótipos foram agrupados.

Pelo dendrograma de CNP-MT (Figura 1), ao realizar um corte a 33% de dissimilaridade, os genótipos foram separados em cinco grupos pelo método UPGMA (Figura 1A), em três grupos pelo VMD (Figura 1B) e no VMP (Figura 1C), dez grupos foram constituídos, assim cada um dos genótipos constituíram grupos distintos.

Os genótipos pertencentes a cada grupo pelo método UPGMA (Figura 1A) foram no 1: UFU 110 e UFU 112; no 2: Emgopa 316, M-SOY 8001 e UFU 199; no 3: UFU 104 e UFU 108; no 4: UFU 106 e UFU 117 e no 5: M-SOY 6101.

Pelo método VMD (Figura 1B), obteve-se no 1: UFU 110, UFU 112, Emgopa 316, M-SOY 8001 e UFU 199; no 2: UFU 104 e UFU 108; no 3: UFU 106, UFU 117 e M-SOY 6101.

Houve concordância na separação dos genótipos ao comparar UPGMA ao VMD, ao passo que o VMP promoveu agrupamento distinto (Figura 1A, 1B e 1C).

Baseando-se em processos preditivos, observa-se um aumento no uso de técnicas multivariadas para a qualificação da divergência genética, pois permite considerar simultaneamente diversos caracteres, sem a necessidade de obtenção prévia das combinações híbridas (SUDRÉ et al., 2006). Estimativas de diversidade genética por meio de análises multivariadas se mostraram eficientes em prover informações sobre a variabilidade genética na soja (VILLELA et al., 2014; CANTELLI et al., 2016).

Na Tabela 9, está apresentado o agrupamento dos genótipos de soja convencional cultivados em CNP-MT pelo método de otimização de Tocher o qual revelou a formação de 5 grupos, sendo dois dos genótipos reunidos no grupo I, três genótipos no grupo II, dois no grupo III e apenas o genótipo M-SOY 6101 no grupo V.

Tabela 9. Agrupamento de otimização entre 10 genótipos de soja convencional, cultivados no município de Campo Novo dos Parecis-MT, safra 2010/2011, obtido pelo método de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

Grupos	Número de genótipos	Genótipos
I	2	UFU 110; UFU 112
II	3	UFU 199; Emgopa 316; M-SOY 8001
III	2	UFU 106; UFU 117
IV	2	UFU 104; UFU 108
V	1	M-SOY 6101

Na análise concomitante dos dendrogramas e do agrupamento de Tocher para CNP-MT (Figura 1 e Tabela 9), observou-se que o método do UPGMA promoveu a separação dos genótipos em grupos idênticos ao Tocher, corroborando com os padrões obtidos por Reina et al. (2014), Pelúzio et al. (2014) e Sousa et al. (2015), os quais também relataram semelhança nos resultados obtidos pelos dois métodos.

Cargnelli Filho, Ribeiro e Burin. (2010) afirmaram haver maior consistência no padrão de agrupamento de cultivares de feijão pelo método UPGMA. Em estudos de diversidade genética de soja, a metodologia de UPGMA tem sido utilizada com mais frequência para identificação de grupos de genótipos mais similares (VILLELA et al., 2014; SOUSA, 2015; CANTELLI et al., 2016).

A análise de agrupamento é uma técnica exploratória que visa a geração de hipóteses sobre o padrão de aglomeração estabelecido entre as cultivares. Sendo assim, pode ser suplementada ou complementada por outras metodologias de visualização, permitindo melhor compreensão da divergência entre os genótipos (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Por meio da análise de componentes principais, é possível avaliar a diversidade por meio de uma representação gráfica dos genótipos em dois ou mais planos e avaliar a influência de cada característica para a diferenciação desses genótipos.

Na Figura 2 foram considerados os dois primeiros componentes principais na dispersão dos genótipos no plano cartesiano, pois os agrupamentos pela análise visual usando os 3 componentes concomitantes seriam semelhantes.

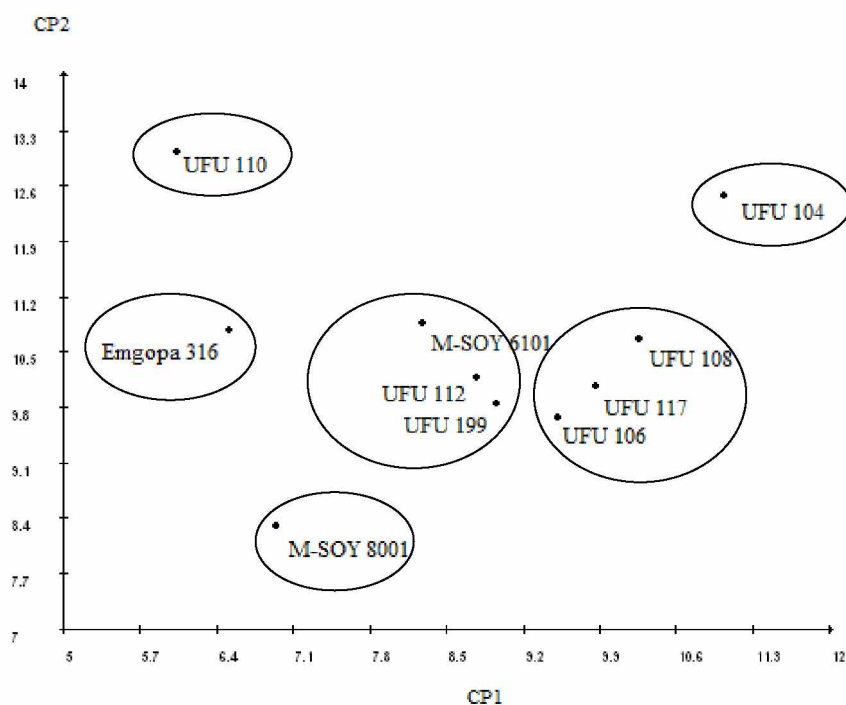


Figura 2. Dispersão gráfica de 10 genótipos de soja convencional, cultivados no município de Campo Novo dos Parecis-MT, safra 2010/2011, em relação aos dois primeiros componentes principais, estabelecidos pela combinação linear de caracteres fenotípicos. CP1: Componente principal 1; CP2: Componente principal 2.

De acordo Cruz, Carneiro e Regazzi (2014) quando o autovalor explica uma fração considerável da variação disponível, cujo limite é de 80%, pode-se realizar a análise gráfica da dispersão dos genótipos em relação aos primeiros componentes principais. No presente estudo, os componentes principais 1 e 2 explicaram conjuntamente 57,96% e os três primeiros explicaram 72,61%, estando próximos, porém abaixo do limite estabelecido.

Pela análise visual da dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais no ambiente CNP-MT (Figura 2), seis grupos foram formados pelos dez genótipos estudados.

Não houve concordância com os agrupamentos provenientes dos dendrogramas (Figura 1) e agrupamentos de Tocher (Tabela 9).

Na Figura 3, pode-se observar os dendrogramas do ambiente URU-GO, onde os CCCs foram estimados em 0,79, 0,71 e 0,78 para os métodos UPGMA, vizinho mais distante e vizinho mais próximo, respectivamente. Esses resultados corroboraram com outros trabalhos que avaliaram a divergência na cultura da soja (RIGON et al., 2012; SOUSA et al., 2015; CANTELLI et al., 2016; RODRIGUES et al., 2017).

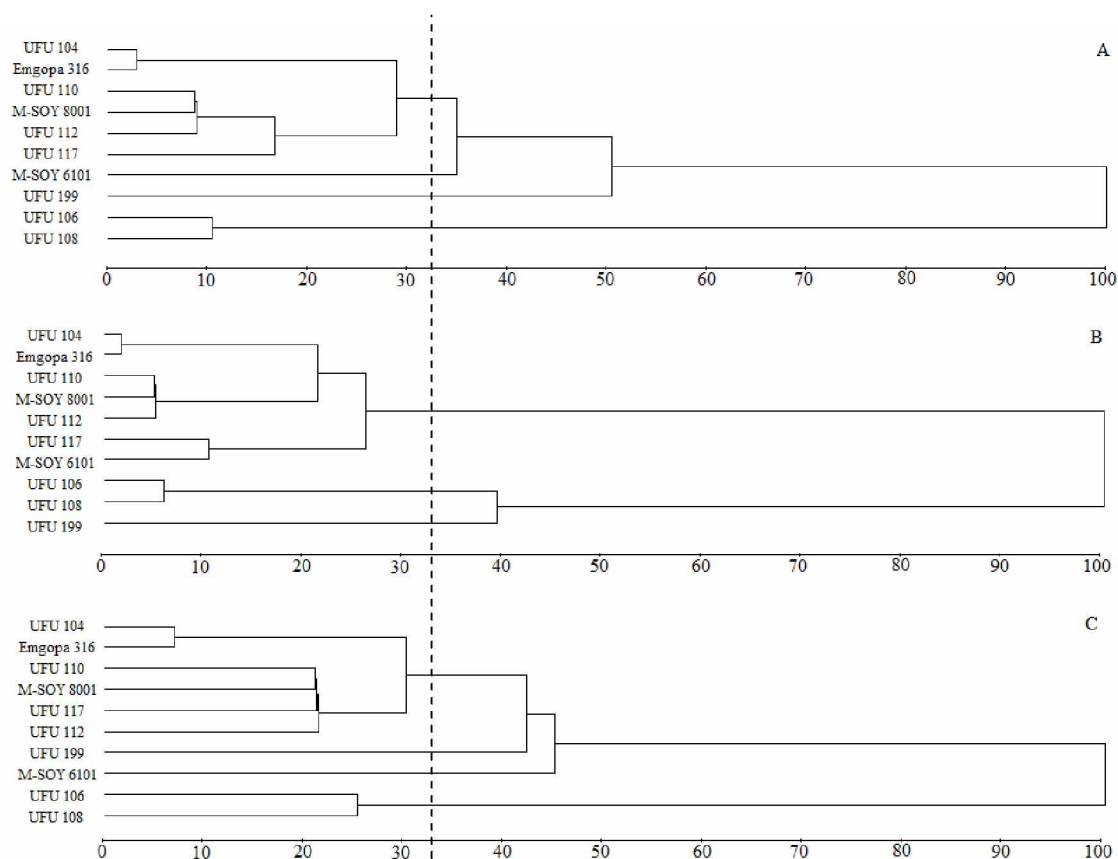


Figura 3: Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 10 genótipos precoces de soja convencional avaliados em Urutai - GO safra 2012/2013: A) Método UPGMA; B) Método do vizinho mais distante; C) Método do vizinho mais próximo; utilizando a matriz generalizada de Mahalanobis (D^2). Coeficiente de correlação cofenética (r): 0,79**, 0,71**, 0,78**, respectivamente para os métodos UPGMA, vizinho mais distante e vizinho mais próximo. **Significativo ao nível de 1 % de probabilidade pelo teste t.

Pelo dendrograma de URU-GO (Figura 3), ao realizar um corte a 33% de dissimilaridade, os genótipos foram separados em quatro grupos pelo método UPGMA (Figura 3A), sendo que dois deles, UFU 199 e M-SOY 6101, permaneceram em grupos individuais, apresentando, portanto, alta divergência em relação aos demais. Já pelo método do vizinho mais distante (Figura 3B), os genótipos foram separados em três grupos. No método do vizinho mais próximo (Figura 3C), quatro grupos foram constituídos, sendo que dois deles, UFU 199 e M-SOY 6101, também permaneceram em grupos individuais.

Os genótipos pertencentes a cada grupo pelo método UPGMA (Figura 3A) foram no 1: Emgopa 316, M-SOY 8001, UFU 104, UFU 110, UFU 112 e UFU 117; no 2: M-SOY 6101; no 3: UFU 199; no 4: UFU 106 e UFU 108.

Pelo VMD (Figura 3B) no 1: Emgopa 316, M-SOY 6101, M-SOY 8001, UFU 104, UFU 110, UFU 112 e UFU 117; no 2: UFU 106 e UFU 108; no 3: UFU 199.

Pelo VMP (Figura 3C) no 1: Emgopa 316, M-SOY 8001, UFU 104, UFU 110, UFU 112 e UFU 117; no 2: M-SOY 6101; no 3: UFU 199; no 4: UFU 106 e UFU 108.

Houve concordância na separação dos genótipos em URU-GO (Figura 3A e Figura 3B), ao comparar UPGMA ao VMP, ao passo que o VMD promoveu um agrupamento distinto.

Na Tabela 10, a qual representa o ambiente URU-GO foi aplicado o método de otimização de Tocher. Baseado na matriz de Mahalanobis, separou-se os indivíduos em cinco grupos, sendo três dos genótipos reunidos no grupo I, dois genótipos no grupo II, dois no grupo III e apenas o genótipo UFU 199 no grupo V.

Tabela 10. Agrupamento de otimização entre 10 genótipos de soja convencional, cultivados no município de Urutaí-GO, safra 2012/2013, obtido pelo método de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

Grupos	Número de genótipos	Genótipos
I	3	UFU 104; Emgopa 316; UFU 110
II	2	UFU 112; M-SOY 8001
III	2	UFU 106; UFU 108
IV	2	UFU 117; M-SOY 6101
V	1	UFU 199

Na análise concomitante dos dendrogramas e do agrupamento de Tocher para URU-GO (Figura 3 e Tabela 10), observou-se que o método do UPGMA e VMP promoveram a separação dos genótipos em grupos parcialmente coincidentes ao Tocher. Reina et al. (2014) e Sousa et al. (2015) também relataram semelhança nos resultados obtidos pelos métodos.

O genótipo UFU 199, no ambiente URU-GO ficou isolado em um grupo em todos os dendrogramas e no agrupamento de otimização de Tocher. Já o M-SOY 6101 isolou-se apenas em UPGMA e VMP.

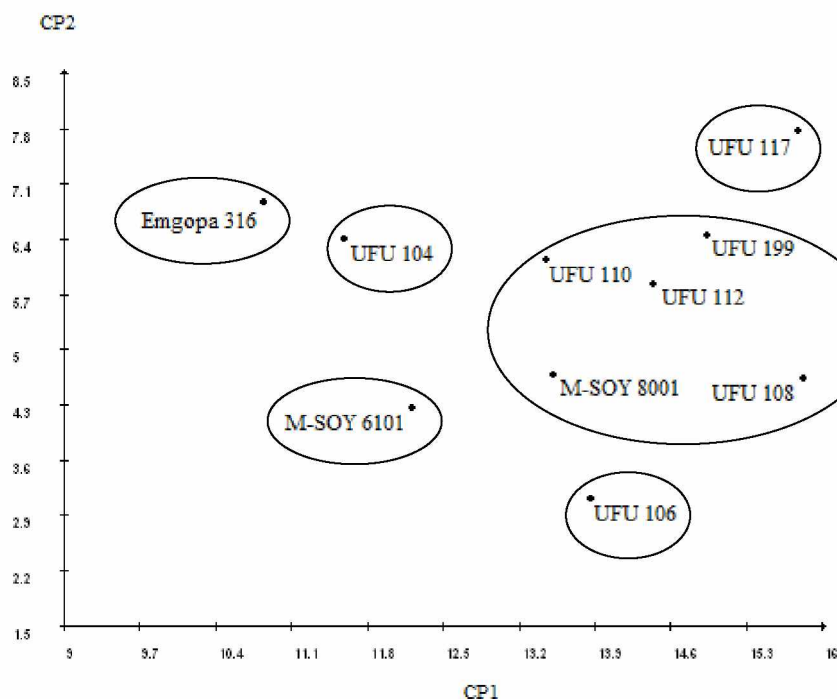


Figura 4. Dispersão gráfica de 10 genótipos de soja convencional, cultivados no município de Urutaí-GO, safra 2012/2013, em relação aos dois primeiros componentes principais, estabelecidos pela combinação linear de caracteres fenotípicos. CP1: Componente principal 1; CP2: Componente principal 2.

Pela análise visual da dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais no ambiente URU-GO (Figura 4), seis grupos foram formados pelos dez genótipos estudados.

Não houve concordância com os agrupamentos provenientes dos dendrogramas (Figura 3) e agrupamentos de Tocher (Tabela 10).

A contribuição relativa de cada caráter na divergência genética do ambiente CNP-MT pode ser visualizada na Tabela 11, nota-se que todos os caracteres avaliados contribuíram para a determinação, em maior ou menor proporção. Verifica-se, entretanto, que juntos os caracteres APM, PCG, NVAG e AIV contribuíram com 86,60%. A produtividade de grãos foi a que menos contribuiu para a variação total disponível, com valor muito baixo (0,36%) quando comparado aos três primeiros caracteres que mais contribuíram. Resultados obtidos por Peluzio et al. (2012) mostraram que a produtividade de grãos também representou uma das menores contribuições relativas, juntamente com a altura da inserção da primeira vagem, ao avaliarem a divergência genética entre genótipos de soja no estado do Tocantins.

Tabela 11. Contribuição relativa (S_j) das variáveis em dez genótipos de soja cultivados no município de Campo Novo dos Parecis-MT, safra 2010/2011, conforme critério de Singh (1981).

Caracteres	S _j	Valor (%)
APM	2116,14	29,92
PCG	1652,49	23,37
NVAG	1425,18	20,15
AIV	930,73	13,16
NDF	441,20	6,24
APF	270,28	3,82
NNO	210,60	2,98
PROD	25,36	0,36

NDF: número de dias para a floração; APF e APM: altura da planta na floração e na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NNO: número de nós na haste principal; NVAG: número total de vagens por planta; PCG: peso de cem grãos; PROD: produtividade de grãos.

A contribuição relativa de cada caráter na divergência genética do ambiente URU-GO pode ser visualizada na Tabela 12, com destaque para o caráter APM, que se mostrou o mais importante para a análise, contribuindo com 73,69% da divergência genética, resultados similares aos encontrados por Peluzio et al. (2012). A altura da planta na floração foi a que menos contribuiu para a variação total disponível, com valor muito baixo (0,40%) quando comparado aos três caracteres que mais contribuíram.

Tabela 12. Contribuição relativa das variáveis em dez genótipos de soja cultivados no município de Urutaí-GO, safra 2012/2013, conforme critério de Singh (1981).

Caracteres	S _j	Valor (%)
APM	30578,72	73,69
NNO	3459,30	8,34
NDF	2891,28	6,97
AIV	2461,69	5,93
PCG	917,49	2,21
NVAG	660,01	1,59
PROD	362,97	0,87
APF	167,63	0,40

NDF: número de dias para a floração; APF e APM: altura da planta na floração e na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NNO: número de nós na haste principal; NVAG: número total de vagens por planta; PCG: peso de cem grãos; PROD: produtividade de grãos.

Comparando-se os dendrogramas dos dois ambientes, CNP-MT (Figura 1) e URU-GO (Figura 3), considerando o corte hipotético a 33% de dissimilaridade,

verificou-se baixa semelhança na constituição dos grupos entre a metodologia hierárquica UPGMA (Figura 1A e Figura 3A), em que o número de grupos formados, incluso genótipos dos grupos, foi distinto, exceto pelo fato de nos 2 ambientes o genótipo M-SOY 6101 ter sido posicionado sozinho.

No método do vizinho mais distante (Figura 1B e Figura 3B), o número de grupos formados foi o mesmo para os dois ambientes, no entanto o posicionamento dos genótipos nos grupos foi distinto.

No método do vizinho mais próximo, para CNP-MT (Figura 1C), todos os genótipos foram posicionados isoladamente e, para URU-GO (Figura 3C), apenas 2 genótipos foram posicionados isoladamente: M-SOY 6101 e UFU 199.

Ao comparar o agrupamento de otimização de Tocher dos dois ambientes (Tabela 9 e Tabela 10), também não houve combinações nos grupos constituídos, sendo que os genótipos M-SOY 6101 e o UFU 199 foram posicionados sozinhos em cada ambiente CNP-MT e URU-GO, respectivamente.

Pela análise visual da dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais (Figura 2 e Figura 4), os genótipos Emgopa 316 e UFU 104 foram visualmente agrupados de maneira isolada em ambos locais.

A pouca similaridade encontrada nos métodos multivariados durante a comparação entre os dois ambientes é reforçada por se ter verificado a ocorrência de interação $G \times A$ ao nível de 5% e 1% de probabilidade pelo teste F (Tabela 6), e ser de natureza complexa (Tabela 7), indicando o comportamento diferencial das linhagens e cultivares em relação aos fenótipos com a oscilação ambiental. Cargnelutti Filho, Ribeiro e Jost (2009) afirmaram que quando a análise de divergência é realizada com dados de experimentos avaliados em diferentes ambientes, os efeitos significativos para interação $G \times A$ podem levar a alterações nos agrupamentos dos genótipos.

O método de otimização de Tocher, UPGMA e componentes principais permitiram determinar de maneira semelhante a diversidade genética entre linhagens e cultivares de soja, auxiliando a seleção de genitores de alto desempenho agrônômico e divergentes entre si.

No ambiente URU-GO, no que tange aos caracteres agrônômicos, os genótipos com menor número de dias para a floração foram UFU 106 e Emgopa 316. Os genótipos que apresentaram as maiores produtividades de grãos foram: UFU 112, UFU 117, UFU 108 e UFU 199.

Ao buscar a combinação menor fase vegetativa (inferindo menor ciclo total) e maior produtividade de grãos, a linhagem de destaque foi UFU 112, com NDF de 52,5 dias e PROD de 6773,30 kg ha⁻¹.

Para o ambiente URU-GO, a combinação entre as linhagens UFU 106 e M-SOY 6101 foi a mais divergente, tomando como base a distância generalizada de Mahalanobis.

Entre as maiores distâncias encontradas, a linhagem UFU 106 esteve presente na maioria das combinações em URU-GO, o que indica que esses genótipos podem ser os mais divergentes entre os estudados nos ambientes. Ademais, a genealogia dessa linhagem não possui parentesco com os outros genótipos conhecidos.

Portanto, em acordo com os resultados obtidos em Urutaí-GO recomenda-se hibridação entre os seguintes pares de genótipos: UFU 106 x UFU 112; UFU 106 x Emgopa 316; UFU 108 x Emgopa 316; UFU 112 x Emgopa 316. Possibilitando a ampliação do número de recombinantes desejáveis, promovendo o surgimento de constituições genéticas superiores.

Além disso, é indicado realizar hibridações com a cultivar Emgopa 316, pois além dos resultados obtidos no presente estudo, essa cultivar apresenta resistência ao mofo branco (JULIATTI et al., 2014), causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, doença de grande importância mundial e que, nos últimos anos, começou a gerar preocupação na cultura da soja, pelo aumento da incidência em grandes estados produtores, como Mato Grosso, Goiás, Minas Gerais e outros (DIAS; BORGES, 2015). O controle da doença é químico e/ou cultural, com algumas cultivares com resistência parcial ao patógeno. A resistência genética é a forma economicamente viável para diminuir as perdas causadas por esse fungo na cultura da soja.

Apesar dessa análise de divergência ter sido realizada considerando dois ambientes em anos agrícolas distintos, seriam necessárias avaliações em mais ambientes para se obter melhores informações sobre a divergência genética para os genótipos estudados. Cargnelutti Filho, Ribeiro e Jost (2009) aventaram que o agrupamento de genótipos deve ser realizado com base em vários experimentos, envolvendo anos e épocas de cultivo, para se obter informações com maior exatidão da diversidade genética. Por intermédio do método de otimização de Tocher, concluíram que entre seis e sete experimentos são adequados para identificação de linhagens divergentes de feijão. Entretanto, para outros cultivos, pode ocorrer variação no número de experimentos necessários.

3.4. Conclusões

A existência de variabilidade genética para caracteres agronômicos entre os genótipos de soja convencional de ciclo precoce avaliados em Campo Novo dos Parecis - MT e Urutaí - GO permitiu identificar as linhagens superiores de soja.

Os ambientes de cultivos Campo Novo dos Parecis - MT e Urutaí - GO influenciaram distintamente o desempenho dos genótipos de soja em relação à produtividade de grãos e aos caracteres agronômicos.

O número de dias para floração, a altura da planta na maturidade e altura de inserção da primeira vagem foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética em soja ao se considerar os dois ambientes de cultivos.

Os métodos de otimização de Tocher e UPGMA permitiram determinar do mesmo modo a diversidade genética entre genótipos de soja, auxiliando a seleção de genitores divergentes entre si em Urutaí - GO e Campo Novo de Parecis - MT.

As linhagens UFU 106 e UFU 108 são as mais recomendadas como parte das hibridações com genótipos divergentes, pois são complementares em produtividade de grãos e menor fase vegetativa.

Recomenda-se hibridações entre os seguintes pares de genótipos: UFU 106 x UFU 112; UFU 106 x Emgopa 316; UFU 108 x Emgopa 316; UFU 112 x Emgopa 316; para obtenção de populações segregantes com variabilidade genética superior.

3.5. Referências

- ADSUL, H. R.; MONPARA, B. A. Genetic divergence analysis in indigenously developed Indian soybean (*Glycine max* L. Merrill) **Germplasm Genetika**, Vol. 46, No.2, 401-409, 2014.
- ALMEIDA, F. A.; BRUCKER, E. L.; POLIZEL, A. C.; PETTER, F. A.; HAMAWAKI, O. T.; ALCÂNTARA NETO, F. A. Desempenho agronômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 56, n. 2, p. 88-94, 2013.
- ALMEIDA, R. D.; PELÚZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.
- AMORIM, F.A.; HAMAWAKI, O.T.; SOUSA, L.B.; LANA, R.M.Q.; HAMAWAKI, C.D.L. Época de semeadura no Potencial produtivo de Soja em Uberlândia-MG. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 32, n.1, p. 1793-1802, 2011.
- ANDRADE A.C.B., et al. Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 1, p. 23-31, 2016.
- ARRIEL, N. H. C., et al. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.5, p.801-809, 2006.
- BENIN, G.; CARVALHO, F. I.; ASSMANN, I. C.; CIGOLINI, J.; CRUZ, P. J.; MARCHIORO, V. V.; LORENCETTI, C.; SILVA, J. A. G. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 8, p.179-184, 2002. Disponível em: <<https://periodicos.ufpel.edu.br/ojs2/index.php/CAST/article/download/474/463>>. Acesso em: 6 jan. 2017.
- BIZARI, E. H., et al. O. Genetic diversity in early-maturing soybean genotypes based on biometric and molecular parameters. **Journal of Food, Agriculture & Environment**, v. 12, n. 1, p. 259-265, 2014.
- BONATO, A. L. V.; CALVO, E. S.; GERALDI, I. O.; ARIAS, C. A. A. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**. 29: 692-704. 2006. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/gmb/v29n4/32122.pdf>> Acesso em: 21 jan. 2017.
- BONATO, A. L. V. **Avaliação da diversidade genética entre cultivares brasileiras de soja, através de marcadores AFLP**. 89 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. 2000.
- BORDIGNON, A. J. Z.; VELLO, N. A.; NAZATO, F. M.; POLO, L. Regressão linear múltipla com ênfase na produtividade e seus componentes em soja transgênica. In.

Simpósio Internacional de Iniciação Científica da Universidade de São Paulo, 23., 2015, Piracicaba. **Resumo...** São Paulo: USP, 2015.

BORÉM, A.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Hibridação em soja. In: Borém, A (Ed.) **Hibridação artificial de plantas**. 2. ed., Viçosa: Editora UFV, 2009, p.514-536.

CÂMARA, G. M. S.; PIEDADE, S. M.S.; MONTEIRO, J. H.; GUERZONI, R. A. Desempenho vegetativo e reprodutivo de cultivares e linhagens de ciclo precoce no município de Piracicaba – SP. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 55, p.403-412, 1998.

CANTELLI, D. A. V.; HAMAWAKI, O. T.; ROCHA, M. R.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, C. D. L. Analysis of the genetic divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetic and Molecular Research** 15 (4). October, 2016.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; BURIN, C. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de feijão conforme medidas de dissimilaridade e métodos de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** [online]. 2010, vol.45, n.3, pp.236-243. Disponível em: < <https://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2010000300002>>. Acesso em: 15 fev. 2017.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; JOST, E. Número necessário de experimentos para a análise de agrupamento de cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.2, p. 371-378, 2009.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; GASTALDI, L. F.; PÍPOLO, A. E. Correlações fenotípicas entre caracteres quantitativos em soja. **Semina**, Londrina, v. 26, n. 1, p. 11-16, 2005.

CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; ALMEIDA, L. A. de; KIIHL, R. A. S.; OLIVEIRA, M. F.; HIROMOTO, D. M.; TAKEDA, C. Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 2, p 187-193, 2003.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos – SAFRA 2012/2013 – Décimo segundo levantamento**. Brasília: CONAB, setembro 2013.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos – SAFRA 2010/2011 – Oitavo levantamento**. Brasília: CONAB, maio 2011.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. Agronomy, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Imprensa Universitária. 2014. v. 2, 668p.

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

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

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

DINIZ, R. M. G., et al. Comportamento agrônomo de cultivares de soja de ciclo precoce. **Enciclopédia Biosfera**, Goiânia, v.10, n.18, p 973-982, 2014.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil 2014**. - Londrina: Embrapa Soja, 2013. 265 p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University. Special Report, 80, Iowa Cooperative Extensive Service, Iowa, 12 p, 1977. Disponível em:
<https://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Repositorio/STAGES.+FEHR_000g50w2l4s02wx5ok0dkla0sik2sqav.pdf>. Acesso em: 7 jan. 2017.

FERREIRA JÚNIOR, J. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ESPINDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V. F.; DI MAURO, A. O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Ciência Agrônômica**, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.

GLASENAPP, J. S., et al. Diversidade de características agrônômicas e Moleculares em cultivares de soja com diferentes graus de resistência à *Phakopsora pachyrhizi*. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 1, p. 25-36, 2015.

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

IQBAL, Z.; ARSHAD, M.; ASHRAF, M.; MALIK, M.F.; WAHEED, A. Genetica divergencia and correlation studies of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] genotypes. **Pakistan Journal of Botany**, Karachi, v. 42, n. 2, p. 971-976, 2010.

JULIATTI, F. C; SAGATA, E.; JACCOUD FILHO, D. S. de; JULIATTI, B. C. M. Métodos de inoculação e avaliação da resistência de genótipos de soja à *sclerotinia sclerotiorum*. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n. 4, p. 958-968, 2014.

KASTER, M.; FARIAS, J. R. B. Regionalização dos testes de valor de cultivo e uso e da indicação de cultivares de soja – terceira aproximação. **Documentos 330**, Embrapa Soja, Londrina, 2012.

LEITE, W. S., et al. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LEITE, W. S., et al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa**, Sinop, v. 03, n. 04, p. 241-245, 2015.

LIU, Z., et al. Phenotypic characterization and genetic dissection of growth period traits in soybean (*Glycine max*) using association mapping. **Plos One**. July 1, 2016.

MALIK, M. F.; A. et al. Assessment of genetic variability, correlation and path analyses for yield and its components in soybean. **Pakistan Journal of Botany**, v. 39, n. 2, p. 405-413, 2007.

MARQUES, M. C.; HAMAWAKI, O. T.; SEDIYAMA, T.; BUENO, M. R.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; NOGUEIRA, A. P. O. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.27, n.1, p. 56-69, 2011.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO - MAPA. **Requisitos mínimos para determinação do Valor de Cultivo e Uso de soja (Glycine max) para inscrição no Registro Nacional de Cultivares - RNC**. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares-2013-rnc-1/formularios-para-registro-de-cultivares>>. Acesso em: 10 fev. 2017.

MIRANDA, Z. F. S.; ARIAS, C. A. A.; KIHIL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A. A.; TOLEDO, J. F. F. de; DESTRO, D. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 3, p. 363-396, 2007. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/pab/v42n3/09.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

MIRANDA, Z. F. S.; **Base Genética de cultivares de soja no Brasil**. 2005. 871 f. Tese (Doutorado em Agronomia) Universidade Estadual de Londrina, PR. 2005.

MOJENA, R. Hierarchical grouping method and stopping rules, na evaluation. **Computer Journal**, v.20, p.359-363, 1977. Disponível em: <<http://comjnl.oxfordjournals.org/content/20/4/359.full.pdf>>. Acesso em: 15 fev. 2017.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; BARROS, H. B.; TEIXEIRA, R. C. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecnas, 2009, p. 7-16.

ODA, M. C.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; BARROS, E. G.; FERREIRA, M. F. S. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic improvement. **Agronomy Science and Biotechnology**. 1(1), pp. 1-9. 2015.

PELUZIO, J.M.; et al. Características agronômicas e divergência genética de cultivares de soja para percentagem de óleo nas sementes. **Revista Ciências Agrárias**, Recife, v. 57, n. 1, p. 1-8, 2014.

PELUZIO, J.M.; et al. Genetic divergence among soybean cultivars in irrigated lowland in the State of Tocantins. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 3, p. 395-400, 2012.

PELUZIO, J. M.; AFFÉRRI, F.; MONTEIRO, F. J. F.; MELO, A. V.; PIMENTA, R. S. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em várzea irrigada no Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, p. 427-434, 2010.

PELUZIO, J. M.; VAZ-DE-MELO, A.; AFFÉRRI, F. S.; SILVA, R.R.; BARROS, H. B.; NASCIMENTO, I. R.; FIDELIS, R. R. Genetic variability among soybean cultivars, under diferente edaphoclimatic conditions, in Center South region of the State of Tocantins. **Applied Research & Agrotecnology**, Londrina, v.2, n.3, p. 31-39, 2009.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: Nobel, 2009, 451p.

PIRES, L. P. M. ; et al. Desempenho de genótipos de soja, cultivados na região centro-sul do estado do Tocantins, safra 2009/2010. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 2, p. 214-223, 2012.

PRIOLLI, R. H. G.; WYSMIERSKI, P. T.; CUNHA, C. P.; PINHEIRO, J. B.; VELLO, N. A. Genetic structure and a selected core set of brazilian soybean cultivars. **Genet. Mol. Biol.**, São Paulo, v. 36, n. 3, p. 382-390, 2013. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/gmb/v36n3/2012-379.pdf>>. Acesso em: 14 jan. 2017.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; SOUSA, S. M. B.; SOUSA, N. E. A.; CONTEL, E. P. B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004. Disponível em: <<http://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/112539/1/39n10a04.pdf>>. Acesso em: 4 dez. 2016.

RAO C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons; 1952. 390p.

REINA, E.; et al. Genetic divergence and phosphorus use efficiency in the soybean with a view to biodiesel production. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 45, n. 2, p. 344-350, 2014.

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

ROCHA, M. M.; SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C. Desempenho agrônomo de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. **Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.43, n.1, p.154-162, 2012.

RODRIGUES, J. I. S.; ARRUDA, K. M. A.; CRUZ, C. D.; BARROS, E. G.; PIOVESAN, N. D.; MOREIRA, M. A. Genetic divergence of soybean genotypes in relation to grain components. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 47, n. 2, 2017. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/cr/v47n2/1678-4596-cr-47-02-20151258.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

- SAMOOOUR, R. H. Morphological, cytological and biochemical characterization of soybean germplasm. **Research & Reviews in Biosciences**. 8 (7), 277-284. 2014.
- SANTOS, E. R. dos; BARROS, H. B.; CAPONE, A.; MELO, A. V.; CELLA, A. J. S.; SANTOS, W. R. dos; Divergência genética entre genótipos de soja com base na qualidade de sementes. **Ciências Agrárias**, Recife, v. 7, n. 2, p. 247-254, 2012.
- SANTOS, E. R. dos; BARROS, H. B.; FERRAZ, E. C.; CELLA, A. J. S.; CAPONE, A.; SANTOS, A. F.; FIDELIS, R. R. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, p. 755-764, 2011.
- SEDIYAMA, T; **Produtividade da soja**. Londrina: Ed. Mecnas, 2016. 310p.
- SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2015, 333p.
- SEDIYAMA, T. **Tecnologia de produção de sementes de soja**. Londrina: Mecnas, 2013. 352p.
- SELESTRINO, P. R.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M. da; PEREIRA, E. M.; VAL, B. H. P. Performance agronômica de genótipos de soja destinados a áreas de reforma de canavial. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v.6, n.1, p. 59-72, 2014.
- SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivares. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (Eds). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 149-167p.
- SILVA, A. F., et al. Correlation and path analysis of soybean components. **International Journal of Plant, Animal and Environmental Sciences**, Foster City, v. 5, n. 1, p. 177-179, 2014.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, 41, 1981. 237-245.
- SOUSA, I. S. **Caracterização agromorfológica, adaptabilidade e estabilidade de populações e divergência genética entre linhagens de soja**. Piracicaba, 2015. 178 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Disponível em: < http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde-16032016-153531/publico/Iradenia_da_Silva_Sousa.pdf>. Acesso em: 18 dez. 2016.
- SOUSA, L. B., et al. Correlation between yield components in F6 soybean progenies derived from seven biparental crosses. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, p. 1692-1699, 2015.
- SUDRÉ, C. P.; CRUZ, C. D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. SILVA, D. J. H.; PEREIRA, T. N. S. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, p 88-93, 2006. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/%0D/hb/v24n1/a18v24n1.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

TEODORO, P. E., et al. Path analysis in soybean genotypes as function of growth habit. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 3, p. 794-799, 2015

UNÊDA-TREVISOLI, S. H., et al. Avaliação de cultivares de soja precoces para cultivo em áreas de reforma de cana-de-açúcar. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v. 1, n. 1, p. 50-57, 2010.

VAL, B. H. P., et al. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v. 6, n. 1, p. 72-83, 2014.

VALADÃO JÚNIOR, D. D.; BERGAMIN, A. C.; VENTUROSO, L. R.; SCHLINDWEIN, J. A.; CARON, B. O.; SCHIMIDT, D. Adubação fosfatada na cultura da soja em Rondônia. **Scientia Agrária**, Curitiba, v. 9, n. 3, p. 369-375, 2008.

VASCONCELOS, E. S., et al. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012.

VELLO, N. A.; HIROMOTO, D. M.; AZEVEDO FILHO, A. J. B. V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. **Revista Brasileira de Genética** 11(1), pp. 679-97. 1988.

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

VIANNA, V. F., et al. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 30, p. 4162-4169, 2013.

VILLELA, O. T.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M. D.; BÁRBARO, L. S. J.; MAURO, A. O. D. Genetic divergence of roundup ready (RR) soybean cultivars estimated by phenotypic characteristics and molecular markers. **African Journal of Biotechnology**. Vol 13 (26), pp. 2613-2625, 25 June, 2014.

WYSMIERSKI, P. T; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, 36 (4), pp. 547-55. 2013. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3873187/pdf/gmb-36-547.pdf>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

WYSMIERSKI, P. T. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras**. 2011. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

YOKOMIZO, G. K.; VELLO, N. A. Coeficiente de determinação genotípica em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n.11, p. 2223-2228, 2000.

CAPÍTULO 3

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE SOJA CONVENCIONAL DE CICLO PRECOCE EM 15 AMBIENTES DISTINTOS

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE SOJA CONVENCIONAL DE CICLO PRECOCE EM 15 AMBIENTES DISTINTOS

Resumo

O sucesso de um programa de melhoramento de plantas depende da sua capacidade de desenvolver e lançar novas cultivares com desempenho superior e capacidade de resistir a estresses bióticos e/ou abióticos. O objetivo deste trabalho foi avaliar a interação genótipos por ambientes para o caráter produtividade de grãos em genótipos de soja convencional, de ciclo precoce, cultivados em 15 ambientes distribuídos em cinco estados brasileiros, determinar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos por métodos paramétricos, não paramétricos e multivariados. Os experimentos foram realizados nas safras 2009/2010, 2010/2011, 2011/2012, 2012/2013 e 2013/2014. Foram avaliados 28 genótipos de soja de ciclo precoce, sendo 23 linhagens desenvolvidas pelo Programa melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia-UFU e cinco testemunhas: M-SOY 6101, M-SOY 8001, Emgopa 316, UFUS Guarani e UFUS Riqueza. Verificou-se interação genótipos por ambientes significativa e de natureza complexa. O coeficiente de determinação genotípico foi de 79,44%, indicando que a variação genética foi superior a ambiental. As análises Annicchiarico (1992) e Lin e Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), foram similares na classificação dos genótipos que se destacaram quanto à adaptação ampla e específica a ambientes favoráveis e desfavoráveis. Os métodos Wricke (1965), Eberhart e Russel (1966) e AMMI identificaram as linhagens UFU 21 e UFU 22 como as mais estáveis, e ambas apresentaram produtividade de grãos superior a 3800,00 kg ha⁻¹. A linhagem UFU 06 obteve média de produtividade de grãos superior a 4000,00 kg ha⁻¹ e apresentou adaptação ampla pelos métodos Annicchiarico (1992) e Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e Centróide.

Palavras-chave: *Glycine max.*, potencial produtivo.

ADAPTABILITY AND STABILITY OF EARLY MATURITY CONVENTIONAL SOYBEAN IN 15 DIFFERENT ENVIRONMENTS

Abstract

The success of a plant breeding program depends on its ability to develop and release new cultivars with superior performance and capability to withstand biotic and/or abiotic stresses. The goals were to evaluate the genotype interaction by environments for grain yield in conventional soybean genotypes of early maturity, grown in 15 environments distributed in five Brazilian states, to determine adaptability and stability of the genotypes by parametric, non-parametric and multivariate methods. The experiments were carried out in the 2009/2010, 2010/2011, 2011/2012, 2012/2013 and 2013/2014 seasons. Twenty-eight genotypes of early maturity soybeans were evaluated, with 23 lines developed by the soybean breeding program of the Federal University of Uberlândia-UFU and five checks: M-SOY 6101, M-SOY 8001, Emgopa 316, UFUS Guarani and UFUS Riqueza. Genotype interaction was verified by significant and complex environments. The coefficient of genotypic determination was 79.44%, indicating that the genetic variation was superior to environmental. The methods Annicchiarico (1992) and Lin and Binns (1988) modified by Carneiro (1998) were similar in the classification of the genotypes that stood out for the broad and specific adaptation to favorable and unfavorable environments; Wricke (1965), Eberhart and Russel (1966) and AMMI methods identified UFU 21 and UFU 22 strains as the most stable, both presenting grain yields greater than 3800,00 kg ha⁻¹. UFU 06 lineage obtained an average of grain yield greater than 4000.00 kg ha⁻¹ and presented wide adaptation by the Annicchiarico (1992), Lin and Binns (1988) modified by Carneiro (1998) and Centroid methods.

Keywords: *Glycine max.*, yield potential.

4.1. Introdução

O Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja, cuja área cultivada na safra 2016/17 foi estimada em 33,79 milhões de hectares com produção esperada de 104 milhões de toneladas de grãos (CONAB, 2017). A consultoria Céleres (2016) estimou que nesta safra a área com cultivares de soja geneticamente modificada (GM) foi de 32,70 milhões de hectares, ou seja, cerca de 97% da área total do cultivo de soja projetada pela Conab (2017). Assim, os 3% restantes (1,09 milhões de hectares) são de lavouras de soja convencional (não GM).

Atualmente, nota-se um crescimento do mercado para a soja convencional brasileira, principalmente para exportação, o que tem proporcionado maior lucratividade em relação à produção da soja GM. O produtor recebe um prêmio ou valor adicional que pode chegar a R\$ 8,00 por saca vendida do grão convencional (CONAB, 2016).

De acordo com a Conab (2016), os resultados mostram que a diferença entre os dois modelos de cultivo e o menor custo para a segunda alternativa (GM), em virtude da economia com a utilização de insumos e operações sobre cada hectare cultivado, não é mais fator preponderante para a escolha do agricultor. A opção pela tecnologia mais adequada deve buscar, obviamente, além da redução de custos, incremento na remuneração. Ademais, a evolução da produtividade de grãos nas lavouras de soja convencional tem crescimento semelhante ou, em alguns casos, superiores aos das GM.

O programa de melhoramento genético de soja (PMGS) da Universidade Federal de Uberlândia tem como escopo aprimorar as tecnologias de produção de soja convencional em ambientes tropicais, pelo desenvolvimento de novas cultivares não GM, produtivas, resistentes aos estresses bióticos e abióticos, com ampla adaptação e alta estabilidade fenotípica (PMSOJA, 2017).

Cultivares precoces são alvo dos diversos PMGS, visto que têm a vantagem de possibilitar uma segunda safra na mesma área, a exemplo do milho safrinha no Cerrado. E, também são utilizadas para diminuir riscos da alta pressão de doenças e insetos praga (UNÊDA-TREVISOLI et al., 2010; FERREIRA JUNIOR et al., 2015; SILVA et al., 2015).

Na fase final do desenvolvimento de linhagens de um PMGS são realizados ensaios preliminares, intermediários, finais e os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCUs), em vários locais, safras consecutivas e em diferentes condições edafoclimáticas, buscando linhagens com alta performance genotípica.

Nos VCU's, características quantitativas e qualitativas de importância agronômica e a produtividade de grãos são avaliadas (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015). Com base nos dados coletados nos ensaios, realizam-se estudos de interação de genótipos por ambientes ($G \times A$), seguidos de adaptabilidade e estabilidade. Tais análises auxiliam os melhoristas no conhecimento das cultivares de ampla adaptação, estáveis e responsivas às melhorias das condições ambientais.

O objetivo desta pesquisa foi avaliar a interação $G \times A$ para o caráter produtividade de grãos em genótipos de soja convencional, de ciclo precoce, cultivados em 15 ambientes distribuídos em cinco estados brasileiros, determinando a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos por métodos paramétricos, não paramétricos e multivariados.

4.2. Material e Métodos

Os experimentos foram realizados em 15 ambientes, distribuídos em cinco estados brasileiros (Goiás, Maranhão, Mato Grosso, Piauí e Tocantins), em 10 municípios (Alto Taquari-MT, Balsas-MA, Bom Jesus-PI, Currais-PI, Lucas do Rio Verde-MT, Porangatu-GO, Porto Alegre do Norte-MT, Porto Nacional-TO, Querência-MT e Urutaí-GO) (Tabela 1). Utilizaram-se 28 genótipos de soja de ciclo precoce, sendo 23 linhagens desenvolvidas pelo programa de melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia - UFU e cinco testemunhas: M-SOY 6101, M-SOY 8001, Emgopa 316, UFUS Guarani e UFUS Riqueza.

Tabela 1. Ambientes, Unidades federativas, altitudes médias e safras de ensaios de competição de 28 genótipos de soja convencional de ciclo precoce.

Ambiente	UF	Altitude média	Safra
Porangatu	Goiás	350	2009/2010
Balsas	Maranhão	250	2009/2010
Porto Nacional	Tocantins	250	2009/2010
Porto Alegre do Norte	Mato Grosso	210	2009/2010
Balsas	Maranhão	250	2010/2011
Bom Jesus	Piauí	400	2010/2011
Porto Alegre do Norte	Mato Grosso	210	2010/2011
Alto Taquari	Mato Grosso	870	2011/2012
Lucas do Rio Verde	Mato Grosso	410	2011/2012
Currais	Piauí	569	2011/2012
Urutaí	Goiás	820	2012/2013
Alto Taquari	Mato Grosso	870	2012/2013
Lucas do Rio Verde	Mato Grosso	410	2012/2013
Querência	Mato Grosso	350	2012/2013
Porangatu	Goiás	350	2013/2014

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados (DBC) com três repetições, para todos os ensaios. A parcela experimental constituiu-se de 4 linhas de plantas de soja, com 5 metros de comprimento e espaçadas em 0,5 m. A área útil foi formada pelas 2 fileiras centrais, desprezando 0,5 m em ambas as extremidades, resultando em 4 m² para cada parcela.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com fungicida (Maxim® XL) e inseticida (Cruiser® 350 FS), ambos na dose de 200 mL do produto comercial para cada 100 kg de sementes.

Foram semeadas 20 sementes por metro linear a três centímetros de profundidade. O desbaste foi realizado no estádio V1 (FEHR; CAVINESS, 1977), deixando-se 12 a 13 plantas por metro linear, para uma população adotada de 240 a 260 mil plantas ha⁻¹.

Quanto aos tratos culturais empregados, no controle de plantas daninhas, foram utilizados herbicidas em pré e pós-emergência. As doenças e insetos pragas foram controlados conforme recomendações técnicas próprias à cultura (EMBRAPA, 2013).

A colheita das plantas foi realizada manualmente e beneficiada com o auxílio de uma trilhadeira de soja. A produtividade de grãos (PROD) foi obtida por meio da colheita da área útil de cada parcela e pesagem dos grãos obtidos após o beneficiamento dos feixes de plantas. Os dados obtidos (gramas por parcela) foram transformados para kg ha^{-1} , sendo essa produtividade corrigida para umidade de 13%, conforme a equação abaixo:

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

Em que:

PF: peso final corrigido da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%).

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

Realizou-se a análise de variância conjunta, adotando-se efeitos fixo para genótipos e ambientes, conforme modelo descrito abaixo:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

μ : média geral

G_i : efeito do genótipo i

A_j : efeito do ambiente j

GA_{ij} : efeito da interação genótipo por ambiente

B/A_{jk} : efeito do bloco k dentro do ambiente j

ε_{ijk} : erro aleatório.

A partir de dados da análise da variância conjunta foi estimado o coeficiente de determinação genotípico (H^2), dado por:

$$H^2 = \frac{\hat{\sigma}_g}{QMG/r}$$

$$\hat{\sigma}_g = \frac{(QMG - QMR)}{r}$$

Em que:

H^2 : coeficiente de determinação genotípico;

$\widehat{\sigma}_g$: componente quadrático genético;

QMG: quadrado médio de genótipos;

QMR: quadrado médio do resíduo,

r: número de repetições.

Os efeitos de genótipos por ambientes foram considerados fixos.

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

Assim, a parte complexa foi obtida pela expressão:

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

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

Estimaram-se as correlações fenotípicas entre os pares de ambientes pelo estimador:

$$r_f = \frac{C\hat{ov}(Y_{ij}, Y_{ij'})}{\sqrt{\widehat{V}(Y_j)\widehat{V}(Y_{j'})}}$$

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

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

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

A correlação genotípica entre pares de ambientes foi obtida pelo estimador:

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

$\widehat{\phi}_{g(jj')}$: variabilidade genética da produtividade de grãos entre o ambiente j e j'; e

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

A significância estatística do coeficiente de correlação fenotípica foi testada pelo teste t ao nível de 5% de probabilidade.

Uma vez detectada a interação G x A significativa procedeu-se a análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica pelos métodos de Wricke (1965), Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998), Annicchiarico (1992), Centróide (Rocha et al., 2005) e AMMI (ZOBEL et al., 1988).

As análises foram realizadas utilizando o Programa Computacional em Genética e Estatística (GENES) (CRUZ, 2016), e Estabilidade (FERREIRA, D.F., 2002).

4.3 Resultados e Discussão

Com base nas análises de variância individuais percebeu-se a possibilidade de seleção de linhagens de soja quanto ao potencial produtivo, na maioria dos ambientes estudados. E isso porque foi observada a existência de variabilidade genética ao nível de 1% e 5% pelo teste F (Tabela 2). Torres, Silva e Teodoro (2014) encontraram resultados semelhantes a esse estudo ao não verificar a existência de variabilidade genética entre cultivares de soja para o caráter produtividade de grãos, como observado nos ambientes Porangatu – GO, Balsas – MA, Bom Jesus – PI e Urutaí – GO.

Os coeficientes de variação oscilaram de 15,37% a 30,30%, sendo classificados de médio a alto, conforme Pimentel-Gomes (2009), que em experimentos de campo, considerou valores dos CVs como baixos (<10%), médios (10% a 20%) e altos (20% a 30%). Os valores encontrados neste estudo assemelham-se aos observados em outros com soja (BATISTA et al., 2015; VASCONCELOS et al., 2015; ROMANATO et al., 2016).

Tabela 2. Produtividade média de ambientes, quadrados médios, coeficiente de variação e coeficiente de determinação genotípico obtidos na avaliação de 28 genótipos de soja de ciclo precoce cultivados em quinze ambientes.

#	Ambiente	QMG ¹	QMR ¹	CV (%) ¹	Produtividade (kg ha ⁻¹)
1	Porangatu – GO (09/10)	633835,51 ^{ns}	557146,25	21,93	3403,25
2	Balsas - MA (09/10)	2407738,09 ^{ns}	1442150,30	27,12	4428,57
3	Porto Nacional - TO (09/10)	1969081,01 **	547406,10	23,06	3208,74
4	Porto Alegre do Norte - MT (09/10)	1677567,68 **	585036,97	21,69	3527,00
5	Balsas – MA (10/11)	4044406,25 **	365239,66	18,05	3348,21
6	Bom Jesus - PI (10/11)	1051011,16 ^{ns}	836793,05	22,48	4069,37
7	Porto Alegre do Norte - MT (10/11)	1181227,21 **	552394,75	15,37	4835,27
8	Alto Taquari - MT (11/12)	1231594,93 **	383633,07	21,51	2878,88
9	Lucas do Rio Verde - MT (11/12)	4361678,35 **	1325799,01	22,32	5158,45
10	Currais - PI (11/12)	930881,37 *	451974,93	30,30	2218,62
11	Urutaí - GO (12/13)	566136,54 ^{ns}	764710,96	28,57	3060,64
12	Alto Taquari - MT (12/13)	1355622,85 **	368655,07	21,36	2842,15
13	Lucas do Rio Verde - MT (12/13)	2099045,16 **	680768,46	15,89	5192,28
14	Querência - MT (12/13)	2511762,41 **	538786,00	23,17	3168,44
15	Porangatu - GO (13/14)	1375760,91 *	775401,75	21,95	4010,70

^{ns}: não significativo; * e **: significativo a 5% e 1%, respectivamente, pelo teste de F; QMG: quadrado médio de genótipos; QMR: quadrado médio do erro; CV (%): coeficiente de variação; ¹Resultados obtidos pela análise de variância individual.

A razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo das análises de variância individuais (Tabela 2) foi de 3,95, indicando possibilidade de realização da

análise de variância conjunta com os 15 ambientes, cujo resumo encontra-se na Tabela 3. Notou-se a ocorrência de efeitos significativos para os fatores genótipos e ambientes, bem como para a interação entre eles ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F. Nos trabalhos de Barros et al. (2012), Cavalcanti et al. (2014), Batista et al. (2015), Hamawaki et al. (2015), Soares et al. (2015), Vasconcelos et al. (2015), Teixeira Júnior et al. (2015), Romanato et al. (2016), Sousa et al. (2016) também foi relatada a ocorrência significativa de interação G x A para produtividade de grãos.

Tabela 3. Análise de variância conjunta para o caráter produtividade de grãos (kg ha⁻¹) avaliada em 28 genótipos de soja de ciclo precoce cultivados em quinze ambientes.

Fontes de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio
Blocos/Ambientes	30	1587003,02
Genótipos (G)	27	3300418,31 **
Ambientes (A)	14	67104885,62 **
Interação G x A	378	1721209,36 **
Erro	810	678393,09
Média		3690,03
CV (%)		22,32
H ²		79,44

**: significativo a 1%, pelo teste de F; QMG: quadrado médio de genótipos; H²: coeficiente de determinação genotípico; cVg: coeficiente de variação genético; cVe: coeficiente de variação ambiental; CV (%): coeficiente de variação;

Os coeficientes de determinação genotípica que expressam a proporção da variabilidade fenotípica atribuída às causas genéticas foram de 79,44% (Tabela 3), sendo, portanto, de elevada magnitude para o caráter produtividade de grãos, conforme Cruz, Regazzi e Carneiro (2012). Esse resultado assemelha-se ao obtido por Soares et al. (2015) que verificaram estimativa de 78,72% ao avaliarem 38 cultivares de soja em Minas Gerais, em duas safras.

A ocorrência de interação G x A é um indicativo do comportamento diferencial dos genótipos, em relação à produtividade de grãos, com a oscilação ambiental. Nesse contexto o estudo da interação G x A se torna importante para determinar sua natureza. Pela Tabela 4, observou-se que a interação G x A foi predominantemente de natureza complexa, pois a decomposição da interação G x A, em parte complexa, pelo método de Cruz e Castoldi (1991) foram em sua maioria superiores a 50%.

Tabela 4. Estimativa da parte complexa da decomposição da interação G x A (%) pelo método de Cruz e Castoldi (1991) (abaixo da diagonal) e classificação da interação entre simples e complexa (acima da diagonal) na análise de 28 genótipos de soja de ciclo precoce cultivados em 15 ambientes.

	A 1	A 2	A 3	A 4	A 5	A 6	A 7	A 8	A 9	A 10	A 11	A 12	A 13	A 14	A 15
A 1	-	C	S	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C
A 2	83,72	-	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C
A 3	48,41	108,73	-	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C
A 4	83,42	88,69	99,67	-	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C
A 5	67,32	92,51	85,27	78,67	-	C	S	C	C	C	C	C	C	C	C
A 6	105,52	88,50	99,08	90,15	71,22	-	C	C	C	C	C	C	C	C	C
A 7	81,75	90,99	80,64	76,39	44,59	98,21	-	C	C	C	C	C	C	C	C
A 8	89,40	103,86	78,30	69,63	68,67	116,95	72,33	-	C	C	C	C	C	C	C
A 9	65,65	64,73	83,10	75,38	100,25	87,74	71,22	60,14	-	C	C	C	C	C	C
A 10	107,99	92,36	99,36	107,01	96,94	110,81	123,72	108,34	74,92	-	C	C	C	C	C
A 11	88,90	65,32	82,12	90,32	76,63	89,16	93,17	102,09	64,84	85,01	-	C	C	C	C
A 12	78,35	109,98	88,67	97,17	87,28	109,94	93,30	96,56	93,67	96,11	87,73	-	C	C	C
A 13	76,06	94,03	90,67	77,93	82,39	102,90	74,17	77,21	88,64	98,76	86,33	93,16	-	C	C
A 14	63,74	106,23	103,03	97,03	98,36	99,66	81,62	99,56	113,18	91,51	53,87	71,62	91,27	-	C
A 15	92,92	93,65	103,02	99,88	77,62	82,99	87,13	98,86	93,17	116,83	83,41	100,64	106,82	92,83	-

Ambientes: A1 (Porangatu/GO – 2009/2010), A2 (Balsas/MA – 2009/2010), A3 (Porto Nacional/TO – 2009/2010), A4 (Porto Alegre do Norte/MT – 2009/2010), A5 (Balsas/MA – 2010/2011), A6 (Bom Jesus/PI – 2010/2011), A7 (Porto Alegre do Norte/MT – 2010/2011), A8 (Alto Taquari/MT – 2011/2012), A9 (Lucas do Rio Verde/MT – 2011/2012), A10 (Currais/PI – 2011/2012), A11 (Urutai/GO – 2012/2013), A12 (Alto Taquari/MT – 2012/2013), A13 (Lucas do Rio Verde/MT – 2012/2013), A14 (Querência/MT – (2012/2013) e A15 (Porangatu/GO – 2013/2014); C: interação complexa; S: interação simples.

As estimativas de correlações genotípicas entre todas as combinações de ambientes superaram as correlações fenotípicas, o que é explicado pela alta variabilidade genética para produtividade de grãos na maioria dos ambientes (Tabela 5). Não obstante, as estimativas de correlações fenotípicas e genotípicas foram de baixa magnitude, isto é, abaixo de 0,70, evidenciando inconsistência na superioridade do genótipo com a variação ambiental (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), o que dificulta a indicação de linhagens e cultivares. Resultado semelhante foi verificado por Barros et al. (2012), em estudos realizados com 29 genótipos de soja em seis ambientes no estado do Mato Grosso.

Tabela 5. Coeficiente de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) entre pares de ambientes, na análise de 28 genótipos de soja cultivados em 15 ambientes.

Ambientes		r_f	r_g	Ambientes		r_f	r_g	Ambientes		r_f	r_g
A 1	A 2	-0,05	0,45	A 3	A 12	0,18	0,62	A 7	A 9	0,18	0,61
A 1	A 3	0,56**	0,92	A 3	A 13	0,18	0,63	A 7	A 10	-0,54 **	-0,16
A 1	A 4	0,10	0,59	A 3	A 14	-0,08	0,45	A 7	A 11	0,01	0,53
A 1	A 5	0,02	0,51	A 3	A 15	-0,93	0,42	A 7	A 12	0,12	0,60
A 1	A 6	-0,18	0,08	A 4	A 5	0,22	0,62	A 7	A 13	0,37*	0,79
A 1	A 7	0,24	0,80	A 4	A 6	0,13	0,64	A 7	A 14	0,21	0,64
A 1	A 8	0,10	0,59	A 4	A 7	0,39*	0,82	A 7	A 15	0,24	0,74
A 1	A 9	0,02	0,51	A 4	A 8	0,49**	0,86	A 8	A 9	0,36	0,72
A 1	A 10	-0,20	0,22	A 4	A 9	0,24	0,66	A 8	A 10	-0,19	0,34
A 1	A 11	0,21	-0,51	A 4	A 10	-0,23	0,32	A 8	A 11	-0,18	0,27
A 1	A 12	0,26	0,73	A 4	A 11	-0,64	0,43	A 8	A 12	0,65	0,55
A 1	A 13	0,15	0,61	A 4	A 12	0,04	0,53	A 8	A 13	0,34	0,74
A 1	A 14	0,27	0,67	A 4	A 13	0,38*	0,78	A 8	A 14	-0,11	0,43
A 1	A 15	0,00	0,50	A 4	A 14	0,02	0,51	A 8	A 15	0,02	0,52
A 2	A 3	-0,19	0,32	A 4	A 15	-0,01	0,49	A 9	A 10	0,02	0,51
A 2	A 4	0,18	0,32	A 5	A 6	0,17	0,59	A 9	A 11	-0,02	0,49
A 2	A 5	0,08	0,68	A 5	A 7	0,57**	0,79	A 9	A 12	-0,16	0,40
A 2	A 6	0,06	0,55	A 5	A 8	0,27	0,63	A 9	A 13	0,09	0,56
A 2	A 7	0,06	0,59	A 5	A 9	-0,01	0,50	A 9	A 14	-0,35	0,27
A 2	A 8	-0,18	0,56	A 5	A 10	-0,37	0,33	A 9	A 15	-0,15	0,40
A 2	A 9	0,50**	0,32	A 5	A 11	-0,21	0,41	A 10	A 11	0,22	1,07
A 2	A 10	-0,50	0,91	A 5	A 12	-0,01	0,49	A 10	A 12	0,04	0,53
A 2	A 11	0,22	0,45	A 5	A 13	0,22	0,63	A 10	A 13	-0,13	0,41
A 2	A 12	-0,29	0,84	A 5	A 14	-0,02	0,49	A 10	A 14	-0,05	0,47
A 2	A 13	0,11	0,23	A 5	A 15	0,16	0,59	A 10	A 15	-0,40 *	0,08
A 2	A 14	-0,13	0,60	A 6	A 7	0,03	0,54	A 11	A 12	0,06	0,57
A 2	A 15	0,05	0,39	A 6	A 8	-0,37 *	0,10	A 11	A 13	-0,08	0,44
A 3	A 4	0,02	0,56	A 6	A 9	-0,16	0,39	A 11	A 14	0,38*	0,75
A 3	A 5	0,16	0,59	A 6	A 10	-0,23	0,17	A 11	A 15	0,13	0,79
A 3	A 6	-0,07	0,43	A 6	A 11	0,12	0,00	A 12	A 13	0,09	0,56
A 3	A 7	0,29	0,71	A 6	A 12	-0,22	0,28	A 12	A 14	0,40*	0,75
A 3	A 8	0,33	0,73	A 6	A 13	-0,17	0,34	A 12	A 15	-0,01	0,49
A 3	A 9	0,17	0,61	A 6	A 14	-0,16	0,38	A 13	A 14	0,16	0,61
A 3	A 10	-0,12	0,42	A 6	A 15	0,29	0,93	A 13	A 15	-0,18	0,34
A 3	A 11	0,02	0,52	A 7	A 8	0,48*	0,89	A 14	A 15	0,05	0,54

^{ns}: não significativo pelo teste t a 5% de significância. Ambientes: A1 (Porangatu/GO – 2009/2010), A2 (Balsas/MA – 2009/2010), A3 (Porto Nacional/TO - 2009/2010), A4 (Porto Alegre do Norte/MT - 2009/2010), A5 (Balsas/MA – 2010/2011), A6 (Bom Jesus/PI - 2010/2011), A7 (Porto Alegre do Norte/MT - 2010/2011), A8 (Alto Taquari/MT - 2011/2012), A9 (Lucas do Rio Verde/MT – 2011/2012), A10 (Currais/PI - 2011/2012), A11 (Urutai/GO - 2012/2013), A12 (Alto Taquari/MT - 2012/2013), A13 (Lucas do Rio Verde/MT – 2012/2013), A14 (Querência/MT - 2012/2013) e A15 (Porangatu/GO - 2013/2014);

Na Tabela 6, estão apresentados os índices ambientais e a classificação dos ambientes estudados, na qual se inferiu que 40% foram classificados como favoráveis. Locais favoráveis ocorrem em virtude da influência do ambiente que, para o caso da

cultura da soja, passou provavelmente por algum estresse biótico ou abiótico. Avaliando o desempenho agrônômico de cultivares de soja em duas épocas de semeadura no cerrado Piauiense, Alcântara Neto et al. (2012) mencionam a ocorrência de déficit hídrico no período entre o início do estágio vegetativo ao início do florescimento e enchimento de grãos, o que acarretou em redução da produtividade de grãos das cultivares de soja em uma das duas safras avaliadas.

Tabela 6. Índice ambiental, na análise de 28 genótipos de soja de ciclo precoce cultivados em 15 ambientes.

Ambiente	Média	Índice	Classe
Porangatu-GO (2009/2010)	3403,25	-286,79	Desfavorável
Balsas-MA (2009/2010)	4428,57	738,53	Favorável
Porto Nacional-TO (2009/2010)	3208,74	-481,29	Desfavorável
Porto Alegre do Norte-MT (2009/2010)	3527,00	-163,04	Desfavorável
Balsas-MA (2010/2011)	3348,21	-341,83	Desfavorável
Bom Jesus-PI (2010/2011)	4069,37	379,33	Favorável
Porto Alegre do Norte-MT (2010/2011)	4835,27	1145,23	Favorável
Alto Taquari-MT (2011/2012)	2878,88	-811,16	Desfavorável
Lucas do Rio Verde-MT (2011/2012)	5158,45	1468,41	Favorável
Currais-PI (2011/2012)	2218,62	-1471,42	Desfavorável
Urutaí-GO (2012/2013)	3060,65	-629,39	Desfavorável
Alto Taquari-MT (2012/2013)	2842,15	-847,89	Desfavorável
Lucas do Rio Verde-MT (2012/2013)	5192,28	1502,24	Favorável
Querência-MT (2012/2013)	3168,44	-521,60	Desfavorável
Porangatu-GO (2013/2014)	4010,71	320,67	Favorável

Pelo método de Wricke (1965), foi possível determinar a estabilidade do genótipo pelo princípio da invariância, isto é, os genótipos que contribuem menos para ocorrência da interação $G \times A$ (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Na Tabela 7, estão apresentadas as estimativas do parâmetro W_i , cujos valores oscilaram de 0,89% a 8,33%, permitindo identificar os cinco genótipos mais estáveis, os quais foram: UFU 22, UFU 09, UFU 08, UFU 18, UFU 21. Por outro lado, os genótipos menos estáveis foram: Emgopa 316, UFU 01, UFU 06, M-SOY 8001, UFUS Riqueza. Portanto, verificou-se que entre os genótipos menos e mais estáveis foram incluídos aqueles de produtividade de grãos superior. Esses resultados concordam parcialmente com os obtidos por Golçalves, Di Mauro e Cargnelutti Filho (2007) ao avaliarem 28 genótipos de soja pelo método de Wricke (1965), pois encontraram valores superiores ao parâmetro W_i para as linhagens de soja mais produtivas.

Tabela 7. Produtividade de grãos e parâmetros de estabilidade pelos métodos de Wricke (1965) e Annicchiarico (1992), em 28 genótipos de soja convencional cultivados em 15 ambientes distribuídos em 5 Estados brasileiros.

Genótipos	Produtividade (Kg ha ⁻¹)	Wricke (1965)		Annicchiarico (1992)		
		Ecovalência	Wi (%)	Wig (%)	Wif (%)	Wid (%)
UFU 01	3410,06	44852849,39	6,89	82,69	98,49	73,15
UFU 02	4008,24	33366423,37	5,13	101,42	102,16	100,59
UFU 03	3899,83	21710191,25	3,34	99,98	102,83	98,24
UFU 04	3719,57	18492171,95	2,84	93,98	102,11	88,79
UFU 05	4024,04	19006714,45	2,92	103,82	108,94	100,39
UFU 06	4225,51	44480818,54	6,84	104,44	113,21	98,67
UFU 07	4133,93	12425383,34	1,91	107,78	105,77	108,99
UFU 08	3863,67	8274653,67	1,27	100,83	104,43	98,52
UFU 09	3995,18	7269451,01	1,12	105,22	104,60	105,51
UFU 10	3793,97	19698467,80	3,03	97,22	93,83	99,77
UFU 11	3585,25	17556265,88	2,70	91,68	95,93	89,51
UFU 12	3444,54	15811841,61	2,43	90,26	86,39	93,01
UFU 13	3354,84	16378735,23	2,52	86,23	90,77	83,81
UFU 14	3539,35	22887915,02	3,52	92,20	82,78	99,33
UFU 15	3242,50	17163971,74	2,64	83,31	84,42	82,99
UFU 16	3326,02	30868640,01	4,74	84,96	84,69	85,12
UFU 17	3783,91	19262106,54	2,96	97,86	88,97	104,41
UFU 18	3975,10	10400459,05	1,60	102,85	101,55	103,86
UFU 19	3541,32	14766223,85	2,27	91,33	92,49	90,30
UFU 20	3804,51	22108247,80	3,40	98,46	96,84	100,05
UFU 21	3925,28	11127590,00	1,71	103,31	94,82	109,79
UFU 22	3805,63	5774695,48	0,89	100,74	99,71	101,30
UFU 23	3438,47	16213556,91	2,49	86,75	97,89	80,14
M-SOY 6101	3614,22	34589468,20	5,32	90,74	89,51	91,22
Emgopa 316	3577,82	54207254,48	8,33	90,80	83,99	95,31
UFUS Guarani	3380,61	28107332,09	4,32	88,32	79,16	95,88
UFUS Riqueza	3407,56	40283998,38	6,19	80,85	103,87	68,14
M-SOY 8001	3500,14	43531713,24	6,69	87,51	92,23	84,04

A estabilidade mensurada pelo método de Annicchiarico (1992) refere-se à medida de superioridade do genótipo em relação à média de cada ambiente, e é baseada na estimação do índice de confiança Wi. No que concerne à classificação geral, observou-se que as linhagens mais estáveis foram: UFU 07, UFU 09, UFU 06, UFU 05 e UFU 21; cujos índices de confiança foram superiores a 100% (Tabela 7). Quanto à adaptação específica a ambientes favoráveis, destacaram-se os genótipos: UFU 06, UFU 05, UFU 07, UFU 09 e UFU 08. Já na adaptação aos ambientes desfavoráveis, destacaram-se as linhagens: UFU 21, UFU 07, UFU 09, UFU 17 e UFU 18. Carvalho et al. (2013) também adotaram o método de Annicchiarico (1992) em estudos com

genótipos de soja cultivados em oito ambientes no estado do Tocantins, obtendo índices de confiança superiores a 100% na classificação geral, na favorável e na desfavorável.

Segundo Eberhart e Russel (1966), o genótipo ideal é aquele que apresenta adaptação ampla ($B_1 = 1$) e alta estabilidade (variância dos desvios da regressão nula). Por esse aspecto, os genótipos UFU 07, UFU 08, UFU 09, UFU 18, UFU 19, UFU 21 e UFU 22 se enquadram nessa classificação, além de também apresentarem regressões cujos coeficientes de determinação (R^2) foram superiores a 70% (Tabela 8), confirmando a alta previsibilidade de comportamento dessas linhagens. Cabe destacar que os genótipos mais produtivos foram: UFU 07, UFU 08, UFU 09, UFU 21 e UFU 22, cujas produtividades de grãos foram superiores a 3800 kg ha⁻¹. Assim, estes genótipos são capazes de responder de maneira satisfatória à melhoria do ambiente e apresentar elevada capacidade produtiva em ambientes favoráveis e desfavoráveis (CARVALHO et al., 2013).

O método Eberhart e Russel (1966) permite também identificar os genótipos com adaptação específica a ambientes favoráveis ($B_1 > 1$) e desfavoráveis ($B_1 < 1$).

Tabela 8. Produtividade de grãos e parâmetros de estabilidade e adaptabilidade pelos métodos de Eberhart e Russel (1966) e Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998), em 28 genótipos de soja convencional cultivados em 15 ambientes distribuídos em 5 Estados brasileiros.

Genótipos	Produtividade (Kg ha ⁻¹)	Eberhart e Russel (1966)			Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)		
		B _{1i}	S ² di	R ² (%)	Pigeral	Pifavoravel	Pidesfavoravel
UFU 01	3410,06	1,44*	754680,8744++	64,64	2325539,52	1742758,91	2714059,93
UFU 02	4008,24	0,94 ^{ns}	626195,799++	47,08	1196869,44	1793885,89	798858,47
UFU 03	3899,83	1,05 ^{ns}	328264,2914++	63,18	1315220,16	1227208,80	1373894,40
UFU 04	3719,57	1,26 ^{ns}	189856,8487+	76,65	1393124,96	1475002,95	1338539,63
UFU 05	4024,04	1,23 ^{ns}	217191,3512+	74,48	1024099,33	906389,45	1102572,58
UFU 06	4225,51	1,70**	495699,915++	77,45	791773,81	605749,80	915789,82
UFU 07	4133,93	1,19 ^{ns}	62524,7954 ^{ns}	80,76	785522,83	1106508,70	571532,24
UFU 08	3863,67	1,20 ^{ns}	-48432,0181 ^{ns}	87,46	1108389,36	1111224,96	1106498,95
UFU 09	3995,18	1,09 ^{ns}	-46653,0546 ^{ns}	85,06	960373,65	1295815,79	736745,55
UFU 10	3793,97	1,01 ^{ns}	278907,1493++	63,37	1372552,09	1813870,68	1078339,70
UFU 11	3585,25	0,97 ^{ns}	223039,9095+	64,13	1641185,00	1856432,59	1497686,61
UFU 12	3444,54	0,67*	85870,5709 ^{ns}	55,35	2078080,43	3071707,33	1415662,50
UFU 13	3354,84	0,86 ^{ns}	176234,7921+	61,09	2144599,10	2301994,58	2039668,78
UFU 14	3539,35	0,64*	249476,1056+	42,59	1880393,20	3066438,41	1089696,39
UFU 15	3242,50	0,83 ^{ns}	187961,554+	58,64	2340375,07	2759984,16	2060635,68
UFU 16	3326,02	0,68*	479931,4923++	36,37	2397220,32	2866405,86	2084429,95
UFU 17	3783,91	0,90 ^{ns}	259887,2671+	59,14	1328776,45	2227286,03	729770,06
UFU 18	3975,10	1,11 ^{ns}	30279,8769 ^{ns}	80,50	1057936,83	1456978,18	791909,26
UFU 19	3541,32	1,04 ^{ns}	150775,7048 ^{ns}	71,35	1815580,04	2002652,18	1690865,28
UFU 20	3804,51	0,85 ^{ns}	320934,9216++	53,09	1412436,67	1834092,61	1131332,70
UFU 21	3925,28	0,89 ^{ns}	47838,4866 ^{ns}	71,10	1087456,42	1848341,55	580199,67
UFU 22	3805,63	0,98 ^{ns}	-78449,266 ^{ns}	84,80	1286216,23	1695277,85	1013508,49
UFU 23	3438,47	1,15 ^{ns}	170915,5241+	74,04	1967140,85	1941144,10	1984472,02
M-SOY 6101	3614,22	0,95 ^{ns}	658478,9934++	46,65	1770608,76	2384374,06	1361431,89
Emgopa 316	3577,82	0,72*	1094010,8793++	25,00	2066970,02	3372857,08	1196378,65
UFUS Guarani	3380,61	0,37**	157547,5959 ^{ns}	23,89	2219970,39	3597714,02	1301474,63
UFUS Riqueza	3407,56	1,49**	602244,5586++	69,68	2048387,54	1421067,53	2466600,88
M-SOY 8001	3500,14	0,81 ^{ns}	859165,1182++	34,24	2282541,94	2899678,62	1871117,49

^{ns}: não significativo; * e **: significativo a 5% e 1%, pelo teste t. ^{ns}: não significativo; + e ++: significativo a 5% e 1%, pelo teste F; B_{1i}: parâmetro de adaptabilidade; S²: variância dos desvios da regressão; R²: coeficiente de determinação da regressão;

Pela Tabela 8, notou-se que as linhagens UFU 01, UFU 06 e a cultivar UFUS Riqueza foram adaptadas a ambientes favoráveis, no entanto, todas apresentaram baixa estabilidade, em virtude da variância dos desvios de regressão ser significativa. Considerando os genótipos adaptados a ambientes desfavoráveis, destacam-se as linhagens UFU 12, UFU 14, UFU 16 e as cultivares Emgopa 316 e UFUS Guarani, contudo apenas a linhagem UFU 12 apresentou desvios de regressão não significativos, alta previsibilidade e R² mais alto. Esses resultados assemelham-se aos de Carvalho et al. (2013), os quais observaram que, de dois cultivares de adaptação específica a ambientes favoráveis, apenas uma apresentou alta previsibilidade de comportamento e alta produtividade de grãos.

O método não paramétrico de Lin e Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), permite analisar a adaptação e estabilidade dos genótipos por apenas um parâmetro (P_i), conforme consta na Tabela 8. No que tange à adaptação geral, destacam-se as linhagens: UFU 07, UFU 06, UFU 09, UFU 05 e UFU 18, as quais apresentaram menores estimativas do parâmetro P_i geral e também elevada média de produtividade de grãos. Romanato et al. (2016), em pesquisas com 30 genótipos de soja cultivados no estado de Goiás, também adotaram o método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) para classificar os genótipos quanto à estabilidade.

As linhagens UFU 06, UFU 05, UFU 07, UFU 08 e UFU 03 tiveram adaptação específica a ambientes favoráveis pelo método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998). Já a adaptação a ambientes desfavoráveis foi observada para as linhagens UFU 07 UFU 21, UFU 17, UFU 09 e UFU 18, pois apresentaram menores valores de P_i desfavorável (Tabela 8).

O método Centróide consiste na comparação de valores e da distância cartesiana entre os genótipos e quatro genótipos ideais, designados como ideótipo, permitindo a classificação desses quanto à adaptabilidade geral, adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e pouco adaptado (ROCHA et al., 2005), conforme apresentado na Tabela 9.

Constatou-se que 43% dos genótipos tiveram adaptação geral, entre os quais destacam-se, pela elevada produtividade de grãos UFU 02, UFU 05, UFU 06, UFU 07 e UFU 09, indicando a possibilidade de recomendação para todos os ambientes testados (Tabela 9). Adotando o mesmo método, Batista et al. (2015) não observaram nenhum genótipo com classificação ampla. Por outro lado, Barros et al. (2012) verificaram que 31% genótipos de soja foram posicionados no grupo I. Em pesquisas com linhagens e cultivares de soja em seis ambientes do estado do Mato Grosso, Barros et al. (2010) verificaram a predominância da classificação dos genótipos com adaptação geral.

Cinco genótipos foram classificados com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, cujas médias de produtividade de grãos oscilaram de 3407,56 a 3719,57 kg ha⁻¹, respectivamente para a cultivar UFUS Riqueza e para a linhagem UFU 06 (Tabela 9). No que se refere à adaptabilidade a ambientes desfavoráveis, notou-se que nas linhagens UFU 14, UFU 17 e as cultivares M-SOY 6101, Emgopa 316, UFUS Guarani, as médias de produtividade de grãos encontradas variaram de 3380,61 a 3614,22 kg ha⁻¹, entre UFUS Guarani e M-SOY 6101, respectivamente (Tabela 9). Em estudos com cultivares de soja no estado de Minas Gerais, Marques et al. (2011) encontraram a

cultivar UFUS Guarani classificada em adaptação geral, enquanto UFUS Riqueza foi classificada como pouco adaptada, distinguindo, assim, dos resultados encontrados neste estudo.

Os genótipos pouco adaptados, representaram 21%, sendo que UFU 15, UFU 16 e UFU 13 apresentaram as menores médias de produtividade de grãos: 3242,50; 3326,02; 3354,84 kg ha⁻¹, respectivamente (Tabela 9). Pelúzio et al. (2010) utilizando o método do Centróide, observaram que 20% dos genótipos avaliados no Tocantins, foram classificados como pouco adaptados, em linha com o observado nesta pesquisa.

Tabela 9. Produtividade de grãos e parâmetros de estabilidade e adaptabilidade pelo método Centróide (Rocha et al., 2005), em 28 genótipos de soja convencional cultivados em 15 ambientes distribuídos em 5 Estados brasileiros.

Genótipos	Produtividade (Kg ha ⁻¹)	Classifi- cação	Prob (I)	Prob (II)	Prob (III)	Prob (IV)
UFU 01	3410,06	II	0,22	0,33	0,19	0,25
UFU 02	4008,24	I	0,29	0,23	0,27	0,21
UFU 03	3899,83	I	0,28	0,26	0,23	0,23
UFU 04	3719,57	II	0,27	0,28	0,22	0,23
UFU 05	4024,04	I	0,31	0,28	0,21	0,20
UFU 06	4225,51	I	0,36	0,27	0,20	0,18
UFU 07	4133,93	I	0,34	0,24	0,23	0,19
UFU 08	3863,67	I	0,29	0,27	0,22	0,22
UFU 09	3995,18	I	0,31	0,25	0,24	0,20
UFU 10	3793,97	I	0,27	0,24	0,26	0,23
UFU 11	3585,25	IV	0,24	0,26	0,24	0,26
UFU 12	3444,54	IV	0,21	0,23	0,27	0,29
UFU 13	3354,84	IV	0,21	0,26	0,23	0,30
UFU 14	3539,35	III	0,22	0,21	0,30	0,27
UFU 15	3242,50	IV	0,21	0,25	0,24	0,31
UFU 16	3326,02	IV	0,21	0,25	0,24	0,30
UFU 17	3783,91	III	0,27	0,22	0,29	0,23
UFU 18	3975,10	I	0,30	0,24	0,25	0,21
UFU 19	3541,32	II	0,23	0,27	0,23	0,27
UFU 20	3804,51	I	0,27	0,24	0,26	0,23
UFU 21	3925,28	I	0,29	0,22	0,27	0,21
UFU 22	3805,63	I	0,27	0,25	0,25	0,23
UFU 23	3438,47	II	0,22	0,28	0,22	0,28
M-SOY 6101	3614,22	III	0,24	0,24	0,26	0,26
Emgopa 316	3577,82	III	0,23	0,22	0,28	0,27
UFUS Guarani	3380,61	III	0,21	0,20	0,30	0,29
UFUS Riqueza	3407,56	II	0,23	0,31	0,21	0,26
M-SOY 8001	3500,14	IV	0,22	0,25	0,25	0,28

I: Adaptabilidade Geral; II: Adaptabilidade específica ambientes favoráveis; III: Adaptabilidade específica ambientes desfavoráveis; IV: Pouco adaptado

De acordo com Rocha et al. (2005), valores de probabilidade próximos ou superiores a 0,50 indicam boa confiabilidade nos agrupamentos dos genótipos em relação aos ideótipos. Neste estudo, os valores de probabilidade que permitiram a classificação dos genótipos entre os grupos oscilaram de 0,26 a 0,36 (Tabela 9).

Com intuito de inferir sobre a estabilidade dos genótipos pela análise AMMI (ZOBEL et al., 1988), foi representado no plano cartesiano os dois primeiros componentes principais (CP1, CP2) (Figura 1).

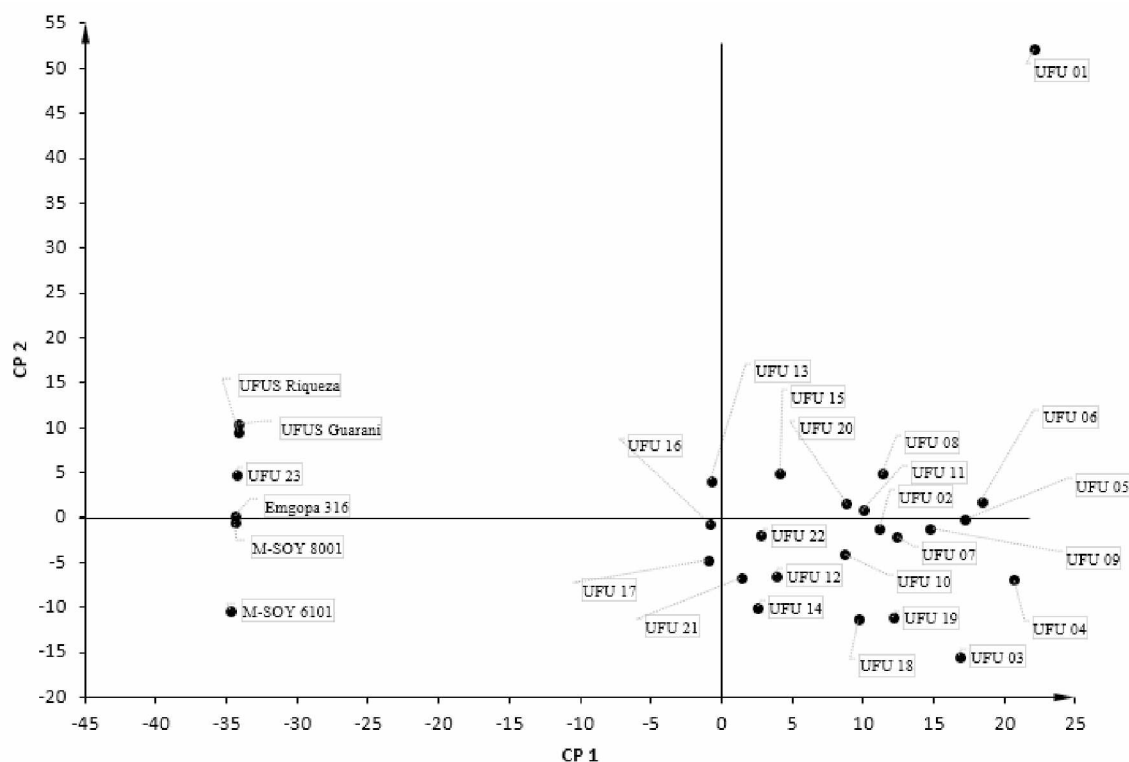


Figura 1. Plotagem dos escores dos dois primeiros componentes principais, segundo o modelo AMMI para o caráter produtividade de grãos, para 28 genótipos de soja convencional de ciclo precoce.

Em relação à decomposição da interação G x A pelo método AMMI, verificou-se que os componentes principais 1 e 2 foram significativos ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F, cujas explicações acumuladas em ambos os componentes foram superiores a 90%. Esses resultados corroboram os obtidos por Meotti et al. (2012) e Sousa et al. (2016).

A interpretação da estabilidade é feita a partir dos pontos plotados dos genótipos, os quais são considerados mais estáveis quando estiverem posicionados próximos à origem. Notou-se que as linhagens mais próximas à origem foram UFU 16, UFU 13, UFU 22, UFU 21 e UFU 17, porém apenas UFU 21 e UFU 22 apresentaram média de produtividade de grãos mais elevada em comparação aos demais.

Ao realizar uma análise comparativa entre os métodos empregados neste trabalho de adaptabilidade e estabilidade, a linhagem UFU 21 foi classificada como adaptação ampla por Eberhart e Russel (1966) e Annicchiarico (1992) e foi também classificada como estável pelos métodos Wricke (1965) e AMMI. E a linhagem UFU 22, de modo análogo, exceto para o método Annicchiarico (1992).

Considerando concomitante os métodos Annicchiarico (1992), Eberhart e Russel (1966) e Lin e Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), a linhagem UFU 06 foi adaptada a condições favoráveis.

Considerando Annicchiarico (1992) e Lin e Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), UFU 5, UFU 7 e UFU 8 obtiveram adaptação a ambientes favoráveis.

Quanto à classificação a ambientes desfavoráveis, os métodos Annicchiarico (1992) e Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) foram coincidentes na classificação dos genótipos, sendo ambos semelhantes na classificação da linhagem UFU 17, como adaptada a ambientes favoráveis pelo método de Centróide.

Carvalho et al. (2013) comentam que o uso concomitante dos métodos de Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998), e Annicchiarico (1992) permitem aumentar a confiança quanto à classificação e indicação de cultivares de soja para determinados ambientes. Teixeira Júnior et al. (2015) concordam com essa estratégia, incluindo o método Centróide (ROCHA et al., 2005).

4.4. Conclusões

A interação genótipos por ambientes para a produtividade de grãos em soja foi de natureza complexa na avaliação de 28 genótipos de soja convencional, de ciclo precoce, em 15 locais distribuídos em cinco estados brasileiros.

As análises Annicchiarico (1992) e Lin e Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), foram similares na classificação dos genótipos que se destacaram quanto à adaptação ampla e específica a ambientes favoráveis e desfavoráveis;

O método Wricke (1965), Eberhart e Russel (1966) e AMMI (ZOBEL et al., 1988) identificaram as linhagens UFU 21 e UFU 22 como as mais estáveis, ambas apresentaram produtividade de grãos superior a 3800,00 kg ha⁻¹

A linhagem UFU 06 obteve média de produtividade de grãos superior a 4000,00-kg ha⁻¹ e apresentou adaptação ampla pelos métodos Annicchiarico (1992) e Lin e Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), e Centróide (ROCHA et al., 2005).

4.5. Referências

ALCÂNTARA NETO, F. et al. Desempenho agronômico de cultivares de soja em duas épocas de semeadura no cerrado piauiense. **Comunicata Scientiae**. 3 (3): 215-219, 2012.

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. **J. Genetics & Breeding**, [S.I.]. v. 46, p. 269-278, 1992.

BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T.; MELO, A. V.; FIDELIS, R. R.; CAPONE, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja por meio de métodos uni e multivariado. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, Gurupi, v. 3, n.2: p. 49-58, 2012.

BARROS, H.B.; SEDIYAMA, T.; TEXEIRA, R.C.; FIDELIS, R.R.; CRUZ, C.D.; REIS, M.S. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja avaliados no estado do Mato Grosso. **Revista Ceres**, v.57, n.3, p. 359-366, 2010.

CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 155 f. Tese. Doutorado em Genética e Melhoramento - Universidade Federal de Viçosa. 1998.

CARVALHO, E. V. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em Tocantins. **Revista Agro@mbiente**. On-line, 7, n. 2, p. 162-169, maio-agosto, 2013.

CÉLERES, Adoção de Biotecnologia 2016/17. **Informativo Biotecnologia**. IB16.03. 09 dez. 2016. Disponível em: < <http://www.celeres.com.br/2o-levantamento-de-adocao-da-biotecnologia-agricola-no-brasil-safra-201617/>>. Acesso em: 13 fev. 2017.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos – v.4 – SAFRA 2016/17 – N.4 – Quarto levantamento**. Brasília: Conab, janeiro 2017, 162p. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_01_11_11_30_39_boletim_graos_janeiro_2017.pdf>. Acesso em: 14 jan. 2017.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. Evolução dos custos de produção de soja no Brasil. **Compendio de estudos Conab**. ISSN: 2448-3710, v.2, 2016. Disponível em:< http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_09_14_15_10_40_compendio_de_estudos_conab_-_volume_2,_2016.pdf>. Acesso em: 10 fev. 2017.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. Agronomy, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

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

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

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

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil 2014**. - Londrina: Embrapa Soja, 2013. 265 p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University. Special Report, 80, Iowa Cooperative Extensive Service, Iowa, 12 p, 1977. Disponível em: <https://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Repositorio/STAGES.+FEHR_000g50w2l4s02wx5ok0dkla0sik2sqav.pdf>. Acesso em: 7 jan. 2017.

FERREIRA JÚNIOR, J. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ESPINDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V. F.; DI MAURO, A. O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Ciência Agronômica**, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015. Disponível em: <<http://www.ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista/article/view/3768/1180>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

FERREIRA, D. F. **Programa Estabilidade**, 2002. Disponível em: <www.dex.ufla.br>. Acesso em: 15 fev. 2017.

GONÇALVES, E. C. P.; MAURO, A. O.; CARGNELUTTI-FILHO, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja conduzidos em duas épocas de semeadura, na região de Jaboticabal – SP. **Revista Científica**, Jaboticabal, v.35, n.1, p.61 - 70, 2007

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A method of analyzing cultivar x location x year experiment: a new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.76, n.3, p. 425-430, 1988.

MARQUES, M. C.; HAMAWAKI, O. T.; SEDIYAMA, T.; BUENO, M. R.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; NOGUEIRA, A. P. O. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.27, n.1, p. 56-69, 2011.

MEOTTI, G. V.; BENIN, B.; SILVA, R. R.; BECHE, E.; MUNARO, L. B. Épocas de semeadura e desempenho agronômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p. 14-21, 2012.

NOGUEIRA, A. P. O; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. D. Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas ultimas décadas. In: LEMES, E; CASTRO, L.; ASSIS, R. (Org.) **Doenças da soja: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo**. Campinas: Millennium Editora, 2015, p. 159-178.

PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F.; MONTEIRO, F. J. F.; MELO, A. V.; PIMENTA, R. S. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em várzea irrigada no Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, p. 427-434, 2010.

PMSOJA. **Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia**. Site. Disponível em: < <http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/>>. Acesso em: 7 jan. 2017.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

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

ROMANATO, F. N. et al. Análises paramétricas e não paramétricas para determinação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em três épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 32, n. 3, p. 574-580. 2016

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivares. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (Eds). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 149-167p.

SOARES, I. O. et al. Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genetics and Molecular Research**. 2015. Disponível em: <<http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2015/vol14-3/pdf/gmr5354.pdf>>. Acesso em: 21 mai. 2017.

TEIXEIRA JÚNIOR, T. et al. Correlação entre metodologias de adaptabilidade e estabilidade para genótipos de soja em regiões de áreas degradadas. **Revista Agro@mbiente**. On-line, v. 9, n. 1, p. 35-41, janeiro-março, 2015.

UNÊDA-TREVISOLI, S. H., et al. Avaliação de cultivares de soja precoces para cultivo em áreas de reforma de cana-de-açúcar. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v. 1, n. 1, p. 50-57, 2010.

VASCONCELOS, E. S. et al. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 36, n. 3, p. 1203-1214, maio/jun. 2015.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hofer. **Pflanzenzuchturg**, Berlin, v.52, p.127-138, 1965.

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v.80, p.388-393, 1988.

ANEXO 1: Médias* de produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 28 genótipos de soja de ciclo precoce cultivados em 15 ambientes.

G	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	A14	A15	média
1	2661,75 a D	5750,00 a B	3321,00 a C	1949,63 b D	2110,95 c D	3907,13 a C	4323,75 b B	2693,25 b D	7192,13 a A	2436,25 a D	3571,88 a C	1545,75 b D	4926,38 c B	1536,75 b D	3224,25 b C	3410,06
2	3421,13 a C	4750,00 a B	3866,63 a C	4078,13 a B	5508,90 a A	4504,50 a B	5533,75 a A	3756,38 a C	4221,00 c B	1365,00 a D	3152,25 a C	2558,25 b C	4628,25 c B	2875,50 a C	5904,00 a A	4008,24
3	4367,25 a A	5375,00 a A	4097,25 a A	2733,75 b C	2468,25 c C	3710,25 a B	4747,50 a A	1872,00 b C	4920,75 b A	2440,00 a C	3607,88 a B	3327,75 a B	6068,25 b A	4144,50 a A	4617,00 a A	3899,83
4	3819,38 a B	5750,00 a A	2909,25 b B	3609,00 a B	4170,60 b A	4831,88 a A	4273,75 b A	2238,75 b C	5703,75 a A	2092,50 a C	2742,75 a B	1550,25 b C	5121,00 c A	3256,88 a B	3723,75 b B	3719,57
5	3377,25 a C	5375,00 a B	2750,63 b C	4377,38 a B	2668,05 c C	3836,25 a C	4702,50 b B	3612,38 a C	6818,63 a A	2468,75 a C	3573,00 a C	3228,75 a C	5413,50 b B	2837,25 a C	5321,25 a B	4024,04
6	3251,25 a D	5500,00 a B	2741,63 b D	5656,50 a B	4446,90 a C	4299,75 a C	5492,50 a B	3858,75 a C	6716,25 a A	1768,75 a D	3112,88 a D	2508,75 b D	7886,25 a A	2567,25 b D	3575,25 b C	4225,51
7	3488,63 a C	4875,00 a B	3543,75 a C	3990,38 a C	4774,05 a B	4113,00 a C	5907,50 a A	2932,88 a C	6359,63 a A	2835,00 a C	3458,25 a C	2434,50 b C	5803,88 b A	3960,00 a C	3532,50 C	4133,93
8	3029,63 a B	4750,00 a A	3937,50 a B	3534,75 b B	2752,20 c B	3893,63 a B	5187,50 a A	3237,75 a B	6162,75 a A	2327,50 a B	2856,38 a B	2713,50 b B	5717,25 b A	3834,00 a B	4020,75 b B	3863,67
9	3439,13 a C	5125,00 a A	3345,75 a C	4531,50 a B	3303,00 c C	4295,25 a B	5075,00 a A	3142,13 a C	6248,25 a A	2208,75 a C	3171,38 a C	2979,00 a C	4925,25 c A	4081,50 a B	4056,75 b B	3995,18
10	3597,75 a C	4500,00 a B	4251,38 a B	4320,00 a B	2433,15 c D	3485,25 a C	5083,75 a A	3631,50 a C	5097,38 b A	1750,00 a D	2525,63 a D	3953,25 a B	6005,25 b A	3134,25 a C	3141,00 b C	3793,97
11	3289,50 a B	4625,00 a A	3890,25 a A	3708,00 a A	3529,80 b A	4323,38 a A	4633,75 b A	2604,38 b B	4543,88 b A	3125,00 a B	2909,25 a B	2121,75 b C	5539,50 b A	1384,88 b C	3550,50 b A	3585,25
12	3742,88 a A	4000,00 b A	3393,00 a A	3992,63 a A	2282,40 c B	3882,38 a A	4560,00 b A	3037,50 a B	4637,25 b A	2390,00 a B	3531,38 a A	2102,63 b B	3474,00 c A	2594,25 b B	4047,75 b A	3444,54
13	3039,75 a B	3500,00 b A	1765,13 b B	3624,75 a A	1676,25 c B	4173,75 a A	4500,00 b A	2498,63 b B	4611,38 b A	2915,00 a B	2986,88 a B	3172,50 a B	5022,00 c A	2937,38 a B	3899,25 b A	3354,84
14	3966,75 a A	3875,00 b A	4057,88 a A	3169,13 b B	3163,05 c B	3813,75 a A	4288,75 b A	2020,50 b B	3313,13 c B	2092,50 a B	3325,50 a B	3138,75 a B	5575,50 b A	4126,50 a A	3163,50 b B	3539,35
15	2998,13 a C	4000,00 b B	2251,13 b C	3312,00 b C	1515,15 c C	3227,63 a C	3531,25 b B	2994,75 a C	5065,88 b A	2690,00 a C	2968,88 a C	1991,25 b C	4889,25 c A	3717,00 a B	3485,25 b B	3242,50
16	3349,13 a B	3500,00 b B	3525,75 a B	3037,50 b B	1460,70 c C	4507,88 a A	3126,25 b B	2541,38 b B	5645,25 b A	3190,00 a B	2895,75 a B	3334,50 a B	4200,75 c A	1836,00 b C	3739,50 b B	3326,02
17	3612,38 a B	3500,00 b B	2975,63 b B	3910,50 a B	4626,90 a A	2957,63 a B	5422,50 a A	4038,75 a B	5343,75 b A	1915,00 a B	2860,88 a B	2841,75 a B	5456,25 b A	3793,50 a B	3503,25 b B	3783,91
18	4072,50 a B	4625,00 a A	3821,63 a B	3929,63 a B	3775,50 b B	4038,75 a B	5480,00 a A	2881,13 a B	6192,00 a A	1508,75 a C	3241,13 a B	3989,25 a B	5028,75 c A	3330,00 a B	3712,50 b B	3975,10
19	4069,13 a A	4875,00 a A	2590,88 b B	2665,13 b B	2282,40 c B	2622,38 a B	4996,25 a A	3083,63 a B	5261,63 b A	2253,75 a B	2761,88 a B	2943,00 a B	5195,25 c A	3438,00 a B	4081,50 b A	3541,32
20	3237,75 a B	4500,00 a A	3454,88 a B	2209,50 b B	5243,40 a A	3611,25 a B	4816,25 a A	2724,75 b B	5816,25 a A	2451,25 a B	3259,13 a B	3696,75 a B	4479,75 c A	3172,50 a B	4394,25 a A	3804,51
21	3745,13 a B	3750,00 b B	4009,50 a B	3937,50 a B	4210,65 b B	4035,38 a B	5260,00 a A	3315,38 a B	5809,50 a A	2242,50 a B	2734,88 a B	3827,25 a B	5204,25 c A	3458,25 a B	3339,00 b B	3925,28
22	3447,00 a B	3875,00 b B	3520,13 a B	3191,63 b B	3442,50 b B	4678,88 a A	5688,75 a A	3285,00 a B	5099,63 b A	2100,00 a B	3444,75 a B	2763,00 b B	4950,00 c A	3467,25 a B	4131,00 b B	3805,63
23	2883,38 a B	4000,00 b A	2488,50 b B	3360,38 b B	2136,60 c B	4615,88 a A	5048,75 a A	2084,63 b B	5168,25 b A	1458,75 a B	2840,63 a B	2718,00 b B	4160,25 c A	3588,75 a A	5024,25 a A	3438,47
24	3866,63 a A	2250,00 b B	4765,50 a A	3065,63 b B	4050,00 a B	4703,63 a A	5182,50 a A	3486,38 a A	4718,25 b A	1528,75 a B	2520,00 a B	2427,75 b B	5292,00 c A	1998,00 b B	4358,25 a A	3614,22
25	3190,50 a C	2875,00 b C	2783,25 b C	2980,13 b C	3781,35 b C	4295,25 a B	5078,75 a B	2792,25 b C	1985,63 d C	1700,00 a C	3082,50 a C	3125,25 a C	6502,50 b A	4641,75 a B	4853,25 a B	3577,82
26	2526,75 a B	3625,00 b A	2283,75 b B	3021,75 b B	3851,10 b A	3677,63 a A	4110,00 b A	2583,00 b B	3124,13 c B	3442,50 a A	2863,13 a B	3638,25 a A	4929,75 c A	3755,25 a A	3277,13 b B	3380,61
27	2575,13 a B	5500,00 a A	1929,38 b B	3474,00 b A	5107,50 a A	4423,50 a A	4847,50 a A	2289,38 b B	5495,63 b A	1443,75 a B	1758,38 a B	2025,00 b B	4826,25 c A	1100,25 b B	4317,75 a A	3407,56
28	3225,38 a C	5375,00 a A	1573,88 b D	3385,13 b C	2978,55 c C	5476,50 a A	4488,75 b B	1371,38 b D	3164,63 c C	1981,25 a D	3940,88 a B	2923,88 a C	4162,50 c B	4149,00 a B	4305,38 a B	3500,14
média	3403,25	4428,57	3208,74	3527,00	3348,21	4069,37	4835,27	2878,88	5158,45	2218,62	3060,65	2842,15	5192,28	3168,44	4010,71	3690,04

*Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal e médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical não diferem estatisticamente entre si ao nível de 5% no teste Scott e Knott. Ambientes: A1 (Porangatu/GO – 2009/2010), A2 (Balsas/MA – 2009/2010), A3 (Porto Nacional/TO - 2009/2010), A4 (Porto Alegre do Norte/MT - 2009/2010), A5 (Balsas/MA – 2010/2011), A6 (Bom Jesus/PI - 2010/2011), A7 (Porto Alegre do Norte/MT - 2010/2011), A8 (Alto Taquari/MT - 2011/2012), A9 (Lucas do Rio Verde/MT – 2011/2012), A10 (Currais/PI - 2011/2012), A11 (Urutai/GO - 2012/2013), A12 (Alto Taquari/MT - 2012/2013), A13 (Lucas do Rio Verde/MT – 2012/2013), A14 (Querência/MT - 2012/2013) e A15 (Porangatu/GO - 2013/2014); Genótipos: 1-23: UFU 01 a UFU 23; 24: M-SOY 6101; 25: Emgopa 316; 26: UFUS Guarani; 27: UFUS Riqueza; 28: M-SOY 8001.