

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ABORDAGEM GENÉTICA E MULTIVARIADA NA
PERFORMANCE AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE SOJA
ORIUNDOS DE DIFERENTES GENEALOGIAS**

Guillermo Marcelo Gomez

Licenciado em Genética

2014

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

**ABORDAGEM GENÉTICA E MULTIVARIADA NA
PERFORMANCE AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE SOJA
ORIUNDOS DE DIFERENTES GENEALOGIAS**

Guillermo Marcelo Gomez

Orientador: Prof. Dr. Antônio Orlando Di Mauro

Coorientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

2014

G633a Gomez, Guillermo Marcelo
Abordagem genética e multivariada na performance
agronômica de genótipos de soja oriundos de diferentes
genealogias / Guillermo Marcelo Gomez. – – Jaboticabal,
2014
vii, 79 p. : il. ; 28 cm

Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2014
Orientador: Antônio Orlando Di Mauro
Banca examinadora:
Bibliografia

1. Interação genótipo-ambiente. 2. AMMI. 3. *Glycine
max*. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências
Agrárias e Veterinárias.

CDU 633.34:631.52

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da
Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação – UNESP, Câmpus de
Jaboticabal



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

CAMPUS DE JABOTICABAL

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS DE JABOTICABAL

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: ABORDAGEM GENÉTICA E MULTIVARIADA NA PERFORMANCE AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE SOJA ORIUNDOS DE DIFERENTES GENEALOGIAS

AUTOR: GUILLERMO MARCELO GOMEZ

ORIENTADOR: Prof. Dr. ANTONIO ORLANDO DI MAURO

CO-ORIENTADORA: Profa. Dra. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. ANTONIO ORLANDO DI MAURO

Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Prof. Dr. DILERMANDO PERECIN

Departamento de Ciências Exatas / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÓRO

Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Profa. Dra. IVANA MARINO BARBARO

Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios / Colina/SP

Prof. Dr. EVERTON LUIS FINOTO

Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios / Pindorama/SP

Data da realização: 17 de fevereiro de 2014.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

GUILLERMO MARCELO GOMEZ – nascido em 02 de Julio de 1976, em Merlo, Provincia de San Luis, Argentina. Ingressou no curso de Licenciatura em Genética na Faculdade Ciências Exatas, Químicas e Naturais, da Universidade Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina, obtendo o título de Licenciado em Genética em Junho de 2002. Durante a graduação, realizou estagio no Laboratório de biologia molecular no Departamento de Fitopatologia na ESALQ – USP. Em março de 2003 ingressou no curso de Mestrado em Genética Vegetal Faculdade de Agronomia da Universidade Nacional de Rosário, Zavalla, Santa Fe, Argentina. Durante o mestrado realizou estagio no Instituto de Genética “Ewald A. Favret”, INTA Castelar nos anos 2004-2005. Foi bolsista INTA de biotecnologia de algodão durante 2003-2004. No período de 2004-2009, atuou como Pesquisador em Melhoramento e Biotecnologia de algodão na Estação Experimental INTA Saénz Peña, Chaco, Argentina. Em março de 2010 ingressou no curso de Doutorado em Agronomia, Genética e Melhoramento de Planta na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária na Universidade Estadual Paulista – Câmpus Jaboticabal.

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Luis Antonio Gomez e Graciela Berta Bringas de Gomez por todo o suporte e pelo amor incondicional.

A toda minha família que contribuiu para eu chegasse até aqui, na finalização de mais uma etapa da minha vida. Em especial aos meus irmãos Javier, Alejandro, Fabian, Belén e Noelia, por sua ajuda incondicional. Aos meus sobrinhos Agostina, Serena, Dylan, Lautaro, Felipe, Facundo e Lisandro que me proporciona muitos momentos de alegria.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, CAPES, pela bolsa de doutorado.

À Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), Jaboticabal – SP e ao Departamento de Produção vegetal.

Ao Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro, pela orientação e realização deste trabalho, assim como pelos conselhos do cotidiano.

À coorientadora Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli, que se empenhou ao máximo em me auxiliar, pela sua amizade e conhecimentos transmitidos.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas.

À equipe do programa de melhoramento genético de soja da FCAV/UNESP.

Ao Técnico Agrícola Geraldo Magela de Assis pela amizade, companheirismo e dedicação às atividades do programa de melhoramento genético de soja da FCAV/UNESP.

Aos membros das bancas de qualificação e defesa pelas contribuições e auxílios fornecidos.

Aos funcionários do Departamento de Fitotecnia, Rubens, Sebastião, Tito, Osmar, Mauro, Gabi e Mônica pelo apoio no dia a dia, pelas conversas e todos os momentos de alegria.

Ao gerente da fazenda de pesquisa da FCAV/UNESP, Marcelo e sua equipe que sempre esteve presente nos auxiliando na medida do possível e com excelência.

MUITO OBRIGADO !!!

ÍNDICE

1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. CONCEITO DE ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE	3
2.2. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE NO PROGRAMA DE MELHORAMENTO.....	5
2.3. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM SOJA	6
2.4. MÉTODOS DE EXPLORAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE	7
3. MATERIAL E MÉTODOS	10
3.1. MATERIAL GENÉTICO.....	10
3.2. AMBIENTES E CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS	13
3.3. CARACTERES AGRONÔMICOS AVALIADOS.....	14
3.4. ANÁLISE ESTATÍSTICA E GENÉTICA.....	15
3.4.1. <i>Análise de variância</i>	15
3.4.2. <i>Comparações de médias</i>	17
3.4.3. <i>Análise de estabilidade e adaptabilidade</i>	18
3.4.3.1. Método de ecovalência para análise de estabilidade	18
3.4.3.2. Método de estabilidade e adaptabilidade AMMI	19
3.4.3.3. GGE-Biplot.....	20
3.4.3.4. Modelo misto de estabilidade e adaptabilidade MHPRVG	22
3.4.4. <i>Análise de componentes principais (ACP)</i>	23
3.4.5. <i>Análise da diversidade genética com base em caracteres fenotípicos</i>	24
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
4.1. ANÁLISE DE VARIÂNCIA E COMPARAÇÃO DE MÉDIAS	25
4.2. ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS	46
4.3. ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS PELO MÉTODO DE ECOVALÊNCIA.....	48
4.4. ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE GENÓTIPOS PELO MÉTODO AMMI	49
4.5. GGE-BILOT	52
4.6. CORRELAÇÕES GENÉTICAS E AMBIENTAIS PELA ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS.....	54
4.7. ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE GENÓTIPOS PELO MÉTODO MHPRVG	56

4.8. DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE EM CARACTERES FENOTÍPICOS	66
5. CONCLUSÕES	70
6. REFERÊNCIAS.....	71

ÍNDICE DE FIGURAS

- Figura 1. Gráfico de dispersão conformado pelas combinações “ambiente-genótipo” (ambiente: cores das marcas; genótipos: números). ●: testemunha; progênie derivada de ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento quádruplo. Macas azuis: ambiente E2 (ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal); marcas verdes: ambiente E1 (ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal), marcas laranja: ambiente E3 (ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba).....47
- Figura 2. Gráfico de produtividade média de grãos (PG, kg ha⁻¹) vs. estabilidade [ecoalência, Wi(%)] de 45 genótipos de soja em três ambientes. Com base no teste LSD_(p<0,05), genótipos de altas produtividades de grãos de ciclo precoce (números vermelhos), ciclos médios (números azuis) e ciclos longos (números roxos); ●: testemunha; progênie derivada de ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento quádruplo.....49
- Figura 3. Gráfico AMMI-1 mostra a produtividade de grãos de 45 genótipos de soja vs. a interação GxE captada pelo primeiro eixo (IPCA1) em tres ambientes (E1: ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, E2: ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal e E3: ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba). Com base no teste LSD_(p<0,05), genótipos de altas produtividades de grãos de ciclo precoce (números vermelhos), ciclos médios (números azuis) e ciclos longos (números roxos); ●: testemunha; progênie derivada de ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento quádruplo.....52
- Figura 4. GGE-Biplot para dados de produtividade de grãos de 45 genótipos de soja em três ambientes (E1: ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, E2: ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal e E3: ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba). Com base no teste LSD_(p<0,05), genótipos de altas produtividades de grãos de ciclo curto (números vermelhos), ciclos médios (números azuis) e ciclos longos (números roxos); ●: testemunha; progênie derivada de ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento quádruplo.....53
- Figura 5. Correlações genótípicas entre variáveis em 45 genótipos de soja em três ambientes. Com base no teste LSD_(p<0,05), genótipos de altas

produtividades de grãos de ciclo curto (números vermelhos), ciclos médios (números azuis) e ciclos longos (números roxos); ●: testemunha; progênie derivada de ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento quádruplo55

Figura 6. Correlações ambientais entre variáveis analisadas nos 45 genótipos de soja em três ambientes (E1: ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, E2: ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal e E3: ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba)56

Figura 7. Gráfico de estabilidade e adaptabilidade em 45 genótipos de soja em três ambientes. ●: testemunha, progênie derivada de ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento quádruplo..... 66

Figura 8. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 45 genótipos de soja (Tabela 1), obtidos pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade, em três ambientes.68

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Genealogia dos genótipos avaliados pelo programa de melhoramento genético de soja da FCAV/UNESP – Câmpus Jaboticabal	10
Tabela 2. Agrupamento de Cultivares de Soja - Zoneamento Agrícola.....	14
Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta para oitos caracteres avaliados [†] em 45 genótipos de soja em três ambientes	26
Tabela 4. Avaliação de 45 genótipos de soja quanto aos oitos caracteres avaliados em três ambientes.....	28
Tabela 5. Resumo das análises de variâncias individuais referente aos oito caracteres [†] avaliados em 45 genótipos de soja em três ambientes [†]	32
Tabela 6. Avaliação de oito caracteres [†] em 45 genótipos de soja no ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal	35
Tabela 7. Avaliação de oito caracteres [‡] em 45 genótipos de soja no ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal	39
Tabela 8. Avaliação de oito caracteres [‡] em 45 genótipos de soja no ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba.....	43
Tabela 9. Autovalores e autovetores gerados da análise das combinações “ambiente - genótipo”	46
Tabela 10. Análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) em 45 genótipos de soja avaliados em três ambientes, com desdobramento da interação original GxE pelo modelo AMMI	50
Tabela 11. Componentes de variâncias e coeficiente de determinação referente à análise conjunta envolvendo 45 genótipos de soja	57
Tabela 12. Valores genotípicos e ganhos genéticos preditos em porcentagens para o caráter produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) em 45 genótipos de soja avaliados em três ambientes.....	58
Tabela 13. Estimativa dos parâmetros de estabilidades obtidas pelos métodos de Wricke, AMMI e MHPRVG para o caráter produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 45 genótipos de soja em três ambientes	63

**ABORDAGEM GENÉTICA E MULTIVARIADA NA PERFORMANCE
AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE SOJA ORIUNDOS DE DIFERENTES
GENEALOGIAS**

RESUMO – Os objetivos do presente estudo foram: (i) avaliar as performances genotípicas de 45 genótipos de soja com a finalidade futura de recomendação de cultivares para o Estado de São Paulo, Brasil, (ii) determinar a estabilidade e a adaptabilidade dos 45 genótipos por meio dos métodos de ecovalência de Wricke, AMMI (efeitos principais aditivos e análise da interação multiplicativa), GGE-Biplot e MHPRVG (média harmônica da performance relativa do valor genotípico), (iii) avaliar as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre as características de 45 genótipos em três ambientes. A exploração da interação genótipo x ambiente (IGE) permitiu a identificação de 21 genótipos com altos rendimentos de grãos, de diferentes grupos de maturidade relativa e níveis de estabilidade para os ambientes. Esse grupo foi subdividido por ciclo de cultivo, genótipos de ciclos curtos (108 dias - 125 dias) 18, 36, 20, 34 e 33, genótipos de ciclos médios (126 dias - 135 dias) 11, 22, 44 (CD 219), 24, 23, 14, 32, 1, 12, 39, 30, 38, 7 e 26 e genótipos de ciclos tardios (≥ 136 dias) 25 e 37. Interpretações similares foram obtidas dos métodos de ecovalência, AMMI e GGE-Biplot. Enquanto que as interpretações obtidas da análise MHPRVG foram diferentes. Isso foi devido às propriedades do método, que dá maior peso à produtividade de grãos e pouco peso aos estatísticos de adaptabilidade e estabilidade. A análise de correlações genéticas e ambientais entre as variáveis dos genótipos e ambientes avaliado reforçou as interpretações da exploração da interação genótipos x ambientes.

PALAVRAS-CHAVES: *Glycine max* – estabilidade e adaptabilidade – AMMI — GGE-biplot - MHPRVG - REML/BLUP

GENETICS AND MULTIVARIATE APPROACH IN AGRONOMIC PERFORMANCE OF SOYBEAN GENOTYPES FROM DIFFERENT GENEALOGIES

SUMMARY - The objectives of the present study were to: (i) evaluate the genotypic performances of 45 soybean genotypes with the future finality of recommendation of varieties for the State of São Paulo, Brazil; (ii) determine the stability and adaptability of the 45 genotypes utilizing the Wricke's ecovalence, AMMI (additive main effects and multiplicative interaction analysis), GGE-Biplot and MHPRVG (harmonic mean of the relative performance of genotypic values) methods; (iii) evaluate the phenotypic, genotypic and environmental correlations among the traits of 45 genotypes in three environments. The exploration of genotype-by-environment interaction (GEI) allowed the identification of 21 genotypes with high mean grain yield, representing different relative maturity groups and stability levels to the environments. This group was subdivided by crop cycle, in which the genotypes 18, 36, 20, 34 and 33 were early cycles (108 days – 125 days), while genotypes 11, 22, 44 (CD 219), 24, 23, 14, 32, 1, 12, 39, 30, 38, 7 and 26 were medium cycles (126 days – 135 days) and genotypes 25 and 37 were late cycles ($\geq$ 136 days). The interpretations obtained from the ecovalence, AMMI and GGE-biplot methods were more similar than the interpretations obtained from the MHPRVG method. This was due to the method's properties, which give more weight to grain yield and little weight to the adaptability and stability parameters. The genotypic and environmental correlations among traits enhanced the interpretations of the genotype x environmental interactions.

Keywords: *Glycine max* - stability and adaptability – AMMI — GGE-biplot - MHPRVG - REML/BLUP

1. INTRODUÇÃO

Atualmente a soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é a oleaginosa mais cultivada no mundo e a principal cultura no Brasil. No ano agrícola 2012/2013, a área semeada de soja foi de 27,7 milhões de ha e a produção total de grãos de soja no País foi de 81,5 milhões de toneladas. O Estado de São Paulo, no ano agrícola 2012/2013, apresentou 637 mil ha de soja cultivadas, com produtividade média de 3220 kg ha⁻¹ e produção de 2,15 milhões de toneladas de grãos (CONAB, 2013a). Também, tal estado é o maior produtor de cana-de-açúcar, com 51,7% (4552 hectares) da área plantada no Brasil na safra 2013/2014. E deve responder por aproximadamente a 630 mil hectares de área de renovação de cana (CONAB, 2013b).

Os cultivares de ciclos curtos e médios oferecem flexibilidade para realizar as operações agrícolas e o potencial para evitar a seca e escapar de pragas. Esses cultivares de soja são alternativas viáveis em áreas de renovação de cana-de-açúcar. A soja tem a capacidade de fixar grandes quantidades de nitrogênio atmosférico. O nitrogênio fixado pela cultura da soja, suas raízes, as folhas caídas durante o crescimento da cultura e os resíduos da colheita contribuem significativamente para melhorar as propriedades físicas-químicas e biológicas do solo. As melhorias em tais propriedades do solo ajudam na obtenção de altas produtividades das culturas subsequentes na rotação (SINGH, G.; SHIVAKUMAR, 2010).

Estima-se que a demanda esperada para soja incrementará em, aproximadamente, 140% até 2050 (BRUINSMA, 2009). Para cobrir essa demanda e atenuar os efeitos da mudança climática no rendimento de grãos de soja, será necessário melhorar a produtividade de grãos em regiões com e sem limitações hídricas e aumentar a eficiência da utilização dos recursos. Para isso, os melhoristas e geneticistas precisam compreender a interação genótipo x ambiente e as maneiras de explorá-la.

O sucesso contínuo no melhoramento de plantas só poderá ser atingido na medida em que novas variabilidades sejam disponibilizadas para a seleção. Em soja a quantidade de variabilidade que está disponível para a seleção é limitada. Essa cultura apresenta uma base genética estreita (HIROMOTO; VELLO, 1986;

WYSMIERSKI, 2010). O estreitamento é tal que a base genética do material cultivado no Brasil em 1985 foi representada por apenas 26 ancestrais, sendo que apenas 11 deles contribuíram com 89% do conjunto gênico dos cultivares brasileiros (HIROMOTO; VELLO, 1986). Já no ano 2004, Priolli et al. (2004) sugeriram que o germoplasma de soja utilizado em programas de melhoramento no Brasil manteve constante o nível de diversidade genética no período 1973-2003, além da relativa heterogeneidade de determinados programas. Em outros estudos corroborou-se o alto grau de similaridade entre cultivares de soja no Brasil (MIRANDA et al., 2007; PRIOLLI et al., 2010; RIBEIRO et al., 2013).

Tal estreitamento da base genética é consequência das atividades dos melhoristas. Eles tendem a usar cultivares com comprovado potencial de rendimento para o desenvolvimento de novos cultivares. Isso resulta da necessidade de gerar ganhos em curtos prazos e das exigências do mercado. De fato, há maior atenção na adaptação de materiais por meio da seleção que na geração de nova variabilidade. Isso representa oportunidades perdidas em termos da utilização de recursos genéticos, circunstância que pode levar ao estreitamento ainda maior da base genética, tornando mais lento o progresso genético e incrementando o risco de vulnerabilidade da cultura (COOPER, H. D.; SPILLANE; HODGKIN, 2001).

Como exemplo de vulnerabilidade é apresentado o caso da ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) da soja. Doença identificada pela primeira vez no Brasil, no ano de 2001, em áreas de soja safrinha e “guaxa” no Estado do Paraná. Na safra 2001/02, a doença foi observada primeiramente em Londrina, espalhando-se rapidamente, atingindo-se os estados do Rio Grande do Sul, São Paulo, Mato Grosso do Sul, Goiás e Mato Grosso. Nesses estados, as lavouras mais atingidas registraram perdas de rendimento variando de 30 a 75%, totalizando uma perda estimada de US\$125,5 milhões (YORINORI, 2002).

A ampliação da base genética da cultura poder ser considera em três níveis (COOPER, H. D. et al., 2001):

- a. Aumentando o grau de diversidade útil disponível para os melhoristas, que é a ampliação da base genética do material do melhorista.
- b. Aumentando a amplitude da diversidade útil disponível aos produtores como material de semeadura.

c. Aumentando a diversidade de culturas e cultivares cultivados no campo.

Dentro de cada nível é importante identificar as necessidades e prioridades para ampliar a base genética. O germoplasma exótico tem sido utilizado para aumentar a base genética dos cultivares de soja (VELLO, 1985). Tal introdução é feita de forma gradual por meio de cruzamentos triplos ou em populações com base genética ampla. Na prática, os cruzamentos múltiplos incrementam a probabilidade de combinações genéticas favoráveis em populações segregantes, porém sem a redução significativa da variabilidade através da prática de seleção recorrente (FEHR, 1987).

Já na fase final do desenvolvimento de linhagens, o programa de melhoramento de soja da FCAV/UNPES – Câmpus Jaboticabal avaliou um conjunto de 45 genótipos, com alta produtividade, portadores de características agronômicas desejáveis e com tolerância/resistência as principais doenças que acometem à cultura da soja. Tais genótipos foram em sua maioria de ciclo curto (≤ 125 dias) e médio (126-135 dias), o que viabiliza o sistema de rotação cana x soja, muito utilizado no Estado de São Paulo.

Os objetivos do presente trabalho consistiram em: 1) avaliar as performances genotípicas de 45 genótipos de soja com a finalidade futura de recomendação de cultivares para o Estado de São Paulo, Brasil; 2) avaliar as estabilidades e adaptabilidades dos 45 genótipos de soja utilizando os métodos de ecovalência, AMMI “additive main effects and multiplicative interaction analysis”, “GGE-Biplot” e MHPRVG (média harmônica da performance relativa do valor genotípico); 3) Estudar as correlações genéticas e ambientais entre as variáveis dos 45 genótipos avaliados em três ambientes.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Conceito de estabilidade e adaptabilidade

O termo geral performance genotípica é utilizado para designar o desempenho, o comportamento e as flutuações de um genótipo quando

desenvolvido em vários ambientes. Entretanto o termo desempenho utiliza-se quando relacionado a caracteres como produtividade de grãos. Enquanto que o comportamento refere-se o caráter como resistência a doença (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Diversas metodologias foram utilizadas para avaliar a performance genotípica de soja em ensaios multiambientes (BALZARINI, M.; BRUNO; ARROYO, 2005; CRUZ; CARNEIRO, 2003; DE RESENDE, 2007a). Essas avaliam a adaptabilidade e estabilidade de um caráter determinado, como por exemplo: a produtividade média de grãos de soja. Porém o conceito de estabilidade e adaptabilidade varia segundo a metodologia utilizada.

Uma variedade com estabilidade estática apresenta comportamento constante, independentemente das variações do ambiente, e não apresenta qualquer desvio em relação a sua performance. Estatisticamente, sua variância em diferentes ambientes é zero. A estabilidade estática, também denominada estabilidade biológica, é quantificada pela variância ambiental que mede os desvios em relação à média geral de cada genótipo. Esse tipo de estabilidade é desejável para características como resistência a doenças, indeiscência de vagens e resistência ao acamamento (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Uma variedade com estabilidade dinâmica, ou estabilidade agrônômica, responde à variação de ambiente de forma previsível, ou seja, somente os desvios relacionados com a reação geral do genótipo contribuem para a instabilidade. Para a maioria das características quantitativas, os genótipos respondem às variações de ambiente com variações no fenótipo (BORÉM; MIRANDA, 2009).

A adaptabilidade deve ser considerada sob duas perspectivas: de adaptação ampla ou específica. O objetivo do melhoramento para adaptação ampla é obter cultivares com bom desempenho em aproximadamente todos os locais de cultivo. Já no melhoramento para adaptação específica, o objetivo é obter cultivares que se desempenhem bem em apenas uma parte bem definida da região de cultivo (ANNICCHIARICO, 2002).

Alguns autores aplicaram o conceito de adaptabilidade somente à consistência da performance do genótipo no espaço, e o conceito de estabilidade de rendimento à consistência no tempo (BARAH et al., 1981; LIN; BINNS, 1988). De

fato, somente os efeitos da interação genótipo x localidade pode ser explorados por seleção de genótipo com adaptação específica.

Do ponto de vista da relevância, a estabilidade temporal parece ser mais importante aos agricultores (ANNICCHIARICO, 2002; CHAVES et al., 2001; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). No entanto, a adaptabilidade também merece ser considerada, particularmente, sob a presença de interação significativa de genótipos com locais (GxL). Isso se faz especialmente importante quando a seleção prioriza genótipos de adaptação ampla. No entanto, quando adaptações específicas são exploradas, os efeitos da interação GxL são minimizados pela sub-divisão da região de interesse em estratos ambientais. Assim, a avaliação de materiais genéticos deve ser fundamentada, principalmente, na interação dos genótipos com os anos de avaliação, dentro de locais ou sub-regiões (ANNICCHIARICO, 2002).

2.2. Interação genótipo x ambiente no programa de melhoramento

Os ensaios multiambientes, nos quais se avaliam um conjunto de genótipos num conjunto de ambientes, permitem estimar os efeitos ambientais (E) e genotípicos (G) como também os efeitos da interação genótipo x ambiente (GxE).

As maneiras de lidar com a interação GxE no programa de melhoramento são: i) ignorando-a, ex.: usando a médias genotípicas através dos ambientes ainda em presença de interação GxE; ii) evitando-a; ou iii) explorando-a (EISEMANN; COOPER; WOODRUFF, 1990).

Na primeira aproximação, não há motivo para ignorar as interações no caso em que elas sejam significativas e cruzadas. Em alguns casos, a recomendação de cultivares tem sido baseada só em informações de produtividade média de grãos dos genótipos nos ambientes testes (CARVALHO et al., 2002; LIMA et al., 2008).

Já, na segunda aproximação, o impacto das interações significativas é minimizado pela formação de mega-ambientes via análises de agrupamentos.

Finalmente, a terceira aproximação utiliza os estatísticos de estabilidades e adaptabilidades das performances genotípicas obtidos das análises e interpretações das diferenças genotípicas e ambientais. Essa última aproximação permite aos melhoristas selecionar genótipos com performances consistentes, como também,

identificar as causas das interações GxE, o qual permitir corrigir os problemas. Quando as causas das performances genotípicas instáveis são identificadas, pode atingir-se uma maior produtividade de grãos por meio do melhoramento genético e/ou por o melhoramento do próprio ambiente (KANG, M. S., 2002). Assim, o sucesso em atingir uma resposta positiva na seleção de genótipos dependerá do grau de conhecimento do ambiente como também da caracterização da variabilidade genética disponível (DE LA VEGA; DE LA FUENTE, 2003).

2.3. Interação genótipo x ambiente em soja

Na prática, a precisão na avaliação dos genótipos de soja é reduzida pela presença de interações de genótipos com ambientes (locais e/ou anos), tornando a seleção mais trabalhosa (GRAVOIS; MOLDENHAUER; ROHMAN, 1991). A soja, particularmente, tem o comportamento muito influenciado pelo fotoperíodo, e, por esse motivo, acaba interagindo fortemente com os locais de cultivo, apresentando adaptações específicas em função da latitude. Os genótipos devem, por isso, ser avaliados em diversos locais e em anos consecutivos (BAIGORRI, 2004).

Os estudos de interação GxE em soja têm sido realizados principalmente para avaliar a adaptabilidade e estabilidade de materiais genéticos (ALLIPRANDINI, LUIS FERNANDO et al., 1994; BARROS et al., 2010; CARVALHO et al., 2002; CORREIA, 2007; CUCOLOTTO et al., 2007; DE OLIVEIRA; DUARTE; PINHEIRO, 2003; GURMU; MOHAMMED; ALEMAW, 2009; JÚNIOR; DUARTE, 2006; MAIA et al., 2006; PEREIRA et al., 2008; PRADO et al., 2001; RAO et al., 2002; ROCHA, M DE M, 2002); como também na estratificação ambiental (BRANQUINHO, 2011; PACHECO, ROBERTO MIRANDA et al., 2009); e na avaliação com ambas estratégias (MENDONÇA et al., 2007; PACHECO, R.M. et al., 2003; ZHE et al., 2010); para conhecer as magnitudes dos efeitos principais e os fatores determinantes (DE OLIVEIRA et al., 2006; ROCHA, M DE M, 2002; ROCHA, MAURISRAEL DE MOURA; VELLO, 1999; TOLEDO et al., 2006).

Outra prática comum nesses estudos é a divisão do material genético em subgrupos, de acordo com o ciclo de maturação. Essa prática é justificada em que genótipos de soja com diferentes ciclos de maturação apresentam diferentes

padrões de respostas aos estímulos ambientais (ALLIPRANDINI, LUIS FERNANDO et al., 1994; CARVALHO et al., 2002; CARVER et al., 1986; CUCOLOTTO et al., 2007; LIMA et al., 2008; PACHECO, ROBERTO MIRANDA et al., 2009; ROCHA, MAURISRAEL DE MOURA; VELLO, 1999; ROCHA, MAURISRAEL DE MOURA et al., 2002).

Alguns autores estudaram as contribuições de algumas variáveis (precipitação, temperatura máxima e mínima, umidade relativa do ar, altitude e fertilidade de solo) na soma de quadrados da interação GxE em soja (DE OLIVEIRA et al., 2006; KANG, M.; GORMAN, 1989). Outros autores enfatizaram que os locais afetam com maior intensidade a produtividade de grãos dos genótipos que o tipo comercial, convencional ou transgênico (Lima et al., 2008).

Alliprandini et al. (1994) avaliaram a interação GxE em soja, no Estado do Paraná, e concluíram que o período de avaliação dos genótipos pode ser abreviado, se os locais incluídos na rede experimental fossem numerosos. A substituição de anos por épocas de semeadura pode ser vantajosa ao proporcionar maior agilidade ao processo de recomendação de cultivares (ARANTES, 1979).

2.4. Métodos de exploração da interação genótipo x ambiente

Diferentes metodologias de análise de estabilidade e adaptabilidade têm sido utilizadas para explorar as interações genótipos x ambientes em soja. Logrando, com elas, avanços importantes no melhoramento genético de soja. O qual levou a que as diferenças entre genótipos fossem cada vez menores, dificultando assim, os ganhos genéticos com a seleção. E, fatos como estes, despertam para a necessidade do uso de técnicas cada vez mais refinadas para a avaliação, a seleção e a recomendação de cultivares (RAMALHO, 2005).

A utilidade das metodologias tradicionais, univariadas, na análise de estabilidade está parcialmente limitada a sistemas nos quais as respostas dos genótipos aos efeitos ambientais sejam lineares. Nessa situação, um ou poucos fatores ambientais influenciam as performances relativas dos genótipos. O qual é pouco comum devido a que os ambientes integram os efeitos de vários fatores

limitantes (deficiência hídrica, temperatura, fertilidade, etc.) (DE LA VEGA; DE LA FUENTE, 2003).

Com as análises multivariadas logrou-se um maior entendimento das relações entre as performances genotípicas e ambientes nos sistemas de produção. Tais relações são frequentemente complexas e não lineares (COOPER, M.; DELACY, 1994).

Aqui, os genótipos foram avaliados por quatro metodologias diferentes, a saber: o método de ecovalência (WRICKE, 1962), o método AMMI (GAUCH; ZOBEL, 1996), o método “GGE-biplot” (YAN et al., 2000) e o método MHPRVG (média harmônica da performance relativa do valor genotípico) (DE RESENDE, 2007b).

Para soja, não foram encontradas publicações com análise de estabilidade e adaptabilidade por o método MHPRVG. Contrariamente, sim há referências em soja para os três restantes métodos, ecovalência (SILVA; DUARTE, 2006), AMMI (CAVASSIM et al., 2013; CUCOLOTTTO et al., 2007; MARTINS; JULIATTI, 2012; PACHECO, ROBERTO MIRANDA et al., 2009), GGE-Biplot (ATNAF et al., 2013). Algumas das publicações utilizam os métodos AMMI e GGE-Biplot (AMIRA et al., 2013; ASHRAF et al., 2010; ATNAF et al., 2013).

Vinte e dois métodos de análises da interação genótipo x ambiente foram comparados (FLORES, F.; MORENO; CUBERO, 1998). Nesse estudo, os métodos de ecovalência, AMMI e MHPRVG (análogo aos métodos de Lin e Bins e Annichiarico) ficaram em grupos diferentes. O método de ecovalência conformou o grupo que enfatiza a seleção principalmente por o estatístico de estabilidade. Os métodos AMMI e “GGE-biplot” ficaram no grupo no qual a seleção é feita baseadas na produtividade de grãos e no estatístico de estabilidade. Finalmente, o método MHPRVG conformou o grupo no qual a seleção é feita baseada principalmente na produtividade de grãos.

O método de ecovalência, univariado, utiliza o conceito de estabilidade dinâmica, na qual, o desempenho do genótipo é estável, para cada ambiente, se seu desempenho corresponde ao nível estimado ou previsível (BECKER; LEON, 1988). Esse conceito refere-se ao conceito agrônômico (BECKER, 1981), classificado no grupo B e de tipo 2 (LIN; BINNS; LEFKOVITCH, 1986). A estabilidade tipo 2

considera um genótipo estável se sua resposta ao ambiente é paralela à resposta média de todos os genótipos no ensaio.

O outro método univariado, MHPRVG, permite selecionar simultaneamente por produtividade de grãos, estabilidade e adaptabilidade, porém os dois últimos estatísticos possuem pouco peso na seleção de genótipos. Assim, as vantagens são: (a) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto fornece estabilidades e adaptabilidades genotípicas e não fenotípicas; (b) permite lidar com desbalanceamento e com delineamentos não ortogonais; (c) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; (e) permite considerar erros correlacionados dentro de locais; (f) fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; (g) pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; (h) permite considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; (i) não depende da estimação de outros parâmetros tais quais coeficientes de regressão; (j) gera resultados na própria escala do caráter avaliado.

Na análise multivariada, AMMI, é gerado um gráfico de dispersão multivariado (“biplot”) para cada genótipo e ambiente, simultaneamente, fornecendo informações sobre as estabilidades de ambos (DUARTE; VENCOSKY, 1999). Enquanto que na análise GGE-Biplot, também, é gerado um gráfico de dispersão multivariado, no qual se permite visualizar as seguintes informações: a) similaridades e diferenças entre ambientes na discriminação de genótipos; b) as similaridades e diferenças entre genótipos em sua resposta aos ambientes; c) a natureza (positiva vs. Negativa) e a magnitude da interação entre cada genótipo e ambiente (YAN et al., 2000).

Tanto o método AMMI como o método GGE-Biplot combinam mais do que separam os efeitos de G e GE na análise de mega-ambiente e na avaliação de genótipos. O método GGE-Biplot é superior ao gráfico AMMI-1 na análise e de mega-ambiente e na avaliação de genótipos porque o primeiro método brinda uma maior explicação referentes a G+GE e tem a propriedade do produto interno do biplot. O poder de discriminação vs. a representatividade gráfica do GGE-Biplot é eficiente na avaliação dos ambientes testes, o qual não é possível na análise AMMI (YAN et al., 2007).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material genético

O experimento foi composto por genótipos de soja previamente desenvolvidos no programa de melhoramento genético de soja da FCAV/UNESP, Câmpus Jaboticabal. Quarenta e cinco genótipos foram avaliados, dos quais, 25 deles foram originados de cruzamentos simples a partir de dezesseis genitores, combinados a pares. Outros nove genótipos foram originados de cruzamentos duplos a partir de 12 genitores, combinados de quatro em quatro. E outros sete genótipos foram originados de cruzamentos quádruplos a partir de 12 genitores, combinados de oito em oito. Finalmente, quatro cultivares CD 219, CD 216, MG/BR-46 e V-MAX foram utilizadas como testemunhas (Tabela 1).

Os genótipos envolvidos nos cruzamentos foram selecionados baseando-se em características desejáveis como precocidade, elevada produtividade de grãos e tolerância e/ou resistência às principais doenças que ocorrem na cultura. Ex.: os cultivares Tainung-4 e Tainung-3 foram utilizados como fontes de resistência para ferrugem asiática.

Tabela 1. Genealogia dos genótipos avaliados pelo programa de melhoramento genético de soja da FCAV/UNESP – Câmpus Jaboticabal

Identificação do genótipo	Nomenclatura	Genealogia
-----Ciclo longo (≥ 136 dias) -----		
25	JAB 558	CAC-1 X BR-17
37	JAB 934	Embrapa-48 X IAC-23
5	JAB 616	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
43	MG/BR-46	Testemunha
Continua ...		

Continuação tabela 1

Identificação do genótipo	Nomenclatura	Genealogia
-----Ciclo médio (126-135 dias) -----		
6	JAB 617	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
38	JAB 933	Embrapa-48 X IAC-22
41	JAB 610	Coodetec - 204 x Liderança
2	JAB 612	(BRS-137xHARTWIG) x(IAC-8-2 x Embrapa-48)
12	JAB 623	134)]x [(Embrapa-59 x Coodetec-204) x (CAC-1 xBRS-137)]
13	JAB 625	134)]x [(Embrapa-59 x FT-2) x (MG/BR-46 x Coodetec-204)]
23	JAB 472	Embrapa-48 X MG/BR-46
40	JAB 266	Coodetec - 204 x Liderança
44	CD 219	Testemunha
30	JAB 777	IAC-17 X BR-18
32	JAB 798	IAC-17 X BR-19
4	JAB 615	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
29	JAB 716	IAC-17 X BR-18
39	JAB 265	Coodetec - 204 x Liderança
24	JAB 501	Embrapa-48 X MG/BR-46
14	JAB 626	134)]x [(Embrapa-59 x FT-2) x(MG/BR-46 x Coodetec-204)]
22	JAB 450	Embrapa-48 X MG/BR-46
7	JAB 618	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
15	JAB 627	134)]x [(Embrapa-59 x Coodetec-204) x (CAC-1 xBRS-137)]
19	JAB 338	Embrapa-48 X MG/BR-46
1	JAB 611	(BR-16xTAINUNG-3) x (CAC-1x BRS-137)
Continua ...		

 Continuação tabela 1

Identificação do genótipo	Nomenclatura	Genealogia
10	JAB 621	[[(Tainung-4 x Renascença) x (FT- Estrela x BRS-134)] x [(Embrapa-59 x Coodetec-204) x (CAC-1 x BRS-137)]]
26	JAB 587	CAC-1 X BR-19
8	JAB 619	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
17	JAB 630	[[(Tainung-4 x Renascença) x (FT- Estrela x BRS-134)] x [(Embrapa-59 x Coodetec-204) x (CAC-1 x BRS-137)]]
11	JAB 261	Coodetec - 204 x Liderança
16	JAB 629	[[(Tainung-4 x Renascença) x (FT- Estrela x BRS-134)] x [(Embrapa-59 x Coodetec-204) x (CAC-1 x BRS-137)]]
-----Ciclo curto (≤125 dias) -----		
34	JAB 833	Embrapa-48 X IAC-18
20	JAB 449	Embrapa-48 X MG/BR-46
36	JAB 930	Embrapa-48 X IAC-21
35	JAB 846	Embrapa-48 X IAC-19
18	JAB 304	MG/BR-46 X IAC Foscarin-31
9	JAB 620	(Hartwig x BRS-134) x (Coodetec-201 x BRS MS Bacuri)
33	JAB 829	Embrapa-48 X IAC-17
28	JAB 684	IAC-17 X BR-16
27	JAB 669	IAC-17 X BR-16
21	JAB 263	MG/BR-46 x Coodetec – 204
31	JAB 264	MG/BR-46 x Coodetec – 204
3	JAB 614	(Hartwig x BRS-134) x (Coodetec-201 x BRS MS Bacuri)
45	V-MAX	Testemunha
42	CD 216	Testemunha

3.2. Ambientes e condução dos experimentos

Os ensaios foram conduzidos em três ambientes no Estado de São Paulo, nos municípios de Jaboticabal (nos anos agrícolas 2011/2012 e 2012/2013) e Piracicaba (ano agrícola 2012/2013). As datas de semeadura foram 21/11/2011 no ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, 26/11/2012 no ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal e 6/11/2012 no ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba.

Considerando a diversidade de ecossistemas e tipos de solos e de clima (latitude e altitude) do Brasil, Kaster e Farias (2011) estabeleceram cinco macrorregiões sojícolas (MRS) e 20 regiões edafoclimáticas (REC) distintas para a pesquisa e a indicação de cultivares e respectivas épocas de semeaduras. Os fatores que determinam as MRSs, no modelo, são latitude (fotoperíodo/temperatura) e regime de chuva, enquanto que as RECs diferenciam-se por altitude (temperatura) e tipo de solo (Tabela 2).

O município de Piracicaba (Lat.: 22°42'25"S; Long.: 47°37'27"O) está situado na MRS 2 - Centro-Sul, na região edafoclimática 203. A MRS 2 – Centro-Sul abrange as regiões oeste e norte do Paraná, sul e oeste de São Paulo e sul do Mato Grosso do Sul. Essa macrorregião é de transição climática da classe Cfa do sul para a Cwa (invernos secos e temperaturas altas no verão) do centro do País, com predominância desse último.

O município de Jaboticabal (Lat.: 21°14'22"S; Long.: 48°18'00"O) está situado na MRS 3 – Sudeste na região edafoclimática 302. A MRS 3 – Sudeste abrange a região norte de São Paulo, o Estado de Minas Gerais e as regiões sul, sudeste e leste de Goiás e o Distrito Federal. Essa macrorregião é também de clima mesotérmico, porém tipicamente com inverno seco (Cwa).

O sistema de classificação dos cultivares de soja considera faixas de Grupos de Maturidade Relativa (GMR) de três ciclos de maturação (curto, médio e longo) para cada uma das cinco MRSs e respectivos números de dias para a maturação (Tabela 2) (KASTER; FARIAS, 2011).

Tabela 2. Agrupamento de Cultivares de Soja - Zoneamento Agrícola

Macrorregião Sojícola	Grupo I (Ciclo curto)		Grupo II (Ciclo médio)		Grupo III (Ciclo longo)	
	GMR ¹	NDM ²	GMR	NDM	GMR	NDM
1 Sul	≤6,3	≤130	6,4 a 7,4	131 a 145	≥7,5	≥146
2 Centro-Sul	≤6,7	≤125	6,8 a 7,6	126 a 135	≥7,7	≥136
3 Sudeste	≤7,5	≤120	7,6 a 8,2	121 a 130	≥8,3	≥131
4 Centro-Oeste	≤7,8	≤115	7,9 a 8,5	116 a 125	≥8,6	≥126
5 Nordeste / Norte	≤8,6	≤112	8,7 a 9,3	113 a 125	≥9,4	≥126

¹GMR: Grupos de Maturidade Relativa. ²NDM: Número de dias para a maturação (emergência - maturação de colheita).

Os experimentos foram instalados no delineamento em blocos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por quatro fileiras de 5 m, espaçadas em 0,5 m. A área útil da parcela foi de 4 m², pelo fato de terem sido colhidas as duas fileiras centrais, desprezando-se 0,5 m de bordadura nas extremidades. Priorizou-se a análise dos dados de produtividade de grãos, expressos em kg ha⁻¹. Os experimentos foram preparados e conduzidos de acordo com os procedimentos técnicos recomendados para a cultura da soja, conforme descrito pela publicação técnica de EMBRAPA SOJA (EMBRAPA-SOJA, 2011a).

3.3. Caracteres agronômicos avaliados

Em todos os experimentos, os caracteres avaliados agronômicos foram os seguintes:

Número de dias para o florescimento (NDF): corresponde ao intervalo, em dias, desde a data de semeadura até o florescimento de 50% das plantas da parcela.

Altura de planta na floração (APF): corresponde à altura da planta, em cm, no dia no qual a parcela apresenta 50% das plantas no estágio R1, sendo mensurada desde o colo até o ápice da planta.

Número de dias para a maturidade (NDM): avaliado no estágio R8 (escala de FEHR e CAVINNES, 1987), compreendendo o período entre a data da semeadura e a data em que 50% das plantas da área útil se encontravam com 95% das vagens maduras, expresso em dias.

Altura de planta na maturidade (APM): caráter avaliado no estágio R8 de desenvolvimento da planta, compreendendo a distância da haste principal entre o colo e a inserção da vagem mais distal, obtida como um valor médio das medidas de três plantas representativas de cada uma das duas fileiras da área útil da parcela, sendo expressa em cm.

Acamamento (Ac): caráter avaliado no estágio R8 de desenvolvimento da planta através de uma escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas eretas) a 5 (todas as plantas acamadas).

Valor agrônomo (VA): caráter avaliado no estágio R8 de desenvolvimento da planta, através de uma escala de notas visuais, a qual varia de 1 (plantas com características agrônomicas ruins) a 5 (plantas com ótimas características agrônomicas), sendo a nota atribuída representativa de um conjunto de caracteres visuais adaptativos: arquitetura da planta, quantidade de vagens cheias, vigor e sanidade da planta, debulha prematura das vagens e retenção foliar na maturação.

Altura de inserção da primeira vagem (AIV): medida da superfície do solo até a inserção da primeira vagem.

Produtividade de grãos (PG): caráter obtido através do peso dos grãos da área útil da parcela, após a colheita, beneficiamento das plantas e posterior secagem dos grãos (até a umidade de 13%). Sendo expressa em quilogramas por hectare (kg ha^{-1}).

Também, na identificação de genótipos utilizaram-se caracteres morfofisiológicos, como cor de flor, cor de pubescência e cor de vagem.

3.4. Análise estatística e genética

3.4.1. Análise de variância

Aos efeitos de cumprir com os pressupostos dos modelos estatísticos, os dados foram testados para homogeneidade de variâncias (BOX; COX, 1964). A transformação, de Box e Cox (1964), utiliza o parâmetro de transformação λ , tal que $y_i^\lambda = \frac{(y_i^\lambda - 1)}{\lambda}$ onde $\lambda \neq 0$, ou $y_i^\lambda = \log y_i$ onde $\lambda = 0$. Também, foram feitos teste de normalidade para esses dados.

As análises de variância individuais foram realizadas segundo o delineamento experimental de blocos ao acaso, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} = valor observado do i-ésimo genótipo (efeito fixo) no j-ésimo bloco;

μ = média geral;

g_i = efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 45$);

b_j = efeito do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, 3$);

ε_{ij} = erro experimental.

Nas análises de variância individuais foram estimados os seguintes parâmetros:

Variância fenotípica média: $\hat{\sigma}_f^2 = QMT/r$

Componente quadrático da variabilidade genotípica média: $\hat{\phi}_g = \frac{QMT - QMR}{r}$

Coeficiente de determinação genotípico, $h^2 = \frac{\hat{\phi}_g}{\hat{\sigma}_f^2}$

Correlação intraclasse $\rho = \frac{\hat{\phi}_g}{\hat{\phi}_g + \hat{\sigma}^2}$

Coeficiente de variação genético: $CV_g(\%) = \frac{100\sqrt{\hat{\phi}_g}}{m}$; sendo m a média de tratamento

Coeficiente de variação $CV(\%) = \sqrt{QMR}/m$

Razão $CV_g/CV = \sqrt{\hat{\phi}_g/\hat{\sigma}^2}$

A análise de variância conjunta, considerando os efeitos de genótipo e ambiente como fixos, foi realizada de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + e_k + ge_{ik} + (b/e)_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} = valor observado do i-ésimo genótipo, no k-ésimo ambiente e no j-ésimo bloco;

μ = média geral;

g_i = efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 45$);

e_k = efeito do k-ésimo ambiente ($k = 1, 2, 3$);

ge_{ik} = efeito da interação entre o i-ésimo genótipo, no k-ésimo ambiente;

$(b/e)_{jk}$ = efeito de blocos dentro de ambientes;

ε_{ijk} = o erro aleatório associado à observação ijk .

Na análise de variância conjunta foram estimados os seguintes parâmetros:

Componente da variância genética: $\hat{\phi}_g = \frac{QMG-QMR}{ar}$

Componente da variância da interação genótipo x ambiente: $\hat{\phi}_{gxa} = \frac{QMGA-QMR}{r}$

Herdabilidade, $h^2 = \frac{\hat{\phi}_g}{(QMG/ar)}$

Coeficiente de variação genético: $CV_g(\%) = \frac{100\sqrt{\hat{\phi}_g}}{m}$; sendo m a média de tratamento

Correlação intraclasse $\rho = \frac{\hat{\phi}_g}{\hat{\phi}_g + \hat{\sigma}^2}$

3.4.2. Comparações de médias

A partir da significância do teste F, os pares de médias, de cada variável de cada experimento, foram comparados pelo teste de Fischer (ou teste da diferença mínima significativa, LSD) ao nível de significância de 5% de probabilidade. Esse procedimento usa a estatística t para testar $H_0: \mu_i = \mu_j$, em que,

$$t_0 = \frac{\bar{y}_i - \bar{y}_j}{\sqrt{QME \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right)}}$$

Para dados balanceados, o teste de Fisher considera duas médias significativamente diferentes se o valor absoluto de suas diferenças amostrais ultrapassar:

$$LSD = t_{(\frac{\alpha}{2}, N-k)} \sqrt{2 \frac{QME}{n}}$$

em que, t é um valor tabelado que depende do número de graus de liberdade dos erros ($N-k$).

Assim, Rejeita-se a igualdade entre as médias de dois níveis se $|\bar{y}_i - \bar{y}_j| > LSD$.

Os testes de comparações de médias foram efetuados com o auxílio do aplicativo computacional em genética e estatística, denominado programa Info-gen (BALZARINI, M. G.; DI RIENZO, 2013).

3.4.3. Análise de estabilidade e adaptabilidade

3.4.3.1. Método de ecovalência para análise de estabilidade

A ecovalência (W) é o nome dado à medida de estabilidade proposta por Wricke (1962). Os valores de ecovalências foram estimados por a partição da soma de quadrados das interações genótipos x ambientes (SQ_{GE}), conforme se vê a seguir:

$$SQ_{GE} = W_1 + W_2 + \dots + W_g;$$

sendo:

$$W_i = \sum_j \widehat{GE}_{ij}^2 \text{ (para } i=1, 2, \dots, g);$$

em que:

$$\widehat{GE}_{ij}^2 = Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}.$$

O procedimento fornece a matriz de efeitos das interações genótipos x ambientes ($\widehat{GE}_{ij}^2$), sendo os valores de ω_i em termos absolutos e percentuais. Os genótipos mais estáveis estão associados aos menores valores de W_i (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Aqui, a medida de estabilidade foi estimada para o caráter produtividade de grão (PG) nos 45 genótipos.

A análise de ecovalência foi efetuada com o auxílio do aplicativo computacional em genética e estatística, GENES (CRUZ, 2006).

3.4.3.2. Método de estabilidade e adaptabilidade AMMI

O método AMMI “additive main effects and multiplicative interaction analysis”, avalia a estabilidade e adaptabilidade do caráter produtividade média de grãos por meio do modelo linear (efeitos aditivos) e bi-linear (efeito multiplicativo) que integra a análise de variância para efeitos aditivos principais (genótipos e ambientes) com a Análise de Componentes Principais (ACP) para o efeito multiplicativo da interação GxE. Tal modelo fornece uma descrição mais parcimoniosa a cerca da estrutura da interação ao reduzir a dimensão do sistema ao menor possível (dois ou três no máximo) através da representação gráfica multivariada da dispersão dos dados (DUARTE; VENCOVSKY, 1999; SHAFII; PRICE, 1998; ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988).

Assim, o modelo AMMI descritivo da resposta média de um genótipo i , no ambiente j , (ZOBEL et al., 1988), é:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

Em que,

μ : média geral;

g_i : efeito genotípico;

e_j : efeito de ambiente;

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

$(ge)_{ij}$: $\sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij}$, o termo da interação do genótipo i com o ambiente j ;

λ_k : raiz quadrada do k -ésimo autovalor das matrizes $(GE)(GE)'$ e $(GE)'(GE)$, de iguais autovalores não nulos (λ_k^2 é o k -ésimo autovalor; $GE = [\widehat{ge}_{ij}]$ matriz de interações obtida como resíduo do ajuste aos efeitos principais, por análise de variância, aplicada à matriz de medias;

γ_{ik} : i -ésimo elemento (relacionado ao genótipo i) do k -ésimo autovetor de $(GE)(GE)'$, associado a λ_k^2 ;

α_{jk} : j -ésimo elemento (relacionado o ambiente j) do k -ésimo autovetor de $(GE)'(GE)$, associado a λ_k^2 ;

ρ_{ij} : ruídos presentes nos dados;

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

i: variações de genótipos, $i = (1, 2, \dots, g)$;

j: variações de ambientes, $j = (1, 2, \dots, e)$;

p: raízes características não nulas, $p = (1; 2; \dots, \min(g-1; e-1))$.

A matriz de interação GE é modelada por $\sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij}$, sob as restrições de identicabilidade $\sum_{i=1}^g g_i = \sum_{j=1}^e e_j = \sum_{i=1}^g (ge)_{ij} = \sum_{j=1}^e (ge)_{ij} = 0$.

O ajuste desse modelo foi realizado de acordo com Vargas e Crossa (2000). O método produz escores de componentes principais de interação para cada genótipo (IPCAi), que refletem a sua contribuição para a interação GxE. Assim, o genótipo com menor escore, em valor absoluto, é o mais estável (VARGAS; CROSSA, 2000).

Aqui, a análise AMMI foi realizada para o caráter produtividade de grãos (PG) nos 45 genótipos por meio do programa SAS (INC, 2002).

A análise AMMI foi interpretada a partir da distância dos pontos representativos dos genótipos e ambientes ao ponto de referência zero. Assim, os pontos que contribuem pouco para a interação representam menores distâncias, indicando maior estabilidade. Enquanto que a adaptabilidade dos genótipos em cada ambiente foi interpretada observando os dados dos genótipos e os ambientes, já que dados de genótipos e ambientes com o mesmo sinal interagem positivamente, indicando em qual ambiente o genótipo deve ser preferencialmente cultivada (MIRIAN et al., 2013).

3.4.3.3. GGE-Biplot

A metodologia GGE-biplot consiste em dois conceitos: biplot (GABRIEL, 1971) e GGE. Na avaliação de cultivares, o efeito principal G e GE são relevantes (GAUCH; ZOBEL, 1996) e dali surge o termo "GGE" (YAN et al., 2000). Os modelos lineais-bilineais, que removem o efeito do ambiente e somente expressam a resposta em função de G+GE, são sugeridos quando os ambientes constituem a fonte de variação de maior importância em relação à contribuição dos genótipos e a interação GE sobre a variabilidade total, situação que acontece frequentemente na prática (CORNELIUS; CROSSA; SEYEDSADR, 1996; CROSSA, JOSÉ;

CORNELIUS, 1997; CROSSA, JOSE; CORNELIUS; YAN, 2002). Para visualizar os padrões de interação com remoção dos efeitos de ambiente, Yan et al. (2000) propuseram os gráficos GGE biplots (BALZARINI, M. et al., 2005).

Yan et al. (2000) observaram que usualmente o CP1 representa a resposta dos cultivares que são proporcionais a través dos ambientes, as quais se associam com a interação GE sem mudança de ranking, enquanto que o CP2 representa resposta dos cultivares não proporcionais a través dos ambientes, é dizer, aquelas responsáveis pela interação GE com mudança no ranking. Se existe alta correção entre as médias dos genótipos e o CP1 poderia interpreta-se o GGE biplot de acordo às sugestões dadas por Yan et al. (2000). Assim os cultivares com scores CP1 altos interpretam-se como aqueles que tendem a ter maiores rendimentos e os ambientes com CP1 altos e CP2 perto a zero com os ambientes que facilitam a identificação desses genótipos.

Na análise GGE-Biplot foi considerado o seguinte modelo matemático (YAN; HUNT, 2002):

$$y_{ij} - \bar{y}_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

em que,

y_{ij} = a média do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente

$\bar{y}_j$ = a média dos genótipos no j-ésimo ambiente

λ_1 e λ_2 são autovalores associados ao CP1 e CP2, respectivamente;

ξ_{i1} e ξ_{i2} são os valores do i-ésimo genótipo no CP1 e CP2, respectivamente;

η_{j1} e η_{j2} são os valores do j-ésimo ambiente no CP1 e CP2, respectivamente;

ε_{ij} = termino residual associado à observação média do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente centrado pelo efeito do ambiente j.

O modelo foi transformado para assegurar que o CP1 e o CP2 tenham as mesmas unidades. O método de transformação consistiu na raiz quadrada da variável.

$$y_{ij} - \bar{y}_j = \lambda_1^{1/2} \xi_{i1}^{1/2} \eta_{j1} + \lambda_2^{1/2} \xi_{i2}^{1/2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

O GGE biplot baseado nos dois primeiros componentes é construído pelos componentes $\lambda_1^{1/2}$ e $\xi_{i1}^{1/2}$ versus $\lambda_2^{1/2}$ e $\xi_{i2}^{1/2}$ (BALZARINI, M. et al., 2005).

As desvantagens do GGE-biplot são, requer de dados balanceados, pode explicar somente uma pequena proporção do efeito GGE, carece de medida de incerteza e quarto, embora seja uma aproximação graficamente elegante, ela requer de ferramentas convencionais estatísticas complexas (YAN; HUNT, 2002). A metodologia é utilizada como geradora de hipóteses, mas que como prova decisória (YAN, 2001).

A análise GGE-biplot foi efetuada com o auxílio do aplicativo computacional Info-gen (BALZARINI, M. G.; DI RIENZO, 2013).

3.4.3.4. Modelo misto de estabilidade e adaptabilidade MHPRVG

As performances genótípicas de soja foram avaliadas também pelo método MHPRVG (média harmônica da performance relativa dos valor genotípico) baseado em modelo misto REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não-viesado) (DE RESENDE, 2007a). Tal método avalia a adaptabilidade, a estabilidade e a produtividade em uma mesma medida e na mesma escala do caráter avaliado.

O modelo matemático foi:

$$y = Xb + Zg + Wge + e,$$

em que:

y = vetores de dados

b = efeitos fixos (médias de blocos através dos ambientes)

g = efeitos genotípicos (aleatório)

ge = efeitos da interação genótipos x ambientes (aleatório)

ε = erros aleatórios.

X, Z e W são matrizes de incidência para b, g e ge, respectivamente.

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ ge \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{Var} \begin{bmatrix} g \\ ge \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{ge}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_\varepsilon^2 \end{bmatrix}$$

Esse modelo ajusta os efeitos de ambiente e de blocos dentro de ambientes no vetor dos efeitos fixos por meio da combinação bloco-ambiente, a qual contempla todos os graus de liberdade disponíveis nas fontes de variação referentes a ambientes e blocos dentro de ambientes.

Os valores genótipos preditos para o genótipo i em cada ambiente j usa simultaneamente os dados de todos os ambientes e são dado por

$$VG_{ij} = \mu_j + \hat{g}_i + \hat{g}_{e_{ij}}, \text{ em que } \mu_j \text{ é a média do ambiente } j.$$

Para a avaliação de estabilidade utiliza-se a média harmônica dos valores genotípicos $MHVG = \frac{1}{\sum_{i=1}^l \frac{1}{VG_j}}$,

Enquanto que para a avaliação da adaptabilidade utiliza-se a performance relativa dos valores genotípicos $PRVG = \frac{1}{l} \left(\frac{\sum VG_j}{M_j} \right)$;

E para a avaliação de adaptabilidade, estabilidade e produtividade de grãos utiliza-se a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos $MHPRVG = \frac{1}{\sum_{i=1}^l \frac{1}{PRVG_j}}$; em que l : número de ambientes; VG : valor genotípico; j : genótipos.

Os componentes de variância e coeficiente de determinação referente a REML, como os estatísticos de estabilidade e adaptabilidade foram realizados utilizando o método MHPRVG – modelo 54 com o programa SELEGEN REML/BLUP (DE RESENDE, 2007b).

3.4.4. Análise de componentes principais (ACP)

A análise de componentes principais é uma forma de combinar linearmente as variáveis para encontrar índices (componentes principais, CP) com máxima variância. As variáveis usadas foram quantitativas, número de dias para a floração (NDF), número de dias para a maturidade (NDM), altura de planta na floração (APF), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV) e produtividade de grãos (PG). Esses dados foram estandardizados por apresentarem médias em diferentes escalas e variâncias de distintas magnitudes. Os pesos com os quais se ponderou cada variável na combinação linear constituíram os

autovalores obtidos a partir da decomposição pelo o valor singular (SDV) da matriz de variância e covariância entre variáveis (JOHNSON, R. A.; WICHERN, 2002). Os autovalores associados a cada autovetor representam as variâncias de cada componente principal.

A técnica dos componentes principais consiste em transformar o conjunto de p variáveis $x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{ip}$ em um novo conjunto $y_{i1}, y_{i2}, \dots, y_{ip}$, em que os y_i 's são funções lineares dos x_i 's e independentes entre si. Assim, as seguintes propriedades são verificadas:

- a) Se y_{ij} é um componente principal, então:

$$y_{ij} = a_1 x_{i1} + a_2 x_{i2} + \dots + a_p x_{ip};$$

- b) Se $y_{ij'}$ é outro componente principal, então:

$$y_{ij'} = b_1 x_{i1} + b_2 x_{i2} + \dots + b_p x_{ip};$$

$$\sum_{j=1}^p a_j^2 = \sum_{j=1}^p b_j^2 = 1$$

$$\sum_{j=1}^p a_j b_j = 0 \text{ ou seja, os componentes são não correlacionados; e}$$

- c) Entre todos os componentes, y_{i1} apresenta a maior variância, y_{i2} a segunda maior variância e, assim, sucessivamente.

3.4.5. Análise da diversidade genética com base em caracteres fenotípicos

Para os caracteres quantitativos foram estimadas 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 de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

Ψ^{-1} = matriz de variância e covariâncias residuais;

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

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

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre genótipos realizou-se o agrupamento do genótipo pelo método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA).

Com base no agrupamento hierárquico de ligação média entre grupo (UPGMA) obteve-se dendrograma que foi estabelecido pelos genótipos de maior similaridade em que a distância entre o genótipo e o grupo formado pelos indivíduos i e j :

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

A contribuição relativa das características na dissimilaridade dos genótipos foi realizada pela metodologia de variáveis canônicas (SINGH, D., 1981).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise de variância e comparação de médias

A partir dos valores das análises conjuntas, evidenciou-se que os efeitos dos genótipos e das interações genótipos x ambientes foram significativos ($p < 0,05$) pelo teste F para todos os caracteres analisados. Isso indicou que dois ou mais tratamentos diferem entre si significativamente em cada caráter avaliado. O efeito do ambiente foi significativo ($p < 0,05$) pelo teste F para os caracteres número de dias para a floração (NDF), número de dias para a maturidade (NDM), altura de planta na floração (APF), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG) e valor agronômico (VA). Para o caráter acamamento (Ac), o efeito do ambiente não foi significativo ($p < 0,05$) pelo teste F (Tabela 3).

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta para oitos caracteres avaliados[†] em 45 genótipos de soja em três ambientes

Fonte de variação	GL	Quadrados médios							
		NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	Ac (notas)	VA
Blocos / ambientes	6	12,3	22,0	288,1	288,8	24,7	1030310,7	1,2	0,7
Genótipos	44	124,8**	600,8**	544,6**	686,5**	88,9**	959015,0**	1,2**	1,0**
Ambientes	2	1718,5**	10338,2**	2835,0*	3866,4**	1021,4**	173481534,1**	1,3NS	3,9*
Genótipos x ambientes	88	14,5**	51,3**	154,1**	232,4**	26,56**	775601,9*	1,14**	0,7**
Resíduo	264	3,9	14,3	59,0	52,3	9,0	512292,3	0,4	0,3
Média geral		53,9	127,5	65,0	82,9	15,6	2920,1	1,6	3,2
CV(%)		3,7	3	11,8	8,7	19,3	24,51	39,8	16,6
Relação maior QMR / menor									
QMR		6,8	1,4	2,2	3,0	2,1	7,90	1,5	2,4
$\hat{\phi}_g$		8,8	52,4	42,6	75,4	8,5	48055,8	0,1	0,1
$\hat{\phi}_{gxa}$		3,4	9,2	26,4	48,8	6,2	82801,6	0,2	0,1
σ^2		3,9	14,3	59,0	52,3	9,0	512292,3	0,4	0,3
H ² %		95,3	97,0	86,7	92,8	89,4	45,8	64,8	71,9
CV _g (%)		5,5	5,6	9,9	10,5	18,6	7,5	18,2	8,9
CV _g /CV _a		1,5	1,9	0,8	1,2	1,0	0,3	0,4	0,5

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; * : significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; NS: não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F. CV_g= Coeficiente de variação genético; Razão CV_g/CV_a; $\hat{\phi}_g$ = Componente quadrático genotípico; $\hat{\phi}_{gxa}$ = Componente quadrático da interação GxE; σ^2 = Variância residual; H²(%)=Coeficiente de determinação genotípico(média)%. GL: Grau de liberdade. [†]número de dias para a floração (NDF), número de dias para a maturidade (NDM), altura de planta na floração (APF), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), acamamento (Ac) e valor agronômico (VA)

Nos três ambientes avaliados, os 45 genótipos apresentaram os seguintes valores médios 53,9 dias, 127,5 dias, 65,0 cm, 82,9 cm, 15,6 cm, 2920,1 kg ha⁻¹, 1,6 e 3,2 para os caracteres NDF, NDM, APF, APM, AIV, PG, Ac e VA, respectivamente. Os coeficientes de variação de produtividade de grãos e acamamento apresentaram altos valores, 24,52% e 39,85, respectivamente. Esse valor do coeficiente de variação para produtividade de grão foi maior que o valor de 16% estabelecido como ideal (CARVALHO et al., 2003). Enquanto que para os caracteres NDF, NDM, APF, APM, AIV e VA, os valores de coeficiente de variação foram 3,7, 3, 11,8, 8,7, 19,3 e 16,2, respectivamente (Tabela 3).

Os valores para a razão CVg/CVe foram maiores a 1 só para os caracteres NDF, NDM e APM, esses valores foram considerados ideais para praticar a seleção (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Com base no teste LSD_(p<0,05), um grupo de 21 genótipos apresentaram as maiores médias de produtividade de grãos, não apresentando diferenças estatísticas entre eles, nas médias gerais de três ambientes, ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal e ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba. Esses genótipos foram, em ordem descendente de produtividade de grãos, 11, 22, 44, 24, 23, 14, 18, 36, 20, 32, 1, 25, 12, 39, 34, 30, 38, 7, 26, 33 e 37. Entre as testemunhas, a variedade 44 (CD 209) foi a única em apresentar alta produtividade média de grãos. Entretanto que os genótipos 11 e 37 apresentaram a maior (3534,5 kg ha⁻¹) e menor (3028,9 kg ha⁻¹) produtividade média de grãos, respectivamente (Tabela 4).

Tabela 4. Avaliação de 45 genótipos de soja quanto aos oitos caracteres avaliados em três ambientes

Genótipo	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	Caracteres ¹									
							AC (notas)	VA								
1	54,6	HUJL	130,0	GHUJLM	73,1	STUW	97,6	UW	21,9	R	3113,1	HUJLM	1,6	BCDEFGHIJ	3,3	EFGHIJKL
2	51,9	CDE	134,1	OPQRS	62,3	GHUJLM	85,8	HUJLMNOPQ	13,9	DEFG	2773,4	CDEFGH	1,4	ABCDEF	3,6	IJKLMNOP
3	43,9	A	112,0	AB	54,7	CDEF	63,4	A	9,2	A	2394,2	ABCDE	1,5	ABCDEF	2,5	A
4	55,6	JKLMN	132,1	JKLMNOPQ	74,2	TUV	88,1	JKLMNOPQRST	11,0	ABC	2891,4	EFGHIJK	1,6	BCDEFGHIJ	2,9	ABCDE
5	54,6	HUJL	136,4	ST	72,2	QRSTUW	94,8	TUV	11,1	ABC	2854,3	DEFGHIJ	2,2	JKL	3,0	BCDEFG
6	57,1	NOPQ	135,6	QRST	76,3	W	90,3	OPQRST	12,4	BCDE	2695,0	ABCDEF	2,4	L	3,1	BCDEFGHI
7	54,4	GHUJK	130,6	HUJLMN	72,9	RSTUW	88,9	JKLMNOPQRST	13,3	CDEF	3033,6	FGHIJKLM	1,9	FGHIJKL	2,8	ABC
8	53,3	EF	129,0	GHUJ	69,7	OPQRSTUW	87,3	IJKLMNOPQR	17,9	MNOP	2818,7	DEFGHI	2,4	L	2,8	ABCD
9	51,3	CD	120,2	CD	52,6	BCDE	68,9	AB	12,5	BCDE	2858,2	DEFGHIJ	1,1	AB	2,7	AB
10	53,8	FGHIJ	129,3	GHUJKL	68,0	JKLMNOPQRSTU	83,8	GHUJLMNO	18,9	NOPQ	2967,2	FGHIJKL	1,7	DEFGHIJK	3,1	BCDEFGH
11	56,1	KL	128,0	FGH	65,9	IJKLMNOPQR	83,6	FGHIJKLMN	19,4	OPQR	3534,5	M	1,6	ABCDEF	3,4	GHUJKLM
12	56,3	LMNO	133,9	NOPQRS	66,6	KL	93,6	RSTUW	18,0	MNOP	3094,1	HUJLM	1,9	GHUJKL	3,4	FGHIJKL
13	56,4	MNOP	133,8	NOPQRS	69,6	OPQRSTUW	87,9	JKLMNOPQRS	15,0	EFGHIJKL	2755,8	CDEFGH	1,6	ABCDEF	3,9	MN
14	56,1	KL	131,2	HUJLMNO	70,1	PQRSTUW	85,2	GHUJLMNOP	13,0	BCDEF	3323,9	IJKLM	1,4	ABCDEF	3,2	CDEFGHIJ
15	52,8	DEFGH	129,7	GHUJKL	64,7	HUJLMNOP	81,9	DEFGHIJKL	16,2	GHUJLMN	2544,1	ABCDEF	1,7	CDEFGHIJ	2,8	ABC
16	53,4	EF	126,8	FG	67,7	JKLMNOPQRST	78,8	CDEFG	18,2	NO	2291,8	ABC	1,3	ABCDEF	3,0	BCDEFG
Continua ...																

Continuação tabela 4

Caracteres¹

Genótipo	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	Ac (notas)	VA (notas)
17	52,7 CDEFG	128,6 GHI	64,6 HIJKLMN	81,2 DEFGHIJ	18,8 NOPQ	2573,1 ABCDEFG	2,0 HIJKL	3,2 CDEFGHIJ
18	51,2 CD	122,0 DE	57,8 DEFGH	76,8 CDE	14,7 EFGHIJ	3299,3 IJKLM	1,5 ABCDEFGH	3,3 DEFGHIJKL
19	53,9 FGHIJ	130,4 HIJKLMN	76,3 W	99,8 W	19,2 OPQR	2696,1 ABCDEFGH	2,2 JKL	3,2 CDEFGHIJK
20	52,4 CDEF	123,1 DE	74,9 UW	92,1 QRSTU	17,7 LMNOP	3147,3 HIJKLM	1,3 ABCDEF	3,7 KLMN
21	50,9 BC	112,9 B	50,8 ABCD	66,1 AB	17,5 KLMNOP	2363,0 ABCD	1,7 CDEFGHIJ	3,2 CDEFGHIJ
22	52,2 CDEF	131,0 HIJKLMNO	65,7 IJKLMN	88,9 MNOPQRST	18,4 NOPQ	3447,2 LM	1,1 ABC	3,4 FGHIJKL
23	56,0 KLMNO	133,3 MNOPQRS	72,1 QRSTUW	90,1 NOPQRST	13,3 CDEF	3328,9 JKLM	1,7 CDEFGHIJ	3,2 CDEFGHIJK
24	54,9 IJKLM	131,8 IJKLMN	60,4 FGHIJKL	79,5 DEFGH	14,8 EFGHIJK	3374,3 KLM	1,8 EFGHIJK	2,9 ABCDE
25	54,4 GHIJK	138,1 T	59,8 FGHIJK	79,5 DEFGH	11,5 ABCD	3099,9 HIJKLM	1,0 A	3,6 JKLMN
26	56,3 LMNO	129,2 GHIJK	72,0 QRSTUW	84,6 GHIJKLMN	17,0 IJKLMN	3030,3 FGHIJKLM	1,6 BCDEFGHIJ	3,1 BCDEFGH
27	52,7 CDEFG	113,0 B	57,2 CDEFG	65,3 A	12,5 BCDE	2206,1 A	1,3 ABCDE	3,3 DEFGHIJKL
28	53,3 EFGHI	113,2 B	65,7 IJKLMN	76,5 CD	13,0 BCDEF	2242,3 AB	1,6 ABCDEFGHI	3,1 BCDEFGH
29	59,9 S	132,0 IJKLMN	74,2 TUW	90,4 OPQRST	17,2 IJKLMN	3019,8 FGHIJKL	1,6 BCDEFGHIJ	3,4 GHIJKLM
30	58,6 QRS	132,6 KLMNOPQ	67,4 LMNOPQRST	81,6 DEFGHIJK	19,5 PQR	3082,0 HIJKLM	1,3 ABCDEF	3,6 IJKLMN
31	49,3 B	112,9 B	47,6 AB	63,2 A	16,7 GHIJKLMNO	2834,9 DEFGHIJ	1,2 ABCD	3,2 CDEFGHIJ
32	58,2 PQRS	132,2 JKLMNOPQ	66,3 JKLMNOPQRS	78,6 CDEFG	18,1 MNOPQ	3122,1 HIJKLM	1,1 ABC	3,0 BCDEFG

Continua ...

Continuação tabela 4

Caracteres ¹									
Genótipo	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	Ac (notas)	VA (notas)	
33	52,3 CDEF	118,4 C	59,4 EFGHIJ	72,1 BC	10,6 ABC	3030,3 FGHJKLM	1,9 FGHJKLM	2,8 ABCD	
34	52,9 DEFGH	124,8 EF	62,5 GHIJKLMN	78,6 CDEFG	15,3 FGHJKLM	3082,1 HIJKLM	1,8 EFGHIJK	3,1 BCDEFGH	
35	53,7 EFGHI	122,7 DE	62,9 GHIJKLMNO	76,7 CDE	13,1 BCDEF	2717,1 BCDEFGH	2,3 KL	2,8 ABCD	
36	52,2 CDEF	123,1 DE	62,0 GHIJKLM	80,5 DEFGH	16,8 HIJKLMNOP	3169,8 HIJKLM	1,9 FGHJKLM	2,9 ABCDEF	
37	57,8 OPQR	137,7 T	71,6 PQRSTUW	94,2 STUW	17,0 IJKLMNOP	3028,9 FGHJKLM	1,9 FGHJKLM	4,0 N	
38	59,0 RS	135,2 PQRST	68,6 MNOPQRSTU	83,3 EFGHIJKLM	18,2 NOPQ	3051,6 GHIJKLM	1,8 EFGHIJK	3,7 LMN	
39	59,7 S	132,0 IJKLMNOP	64,8 HIJKLMNOP	91,0 PQRSTU	20,8 QR	3093,5 HIJKLM	1,1 AB	3,6 JKLMN	
40	57,8 OPQR	132,8 LMNOPQR	72,7 QRSTUW	80,9 DEFGHI	14,1 DEFGH	3026,2 FGHJKLM	1,1 ABC	2,9 ABCDEF	
41	53,2 EFGHI	135,0 PQRST	64,6 HIJKLMNOP	84,6 GHIJKLMNOP	14,5 EFGHI	2835,4 DEFGHIJ	1,6 ABCDEFGHI	3,1 BCDEFGHI	
42	43,6 A	108,6 A	45,1 A	89,2 MNOPQRST	10,5 AB	2749,3 CDEFGH	2,1 IJKL	3,3 DEFGHIJKL	
43	57,1 NOPQ	136,1 RST	68,9 MNOPQRSTU	88,6 LMNOPQRST	17,3 JKLMNOP	2961,6 FGHJKLM	2,1 HIJKL	3,5 HIJKLM	
44	56,2 KLMNO	132,6 KLMNOPQR	58,9 EFGHI	81,4 DEFGHIJK	18,9 NOPQ	3404,0 LM	1,8 EFGHIJKL	3,6 JKLMN	
45	43,4 A	110,0 AB	50,4 ABC	77,0 CDEF	11,6 ABCD	2446,8 ABCDE	1,3 ABCDEF	3,3 EFGHIJKL	
DMS ²	1,8	3,5	7,1	6,7	2,8	505,8	0,6	0,5	

¹Médias com mesma letra na coluna não diferem significativamente entre si pelo teste LSD_(p<0.05). ²DMS: Diferença mínima significativa. [†]número de dias para a floração (NDF), número de dias para a maturidade (NDM), altura de planta na floração (APF), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), acamamento (Ac) e valor agrônômico (VA)

Nesse grupo de genótipos com alta produtividade média de grãos, a amplitude de ciclo de cultivo foi 118-138 dias. Entretanto que a fase vegetativa foi de 51-60 dias. Por outro lado, a altura de planta na maturidade variou de 72,1 cm a 97,6 cm. E na floração, a altura de planta variou de 57,8 cm a 74,9 cm. Para o caráter altura da inserção da primeira vagem, os genótipos apresentaram a seguinte amplitude 10,6-21,9 cm. Finalmente, para os caracteres acamamento e valor agrônomo, os genótipos apresentaram as seguintes amplitudes 1-1,9 e 2,8-4, respectivamente (Tabela 4).

Com base na classificação de Kaster e Farias (2011), os genótipos, com alta produtividade de grãos, foram subdivididos por ciclo de cultivo. Genótipos de ciclo curto (108 dias – 125 dias), ciclo médio (126 dias – 138 dias) e ciclo tardio (≥ 136 dias). Os genótipos de ciclo curto foram 18, 34, 36, 20 e 33. Entretanto que os genótipos de ciclo médio foram 38, 12, 23, 44, 30, 32, 39, 24, 14, 22, 7, 1, 26 e 11. Finalmente, os genótipos 25 e 37 foram de ciclos longos (Tabela 4)

A partir dos valores das análises de variâncias individuais, evidenciou-se que o efeito de genótipos foi significativo ($p < 0,05$) pelo teste F para número de dias para a floração (NDF), número de dias para a maturidade (NDM), altura de planta na floração (APF), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), acamamento (Ac) e valor agrônomo (VA) nos três ambientes de avaliação (Tabela 5).

Continuação tabela 5

FV	GL	Quadrados médios											
		AIV (cm)			PG (kg ha ⁻¹)			Ac			VA		
		E1	E2	E3	E1	E2	E3	E1	E2	E3	E1	E2	E3
Blocos	2	7,6	60,1	6,3	487289	2571828	31814	1,9	0,5	1,3	1,1	0,6	0,3
Genótipos	44	72,9**	38,3**	30,9**	631806**	1329939**	136354*	0,9**	1,0**	1,5**	0,7**	0,7**	1,0**
Resíduo	88	13,7	6,6	6,6	156799	651470	82420,1	0,5	0,3	0,5	0,2	0,2	0,4
Média geral		18,7	13,4	14,6	2757,9	4126,1	1876,4	1,6	1,6	1,7	3,1	3,4	3,2
Média dos genótipos		18,8	13,4	14,8	2778,7	4112,8	1877,5	1,6	1,6	1,7	3,1	3,4	3,1
Média das testemunhas		17,2	13,8	12,8	2544,1	4262,3	1864,8	1,6	1,5	2,3	2,9	3,4	4,0
CV(%)		19,8	19,2	17,6	14,4	19,6	15,3	41,9	36,9	40,2	13,7	14,5	20,7
σ_f^2		23,9	13,2	9,8	215248,3	433576,8	38504,9	0,3	0,4	0,4	0,2	0,3	0,3
σ_a^2		4,6	2,2	2,2	52266,6	217156,7	27473,4	0,2	0,1	0,2	0,1	0,1	0,1
σ_g^2		19,3	11,0	7,6	162981,7	216420,1	11031,5	0,1	0,3	0,3	0,2	0,2	0,1
H ² (%)		80,9	83,2	77,4	75,7	49,9	28,6	45,1	69,9	60,7	76,1	69,4	46,0
CVg		23,4	24,8	18,6	14,5	11,3	5,6	22,0	32,4	29,8	14,1	12,6	11,3
CVg/CVe		1,2	1,3	1,1	1,0	0,6	0,4	0,5	0,9	0,7	1,0	0,9	0,5
Relação maior QMR / menor OMR			2,07			7,90			1,50			2,45	

** : significativo a 1% de probabilidade pelo Teste F; *: significativo a 5% de probabilidade pelo Teste F; NS: não significativo. H²(%)=Coeficiente de determinação genotípico(média) %. [†] número de dias para a floração (NDF), número de dias para a maturidade (NDM), altura de planta na floração (APF), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), acamamento (Ac) e valor agrônomo (VA). [†]E1: ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, E2: ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal, E3: ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba.

No ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, os 45 genótipos apresentaram os seguintes valores médios 56,8 dias, 126,9 dias, 59,7 cm, 82,6 cm, 18,7 cm, 2757,9 kg ha⁻¹, 1,6 e 3,1 para os caracteres NDF, NDM, APF, APM, AIV, PG, Ac e VA, respectivamente. O coeficiente de variação de produtividade de grãos foi 14,4%. Entretanto, os caracteres NDF, NDM, APF, APM, AIV, Ac e VA apresentaram os seguintes coeficientes de variações 3 %, 3,3 %, 9,9 %, 8,3 %, 19,8 %, 41,9 % e 13,7 %, respectivamente (Tabela 5).

No ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, um grupo de 15 genótipos com alta produtividade média de grãos foram identificados, com base no teste LSD_(p<0,05). Também, esses genótipos foram subdivididos por ciclos de cultivos, ficando o grupo de alta produtividade de grão e de ciclo curto (≤ 125 dias), os genótipos 7, 11 e 20. Já os genótipos com alta produtividade de grãos e de ciclo médio (126-135 dias) foram 40, 37, 23, 6, 39, 30, 14, 29, 5, 4 e 24. Restando o genótipo 25, como produtivo e de ciclo longo (≥ 136 dias). Nenhuma testemunha esteve entre os genótipos produtivos. Ressaltando que os genótipos 40 e 11 apresentaram a maior (3660,7 kg ha⁻¹) e menor (3069,3 kg ha⁻¹) produtividade média de grãos, respectivamente (Tabela 6).

Nesse grupo de alta produtividade média de grãos, o ciclo de cultivo dos genótipos avaliados variou entre 117 dias e 139 dias enquanto que, a altura de planta na maturação esteve entre 78,3 cm e 101 cm. Por outro lado, a fase vegetativa variou entre 54,7 dias e 64 dias enquanto que a altura de planta na floração esteve entre 58,9 cm e 77 cm. Já para a altura da inserção da primeira vagem, os valores extremos foram 12,2 cm e 25,9 cm. Finalmente, os caracteres acamamento e valor agrônomo apresentaram as seguintes variações 1-2,3 e 3-4, respectivamente (Tabela 6).

Tabela 6. Avaliação de oito caracteres⁺ em 45 genótipos de soja no ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal

-----Caracteres ¹ -----								
Genótipo	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	AC (nota)	VA (nota)
1	57,7 GHIJK	129,3 HIJKLMNOPQ	56,1 DEFGHIJ	88,0 JKLMNOPQRS	27,0 OP	2478,5 BCDEFG	1,0 A	2,7 ABC
2	56,3 DEFGH	133,3 OPQR	60,6 IJKLMN	93,2 PQRSTU	16,8 CDEFGHI	2556,1 BCDEFGHI	1,3 AB	3,0 BCD
3	43,7 A	116,0 ABC	47,1 CDE	53,9 A	10,4 AB	2724,8 CDEFGHIJKL	2,0 ABCD	2,0 A
4	57,3 FGHIJ	130,3 IJKLMNOPQ	67,2 LMNOPQRS	92,2 OPQRSTU	13,8 ABCD	3238,3 JKLMN	1,7 ABC	3,0 BCD
5	58,7 HIJKLM	132,0 KLMNOPQ	69,7 NOPQRST	94,6 RSTU	12,2 ABC	3114,0 GHIJKLMNOP	2,0 ABCD	3,3 CDE
6	60,3 KLMNO	133,0 NOPQR	72,2 QRST	95,8 STUW	12,2 ABC	3137,9 HIJKLMNOP	2,3 BCD	3,0 BCD
7	55,3 CDEFG	125,0 FGHIJ	62,3 IJKLMNOP	86,2 JKLMNOPQRS	12,3 ABC	3338,3 LMN	2,0 ABCD	3,0 BCD
8	54,7 CDEF	126,3 FGHIJKLMN	62,9 IJKLMNOPQ	86,2 JKLMNOPQRS	21,2 HIJKLMNOP	2555,6 BCDEFGHI	1,3 AB	2,7 ABC
9	51,0 B	122,0 CDEFG	41,6 BC	62,6 ABC	17,5 CDEFGHIJK	2054,6 AB	1,0 A	2,0 A
10	54,7 CDEF	125,3 FGHIJK	62,6 IJKLMNOPQ	81,1 FGHIJKLMNOP	21,8 HIJKLMNOP	2916,2 DEFGHIJKLM	2,7 CD	2,7 ABC
11	57,7 GHIJK	124,3 EFGHI	58,9 GHIJKL	78,3 FGHIJK	25,9 NOP	3069,3 FGHIJKLMNOP	1,0 A	3,3 CDE
12	60,7 LMNO	133,3 OPQR	62,9 IJKLMNOPQ	89,9 MNOPQRSTU	22,2 IJKLMNOP	2925,7 DEFGHIJKLM	1,3 AB	3,7 DE
13	61,3 MNOP	132,7 MNOPQR	73,3 RST	94,8 RSTU	17,7 CDEFGHIJK	2627,3 BCDEFGHIJ	1,5 AB	4,0 E
14	60,3 KLMNO	132,7 MNOPQR	76,7 ST	94,7 RSTU	16,3 BCDEFGHI	3228,3 JKLMN	1,7 ABC	3,7 DE
15	54,3 CDE	124,3 EFGHI	57,5 FGHIJK	77,8 FGHIJ	21,0 GHIJKLMNOP	2155,8 ABC	2,3 BCD	2,7 ABC
16	54,3 CDE	123,3 DEFGH	56,9 FGHIJK	72,9 CDEFG	21,9 HIJKLMNOP	1818,3 A	1,3 AB	2,7 ABC
Continua ...								

Continuação tabela 6

Caracteres¹-

Genótipo	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	Ac (nota)	VA (nota)
17	54,3 CDE	127,0 GHIJKLMNO	59,8 HIJKLM	76,7 EFGHI	22,1 HIJKLMNO	2581,9 BCDEFGHI	1,5 AB	3,5 DE
18	54,3 CDE	121,7 CDEFG	54,1 DEFGHI	81,1 FGHIJKLMNO	19,6 DEFGHIJKLM	2620,3 BCDEFGHIJ	1,7 ABC	3,0 BCD
19	56,3 DEFGH	130,0 HIJKLMNOPQ	76,5 ST	106,8 W	22,3 IJKLMNO	2519,9 BCDEFGH	2,3 BCD	3,0 BCD
20	54,7 CDEF	116,7 ABCD	69,0 MNOPQRST	101,0 UW	19,9 EFGHIJKLM	3096,1 FGHIJKLMN	1,3 AB	3,7 DE
21	50,7 B	118,0 BCDE	42,4 C	63,5 ABCD	23,9 LMNO	2044,3 AB	1,5 AB	3,0 BCD
22	55,7 CDEFG	129,3 HIJKLMNOPQ	66,4 KLMNOPQR	96,0 STUW	23,5 KLMNO	2848,6 DEFGHIJKLM	1,0 A	3,3 CDE
23	61,7 NOP	134,0 PQR	69,5 NOPQRST	90,6 MNOPQRSTU	14,2 BCDEF	3197,7 IJKLMN	2,0 ABCD	3,0 BCD
24	57,0 EFGHIJ	129,3 HIJKLMNOPQ	59,5 GHIJKLM	84,7 HIJKLMNOPQR	17,2 CDEFGHIJ	3379,3 MN	2,3 BCD	3,0 BCD
25	57,0 EFGHIJ	139,0 R	65,3 JKLMNOPQR	96,8 STUW	13,9 ABCDE	3294,8 KLMN	1,0 A	3,5 DE
26	63,0 OP	130,7 IJKLMNOPQ	55,2 DEFGHI	74,1 DEFGH	19,9 EFGHIJKLM	2551,8 BCDEFGH	1,0 A	3,0 BCD
27	55,3 CDEFG	116,7 ABCD	46,8 CD	57,0 AB	13,8 ABCD	1769,8 A	1,8 ABC	2,7 ABC
28	56,3 DEFGH	115,7 ABC	56,6 EFGHIJ	70,4 CDEF	14,3 BCDEF	2059,3 AB	1,0 A	3,2 BCD
29	62,0 NOP	132,3 LMNOPQR	70,4 OPQRST	94,1 QRSTU	23,2 JKLMNO	3229,5 JKLMN	1,7 ABC	3,7 DE
30	62,7 OP	132,7 MNOPQR	61,1 IJKLMNO	82,4 GHIJKLMNOP	22,1 HIJKLMNO	3233,6 JKLMN	1,0 A	3,0 BCD
31	53,3 BC	112,3 AB	43,9 C	58,7 AB	24,9 MNOP	2584,8 BCDEFGHI	1,5 AB	3,0 BCD
32	63,0 OP	133,0 NOPQR	56,9 FGHIJK	72,3 CDEFG	17,9 CDEFGHIJKL	2979,3 EFGHIJKLM	1,0 A	3,0 BCD
33	57,7 GHIJK	120,0 CDEF	50,4 CDEFGH	61,9 ABC	8,0 A	2406,6 ABCDE	2,0 ABCD	2,0 A

Continua ...

Continuação tabela 6

Caracteres ¹									
Genótipo	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	AC (nota)	VA (nota)	
34	56,7 DEFGHI	125,7 FGHIJKL	55,5 DEFGHI	77,8 FGHIJ	16,8 CDEFGHI	2832,3 DEFGHIJKLM	1,3 AB	3,0 BCD	
35	58,0 GHIJKL	123,3 DEFGH	57,3 FGHIJK	79,5 FGHIJKLM	15,1 BCDEFG	2295,4 ABCD	3,0 D	2,7 ABC	
36	54,0 CD	126,0 FGHIJKLM	48,6 CDEF	80,3 FGHIJKLM	19,4 DEFGHIJKL	2630,1 BCDEFGHIJ	2,0 ABCD	2,7 ABC	
37	63,0 OP	135,3 QR	74,3 RST	99,5 TUV	24,4 MNO	3358,4 LMN	1,7 ABC	4,0 E	
38	63,7 P	135,0 QR	71,5 PQRST	92,1 NOPQRSTU	30,9 P	2898,8 DEFGHIJKLM	2,0 ABCD	4,0 E	
39	63,7 P	132,7 MNOPQR	68,3 LMNOPQRST	89,2 KLMNOPQRST	20,1 FGHIJKLMN	3292,9 KLMN	1,0 A	3,7 DE	
40	61,7 NOP	135,3 QR	77,0 T	89,5 LMNOPQRST	16,2 BCDEFGH	3660,7 N	1,0 A	3,0 BCD	
41	56,0 CDEFGH	131,7 JKLMNOPQ	61,5 IJKLMNO	83,2 GHIJKLMNOPQ	18,0 CDEFGHIJKL	2623,8 BCDEFGHIJ	1,3 AB	3,3 CDE	
42	43,7 A	110,0 A	32,8 AB	72,8 CDEFG	13,0 ABC	2461,1 BCDEF	1,5 AB	2,5 AB	
43	59,7 JKLMN	135,3 QR	69,8 NOPQRST	99,3 TUV	19,2 DEFGHIJKLM	2669,9 BCDEFGHIJK	3,0 D	3,0 BCD	
44	59,3 IJKLMN	127,7 GHIJKLMNOP	50,0 CDEFG	78,8 FGHIJKL	24,6 MNO	2987,8 EFGHIJKLM	1,0 A	3,3 CDE	
45	43,7 A	111,0 A	29,6 A	66,1 BCDE	12,0 ABC	2057,8 AB	1,0 A	2,7 ABC	
DMS ²	2,8	6,7	9,6	11,1	6,0	642,5	1,1	0,7	

¹Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente entre si pelo teste Fisher LSD a 5% de probabilidade.
²DMS: Diferença mínima significativa. * número de dias para a floração (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta na floração (APF), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), acamamento (AC) e valor agronômico (VA).

No ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal, os 45 genótipos apresentaram os seguintes valores médios 49,9 dias, 119,1 dias, 67,3 cm, 88,4 cm, 13,4 cm, 4126,1 kg ha⁻¹, 1,6 e 3,4 para os caracteres NDF, NDM, APF, APM, AIV, PG, Ac e VA, respectivamente. O coeficiente de variação de produtividade de grãos foi 19,6%. Entretanto, os caracteres NDF, NDM, APF, APM, AIV, Ac e VA apresentaram os seguintes coeficientes de variações 5,6 %, 3 %, 12,9 %, 5,9 %, 19,2 %, 36,9 % e 14,5 %, respectivamente (Tabela 5).

No ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal, um grupo de 17 genótipos com alta produtividade média de grãos foram identificados, com base no teste LSD_(p<0,05). Os 17 genótipos apresentaram ciclos curtos (≤ 125 dias). Esses genótipos foram 11, 22, 44, 18, 24, 1, 14, 23, 36, 33, 43, 9, 32, 12, 38, 34 e 26. Ressaltando que os genótipos 11 e 26 apresentaram a maior (5559 kg ha⁻¹) e menor (4327 kg ha⁻¹) produtividade média de grãos, respectivamente. Duas testemunhas, 44 (CD 219) e 43 (MG/BR-46), estiveram entre os genótipos de maior produtividade média de grãos (Tabela 7).

Tabela 7. Avaliação de oito caracteres† em 45 genótipos de soja no ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal

-----Caracteres ¹ -----										
Genótipo	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	AC (nota)	VA		
1	54,3 IJKLM	121,3 HIJKLMN	80,3 JKLM	107,6 RS	18,7 OPQ	4990,8 IJKLM	1,2 AB	4,3 HIJ		
2	44,3 ABC	120,0 HIJK	56,1 ABCDE	85,7 EFGHIJK	11,1 BCDEFGHI	4144,2 BCDEFGHIJKL	1,2 AB	3,7 EFGH		
3	43,0 AB	107,3 AB	55,9 ABCDE	61,2 A	9,1 ABCD	2671,3 A	1,5 ABC	2,8 ABCD		
4	54,3 IJKLM	124,0 JKLMNOP	81,2 KLM	88,7 FGHIJKLM	6,0 A	3645,8 ABCDEFHG	2,2 CDEF	3,3 CDEFG		
5	51,0 EFGHIJK	128,3 OP	70,7 FGHIJKL	101,8 PQR	10,0 ABCDE	3813,8 ABCDEFGHIJ	2,5 DEFG	2,7 ABC		
6	54,7 JKLM	127,0 NOP	86,3 M	101,9 PQR	9,9 ABCDE	3258,8 ABCD	3,2 G	2,7 ABC		
7	53,0 HIJKLM	126,0 LMNOP	83,3 LM	97,5 NOPQ	11,3 BCDEFGHIJ	4012,5 BCDEFGHIJKL	2,7 EFG	2,7 ABC		
8	50,3 DEFGHIJ	120,7 HIJKL	66,7 CDEFGHIJ	88,3 EFGHIJKLM	12,7 BCDEFGHIJK	3933,8 ABCDEFGHIJK	2,8 FG	2,8 ABCD		
9	48,0 CDEFG	112,7 BCDE	52,5 AB	66,8 AB	9,7 ABCDE	4576,7 EFGHIJKLM	1,2 AB	3,0 ABCDE		
10	52,3 GHIJKLM	123,0 JKLMNO	73,5 GHIJKLM	90,3 HIJKLMNO	15,6 KLMNOP	4053,8 BCDEFGHIJKL	1,5 ABC	3,5 DEFG		
11	55,0 KLM	125,0 KLMNOP	74,0 GHIJKLM	98,4 OPQ	15,2 IJKLMNO	5559,2 M	1,3 ABC	3,7 EFGH		
12	51,0 EFGHIJK	124,0 JKLMNOP	70,3 FGHIJKL	114,1 S	14,6 GHIJKLMNO	4469,2 DEFGHIJKLM	1,8 ABCDE	3,5 DEFG		
13	51,7 FGHIJKLM	122,0 JKLMN	69,7 EFGHIJKL	91,3 IJKLMNO	10,9 BCDEFGH	3900,0 ABCDEFGHIJK	1,5 ABC	3,3 CDEFG		
14	52,0 FGHIJKLM	119,0 FGHIJ	67,3 CDEFGHIJK	87,1 EFGHIJKL	9,1 ABC	4885,0 HIJKLM	1,2 AB	3,2 BCDEF		
15	50,3 DEFGHIJ	124,0 JKLMNOP	68,8 DEFGHIJK	89,9 HIJKLMNO	13,4 EFGHIJKLM	3640,0 ABCDEFHG	1,3 ABC	3,3 CDEFG		
16	51,0 EFGHIJK	119,7 GHIJK	69,9 EFGHIJKL	80,5 DEF	15,0 HIJKLMNO	3108,8 ABC	1,3 ABC	3,0 ABCDE		
-----Continua -----										

Genótipo	NDF	NDM	APF	APM	AIV	PG	Ac	VA
	(dias)	(dias)	(cm)	(cm)	(cm)	(kg ha ⁻¹)	(nota)	(nota)
17	49,3 DEFGH	121,0 HIJKLM	60,7 BCDEFGH	88,9 FGHIJKLM	14,5 FGHIJKLMN	3144,2 ABC	1,8 ABCDE	3,0 ABCDE
18	44,3 ABC	115,7 EFGH	55,9 ABCDE	79,9 DE	11,7 BCDEFGHIJK	5204,2 KLM	1,2 AB	3,5 DEFG
19	50,3 DEFGHIJ	119,3 FGHIJK	75,7 IJKLM	106,0 QRS	16,9 LMNOPQ	3526,7 ABCDEFG	1,8 ABCDE	3,7 EFGH
20	47,7 CDEF	116,0 EFGHI	75,9 IJKLM	91,3 IJKLMNO	15,3 IJKLMNO	3964,2 ABCDEFGHIJKL	1,0 A	3,7 EFGH
21	47,7 CDEF	108,0 ABC	58,5 ABCDEF	70,8 BC	15,5 JKLMNOP	3321,4 ABCDE	2,5 DEFG	3,5 DEFG
22	46,0 ABCD	121,7 IJKLMN	60,1 ABCDEFG	91,1 HIJKLMNO	13,8 EFGHIJKLMNOP	5256,3 LM	1,0 A	3,8 FGHI
23	50,3 DEFGHIJ	121,7 IJKLMN	71,7 FGHIJKL	92,9 KLMNO	12,3 BCDEFGHIJK	4857,5 HIJKLM	1,0 A	3,7 EFGH
24	50,0 DEFGHI	124,0 JKLMNOP	68,7 DEFGHIJK	94,5 LMNOP	13,3 DEFGHIJKLM	5078,8 JKLM	1,3 ABC	3,7 EFGH
25	51,0 EFGHIJK	129,3 P	60,4 ABCDEFG	81,3 DEFG	8,8 AB	4023,3 BCDEFGHIJKL	1,0 A	3,7 EFGH
26	49,0 DEFGH	114,0 DEFG	72,9 GHIJKLM	83,8 DEFGHIJ	12,1 BCDEFGHIJK	4327,5 BCDEFGHIJKLM	1,5 ABC	3,2 BCDEF
27	47,7 CDEF	106,3 A	64,5 BCDEFGHI	76,2 CD	11,5 BCDEFGHIJK	3255,0 ABCD	1,0 A	3,5 DEFG
28	48,3 CDEFG	108,7 ABCD	71,5 FGHIJKL	82,7 DEFGH	13,8 EFGHIJKLMNOP	3070,8 AB	2,7 EFG	2,3 A
29	54,0 IJKLM	121,7 IJKLMN	83,3 LM	96,7 MNOP	12,7 BCDEFGHIJK	4201,7 BCDEFGHIJKL	1,2 AB	3,7 EFGH
30	54,7 JKLM	120,7 HIJKL	73,9 GHIJKLM	87,2 EFGHIJKL	19,4 PQ	4155,8 BCDEFGHIJKL	1,0 A	4,0 GHIJ
31	42,7 AB	107,3 AB	46,5 A	65,9 AB	13,8 EFGHIJKLMNOP	4095,0 BCDEFGHIJKL	1,0 A	2,5 AB
32	54,3 IJKLM	121,7 IJKLMN	76,1 IJKLM	91,5 JKLMNOP	20,2 Q	4507,0 DEFGHIJKLM	1,3 ABC	3,3 CDEFG

Continua ...

Continuação tabela 7									
Caracteres ¹									
Genótipo	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	Ac (nota)	VA (nota)	
33	44,3 ABC	112,0 ABCDE	60,9 BCDEFGH	80,8 DEF	13,1 CDEFGHIJKLM	4710,8 FGHIJKLM	1,7 ABCD	3,2 BCDEF	
34	47,0 BCDE	113,7 CDEF	61,3 BCDEFGH	82,9 DEFGHI	14,5 FGHIJKLMN	4380,8 CDEFGHIJKLM	1,7 ABCD	3,2 BCDEF	
35	48,0 CDEFG	110,7 ABCDE	70,3 FGHIJKL	82,7 DEFGH	10,4 BCDEF	3872,5 ABCDEFGHIJ	2,5 DEFG	2,8 ABCD	
36	47,7 CDEF	116,0 EFGHI	60,2 ABCDEFG	80,4 DEF	12,9 BCDEFGHIJKL	4745,8 GHIJKLM	1,0 A	3,2 BCDEF	
37	51,7 FGHIJKLM	128,7 OP	63,2 BCDEFGHI	96,7 MNOP	17,2 MNOPQ	4216,7 BCDEFGHIJKL	1,0 A	4,7 J	
38	55,3 KLM	121,7 IJKLMN	68,5 DEFGHIJK	82,7 DEFGH	12,2 BCDEFGHIJK	4390,8 CDEFGHIJKLM	1,0 A	3,8 FGHI	
39	56,0 M	123,0 JKLMNO	63,5 BCDEFGHI	112,9 S	26,7 R	3975,0 ABCDEFGHIJKL	1,2 AB	4,5 IJ	
40	55,7 LM	121,0 HIJKLM	79,0 JKLM	88,0 EFGHIJKL	12,5 BCDEFGHIJK	3876,3 ABCDEFGHIJ	1,3 ABC	3,8 FGHI	
41	47,0 BCDE	126,7 MNOP	62,2 BCDEFGHI	89,7 GHIJKLMN	11,6 BCDEFGHIJK	3805,0 ABCDEFGHIJ	2,0 BCDEF	3,7 EFGH	
42	44,0 ABC	109,7 ABCD	54,3 ABC	91,1 HIJKLMNO	10,5 BCDEFG	3415,0 ABCDEF	1,5 ABC	3,7 EFGH	
43	54,3 IJKLM	124,0 JKLMNOP	74,6 HIJKLM	97,9 NOPQ	17,7 NOPQ	4622,5 EFGHIJKLM	1,5 ABC	3,8 FGHI	
44	51,3 EFGHIJKL	123,5 JKLMNO	54,1 ABC	76,1 CD	15,3 IJKLMNOP	5252,5 LM	1,2 AB	3,2 BCDEF	
45	41,7 A	107,0 AB	55,5 ABCD	85,7 EFGHIJK	11,7 BCDEFGHIJK	3759,2 ABCDEFGHI	2,0 BCDEF	3,0 ABCDE	
DMS ²	4,5	5,7	14,1	8,5	4,2	1309,7	0,9	0,8	
Continua ...									

¹Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente entre si pelo teste Fisher LSD (p<0.05). ²DMS: Diferença mínima significativa. . [†]número de dias para a floração (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta na floração (APF), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), acamamento (Ac) e valor agronômico (VA).

No ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba, os 45 genótipos apresentaram os seguintes valores médios 55,1 dias, 136,5 dias, 68,0 cm, 77,7 cm, 14,6 cm, 1876,4 kg ha⁻¹, 1,7 e 3,2 para os caracteres NDF, NDM, APF, APM, AIV, PG, Ac e VA, respectivamente. O coeficiente de variação de produtividade de grãos foi 15,3% (Tabela 4). Enquanto que para os caracteres NDF, NDM, APF, APM, AIV, Ac e VA, os valores dos coeficientes de variações foram 1,9 %, 2,7 %, 12 %, 11,7 %, 17,6 %, 40,2 % e 20,7 %, respectivamente (Tabela 5).

Com base no teste LSD_(p<0,05), um grupo de 21 genótipos apresentaram alta produtividade de grãos no ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba (Tabela 6). Esses genótipos foram, ordenados de maior a menor produtividade de grãos, 20, 42, 22, 26, 36, 41, 18, 19, 34, 39, 17, 35, 25, 11, 33, 44, 8, 16, 9, 23 e 10. Duas testemunhas, 42 (CD 216) e 44 (CD 219), estiveram entre os genótipos de maior produtividade média de grãos. A maior produtividade média, 2381,7 kg ha⁻¹, foi obtida do genótipo 20, enquanto que a menor produtividade média (1931,7 kg ha⁻¹) foi apresentada pelo genótipo 23 (Tabela 8).

Também, esses genótipos foram subdivididos por ciclos de cultivos, ficando o grupo de alta produtividade de grão e de ciclo curto (≤ 125 dias), os genótipos 33 e 42. Já os genótipos com alta produtividade de grãos e de ciclo médio (126-135 dias) foram 34, 11, 35, 18, 36 e 9. Y finalmente, os genótipos produtivos e de ciclo longo (≥ 136 dias) foram 41, 44, 25, 23, 26, 22, 19, 39, 8, 10, 17, 16 e 20 (Tabela 8).

Tabela 8. Avaliação de oito caracteres† em 45 genótipos de soja no ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba

Caracteres ¹																
Genótipo	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	AC (nota)	VA								
1	51,7	C	139,3	GHUJL	82,9	NO	97,3	MN	20,1	Q	1870,0	ABCDEF	2,7	CDE	3,0	ABCD
2	55,0	EF	149,0	O	70,2	FGHIJ	78,5	DEFGHIJ	13,9	DEFGHIJ	1620,0	ABCDE	1,7	ABC	4,0	DE
3	45,0	B	112,7	B	61,3	ABCDEF	75,0	BCDEFGHIJ	8,1	A	1786,7	ABCDEF	1,0	A	2,7	ABC
4	55,0	EF	142,0	JKLMN	74,3	GHUJL	83,4	IJKL	13,3	CDEFGHIJ	1790,0	ABCDEF	1,0	A	2,3	AB
5	54,0	EF	149,0	O	76,2	IJKLMN	88,0	KLM	11,2	ABCDEF	1635,0	ABCDE	2,0	ABCD	3,0	ABCD
6	56,3	HIJ	146,7	NO	70,5	FGHIJ	73,3	ABCDEF	15,2	FGHIJ	1688,3	ABCDEF	1,7	ABC	3,7	CDE
7	55,0	EF	140,7	IJKL	73,0	FGHIJ	83,1	HIJ	16,4	IJKLMN	1750,0	ABCDEF	1,0	A	2,7	ABC
8	55,0	EF	140,0	HIJ	79,5	LMNO	87,5	KLM	19,9	Q	1966,7	ABCDEF	3,0	DE	3,0	ABCD
9	55,0	EF	126,0	E	63,8	BCDEFG	77,1	CDEFGHIJ	10,3	ABCD	1943,3	ABCDEF	1,0	A	3,0	ABCD
10	54,3	EF	139,7	GHUJ	68,0	FGHIJ	79,9	FGHIJ	19,3	PQ	1931,7	ABCDEF	1,0	A	3,0	ABCD
11	55,7	FGH	134,7	GH	64,8	CDEFGHIJ	74,0	BCDEFGHIJ	17,0	KLMN	1975,0	ABCDEF	2,3	BCDE	3,3	BCDE
12	57,3	JKLMN	144,3	LMNO	66,5	EF	76,7	CDEFGHIJ	17,1	KLMN	1887,5	ABCDEF	2,7	CDE	3,0	ABCD
13	56,3	HIJ	146,7	NO	65,7	DEFGHIJ	77,5	CDEFGHIJ	16,3	IJKLMN	1740,0	ABCDEF	1,7	ABC	4,3	E
14	56,0	GHUJ	142,0	JKLMN	66,5	EF	73,8	ABCDEF	13,6	DEFGHIJ	1858,3	ABCDEF	1,3	AB	2,7	ABC
15	53,7	DE	140,7	IJKL	67,8	FGHIJ	78,1	DEFGHIJ	14,2	DEFGHIJ	1836,7	ABCDEF	1,3	AB	2,3	AB
16	55,0	EF	137,3	GHUJ	76,3	IJKLMN	82,9	HIJ	17,8	LMN	1948,3	ABCDEF	1,3	AB	3,3	BCDE
Continua ...																

Continuação tabela 8

Caracteres¹

Genótipo	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	AC (nota)	VA (nota)
17	54,3 EFG	137,7 GHIJK	73,4 FGHIJKLMN	78,1 DEFGHIJKL	19,9 Q	1993,3 CDEFGHI	2,7 CDE	3,0 ABCD
18	55,0 EFGH	128,7 EF	63,4 BCDEFGHI	69,3 ABCDEFGHI	12,8 CDEFGHIJ	2073,3 EFGHI	1,7 ABC	3,3 BCDE
19	55,0 EFGH	142,0 JKLMN	76,7 JKLMNO	86,7 JKLM	18,5 NOPQ	2041,7 DEFGHI	2,3 BCDE	3,0 ABCD
20	55,0 EFGH	136,7 GHIJ	79,9 MNO	83,9 IJKLM	18,1 MNOPQ	2381,7 I	1,7 ABC	3,7 CDE
21	54,3 EFG	112,7 B	51,3 AB	64,0 ABCD	13,3 CDEFGHIJK	1723,3 ABCDEF	1,0 A	3,0 ABCD
22	55,0 EFGH	142,0 JKLMN	70,5 FGHIJKLMN	79,5 EFGHIJKL	17,9 LMNOPQ	2236,7 HI	1,3 AB	3,0 ABCD
23	56,0 GHIJK	144,3 LMNO	75,1 HIJKLMNO	86,7 JKLM	13,5 DEFGHIJK	1931,7 ABCDEFGHI	2,0 ABCD	3,0 ABCD
24	57,7 KLMNO	142,0 JKLMN	53,1 ABCD	59,2 A	13,9 DEFGHIJKLM	1665,0 ABCDE	1,7 ABC	2,0 A
25	55,3 EFGHI	146,0 MNO	53,7 ABCDE	60,3 AB	11,7 ABCDEFGH	1981,7 BCDEFGHI	1,0 A	3,7 CDE
26	57,0 IJKLMN	143,0 KLMN	87,7 O	95,8 MN	19,1 OPQ	2211,7 GHI	2,3 BCDE	3,0 ABCD
27	55,0 EFGH	116,0 BC	60,4 ABCDEF	62,7 ABC	12,3 BCDEFGHI	1593,3 ABCD	1,0 A	3,7 CDE
28	55,3 EFGHI	115,3 BC	69,1 FGHIJKLM	76,5 CDEFGHIJKL	10,9 ABCDE	1596,7 ABCD	1,0 A	3,7 CDE
29	63,7 P	142,0 JKLMN	69,0 FGHIJKLM	80,5 GHIJKL	15,7 HIJKLMNOP	1628,3 ABCDE	2,0 ABCD	3,0 ABCD
30	58,3 MNO	144,3 LMNO	67,1 FGHIJKLM	75,1 CDEFGHIJKL	17,1 KLMNOPQ	1856,7 ABCDEFGH	2,0 ABCD	3,7 CDE
31	52,0 CD	119,0 CD	52,3 ABC	65,0 ABCDE	11,5 ABCDEFG	1825,0 ABCDEFGH	1,0 A	4,0 DE
32	57,3 JKLMN	142,0 JKLMN	65,9 DEFGHIJK	71,9 ABCDEFGHIJ	16,2 IJKLMNOPQ	1880,0 ABCDEFGH	1,0 A	2,7 ABC

Continua ...

Continuação tabela 8

Caracteres¹

Genótipo	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	AIV (cm)	PG (kg ha ⁻¹)	Ac (nota)	VA
33	55,0 EFGH	123,3 DE	66,8 EFGHIJKLM	73,7 ABCDEFGHIJK	10,7 ABCDE	1973,3 ABCDEFGHI	2,0 ABCD	3,3 BCDE
34	55,0 EFGH	135,0 GHI	70,7 FGHIJKLMN	75,2 CDEFGHIJKL	14,7 EFGHIJKLMN	2033,3 DEFGHI	2,3 BCDE	3,0 ABCD
35	55,0 EFGH	134,0 FG	61,1 ABCDEFG	67,9 ABCDEFG	13,8 DEFGHIJKL	1983,3 BCDEFGHI	1,3 AB	3,0 ABCD
36	55,0 EFGH	127,3 E	77,3 KLMNO	80,8 GHIJKL	18,1 MNOPQ	2133,3 FGHI	2,7 CDE	3,0 ABCD
37	58,7 NO	149,0 O	77,3 KLMNO	86,6 JKLM	9,3 ABC	1511,7 A	3,0 DE	3,3 BCDE
38	58,0 LMNO	149,0 O	65,7 DEFGHIJK	74,9 BCDEFGHIJKL	11,5 ABCDEFGH	1865,0 ABCDEFGH	2,3 BCDE	3,3 BCDE
39	59,3 O	140,3 HIJKLM	62,5 BCDEFGH	70,9 ABCDEFGHI	15,5 GHIJKLMNOP	2012,5 DEFGHI	1,0 A	2,7 ABC
40	56,0 GHIJK	142,0 JKLMN	62,2 BCDEFGH	65,2 ABCDEF	13,5 DEFGHIJK	1541,7 ABC	1,0 A	2,0 A
41	56,7 HIJKLM	146,7 NO	70,1 FGHIJKLMN	80,9 GHIJKL	14,0 DEFGHIJKLM	2077,5 EFGHI	1,3 AB	2,3 AB
42	43,0 A	106,0 A	48,3 A	103,9 N	8,1 AB	2371,7 I	3,3 E	3,7 CDE
43	57,3 JKLMN	149,0 O	62,3 BCDEFGH	68,6 ABCDEFGH	15,1 FGHIJKLMNO	1592,5 ABCD	1,7 ABC	3,7 CDE
44	58,0 LMNO	146,7 NO	72,5 FGHIJKLMN	89,3 LMN	16,7 JKLMNOPQ	1971,7 ABCDEFGHI	3,3 E	4,3 E
45	45,0 B	112,0 B	66,0 DEFGHIJK	79,3 EFGHIJKL	11,1 ABCDEF	1523,3 AB	1,0 A	4,3 E
DMS ²	1,7	5,9	13,2	14,7	4,2	465,8	1,1	1,1

¹Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente entre si pelo teste LSD (p<0.05). ²DMS: Diferença mínima significativa. ⁺número de dias para a floração (NDF), número de dias para a maturação (NDM), altura de planta na floração (APF), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), acamamento (Ac) e valor agrônômico (VA).

4.2. Análise de componentes principais

Na análise de componentes principais das combinações “ambiente-genótipo”, seis autovalores foram gerados, os dois primeiros foram superiores a um, explicando 69% da variância contida nas seis variáveis analisadas. O primeiro componente principal (CP1) reteve 39% da variância original. As principais variáveis que explicaram essa retenção da variância foram NDF e NDM com valores de correlação com os componentes principais de 0,56 e 0,55, respectivamente (Tabela 13).

O segundo componente principal (CP2) reteve 30% da variância original. As principais variáveis que explicaram essa retenção de variância foram APM e PG com valores de correlações com os componentes principais de 0,65 e 0,59, respectivamente.

Tabela 9. Autovalores e autovetores gerados da análise das combinações “ambiente - genótipo”

Autovalores				Autovetores			
Lambda	Valor	Proporção	Proporção acumulada	Variáveis	1	2	3
1	2,36	0,39	0,39	NDF	0,56	-0,12	0,14
2	1,8	0,3	0,69	NDM	0,55	-0,17	-0,29
3	0,97	0,16	0,86	APF	0,39	0,44	-0,4
4	0,39	0,06	0,92	APM	0,22	0,65	0,06
5	0,25	0,04	0,96	AIV	0,34	-0,03	0,82
6	0,23	0,04	1	PG	-0,24	0,59	0,23

O 69% da variabilidade total no conjunto das combinações “ambiente-genótipo” foi explicado pelo primeiro plano fatorial (CP1 e CP2). No gráfico separou-se o ambiente com maior produtividade média de grãos ($4126,1 \text{ kg ha}^{-1}$), o ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal, dos ambientes de menor produtividade média de grãos, $2757,9 \text{ kg ha}^{-1}$ (ano agrícolas 2011/2012 em Jaboticabal) e $1876,4 \text{ kg ha}^{-1}$ (ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba) (Figura 1).

As variáveis com maior inércia à direita foram número de dias para a floração (NDF), número de dias para a maturação (NDM) e altura de inserção da primeira

vagem (AIV). Já que os ângulos entre as variáveis NDF, NDM e AIV foram agudos e fechados, inferiu-se que as variáveis estiveram positiva e altamente correlacionadas. Por outro lado, as variáveis, altura de planta na floração (APF) e altura de planta na maturidade (APM), estiveram correlacionadas positivamente. Muitas dos genótipos apresentaram habito de crescimento determinado o que fundamenta tal correlação entre essas variáveis. A produtividade de grãos (PG) esteve correlacionada positivamente com a altura de planta na maturidade (APM), porém, a PG não apresentou correlação com altura de planta na floração (APF). Também, a PG esteve correlacionada negativamente com as variáveis NDF, NDM e AIV (Figura 1). No geral, os ciclos de cultivos dos genótipos foram maiores nos ambientes E1 (ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal) e E3 (ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba) e menores no ambiente E2 (ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal) (Figura 1). Correlações negativas entre NDM e PG foram reportadas em outra publicação (DE GODOI; DA SILVEIRA NETO; PINHEIRO, 2006).

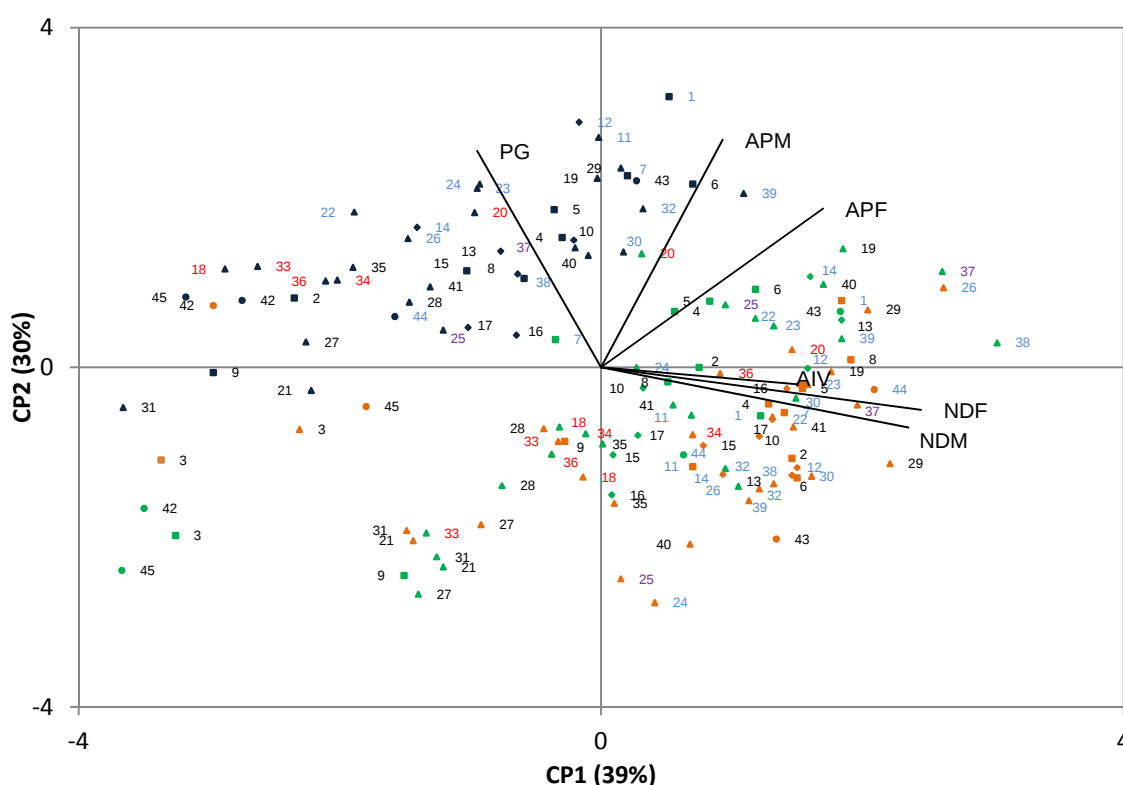


Figura 1. Gráfico de dispersão conformado pelas combinações “ambiente-genótipo” (ambiente: cores das marcas; genótipos: números). ●: testemunha; progênie derivada de ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento

quádruplo. Macas azuis: ambiente E2 (ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal); marcas verdes: ambiente E1 (ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal), marcas laranja: ambiente E3 (ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba)

4.3. Estabilidade de genótipos pelo método de ecovalência

Com base no estatístico de ecovalência (Tabela 13), no teste $LSD_{(p<0,05)}$ das médias de produtividade de grãos e na classificação de ciclo de cultivo (KASTER; FARIAS, 2011) nos três ambientes (Tabela 4). O grupo de 21 genótipos de alta produtividade de grãos foi subdividido da seguinte forma (Figura 2):

Genótipo de alta produtividade de grãos, ciclo curto (108 dias – 125 dias) e sensível aos ambientes: o genótipo 18 (3299 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=4,7$; NDM= 122 dias);

Genótipos de altas produtividades de grãos, ciclos curtos (108 dias – 125 dias) e estáveis aos ambientes: os genótipos 36 (3170 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=1,7$; NDM= 123 dias), 20 (3147 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=1,4$; NDM= 123 dias), 34 (3082 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=0,1$; NDM= 125 dias) e 33 (3030 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=2,6$; NDM= 118 dias);

Genótipos de altas produtividades de grãos, ciclos médios (126 dias – 135 dias) e sensíveis aos ambientes: os genótipos 11 (3534 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=6,1$; NDM= 128 dias), 24 (3374 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=4,3$; NDM= 132 dias), 44 (3404 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=3,8$; NDM= 133 dias), 22 (3447 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=3,5$; NDM= 131 dias) e 1 (3113 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=4,3$; NDM= 130 dias);

Genótipos de altas produtividades de grãos, ciclos médios (126 dias – 135 dias) e estáveis aos ambientes: os genótipos 14 (3324 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=1,85$; NDM= 131 dias), 12 (3094 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=0,3$; NDM= 134 dias), 7 (3034 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=2$; NDM= 131 dias), 38 (3051 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=0,2$; NDM= 135 dias), 32 (3122 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=0,4$; NDM= 132 dias), 30 (3082 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=0,9$; NDM= 133 dias), 26 (3030 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=0,9$; NDM= 129 dias), 39 (3093 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=1,4$; NDM= 132 dias) e 23 (3329 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=1,4$; NDM= 133 dias);

Genótipos de altas produtividades de grãos, ciclos longos (≥ 136 dias) e estáveis aos ambientes: os genótipos: 25 (3100 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=1,3$; NDM= 138 dias) e 37 (3029 kg ha^{-1} ; $W_i (\%)=2,8$; NDM= 138 dias).

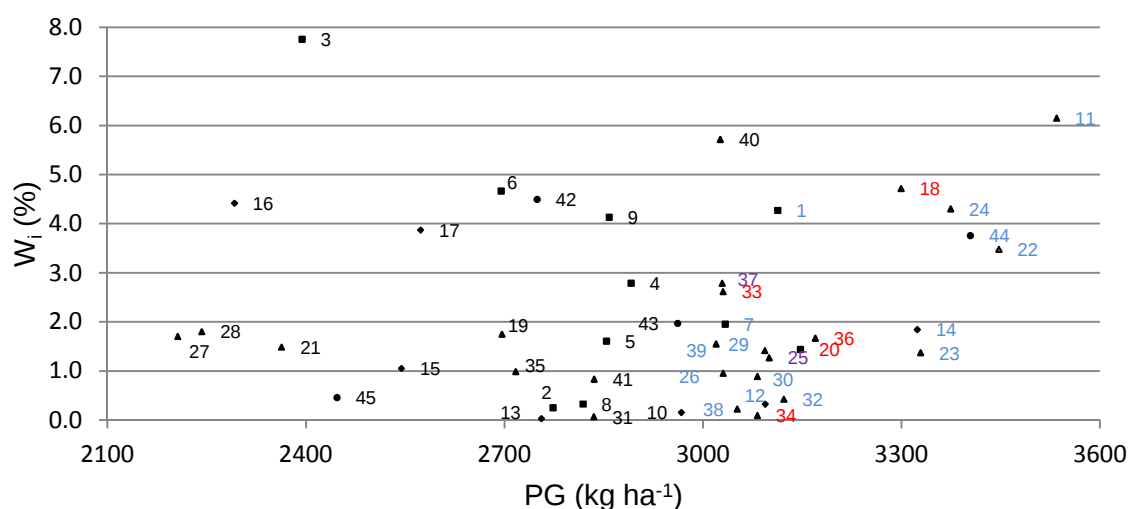


Figura 2. Gráfico de produtividade média de grãos (PG, kg ha⁻¹) vs. estabilidade [ecovalência, Wi(%)] de 45 genótipos de soja em três ambientes. Com base no teste LSD_(p<0,05), genótipos de altas produtividades de grãos de ciclo precoce (números vermelhos), ciclos médios (números azuis) e ciclos longos (números roxos); ●: testemunha; progênie derivada de ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento quádruplo

4.4. Estabilidade e Adaptabilidade de genótipos pelo método AMMI

A análise da interação G×E, por o método AMMI, mostrou os dois primeiros eixos (IPCA1: 64,87% e IPCA2: 35,13%) significativos ($p<0,05$), os quais explicaram 100 da porção da $SQ_{G \times E}$ (Tabela 10). Essa proporção encontrou-se dentro da variação comumente observada, de 26% a 71%, em pesquisas de mesma natureza com soja (DE MOURA ROCHA et al., 2004; DE OLIVEIRA et al., 2006; DE OLIVEIRA et al., 2003; MAIA et al., 2006; YOKOMIZO et al., 2013). No gráfico de adaptabilidade e estabilidade, considerando o modelo AMMI-1 (IPCA1= 64,87%), os ambientes de maior e menor estabilidade foram E3 (ano agrícola 2012/2013, Piracicaba) e E2 (ano agrícola 2012/2013, Jaboticabal), respectivamente. As condições climáticas no ambiente E2 foram mais favoráveis que aquelas observadas nos ambientes E3 e E1 (ano agrícola 2011/2012, Jaboticabal). Os ambientes E3 e

E1 estiveram baixa discriminação de genótipos enquanto que o ambiente E2 apresentou a maior discriminação dos mesmos (Figura 3).

Tabela 10. Análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha^{-1}) em 45 genótipos de soja avaliados em três ambientes, com desdobramento da interação original GxE pelo modelo AMMI

Fonte de Variação	Grau de liberdade	SQ _{explicada} (%) [†]	SQ _{acumulada} (%) [‡]	Quadrados Médios
Repetição	2	-	-	1015016,6*
Genótipos	44	-	-	959015,0**
Genótipos x Ambientes	88	-	-	569542,6**
Ambientes	2	-	-	173481538,1**
IPCA1	45	64,87	64,87	65983,40**
IPCA2	43	35,13	100	39556,84**
IPCA3	41	0	100	-
Resíduo	268			307957,3

** : significativo ao 1% de probabilidade; * : significativo ao 5% de probabilidade; ns: não significativo;

[†] proporção da soma de quadrados GxE explicada [SQ_{explicada} (%)]; [‡] proporção da soma de quadrados GxE acumulada [SQ_{acumulada} (%)] pelos respectivos componentes principais (IPCA)

Com base no estatístico de IPCA1 do método AMMI-1 (Tabela 13), no teste $\text{LSD}_{(p<0,05)}$ das médias de produtividade de grãos e na classificação de ciclo de cultivo (KASTER; FARIAS, 2011) nos três ambientes (Tabela 4). O grupo de 21 genótipos de alta produtividade de grãos foi subdividido da seguinte forma (Figura 3):

Genótipos de altas produtividades de grãos, ciclos curtos (≤ 125 dias), altas contribuições para a interação GxE e adaptados ao ambiente E2: os genótipos 18 (3299 kg ha^{-1} ; IPCP1=15; NDM= 122 dias) e 33 (3030 kg ha^{-1} ; IPCP1=10,3; NDM= 118 dias);

Genótipos de altas produtividades de grãos, ciclos curtos (≤ 125 dias), baixas contribuições para a interação GxE e adaptados ao ambiente E2: os genótipos 36

(3170 kg ha⁻¹; IPCP1=8,1; NDM= 123 dias) e 34 (3082 kg ha⁻¹; IPCP1=2,0; NDM= 125 dias);

Genótipo de alta produtividade de grãos, ciclo curto (≤ 125 dias), baixa contribuição para a interação GxE e adaptado aos ambientes E1 e E3: o genótipo 20 (3147 kg ha⁻¹; IPCP1=-8,2; NDM= 123 dias);

Genótipos de altas produtividades de grãos, ciclos médios (126 dias – 135 dias), altas contribuições para a interação GxE e adaptados ao ambiente E2: os genótipos 11 (3534 kg ha⁻¹; IPCP1=17,4; NDM= 128 dias), 24 (3374 kg ha⁻¹; IPCP1=10,2; NDM= 132 dias), 44 (3404 kg ha⁻¹; IPCP1=13,6; NDM= 133 dias), 22 (3447 kg ha⁻¹; IPCP1=13; NDM= 131 dias) e 1 (3113 kg ha⁻¹; IPCP1=14,5; NDM= 130 dias);

Genótipos de altas produtividades de grãos, ciclos médios (126 dias – 135 dias), baixas contribuições para a interação GxE e adaptados ao ambiente E2: os genótipos 14 (3324 kg ha⁻¹; IPCP1= 7,3; NDM= 131 dias), 23 (3329 kg ha⁻¹; IPCP1=6,7; NDM= 133), 12 (3094 kg ha⁻¹; IPCP1=3,5; NDM= 134 dias), 38 (3051 kg ha⁻¹; IPCP1=2,8; NDM= 135 dias), 32 (3122 kg ha⁻¹; IPCP1=3,7; NDM= 132 dias) e 26 (3030 kg ha⁻¹; IPCP1=2,2; NDM= 129 dias);

Genótipos de altas produtividades de grãos, ciclos médios (126 dias – 135 dias), baixas contribuições para a interação GxE e adaptados aos ambientes E1 e E3: 30 (3082 kg ha⁻¹; IPCP1=-3,1; NDM= 133 dias), 7 (3034 kg ha⁻¹; IPCP1=-5,2; NDM= 131 dias) e 39 (3093 kg ha⁻¹; IPCP1=-7,1; NDM= 132 dias);

Genótipos de altas produtividades de grãos, ciclos longos (≥ 136 dias), baixa contribuição para a interação GxE e adaptados aos ambientes E1 e E3: os genótipos 37 (3029 kg ha⁻¹; IPCP1=-0,9; NDM= 138 dias) e 25 (3100 kg ha⁻¹; IPCP1=-6,2; NDM= 138 dias).

Vários autores utilizaram o mesmo tipo de representação AMMI-1 apesar de terem verificado uma menor proporção da $SQ_{G \times E}$ explicada, a saber: 60% (EYHERABIDE et al., 1997); 57,6% (FLORES, F et al., 1996); 54,6% (CROSSA, JOSE, 1990); 44,6% (DA SILVA PEREIRA; DA COSTA, 1998); 28,6% (ARIAS, 1996); 27,1% (CROSSA, J et al., 1991).

Em outro estudo da interação GxE em soja, a análise AMMI apresentou melhor qualidade preditiva em relação aos métodos tradicionais, principalmente

quando a interação GxE foi explicada apenas pelo primeiro termo multiplicativo da análise (DE OLIVEIRA et al., 2003).

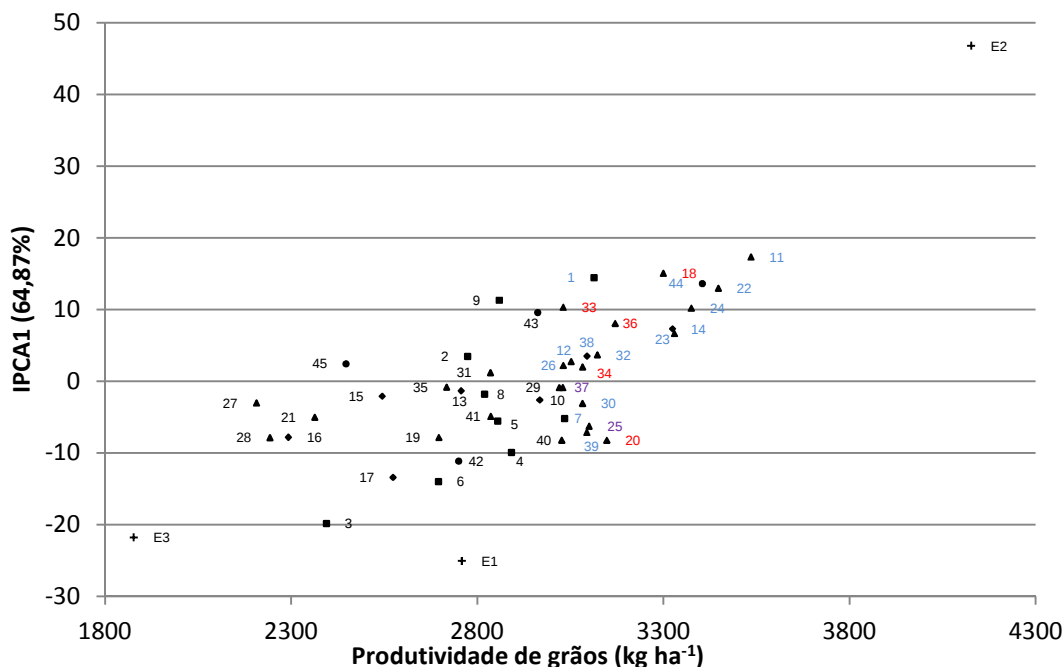


Figura 3. Gráfico AMMI-1 mostra a produtividade de grãos de 45 genótipos de soja vs. a interação GxE captada pelo primeiro eixo (IPCA1) em tres ambientes (E1: ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, E2: ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal e E3: ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba). Com base no teste $LSD_{(p<0,05)}$, genótipos de altas produtividades de grãos de ciclo precoce (números vermelhos), ciclos médios (números azuis) e ciclos longos (números roxos); ●: testemunha; progênie derivada de ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento quádruplo

4.5. GGE-Biplot

Na análise GGE-biplot, os extremos que definiram o polígono envolvente esteve representado pelos genótipos 3, 16, 27, 9, 18, 11, 24 e 40. Esses genótipos foram de performances extremas, os de maior ou pior rendimento em alguns ambientes. Assim, no setor que teve o ambiente E2 (ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal), os genótipos posicionados nos vértices formaram aqueles com maiores

produtividades de grãos, 11 (3534,5 kg ha⁻¹), 24 (3374,3 kg ha⁻¹) e 18 (3299,2 kg ha⁻¹) nesse ambiente. No setor que conteve ao ambiente E1 (ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal), o genótipo 40 (3026,2 kg ha⁻¹) apresentou maior produtividade de grãos. Finalmente, no setor que conteve ao ambiente E3 (ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba), o genótipo 26 (3030,33 kg ha⁻¹) apresentou alta produtividade de grãos. Aqui, o componente da interação GE foi maior que a componente G, ficando todos os ambientes em setores diferentes (Figura 4).

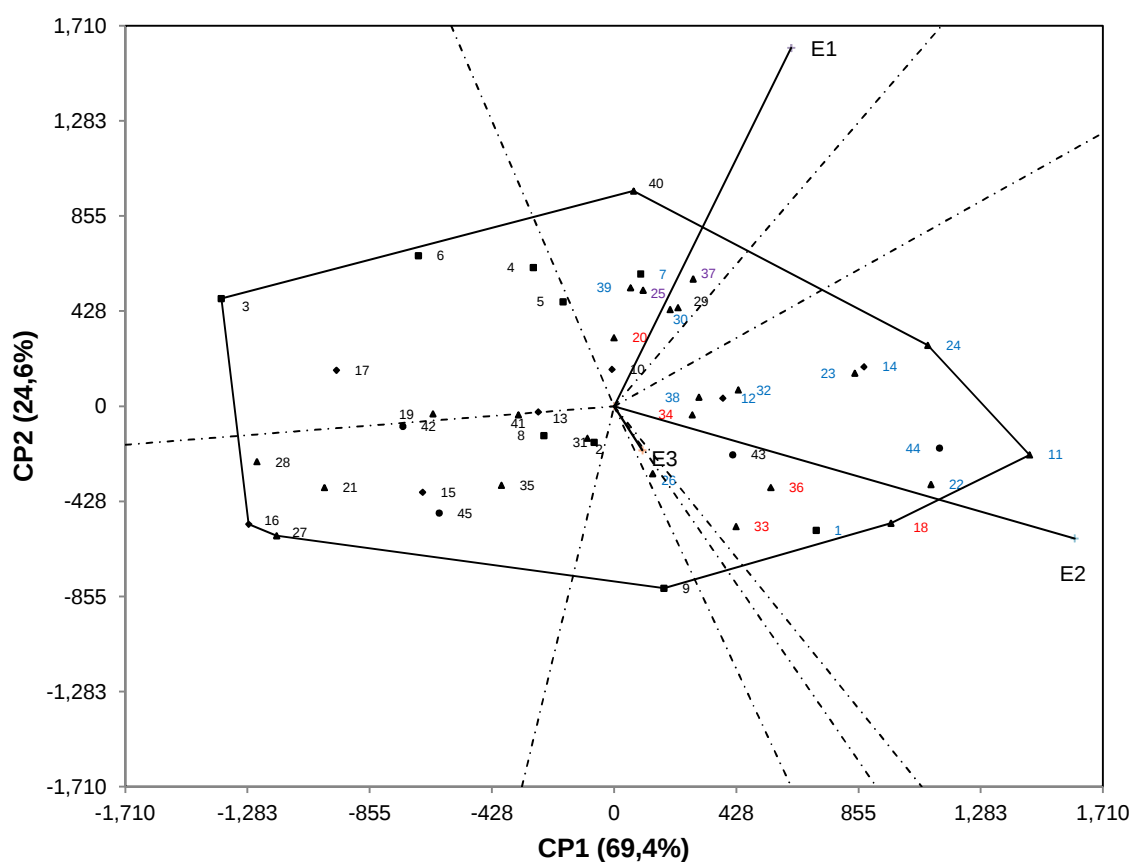


Figura 4. GGE-Biplot para dados de produtividade de grãos de 45 genótipos de soja em três ambientes (E1: ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, E2: ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal e E3: ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba). Com base no teste $LSD_{(p<0,05)}$, genótipos de altas produtividades de grãos de ciclo curto (números vermelhos), ciclos médios (números azuis) e ciclos longos (números roxos); ●: testemunha; ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento quádruplo

4.6. Correlações genéticas e ambientais pela análise de componentes principais

Na análise de correlações genotípicas, os dois primeiros CP explicaram 79% da variabilidade total entre genótipos. Ao considerar o grupo de 21 genótipos com altas produtividades de grãos, o CP1 (65,1%) separou quatro genótipos precoces (18, 34, 33 e 36) de 16 genótipos com ciclos médios (11, 22, 44, 24, 32, 1, 39, 30, 38, 12, 26, 23, 14 e 7) e ciclos tardios (25 e 37). O genótipo 20, precoce, ficou no lado direito do gráfico possivelmente devido a sua maior altura de planta na maturidade. O CP2 (13,0%) separou as variáveis AIV, NDF e PG de NDM, APF e APM. O caráter PG mostrou correlação geneticamente determinada com NDF e AIV. Enquanto que o caráter NDM mostrou correlação geneticamente determinada com APF e APM (Figura 5). Resultados similares foram reportados por outros autores (ALLIPRANDINI, LUÍS FERNANDO; VELLO, 2004; JOHNSON, H. W.; ROBINSON; COMSTOCK, 1955; WEBER; MOORTHY, 1952). Nessas publicações o NDF esteve correlacionado positivamente com APF, NDM e APM indicando que a floração tardia mostrou maior altura de planta na floração e na maturação e também ciclos de cultivos mais longos nos ambientes.

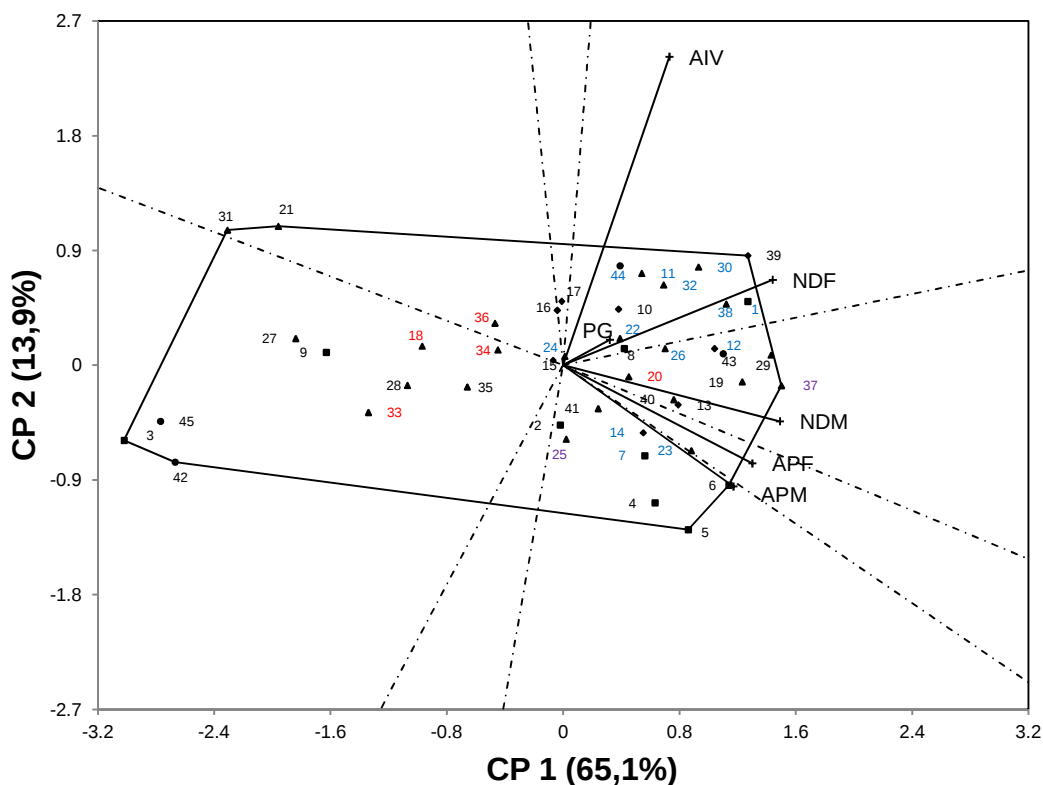


Figura 5. Correlações genóticas entre variáveis em 45 genótipos de soja em três ambientes. Com base no teste $LSD_{(p<0,05)}$, genótipos de altas produtividades de grãos de ciclo curto (números vermelhos), ciclos médios (números azuis) e ciclos longos (números roxos); ●: testemunha; progênie derivada de ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento quádruplo

Ao analisar as correlações ambientais, os dois primeiros CP explicaram 100% da variabilidade total entre ambientes. O CP1 (78,9%) separou o ambiente com boa disponibilidade hídrica (E2) dos ambientes com deficiência hídrica (E1 e E3). Também, o CP1 separou as variáveis PG, APM e APF de NDF, NDM e AIV. O CP2 (21,1%) separou as variáveis NDF, AIV, APM e PG de NDM e APF. O ambiente E2 correlacionou-se com os caracteres PG e APM, enquanto que o ambiente E3 esteve correlacionado com os caracteres NDM e APF e por ultimo, o ambiente E1 esteve correlacionado com os caracteres NDF e AIV (Figura 6).

A correlação entre o ambiente E3 e os caracteres NDM e APF deve-se à resposta fotoperiódica da soja, onde mudanças em latitudes modificam o

comprimento do ciclo de cultivo para cada genótipo. Assim, os genótipos incrementam seus ciclos na medida em que são cultivados em latitudes mais altas (BAIGORRI, 2004).

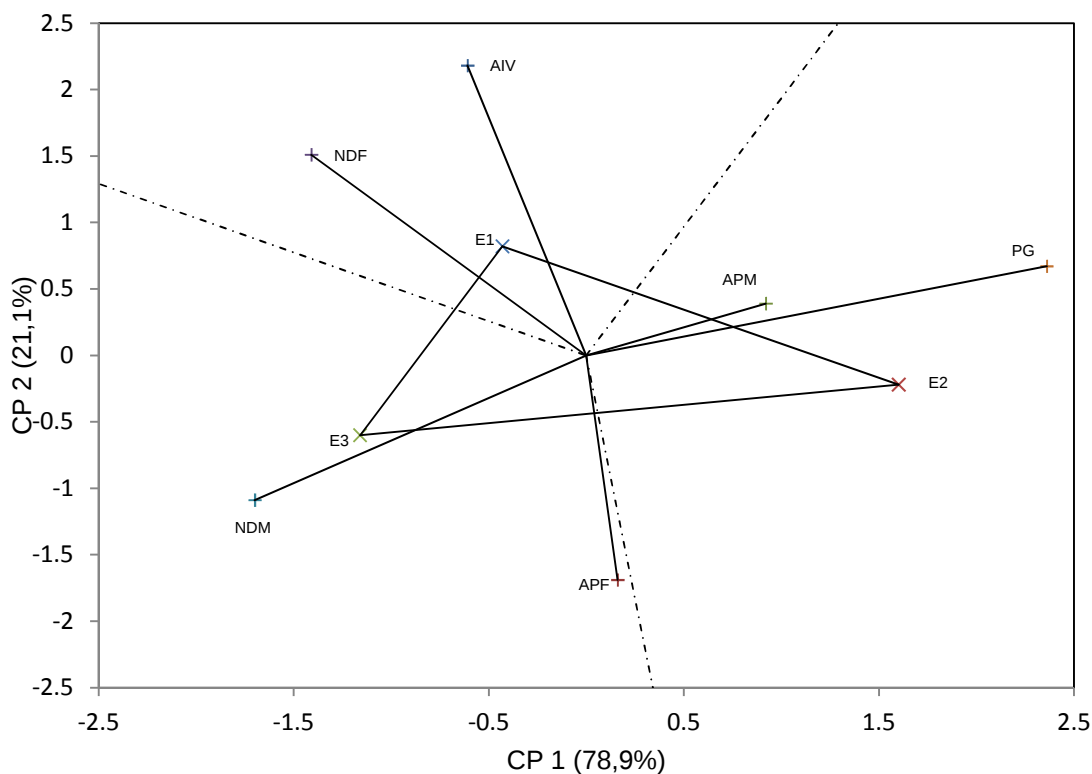


Figura 6. Correlações ambientais entre variáveis analisadas nos 45 genótipos de soja em três ambientes (E1: ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, E2: ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal e E3: ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba)

Os estudos de correlações genotípicas, ambientais e fenotípicas incluíram caracteres medidos durante a floração e a maturação, enfatizando na produtividade de grãos como também no conteúdo de proteína e óleo (AKHTER; SNELLER, 1996; ALT; FEHR; WELKE, 2002; CECON; DE MORAIS; SEDIYAMA, 1993; SHARMA, 1979; TAWARE et al., 1997).

4.7. Estabilidade e adaptabilidade de genótipos pelo método MHPRVG

As estimativas dos efeitos das contribuições dos componentes de variâncias confirmaram que 68,9% foi atribuída ao ambiente, 21,1% à interação GxE e 10,0% aos genótipos avaliados (Tabela 11). Por outro lado, em outra publicação foi reportada variações não significativas em genótipos de arroz (NETO et al., 2013).

Tabela 11. Componentes de variâncias e coeficiente de determinação referente à análise conjunta envolvendo 45 genótipos de soja

REML/BLUP	
Componentes de variâncias ⁽¹⁾	Coeficientes de determinação
$V_g = 43299,5$	$h^2_g = 0,10 \pm 0,04$
$V_{int} = 90845,5$	$h^2_{mg} = 0,41$
$V_e = 296908,8$	$Ac_{gen} = 0,64$
$V_f = 431053,9$	$c^2_{int} = 0,21$
	$rg_{amb} = 0,32$
	$CV_g\% = 7,13$
	$CV_e\% = 18,66$

⁽¹⁾ V_g = variância genotípica; V_e = variância ambiental; V_{int} = variância da interação genótipo x ambiente; V_f = variância fenotípica; h^2_g = herdabilidade de parcelas individuais no sentindo amplo; h^2_{mp} = herdabilidade da média de genótipos; Ac_{gen} = acurácia da seleção de genótipos; rg_{amb} = correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes; CV_g = coeficiente de variação genético; CV_e = coeficiente de variação residual

Nos três ambientes, os genótipos apresentaram o seguinte valor genotípico médio, $\mu = 2920,1$, nos três ambientes. Entanto que o valor genotípico médio para os ambientes E1, E2 e E3 foram $\mu_1 = 2758$, $\mu_2 = 4126$ e $\mu_3 = 1876$, respectivamente.

Na análise conjunta dos valores genotípicos, os genótipos de altas produtividades de grãos apresentaram o seguinte ordenamento, indicado entre parênteses de maior a menor valor genotípico, genótipos 11 (1), 22 (2), 44 (3), 24 (4), 23 (5), 14 (6), 18 (7), 36 (8), 20 (9), 32 (10), 1 (11), 25 (12), 12 (13), 39 (14), 34 (15), 30 (16), 38 (17), 7 (18), 26 (19), 33 (20) e 37 (21) (Tabela 12).

Tabela 12. Valores genotípicos e ganhos genéticos preditos em porcentagens para o caráter produtividade de grãos (kg ha⁻¹) em 45 genótipos de soja avaliados em três ambientes

Genótipo	Jaboticabala			Piracicaba			Análise conjunta	
	Ano agrícola 2011/2012			Ano agrícola 2012/2013			Ano agrícola 2012/2013	
	Valor genético [†]	Ganho o (%) ¹	Ordem	Valor genético [†]	Ganho o (%) ¹	Ordem	Valor genético [†]	Ganho o (%) ¹
11	3037,1	11,8	(9)	4942,1	19,8	(1)	2053,7	12,1
22	2912,9	10,0	(16)	4778,6	17,8	(2)	2160,5	15,3
44	2970,4	10,8	(13)	4767,7	17,0	(3)	2024,5	10,9
24	3151,5	15,4	(2)	4678,3	15,8	(5)	1871,5	5,2
23	3055,0	12,5	(6)	4562,8	13,9	(8)	1989,5	10,3
14	3068,5	14,0	(3)	4574,8	14,4	(7)	1953,3	8,4
18	2772,3	8,0	(23)	4722,4	16,4	(4)	2051,0	11,3
36	2749,6	7,6	(24)	4475,6	13,3	(9)	2052,3	11,7
20	2967,9	10,6	(14)	4096,7	6,7	(24)	2166,3	15,5
32	2906,7	9,7	(17)	4351,2	11,6	(12)	1920,9	7,7
1	2665,1	6,2	(28)	4580,8	15,0	(6)	1914,2	7,1
25	3052,9	12,2	(7)	4115,0	7,8	(21)	1964,9	9,1

Continua ...

Continuação tabela 12

Genótipo	Jaboticabal			Piracicaba			Análise conjunta	
	Ano agrícola 2011/2012			Ano agrícola 2012/2013			Ano agrícola 2012/2013	
	Valor genético ⁺	Ganho (%) ¹	Ordem	Valor genético ⁺	Ganho (%) ¹	Ordem	Valor genético ⁺	Ganho (%) ¹
12	2875,0	9,2	(19)	4327,2	10,6	(14)	1918,6	7,4 (17)
39	3050,7	12,0	(8)	4090,5	5,9	(27)	1978,3	9,5 (11)
34	2827,8	8,3	(22)	4282,3	10,2	(15)	1985,8	9,9 (10)
30	3019,9	11,6	(10)	4174,6	8,2	(20)	1901,3	6,3 (21)
38	2853,2	8,9	(20)	4280,7	9,8	(16)	1898,8	6,1 (22)
7	3059,7	12,8	(5)	4095,8	6,4	(25)	1839,9	4,8 (28)
26	2682,6	6,9	(26)	4245,8	9,3	(17)	2060,2	12,8 (4)
33	2613,1	4,3	(34)	4429,3	12,7	(10)	1946,1	8,1 (15)
37	3068,3	13,3	(4)	4192,5	8,9	(18)	1724,9	1,8 (39)
40	3212,4	16,5	(1)	4029,0	5,6	(28)	1738,7	2,1 (38)
29	3004,7	11,4	(11)	4183,4	8,5	(19)	1778,8	4,0 (31)
10	2843,6	8,6	(21)	4101,5	7,0	(23)	1912,8	6,8 (19)
43	2724,6	7,3	(25)	4372,5	12,1	(11)	1749,3	2,9 (35)
4	2981,7	11,1	(12)	3890,2	3,9	(34)	1829,0	4,3 (30)
Continua ...								

Continuação tabela 12

Genótipo	Jaboticabal			Piracicaba			Análise conjunta	
	Ano agrícola 2011/2012		Ano agrícola 2012/2013	Ano agrícola 2012/2013		Ordem		
	Valor genético [†]	Ganh o (%) ¹	Valor genético [†]	Ganh o (%) ¹				
9	2408,2	2,7 (39)	4328,6	11,0 (13)	1895,3	5,7 (24)	2895,0	3,0 (27)
5	2914,4	10,3 (15)	3962,7	4,7 (31)	1746,9	2,6 (36)	2893,4	2,8 (28)
41	2675,7	6,5 (27)	3954,5	4,2 (33)	1954,7	8,7 (13)	2885,7	2,7 (29)
31	2657,0	5,5 (30)	4093,2	6,1 (26)	1833,7	4,5 (29)	2885,5	2,6 (30)
8	2639,6	5,2 (31)	4012,6	5,3 (29)	1898,1	5,9 (23)	2878,9	2,4 (31)
2	2630,2	4,6 (33)	4103,7	7,4 (22)	1722,6	1,6 (40)	2860,5	2,3 (32)
13	2660,5	5,8 (29)	3983,1	5,0 (30)	1776,3	3,2 (34)	2853,3	2,2 (33)
42	2579,7	3,5 (37)	3749,6	2,6 (38)	2077,2	13,8 (3)	2850,7	2,0 (34)
35	2493,5	3,1 (38)	3961,7	4,4 (32)	1884,6	5,5 (25)	2837,6	1,9 (35)
19	2596,5	3,8 (36)	3791,8	3,0 (37)	1908,0	6,6 (20)	2829,1	1,7 (36)
6	2892,1	9,4 (18)	3663,3	2,3 (39)	1738,7	2,3 (37)	2828,7	1,6 (37)
17	2600,2	4,0 (35)	3582,7	1,6 (41)	1858,9	5,0 (27)	2779,1	1,4 (38)
15	2390,1	2,3 (40)	3813,8	3,3 (36)	1777,7	3,7 (32)	2767,4	1,3 (39)
Continua ...								

Continuação tabela 12

Genótipo	Jaboticabal						Piracicaba						Análise conjunta		
	Ano agrícola 2011/2012			Ano agrícola 2012/2013			Ano agrícola 2012/2013			Ano agrícola 2012/2013			Análise conjunta		
	Valor genético [‡]	Ganho (%) ¹	Ordem	Valor genético [‡]	Ganho (%) ¹	Ordem	Valor genético [‡]	Ganho (%) ¹	Ordem	Valor genético [‡]	Ganho (%) ¹	Ordem	Valor genético [‡]	Ganho (%) ¹	Ordem
45	2322,6	1,9	(41)	3850,2	3,6	(35)	1607,1	0,7	(43)	2727,8	1,1	(40)			
3	2630,6	4,9	(32)	3318,4	0,0	(45)	1722,0	1,3	(41)	2706,5	0,9	(41)			
21	2298,3	1,5	(42)	3623,0	1,9	(40)	1685,1	1,1	(42)	2693,8	0,7	(42)			
16	2175,1	0,5	(44)	3506,1	0,8	(43)	1777,7	3,4	(33)	2664,8	0,5	(43)			
28	2280,0	1,0	(43)	3477,5	0,4	(44)	1598,9	0,3	(44)	2644,7	0,2	(44)			
27	2133,7	0,0	(45)	3557,9	1,2	(42)	1589,6	0,0	(45)	2630,0	0,0	(45)			

¹O ganho genético em porcentagem (Ganho %) foi estimado dos desvios da produtividade média para os três ambientes e na análise conjunta. [‡] Valores genotípicos= ($\mu + g + gl$): média geral + o efeito do genótipo + interação média em kg ha⁻¹

Na análise de estabilidade pelo método MHVG (média harmônica dos valores genotípicos através dos ambientes), os genótipos com maior produtividade de grãos apresentaram o seguinte ordenamento, indicado entre parênteses de maior a menor estabilidade, genótipos 22 (1), 11 (2), 44 (3), 20 (4), 23 (5), 14 (6), 18 (7), 24 (8), 36 (9), 39 (10), 25 (11), 34 (12), 26 (13), 32 (14), 30 (15), 12 (16), 38 (17), 7 (18), 1 (19), 33 (21) e 37 (27). No geral, o ordenamento de estabilidade coincidiu com o ordenamento por produtividades médias de grãos, a exceção dos genótipos 33 (21) e 37 (27) que apresentaram estabilidades menores (Tabela 13).

Por outro lado, na análise de adaptabilidade pelo método PRVG (Performances Relativas dos Valores Genotípicos em relação à média de cada ambiente), os genótipos com maiores produtividades de grãos apresentaram o seguinte ordenamento, indicado entre parênteses de maior a menor adaptabilidade, 11 (1), 22 (2), 44 (3), 24 (4), 23 (5), 14 (6), 18 (7), 36 (9), 20 (8), 32 (12), 1 (17), 25 (11), 12 (15), 39 (10), 34 (13), 30 (14), 38 (18), 7 (19), 26 (16), 33 (21) e 37 (23) (Tabela 13).

Finalmente, quando se avaliou simultaneamente a estabilidade, a adaptabilidade e o valor genotípico pelo método MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa do Valor Genotípico), os genótipos com maior produtividade apresentaram o seguinte ordenamento, indicado entre parênteses de maior a menor estabilidade, adaptabilidade e valor genotípico, 11 (1), 22 (2), 44 (3), 24 (5), 23 (4), 14 (6), 18 (7), 36 (9), 20 (8), 32 (12), 1 (17), 25 (10), 12 (15), 39 (11), 34 (13), 30 (14), 38 (18), 7 (19), 26 (16), 33 (20) e 37 (24) (Tabela 13).

Tabela 13. Estimativa dos parâmetros de estabilidades obtidas pelos métodos de Wricke, AMMI e MHPRVG para o caráter produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 45 genótipos de soja em três ambientes

Genótipo	PG	Wricke		AMMI		MHPRVG							
		W _i (%) [†]		IPCA1	IPCA2	MHVG [†]	Ordem	PRVG	PRVG*MG	Ordem	MHPRVG	MHPRVG*MG	Ordem
11	3534,5	6,2	17,4	-3,9		2945,5	(2)	1,1	3303,2	(1)	1,1	3297,6	(1)
22	3447,2	3,5	13,0	3,3		2954,4	(1)	1,1	3276,2	(2)	1,1	3270,4	(2)
44	3404,0	3,8	13,6	-2,6		2883,6	(3)	1,1	3223,3	(3)	1,1	3219,9	(3)
23	3328,9	1,4	6,7	-5,8		2859,5	(5)	1,1	3186,6	(5)	1,1	3185,3	(4)
24	3374,3	4,3	10,2	-12,5		2815,8	(8)	1,1	3186,7	(4)	1,1	3174,4	(5)
14	3323,9	1,8	7,3	-7,4		2839,7	(6)	1,1	3175,5	(6)	1,1	3172,5	(6)
18	3299,3	4,7	15,1	4,1		2830,1	(7)	1,1	3156,5	(7)	1,1	3147,4	(7)
20	3147,3	1,4	-8,2	2,8		2877,3	(4)	1,1	3137,7	(8)	1,1	3125,8	(8)
36	3169,8	1,7	8,1	5,2		2792,3	(9)	1,1	3090,9	(9)	1,1	3085,5	(9)
25	3099,9	1,3	-6,2	-5,9		2779,0	(11)	1,1	3067,5	(11)	1,0	3062,0	(10)
39	3093,5	1,4	-7,1	-5,4		2783,6	(10)	1,1	3067,9	(10)	1,0	3061,8	(11)
32	3122,1	0,4	3,7	-3,3		2741,1	(14)	1,0	3048,8	(12)	1,0	3048,3	(12)
34	3082,1	0,1	2,0	1,1		2750,5	(12)	1,0	3038,4	(13)	1,0	3037,9	(13)
30	3082,0	0,9	-3,1	-7,0		2735,6	(15)	1,0	3036,9	(14)	1,0	3032,8	(14)
12	3094,1	0,3	3,5	-2,4		2726,9	(16)	1,0	3030,8	(15)	1,0	3030,4	(15)
26	3030,3	1,0	2,2	7,7		2743,0	(13)	1,0	3017,2	(16)	1,0	3009,8	(16)

Continua ...

Continuação tabela 13

Genótipo	PG	Wricke	AMMI		MHPRVG							
		W _i (%) [†]	IPCA1	IPCA2	MHVG [†]	Ordem	PRVG	PRVG*MG	Ordem	MHPRVG	MHPRVG*MG	Ordem
1	3113,1	4,3	14,5	3,2	2688,3	(19)	1,0	3014,3	(17)	1,0	3004,5	(17)
38	3051,6	0,2	2,8	-2,3	2700,9	(17)	1,0	3001,8	(18)	1,0	3001,5	(18)
7	3033,6	2,0	-5,2	-9,9	2691,8	(18)	1,0	3000,6	(19)	1,0	2991,3	(19)
33	3030,3	2,6	10,3	6,0	2673,1	(21)	1,0	2976,7	(21)	1,0	2968,5	(20)
10	2967,2	0,2	-2,6	-1,4	2682,7	(20)	1,0	2963,5	(24)	1,0	2962,8	(21)
29	3019,8	1,6	-0,9	-10,3	2645,4	(22)	1,0	2970,1	(22)	1,0	2960,6	(22)
40	3026,2	5,7	-8,2	-17,4	2644,0	(23)	1,0	2986,2	(20)	1,0	2957,8	(23)
37	3028,9	2,8	-0,9	-13,8	2622,0	(27)	1,0	2966,8	(23)	1,0	2948,8	(24)
4	2891,4	2,8	-9,9	-7,7	2633,4	(26)	1,0	2918,9	(25)	1,0	2909,0	(25)
43	2961,6	2,0	9,6	-3,3	2569,8	(30)	1,0	2900,6	(26)	1,0	2892,6	(26)
41	2835,4	0,8	-4,9	5,0	2635,8	(25)	1,0	2891,3	(27)	1,0	2887,4	(27)
5	2854,3	1,6	-5,6	-8,3	2568,7	(31)	1,0	2869,6	(29)	1,0	2861,3	(28)
8	2818,7	0,3	-1,8	4,3	2597,6	(28)	1,0	2862,8	(30)	1,0	2861,3	(29)
31	2834,9	0,1	1,2	1,7	2572,9	(29)	1,0	2854,6	(31)	1,0	2854,2	(30)
42	2749,3	4,5	-11,1	11,9	2641,4	(24)	1,0	2872,6	(28)	1,0	2850,9	(31)
9	2858,2	4,1	11,3	10,5	2555,6	(33)	1,0	2854,3	(32)	1,0	2836,5	(32)
13	2755,8	0,0	-1,3	0,0	2521,2	(35)	1,0	2800,1	(34)	1,0	2799,9	(33)

Continua ...

Continuação tabela 13

Genótipo	PG	Wricke		AMMI		MHPRVG						
		W _i (%) [†]	IPCA1	IPCA2	MHVG [†] Ordem	PRVG	PRVG*MG	Ordem	MHPRVG	MHPRVG*MG	Ordem	
19	2696,1	1,8	-7,8	6,2	2557,6	(32)	1,0	2800,7	(33)	1,0	2795,5	(34)
35	2717,1	1,0	-0,8	8,2	2533,6	(34)	1,0	2792,3	(35)	1,0	2787,1	(35)
2	2773,4	0,3	3,5	-0,9	2490,9	(38)	1,0	2790,0	(36)	1,0	2787,0	(36)
6	2695,0	4,7	-14,0	-7,5	2512,8	(36)	1,0	2786,9	(37)	0,9	2773,0	(37)
17	2573,1	3,9	-13,4	4,8	2496,5	(37)	0,9	2727,2	(38)	0,9	2719,1	(38)
15	2544,1	1,1	-2,1	8,2	2413,3	(39)	0,9	2665,4	(39)	0,9	2661,7	(39)
3	2394,2	7,8	-19,8	0,1	2376,8	(40)	0,9	2604,6	(40)	0,9	2590,7	(40)
45	2446,8	0,5	2,4	4,9	2285,7	(43)	0,9	2561,7	(41)	0,9	2556,6	(41)
21	2363,0	1,5	-5,0	8,3	2299,6	(41)	0,9	2540,0	(42)	0,9	2537,5	(42)
16	2291,8	4,4	-7,8	14,9	2294,5	(42)	0,9	2517,0	(43)	0,9	2502,7	(43)
28	2242,3	1,8	-7,8	6,4	2219,6	(44)	0,8	2454,5	(44)	0,8	2454,1	(44)
27	2206,1	1,7	-3,0	10,3	2175,8	(45)	0,8	2417,1	(45)	0,8	2411,6	(45)
Ambiente	PG		IPCA1		IPCA2							
E1	2757,9		-25,0		-34,0							
E2	4126,1		46,8		-1,6							
E3	1876,4		-21,8		35,6							

[†]MHVG: estabilidades dos valores genotípicos; PRVG: adaptabilidades dos valores genotípicos; MHPRVG: estabilidades e adaptabilidades dos valores genotípicos; W_i(%): estatístico de ecovalência;

O método MHPRVG outorga maior peso ao valor genotípico e pouco peso aos estatísticos de estabilidade e adaptabilidade. Com o qual, os ordenamentos pelo valor genótipo e pelo método MHPRVG apresentaram diferenças mínimas na classificação dos genótipos. Por outro lado, os estatísticos de estabilidade e adaptabilidade apresentaram correlações positivas entre eles e com o valor genotípico. Em outras palavras, a maior valor genotípico, maior valor de estabilidade e maior valor de adaptabilidade (Figura 7).

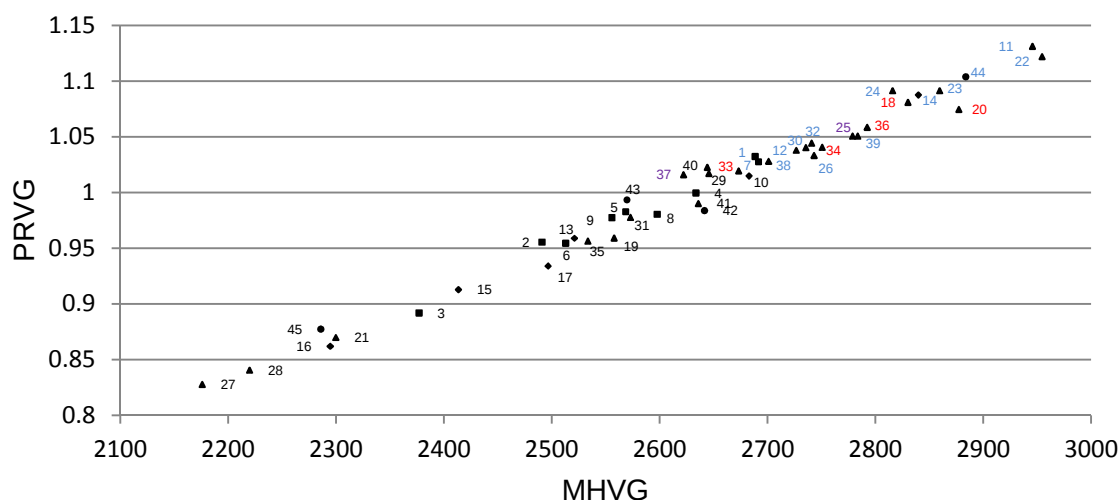


Figura 7. Gráfico de estabilidade e adaptabilidade em 45 genótipos de soja em três ambientes. ●: testemunha, progênie derivada de ▲: cruzamento simples, ■: cruzamento duplo, ◆: cruzamento quádruplo

4.8. Diversidade genética com base em caracteres fenotípicos

A distância de Mahalanobis é eficiente na identificação e seleção de pré-cultivares de soja (SANTOS, 2005). Na análise da dissimilaridade genética (distância generalizada de Mahalanobis) entre os genótipos com base nos caracteres quantitativos (NDF, NDM, APF, APM, AIV e PG), o dendrograma ficou conformado por doces grupos de genótipos (Figura 9).

Com base na análise de variáveis canônicas, baseado na distância generalizada de Mahalanobis, a contribuição relativa dos caracteres para a diversidade de genótipos foi 28,72% (NDF), 41,31% (NDM), 4,64% (APF), 13,7%

(APM), 9,37% (AIV) e 2,26% (PG). Em outro estudo, os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética entre genótipos de soja foram número de dias para a maturidade, peso de 100 sementes e número de dias para o florescimento, contribuindo com 39,49%, 26,56% e 13,59%, respectivamente (ALMEIDA, 2008).

A partir dessa informação, os genótipos de ciclos médios e tardios foram os pertencentes aos grupos I (134 dias), II (131 dias), III (132 dias), IV (136 dias), V (130 dias) e VI (128 dias) enquanto que os genótipos precoces pertenceram aos grupos VII (122 dias), VIII (113 dias), IX (113 dias), X (112 dias), XI (110 dias) e XII (109 dias) (Figura 9).

Entre os genótipos tardios, os grupos I, III, II, V, IV e VI apresentaram os seguintes números de dias para a floração, 58,3 dias, 56,2 dias, 55,7 dias, 54,2 dias, 53,5 dias e 53 dias, respectivamente. Para o caráter APM, o grupo V apresentou a maior altura (98,7 cm), sendo APM dos grupos I, III, IV, VI e II as seguintes 87,7 cm, 87 cm, 86,2 cm, 84,8 cm e 81,5 cm, respectivamente. Os grupos III (13,6 cm) e IV (12,8 cm) apresentaram AIV menor a quinze centímetros (embora maior a 12 cm), enquanto que os genótipos do grupo V, I, VI e II, as AIV foram maiores que quinze centímetros, 20,6 cm, 18,3 cm, 18 cm e 17,7 cm, respectivamente. Finalmente, os grupos I, II e III foram os que apresentaram maiores produtividades de grãos, 3057 kg ha⁻¹, 3437,6 kg ha⁻¹ e 3010,63 kg ha⁻¹, respectivamente. Os genótipos dos grupos IV, V e VI apresentaram as menores produtividades de grãos, 2890,8 kg ha⁻¹, 2904,6 kg ha⁻¹ e 2827,1 kg ha⁻¹, respectivamente.

Entre os genótipos precoces, os grupos X (NDF: 43,9 dias), XI (NDF: 43,4 dias) e XII (NDF: 43,6 dias) precisaram de menor número de dias para a floração que os grupos VII (NDF: 52,3 dias), VIII (NDF: 50,1 dias) e IX (NDF: 53 dias). O grupo XII apresentou a maior altura de planta na maturidade, 89,2 cm, enquanto que os grupos VII, VIII, IX e X apresentaram a seguinte altura média na maturidade, 75,6 cm, 64,7 cm, 70,9 cm e 63,4 cm, respectivamente. Os grupos X (9,2 cm), XI (11,6 cm) e XII (10,5 cm) apresentaram AIV menor a 12 cm e os grupos VII (13,8 cm), VIII (17,1 cm) e IX (12,8 cm), a AIV foi maior a 12 cm. O grupo VII apresentou a maior produtividade de grãos (3026,1 kg ha⁻¹) dos grupos precoces. Os outros grupos precoces, VIII, IX, X e XI apresentaram as seguintes produtividades médias de

grãos, 2598,96 kg ha⁻¹, 2224,17 kg ha⁻¹, 2394,2 kg ha⁻¹, 2446,8 kg ha⁻¹ e 2749,3 kg ha⁻¹,
respectivamente.

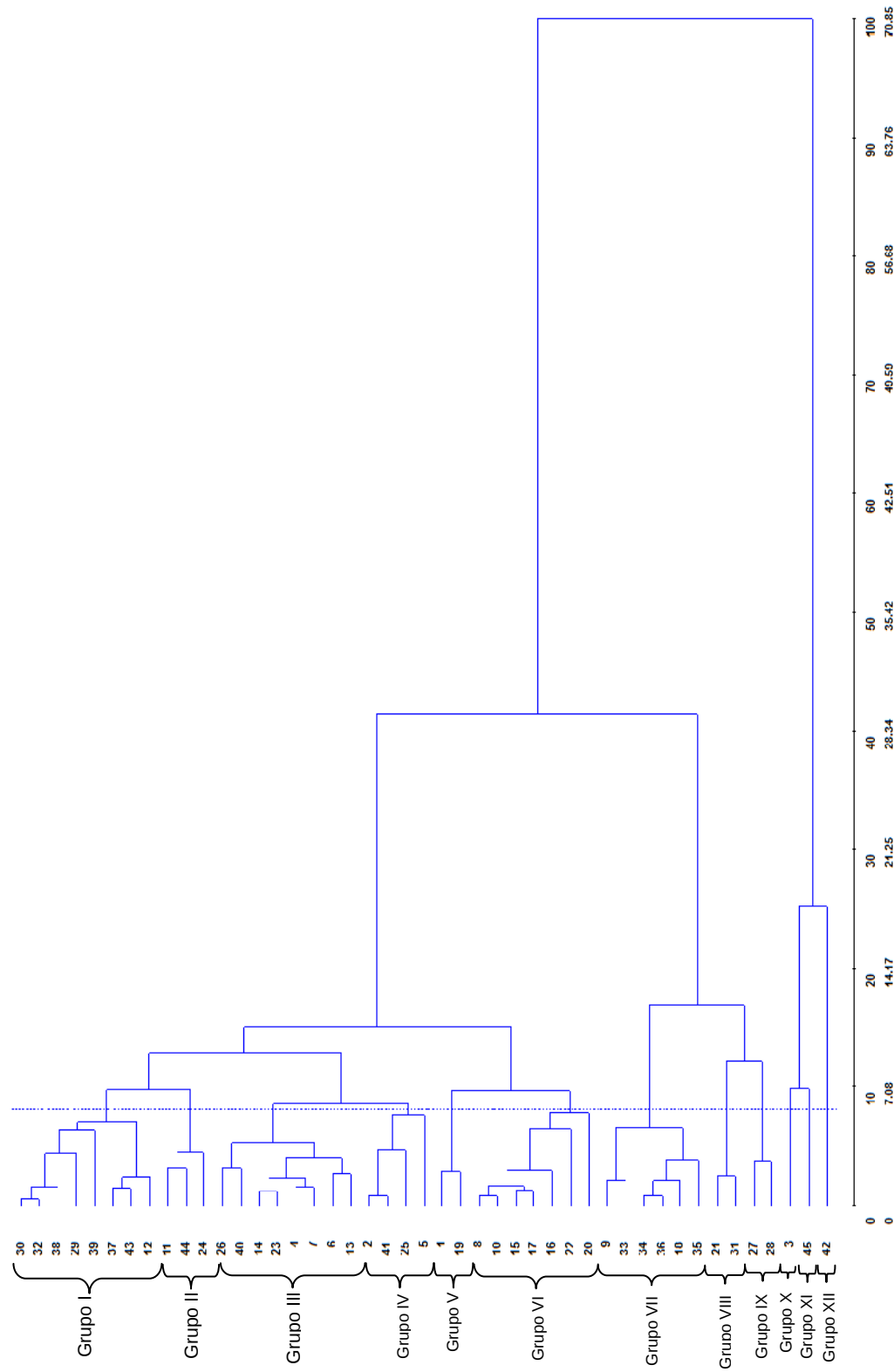


Figura 8. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 45 genótipos de soja (Tabela 1), obtidos pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade, em três ambientes.

Com base no teste $LSD_{(p<0,05)}$ (Tabela 4), na análise de dissimilaridade genética (Figura 8) e na análise de correlações entre caracteres geneticamente correlacionados (Figura 5), os 45 genótipos foram agrupados por ciclo de cultivo, os de ciclos precoces (108 dias – 125 dias), os de ciclos médios (126 dias – 138 dias) e ciclos longos (≥ 136 dias).

Um grupo de 21 genótipos apresentaram as maiores médias de produtividade de grãos, não apresentando diferenças estatísticas entre eles, nas médias gerais de três ambientes, ano agrícola 2011/2012 em Jaboticabal, ano agrícola 2012/2013 em Jaboticabal e ano agrícola 2012/2013 em Piracicaba (Tabela 3).

Desse grupo, cinco genótipos, 18, 36, 20, 34 e 33, foram produtivos e precoces. Enquanto que 14 genótipos foram produtivos e com ciclos médios, 11, 22, 44, 24, 23, 14, 32, 1, 12, 39, 30, 38, 7 e 26. Finalmente, dois genótipos foram produtivos e com ciclos longos, 25 e 37.

Dos 21 genótipos com maior produtividade de grãos, 16 foram desenvolvidos a partir de cruzamentos simples, outros dois foram desenvolvidos de cruzamentos duplos e outros dois foram originados de cruzamentos quádruplos. Os cruzamentos complexos incrementaram a variância genética no conjunto dos genótipos, porém, os genótipos originados desses tipos de cruzamentos apresentaram menores produtividades médias de grãos em relação aos genótipos originados de cruzamentos simples. Permanecendo ainda, um grande número de genótipos aparentados pela presença de dois genitores comuns em cruzamentos, Embrapa-48 e MG/BR-46. o cultivar Embrapa-48 pertence ao grupo de maturidade 6.8 e apresenta a seguinte genealogia (Davis x Paraná) x (IAS 4 x BR5) (EMBRAPA, 2011b). Também, esse cultivar foi indicado como tolerante à deficiência hídrica (PITOL; BROCH, 2010). Enquanto que o cultivar MG/BR-46 pertence ao grupo de maturidade 8.1 e apresenta a seguinte genealogia Lo76-4484/Numbaíra (EMBRAPA-SOJA, 2010). Esse cultivar apresenta período juvenil longo (Tabela 1).

Com respeito às metodologias utilizadas, interpretações similares foram obtidas dos métodos de ecovalência, AMMI e GGE-biplot. Enquanto que as interpretações obtidas da análise MHPRVG foram diferentes. Isso foi devido às propriedades do método, que dá maior peso à produtividade de grãos e pouco peso

aos estatísticos de estabilidade e adaptabilidade. Essas interpretações estiveram em concordância com outras publicações (JÚNIOR; DUARTE, 2006). Eles reportaram correlação positiva significativa entre os métodos de Wricke e AMMI. Porém, o método AMMI não apresentou correlações como os métodos de Annicchiarico e Lin e Binns. Lembrando que o método MHPRVG é análogo aos métodos de Annicchiarico e Lin e Binns (DE RESENDE, 2007a).

O estreitamento da base genética observado foi suportado por outros estudos que avaliaram genótipos de soja de diferentes programas de melhoramento e períodos de lançamento (PRIOLLI et al., 2004; PRIOLLI et al., 2010) como também aqueles estudos baseados no coeficiente de parentesco (MIRANDA et al., 2007; VELLO; HIROMOTO; AZEVEDO FILHO, 1988).

Com respeito às metodologias utilizadas, interpretações similares foram obtidas dos métodos de ecovalência, AMMI e GGE-biplot. Enquanto que as interpretações obtidas da análise MHPRVG foram diferentes. Isso foi devido às propriedades do método, que dá maior peso à produtividade de grãos e pouco peso aos estatísticos de adaptabilidade e estabilidade.

5. CONCLUSÕES

A exploração da interação GxE permitiu identificar 21 genótipos com altas produtividades de grãos, de diferentes grupos de maturidades relativas e diferente grau de estabilidade aos ambientes.

Entre os genótipos precoces, o genótipo com maior produtividade de grãos e sensível ao ambiente foi 18, enquanto que o genótipo 20 apresentou bom desempenho nos ambientes desfavoráveis.

Os genótipos com ciclo médio, alta produtividade de grãos e sensível ao ambiente foram: 11, 24, 44 e 22. Enquanto que os genótipos 14 e 23 apresentaram alta produtividade de grãos e estabilidade.

Interpretações similares foram obtidas dos métodos de ecovalência, AMMI e GGE-Biplot. Enquanto que as interpretações obtidas da análise MHPRVG foram

diferentes. Isso foi devido às propriedades do método, que dá maior peso à produtividade de grãos e pouco peso aos estatísticos de adaptabilidade e estabilidade.

A análise de correlações genéticas e ambientais entre as variáveis dos genótipos e ambientes avaliado reforçou as interpretações da exploração da interação genótipos x ambientes.

6. REFERÊNCIAS

- AKHTER, M.; SNELLER, C. Yield and yield components of early maturing soybean genotypes in the mid-south. **Crop science**, v. 36, n. 4, p. 877-882, 1996.
- ALLIPRANDINI, L. F. et al. Efeitos da interação genótipo x ambiente sobre a produtividade da soja no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 29, n. 9, p. 1433-1444, 1994.
- ALLIPRANDINI, L. F.; VELLO, N. A. Heritability and correlations among traits in four-way soybean crosses. **Euphytica**, v. 136, n. 1, p. 81-91, 2004.
- ALMEIDA, T. S. D. Respostas espectrais da soja sob diferentes condições hídricas e de preparo do solo. 2008.
- ALT, B. J.; FEHR, W. R.; WELKE, G. A. Selection for large seed and high protein in two- and three-parent soybean populations. **Crop science**, v. 42, n. 6, p. 1876-1881, 2002.
- AMIRA, J. et al. Relative discriminating powers of GGE and AMMI models in the selection of tropical soybean genotypes. **African Crop Science Journal**, v. 21, n. 1, p. 67-73, 2013.
- ANNICCHIARICO, P. **Genotype x environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations**. Food & Agriculture Org., 2002. ISBN 9251048703.
- ARANTES, N. **Interação genótipo x ambiente e estudo de alternativas para seleção de variedades de soja (*Glycine max* (L.) Merrill), com base em testes regionais**. UFV, 1979.
- ARIAS, E. **Adaptabilidade e estabilidade das cultivares de milho avaliadas no Estado de Mato Grosso do Sul e avanço genético obtido no período de 1986/87 a 1993/94**. UFLA, 1996.
- ASHRAF, M. et al. Multi-environment response in seed yield of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill), genotypes through GGE biplot technique. **Pak. J. Bot**, v. 42, n. 6, p. 3899-3905, 2010.

ATNAF, M. et al. GGE biplots to analyze soybean multi-environment yield trial data in north Western Ethiopia. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 5, n. 12, p. 245-254, 2013.

BAIGORRI, H. Criterios generales para la elección y el manejo de cultivares en el cono sur. **Manual práctico para la producción de soja. 1ra edición**. Ed: M. Díaz Zorita y G. Duarte, Buenos Aires, p. 39-77, 2004.

BALZARINI, M.; BRUNO, C.; ARROYO, A. **Análisis de ensayos agrícolas multi-ambientales: Ejemplos con Info-Gen**. Argentina: 2005.

BALZARINI, M. G.; DI RIENZO, J. A. **InfoGen versión 2013**. Argentina: FCA, Universidad Nacional de Córdoba 2013.

BARAH, B. et al. The use of risk aversion in plant breeding; concept and application. **Euphytica**, v. 30, n. 2, p. 451-458, 1981.

BARROS, H. B. et al. Análise de adaptabilidade e estabilidade em soja (*Glycine max* L.) em Mato Grosso. **Ambiência**, v. 6, n. 1, p. 75-88, 2010.

BECKER, H. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. **Euphytica**, v. 30, n. 3, p. 835-840, 1981.

BECKER, H.; LEON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant breeding**, v. 101, n. 1, p. 1-23, 1988.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. Melhoramento de plantas. 5a. edição. **Viçosa: Editora UFV**, p. v. 529, 2009.

BOX, G. E.; COX, D. R. An analysis of transformations. **Journal of the Royal Statistical Society, Series B**, v. 26, n. 2, p. 211-252, 1964.

BRANQUINHO, R. G. **Interação genótipo x ambiente em soja com ênfase na estratificação ambiental para a região central do Brasil**. 2011. 146 Dissertação (Mestre em Agronomia, área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.). Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO.

BRUINSMA, J. The resource outlook to 2050. expert meeting on “How to Feed the World in 2050, 2009.

CARVALHO, C. G. P. D. et al. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, p. 989-1000, 2002.

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

CARVER, B. F. et al. Response to environmental variation of soybean lines selected for altered unsaturated fatty acid composition. **Crop science**, v. 26, n. 6, p. 1176-1181, 1986.

CAVASSIM, J. E. et al. Stability of Soybean Genotypes and Their Classification into Relative Maturity Groups in Brazil. **American Journal of Plant Sciences**, v. 4, n. 11, 2013.

CECON, P. R.; DE MORAIS, A. R.; SEDIYAMA, C. S. Obtenção da herdabilidade e das correlações genótípicas, fenotípicas e de ambiente nas gerações F2 e F3 de cruzamentos fatoriais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 28, n. 12, p. 1399-1406, 1993.

CHAVES, L. et al. Interação de genótipos com ambientes. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundação MT**, p. 675-712, 2001.

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos. v.1:2. **Conab**, 2013a.

_____. Acompanhamento da safra brasileira de Cana-de-açúcar. v. v.1:20, 2013b.

COOPER, H. D.; SPILLANE, C.; HODGKIN, T. Broadening the genetic base of crops: an overview. **Broadening the genetic base of crop production. IPGRI, FAO, CABI Publishing, Wallingford**, p. 1-23, 2001.

COOPER, M.; DELACY, I. Relationships among analytical methods used to study genotypic variation and genotype-by-environment interaction in plant breeding multi-environment experiments. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 88, n. 5, p. 561-572, 1994.

CORNELIUS, P.; CROSSA, J.; SEYEDSADR, M. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. **Genotype-by-environment interaction. CRC Press, Boca Raton, FL**, p. 199-234, 1996.

CORREIA, W. R. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em Minas Gerais. 2007.

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Adv. Agron**, v. 44, p. 55-85, 1990.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. **Crop Science**, v. 37, n. 2, p. 406-415, 1997.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L.; YAN, W. Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype× environment interaction. **Crop Science**, v. 42, n. 2, p. 619-633, 2002.

CROSSA, J. et al. AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 81, n. 1, p. 27-37, 1991.

CRUZ, C. **GENES - Aplicativo computacional em genética e estatística**: UFV 2006.

CRUZ, C.; CARNEIRO, P. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. . Viçosa (MG): 2003. 585

CUCOLOOTTO, M. et al. Genotype x environment interaction in soybean: evaluation through three methodologies. **CROP BREEDING AND APPLIED TECHNOLOGY**, v. 7, n. 3, p. 270, 2007.

DA SILVA PEREIRA, A.; DA COSTA, D. M. Análise de estabilidade de produção de genótipos de batata no Rio Grande do Sul. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 33, n. 4, p. 405-409, 1998.

DE GODOI, C. R. C.; DA SILVEIRA NETO, A. N.; PINHEIRO, J. B. Avaliação do desempenho de linhagens de soja, resistentes ao complexo de percevejos, cultivadas em diferentes densidades de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 21, n. 1, 2006.

DE LA VEGA, A. J.; DE LA FUENTE, E. Elección de genotipos. In: SATORRE, E. H.; BENECH, A. R. L., et al (Ed.). **Producción de Cultivos de Granos: Bases Funcionales para su Manejo**. : Editorial Facultad de Agronomía 2003. cap. 14, p.950-29.

DE MOURA ROCHA, M. et al. Yield stability of soybean lines using additive main effects and multiplicative interaction analysis-AMMI. 2004.

DE OLIVEIRA, A. B. et al. Environmental and genotypic factors associated with genotype by environment interactions in soybean. **CROP BREEDING AND APPLIED TECHNOLOGY**, v. 6, n. 1, p. 79, 2006.

DE OLIVEIRA, A. B.; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesq. agropec. bras., Brasília**, v. 38, n. 3, p. 357-364, 2003.

DE RESENDE, M. D. V. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. **Embrapa Florestas, Colombo**, v. 362, 2007a.

_____. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Embrapa Florestas, 2007b.

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

EISEMANN, R.; COOPER, M.; WOODRUFF, D. Beyond the analytical methodology—better interpretation and exploitation of genotype-by-environment interaction in breeding. **Genotype-by-environment interaction and plant breeding**, p. 108-117, 1990.

EMBRAPA-SOJA. CULTIVARES DE SOJA, Regiões Sul e Central do Brasil, 2010/2011. 2010.

_____. **Tecnologias de produção de soja – região central do Brasil 2012 e 2013**. Londrina: Embrapa Soja, 2011a.

EYHERABIDE, G. H. et al. Estabilidad del rendimiento de cultivares de maíz en el área de la EEA Pergamino en el trienio 1994/95-1996/97. **Revista de tecnología agropecuaria. EEA Pergamino**, v. 2, n. 5, 1997.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development. Volume 2. Crop species.** Macmillan publishing company, 1987. ISBN 0029491819.

FLORES, F. et al. Genotype-environment interaction in faba bean: comparison of AMMI and principal coordinate models. **Field crops research**, v. 47, n. 2, p. 117-127, 1996.

FLORES, F.; MORENO, M. T.; CUBERO, J. I. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze GxE interaction. **Field Crops Research**, v. 56, n. 3, p. 271-286, // 1998.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.

GAUCH, H.; ZOBEL, R. **AMMI analysis of yield trials. In 'Genotype by environment interaction'.**(Eds MS Kang, HG Gauch) pp. 85–122: CRC Press: Boca Raton, FL 1996.

GRAVOIS, K.; MOLDENHAUER, K.; ROHMAN, P. Genetic and Genotype× Environment Effects for Rough Rice and Head Rice Yields. **Crop science**, v. 31, n. 4, p. 907-911, 1991.

GURMU, F.; MOHAMMED, H.; ALEMAW, G. Genotype x Environment interactions and stability of soybean for grain yield and nutrition quality. **African Crop Science Journal**, v. 17, n. 2, 2009.

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

INC, S. I. **Version 9.1. 3:** SAS Institute Inc Cary^ eNC NC 2002.

JOHNSON, H. W.; ROBINSON, H.; COMSTOCK, R. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. **Agronomy Journal**, v. 47, n. 10, p. 477-483, 1955.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis.** Prentice hall Upper Saddle River, NJ, 2002.

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

KANG, M.; GORMAN, D. Genotype× environment interaction in maize. **Agronomy Journal**, v. 81, n. 4, p. 662-664, 1989.

KANG, M. S. 15 Genotype–Environment Interaction: Progress and Prospects. **Quantitative genetics, genomics, and plant breeding**, p. 219, 2002.

KASTER, M.; FARIAS, J. Regionalização dos testes de VCU-Valor de Cultivo e Uso de cultivares de soja-terceira aproximação. **REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO CENTRAL DO BRASIL**, v. 37, 2011.

LIMA, W. F. et al. Interação genótipo-ambiente de soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, p. 729-736, 2008.

LIN, C.-S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar× location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 68, n. 1, p. 193-198, 1988.

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

MAIA, M. C. C. et al. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agronômicos através de método uni-multivariado. **Bragantia**, v. 65, n. 2, p. 215-226, 2006.

MARTINS, J. A. S.; JULIATTI, F. C. Adaptability and stability of soybean advanced lines of semi early cycle for rust resistance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 1, p. 43-51, 2012.

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

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

MIRIAN, C. T. D. S. D. et al. **A METODOLOGIA AMMI: Com Aplicação ao Melhoramento Genético**. Campina Grande, 22 a 26 de julho de 2013: 2013. 176

NETO, A. R. et al. Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. **Revista Ciência Agronômica**, v. 44, n. 3, 2013.

PACHECO, R. M. et al. Zoneamento e adaptação produtiva de genótipos de soja de ciclo médio de maturação para Goiás. **Pesquisa Agropecuaria Tropical**, v. 33, p. 23-27, 2003.

PACHECO, R. M. et al. Key locations for soybean genotype assessment in Central Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 5, p. 478-486, 2009.

PEREIRA, D. G. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja avaliados para resistência ao oídio. **Ciência Rural**, v. 38, p. 1836-1842, 2008.

PITOL, C.; BROCH, D. L. Soja mais produtiva e tolerante à seca. In: (Ed.). **Tecnologia de produção: soja e milho 2008/2009**. 5.ed.: Gráfica MARACAJU., 2010. p.59-63.

PRADO, E. E. D. et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 4, p. 625-635, 2001.

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

PRIOLLI, R. H. G. et al. Genetic diversity among Brazilian soybean cultivars based on SSR loci and pedigree data. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 53, n. 3, p. 519-531, 2010.

RAMALHO, M. A. P. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Ufla, 2005. ISBN 8587692240.

RAO, M. et al. Genotype× environment interactions and yield stability of food-grade soybean genotypes. **Agronomy Journal**, v. 94, n. 1, p. 72-80, 2002.

RIBEIRO, C. A. G. et al. Molecular characterization of soybean cultivars by microsatellite markers with universal tail sequence. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 3, p. 270-279, 2013.

ROCHA, M. D. M. **Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade e estabilidade fenotípica**. ESALq., 2002. 173 f., 2002.

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

ROCHA, M. D. M. et al. Magnitude da interação genótipos x ambientes para o caráter teor de óleo em linhagens de soja. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, v. 6, n. 3, 2002.

SANTOS, V. D. S. **Seleção de pré-cultivares de soja baseada em índices**. 2005. Universidade de São Paulo

SHAFII, B.; PRICE, W. J. Analysis of genotype-by-environment interaction using the additive main effects and multiplicative interaction model and stability estimates. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, p. 335-345, 1998.

SHARMA, S. Path-coefficient analysis in the F₂ populations of soybean grown at two locations [India]. Note. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, 1979.

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

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding (The)**, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.

SINGH, G.; SHIVAKUMAR, B. 2 The Role of Soybean in Agriculture. **The Soybean: Botany, Production and Uses**, p. 24, 2010.

TAWARE, S. et al. Variability, correlation and path analysis in soybean hybrids. **Soybean genetics newsletter (USA)**, 1997.

TOLEDO, J. F. F. D. et al. Genotype and environment interaction on soybean yield in Mato Grosso State, Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 5, p. 785-791, 2006.

VARGAS, M.; CROSSA, J. The AMMI analysis and graphing the biplot. **Biometrics and Statistics unit, CIMMYT**, 2000.

VELLO, N. Efeitos da introdução de germoplasma exótico sobre a produtividade e relações com a base genética das cultivares de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Efeitos da introdução de germoplasma exótico sobre a produtividade e relações com a base genética das cultivares de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**, 1985.

VELLO, N.; HIROMOTO, D.; AZEVEDO FILHO, A. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. **Revista Brasileira de Genética**, v. 11, p. 679-697, 1988.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. 1992.

WEBER, C. R.; MOORTHY, B. Heritable and nonheritable relationships and variability of oil content and agronomic characters in the F2 generation of soybean crosses. **Agronomy Journal**, v. 44, n. 4, p. 202-209, 1952.

WRICKE, G. Uber eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen. **ZEITSCHRIFT FÜR PFLANZENZUCHTUNG-JOURNAL OF PLANT BREEDING**, v. 47, n. 1, p. 92-&, 1962.

WYSMIERSKI, P. T. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras**. 2010. (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, University of São Paulo,, Piracicaba.

YAN, W. GGEbiplot—A Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, v. 93, n. 5, p. 1111-1118, 2001.

YAN, W.; HUNT, L. 19 Biplot Analysis of Multi-environment Trial Data. 2002.

YAN, W. et al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, v. 40, n. 3, p. 597-605, 2000.

YAN, W. et al. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop science**, v. 47, n. 2, p. 643-653, 2007.

YOKOMIZO, G. K. I. et al. Análise AMMI da produtividade de grãos em linhagens de soja selecionadas para resistência à ferrugem asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 10, p. 1372-1380, 2013.

YORINORI, J. **Ferrugem da soja: Phakopsora pachyrhizi Sydow.** Embrapa Soja, 2002.

ZHE, Y. et al. Effects of genotype× environment interaction on agronomic traits in soybean. **Crop science**, v. 50, n. 2, p. 696-702, 2010.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v. 80, n. 3, p. 388-393, 1988.