

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**DESEMPENHO AGRONÔMICO, ADAPTABILIDADE E
ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA AVALIADOS EM
ENSAIO PRELIMINAR**

Ana Paula Lira Costa

Engenheira Agrônoma

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**DESEMPENHO AGRONÔMICO, ADAPTABILIDADE E
ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA AVALIADOS EM
ENSAIO PRELIMINAR**

Discente: Ana Paula Lira Costa

Orientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

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

2021

C837d Costa, Ana Paula Lira
Desempenho agrônômico, adaptabilidade e
estabilidade de genótipos de soja avaliados em ensaio
preliminar / Ana Paula Lira Costa. -- Jaboticabal, 2021
51 f. : tabs.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual
Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e
Veterinárias, Jaboticabal
Orientadora: Sandra Helena Unêda-Trevisoli

1. REML/BLUP. 2. GGE biplot. 3. Glycine max. I.
Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca
da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados
fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: DESEMPENHO AGRONÔMICO, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE
GENÓTIPOS DE SOJA AVALIADOS EM ENSAIO PRELIMINAR

AUTORA: ANA PAULA LIRA COSTA

ORIENTADORA: SANDRA HELENA UNÊDA-TREVISOLI

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em AGRONOMIA
(GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:



Prof. Dr. SANDRA HELENA UNÊDA-TREVISOLI (Participação Virtual)
Departamento de Ciências da Produção Agrícola / FCAV UNESP Jaboticabal



Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO (Participação Virtual)
Departamento de Ciências da Produção Agrícola / FCAV / UNESP - Jaboticabal



Pesquisador Dr. EVERTON LUIS FINOTO (Participação Virtual)
APTA - Polo Regional do Centro Norte / Pindorama/SP

Jaboticabal, 30 de setembro de 2021

DADOS CURRICULARES DA AUTORA

ANA PAULA LIRA COSTA – nascida no ano de 1993 na cidade de Ribeirão Preto, São Paulo. Em março de 2011 ingressou na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp/FCAV – Câmpus de Jaboticabal, SP, no curso de Engenharia Agrônômica - Bacharelado, graduando-se como Engenheira Agrônoma. Em março de 2019 iniciou o curso de mestrado Stricto Sensu, na mesma Universidade de graduação, no curso de pós-graduação em Agronomia com área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, sob orientação da Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli. Durante o período de realização do mestrado, foi bolsista CAPES.

“O que sabemos é uma gota,
o que ignoramos é um oceano”

– **(Sir Isaac Newton)**

AGRADECIMENTOS

Agradeço aos meus pais queridos, Abrahão Ramos da Costa, Ivone Lira e minha querida e amada vó, Maria Nina da Silva que sempre me possibilitaram e me incentivaram a estudar, me apoiando para que eu hoje possa ter conquistado tudo que conquistei.

À minha mãe de coração Bernadete de Lourdes Panizzi Penariol, que sempre esteve do meu lado me dando forças e incentivo incondicionalmente.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias Câmpus de Jaboticabal, pela estrutura disponibilizada, pelas oportunidades oferecidas e pelos anos de acolhimento.

Aos professores do Programa de Pós-graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) da UNESP/FCAV, por compartilharem seus conhecimentos, em especial, à minha orientadora Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli pela oportunidade, dedicação, ensinamentos e tempo dedicado para a conclusão deste trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

À todos os amigos que fiz durante minha trajetória pela FCAV, em especial aos amigos do Programa de Melhoramento Genético de Soja da FCAV/UNESP que me ajudaram e fizeram parte deste trabalho e que tanto me auxiliaram.

Aos funcionários do Departamento de Produção Vegetal e funcionários da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão – FEPE, pelo grande auxílio na execução dos experimentos.

Aos membros da banca examinadora pela disponibilidade e contribuição neste trabalho.

Às pessoas importantes que estiveram ao meu lado durante esta etapa, que vibram e sonham junto a mim todas minhas vitórias, **vocês são parte disso!**

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

SUMÁRIO

RESUMO.....	I
ABSTRACT.....	II
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	2
2.1 CULTURA DA SOJA	2
2.2. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE.....	3
2.3 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE.....	5
2.4 MODELOS MISTOS NA IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES.....	7
2.5 UTILIZAÇÃO DO MÉTODO GGE BILOT NA SELEÇÃO DOS GENÓTIPOS.....	9
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	11
3.1 MATERIAL GENÉTICO.....	11
3.2 MANEJO E CONDUÇÃO EXPERIMENTAL	12
3.3 CARACTERES AVALIADOS	13
3.4 ANÁLISES DE VARIÂNCIA E ANÁLISES DE CORRELAÇÕES.....	13
3.5 ANÁLISES DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE	14
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	16
5. CONCLUSÃO.....	32
6. AGRADECIMENTOS.....	32
7. REFERÊNCIAS	33

DESEMPENHO AGRONÔMICO, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA AVALIADOS EM ENSAIO PRELIMINAR

RESUMO – Um dos desafios para o melhoramento genético de plantas é a seleção de genótipos cada vez mais adaptados, produtivos e estáveis aos ambientes de cultivo, sem ocorrerem perdas nas características agronômicas desejadas. Este trabalho teve como objetivo caracterizar por diferentes metodologias, o desempenho agronômico de genótipos de soja visando seleção para ensaios de Valor de Cultivo e Uso. O experimento foi conduzido em campo no delineamento de blocos ao acaso com duas repetições, onde, avaliou-se 50 genótipos de soja, incluindo 3 testemunhas, durante dois anos agrícolas (2018/2019 e 2019/2020). Foram avaliados os caracteres agronômicos: número de dias para maturidade, número de dias para florescimento, altura de planta na maturidade, peso de mil grãos, acamamento, teor de óleo e produtividade de grãos. Para determinação da adaptabilidade e estabilidade produtiva dos genótipos, foram utilizadas e comparadas as metodologias de predição multivariada de GGE biplot e modelos mistos REML/BLUP, utilizando os caracteres agronômicos principais de produção e teor de óleo, que possuem importância industrial na alimentação humana e animal. Os métodos de análises apresentaram divergências quanto ao ordenamento de adaptabilidade e estabilidade, entretanto, foram unânimes em considerar como superiores os genótipos: 24, 29, 30, 32, 34 e 42 para produtividade e 4, 17, 37 e 44 para teor de óleo. A genealogia predominante dos genótipos selecionados consiste no cruzamento biparental, com exceção do genótipo 24, que é oriundo de cruzamento quádruplo.

Palavras-chave: análise multivariada, GGE biplot, *Glycine max*, modelos mistos, REML/BLUP

AGRONOMIC PERFORMANCE, ADAPTABILITY AND STABILITY OF SOYBEAN GENOTYPES ASSESSED IN A PRELIMINARY EXPERIMENT

ABSTRACT – One of the challenges for the genetic improvement of plants is the selection of genotypes that are increasingly adapted, productive and stable to the cultivation environments, without losing the desired agronomic traits. The objective of this work was to characterize, by different methodologies, the agronomic performance of soybean genotypes for selection for Cultivation Value and Use trials. The experiment was conducted in the field in a randomized block design with two replications, where 50 were evaluated. soybean genotypes, including 3 checks, during two agricultural years (2018/2019 and 2019/2020). Agronomic characters were evaluated: number of days to maturity, number of days to flowering, plant height at maturity, weight of a thousand grains, lodging, oil content and grain yield. To determine the adaptability and productive stability of the genotypes, GGE biplot multivariate prediction methodologies and REML/BLUP mixed models were used and compared, using the main agronomic characters of production and oil content, which are of industrial importance in human and animal nutrition. The methods of analysis showed differences regarding the ordering of adaptability and stability, however, they were unanimous in considering the genotypes as superior: 24, 29, 30, 32, 34 and 42 for yield and 4, 17, 37 and 44 for oil content. The predominant pedigree of the selected genotypes consists of biparental crosses, with the exception of genotype 24, which comes from a quadruple cross.

Keywords: GGE biplot, *Glycine max*, mixed model, multivariate analysis, REML/BLUP

1. INTRODUÇÃO

A soja é a principal oleaginosa cultivada em todo o mundo, além de ser a mais importante fonte de proteína na alimentação animal, também possui relevância na alimentação humana. Esta cultura por ser cultivada em diversas regiões do Brasil, apresenta variabilidade quanto ao seu desempenho produtivo, o que leva programas de melhoramento a selecionar, em diferentes ambientes, genótipos produtivos e com características desejadas (Matei et al., 2018).

Devido a flutuação de desempenho apresentado pela presença da interação genótipo (G) $\times$ ambiente (A) (IGA), a condução de experimentos se baseia em diferentes locais para seleção de genótipos superiores e indicação de cultivares que apresentam ganhos genéticos mais expressivos (Alves et al., 2018).

Dentre as metodologias utilizadas, as análises de adaptabilidade e estabilidade, possuem relevância quando utilizadas em caracteres de maior interesse como produção e teor de óleo para indústria, visando assim, a recomendação mais segura dos cultivares (Bernardo, 2020).

Diversos métodos são utilizados para estimar de maneira confiável o desempenho genotípico. Serão aqui destacadas as metodologias de avaliação de adaptabilidade e estabilidade, por meio das análises dos efeitos principais do genótipo e da interação genótipo $\times$ ambiente (GGE biplot) (Yan et al., 2000), e a metodologia que utiliza os modelos mistos (REML/BLUP), que permite a estimativa dos componentes de variância por máxima verossimilhança restrita (REML) e predição de valores genéticos pela melhor predição linear não viesada (BLUP), baseando-se no método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos preditos (MHPRVG) (Resende, 2006).

Ainda há divergências quanto ao modelo estatístico ideal para avaliar o desempenho, bem como para a estimativa do ganho genético superior, pois a diferença na utilização dos métodos existentes está na precisão da comparação das médias. Desta forma, faz-se necessário a comparação entre as metodologias, visando aumentar a acurácia no processo de seleção de genótipos de soja utilizando parâmetros de adaptabilidade e estabilidade (Colombari Filho et al., 2013).

Mediante o exposto, este trabalho teve como objetivo caracterizar por diferentes metodologias, o desempenho agrônômico, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em ensaio preliminar e selecionar os genótipos superiores para comporem futuros ensaios de Valor de Cultivo e Uso, visando registro e proteção de cultivares.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Cultura da soja

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é mundialmente conhecida por sua relevância quanto a utilização de seus produtos na alimentação humana, animal e valor econômico no mercado nacional e internacional (Oliveira et al., 2016). É oleaginosa autógama pertencente à Fabaceae, de ciclo anual, herbácea, ereta, crescimento morfológico diversificado, com número variado de ramificações e contem número de cromossomos igual a $2n=40$, tendo seu ciclo influenciado pelo cultivar e condições ambientais (Sediyama, 2015).

Originária de regiões temperadas, a introdução da soja no Brasil é em decorrência da adaptação ao fotoperíodo que é fator chave para seu cultivo. Para chegar ao patamar dos maiores produtores de soja, houve no Brasil quebras de fronteiras agrícolas e introdução da característica de juvenildade longa que possibilitou o grande avanço na produção em região tropical (Passos et al., 2019).

Nos últimos anos houve um crescimento vertiginoso na produção nacional fazendo com que o Brasil se destacasse como o maior produtor mundial em sojicultura. No ano agrícola 2018/2019, a área cultivada de soja correspondeu ao plantio de 35,8 milhões de hectares, representando aumento de 1,9% em relação à safra anterior e produtividade de 3206 kg/ha. O destaque nacional é em relação as regiões Centro-oeste e Sul, em que até o último levantamento, representam mais de 79% da produção com aproximadamente 115 milhões de toneladas (Conab, 2019).

No Estado de São Paulo o cultivo da soja é valorizado na prática de rotação de culturas, quando implementada no intervalo entre os plantios de cana-de-açúcar,

visando redução de insumos e otimização do uso do solo em áreas de reforma de canavial. De maneira geral, a renovação das áreas de cana ocorre após 6 anos seguidos, em que se observa esgotamento do solo e que a adoção da semeadura direta de soja sobre a palhada da cana proporciona melhoria da fertilidade do solo (Pavão et al., 2015).

No ano agrícola 2019/2020, manteve destaque em crescimento e maior produtor mundial de soja com ganho de 4,3% em relação à safra anterior, o Brasil obteve também produção recorde e histórica de 124,8 milhões de toneladas em área plantada de 36.949,8 mil hectares, equivalente ao crescimento de 3% em relação à safra 2018/2019 (Conab, 2020).

Assim, além de constituir uma das principais commodities mundiais, o complexo soja composto pela soja em grãos e seus derivados como óleo e farelo, possui grande importância econômica para o mercado brasileiro com o aumento do consumo interno e à arrecadação com exportações (Oliveira et al., 2016).

2.2 Interação genótipo x ambiente

Com a intenção de desenvolver genótipos produtivos, que apresentem consistência nos mais diversos ambientes, os programas de melhoramento visam reunir características distintas, porém que não variam conforme alterações nos ambientes de cultivo, conservando seu comportamento em função das modificações atribuídas pelos fatores bióticos e abióticos (Nogueira et al., 2015).

A capacidade do genótipo de manter seu desempenho estável diante às alterações no ambiente de cultivo é denominada homeostase, este mecanismo ocorre permitindo a planta passar por aclimação e ajustes nas funções fisiológicas, mantendo sua plasticidade fenotípica para os atributos morfológicos e fisiológicos. Entretanto, a probabilidade de obtenção de um genótipo de soja que possa reunir tais características torna-se restrita, sendo necessário compreender todos os fatores envolvidos na obtenção de um fenótipo favorável (Arega et al., 2018).

Sob o ponto de vista estatístico, a utilização somente da análise da interação genótipo x ambiente (IGA) poderá ser falha ou superficial na seleção de características quantitativas em genótipos superiores. Apesar de sua importância para o

melhoramento, a análise GxA deverá ser atrelada a outros métodos estatísticos evitando perda de informações não detectadas, possibilitando um estudo mais completo e detalhado, evitando uma desnecessária repetição de experimento (Torres et al., 2015).

A garantia de desempenho superior que leva ao fenótipo favorável, está na realização do cultivo dos genótipos superiores selecionados em vários locais, principalmente na fase final do processo de melhoramentos de plantas, em diferentes condições climáticas e fertilidade do solo, como também em mais de uma safra, garantindo informações completas sobre características quantitativas de cada genótipo frente as melhorias do ambiente (González-Barrios et al., 2019).

A combinação de diferentes condições pode ocasionar uma interação entre fatores, proporcionando resposta do mesmo caráter em genótipos distintos. Assim, para identificar genótipos específicos, melhoristas utilizam a divisão de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes, possibilitando classificar a IGA em dois tipos: simples e complexa (Cruz et al., 2014).

Os efeitos da IGA sobre as cultivares podem ser minimizados quando os experimentos são conduzidos em diversos locais com altitude, latitude e longitude distintas, como em consecutivos anos agrícolas de modo a mensurar a interação ocorrida e suas possíveis interferências (Pacheco et al., 2017).

Conforme previsto, a ocorrência de IGA de natureza complexa nos programas voltados à obtenção de novas cultivares possui grande relevância, influenciando diretamente na confiabilidade da seleção e recomendação dos genótipos para um determinado grupo de ambientes (Lado et al., 2016).

A condução da cultura da soja nos programas de melhoramento possui diversos papéis importantes, dentre eles está relacionado no valor econômico, onde buscam-se avaliar e determinar caracteres agrônômicos relevantes para recomendação de cultivares como a produtividade (Kaster et al., 2012)

Segundo Sedyama et al. (2015), o ranqueamento é uma metodologia utilizada para determinar o diferencial da performance dos genótipos, e o comportamento apresentado devido as condições ambientais diferentes nos diversos locais cultivados.

O comportamento obtido de respostas distintas devido aos diferentes modos de condução é o fator que limita a recomendação e indicação de genótipos em uma faixa ampla de ambientes (Soares et al., 2017).

Dentre as metodologias mais recentes usadas a fim de identificar com eficiência a IGA, são análises baseadas em gráficos biplot, que representam uma matriz de dados, como: o modelo AMMI, método estatístico para compreensão da estrutura de interações genótipo e ambientes, e o modelo GGE biplot, que leva em consideração o efeito principal de genótipo mais a interação genótipo e ambiente (Souza et al., 2015).

2.3 Adaptabilidade e estabilidade

Entre os métodos que visam esclarecer os efeitos da IGA, estão as análises de adaptabilidade e estabilidade, porém estas diferem entre si quanto aos seus conceitos e procedimentos biométricos de estimativa das variações ambientais, assim, caracterizam-se por serem metodologias estatísticas que permitem identificar cultivares mais estáveis, tanto em maneira específica ou ampla (Tessele et al., 2016).

Em condições específicas ou amplas, espera-se ao realizar análises de adaptabilidade e estabilidade identificar cultivares que apresentem comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais. Assim, é necessário realizar o cultivo em áreas que melhor representem as condições de cultivo prevalentes, de forma a obter estimativas dos parâmetros com maior acurácia (Qin et al., 2015).

Sob a perspectiva do melhoramento genético a adaptabilidade pode ser considerada por: adaptação ampla ou específica, em que os genótipos responderem vantajosamente à melhoria do ambiente. Sendo necessário para a adaptação ampla, o cultivar apresentar bom desempenho em praticamente todos os locais de cultivo.

Na adaptação específica, o objetivo do melhoramento será na obtenção de cultivares que apresentem alto desempenho em região definida (Lado et al., 2016).

A compreensão da estabilidade pelos melhoristas no programa de melhoramento leva a obtenção de genótipos mais produtivos e capazes de apresentarem comportamento altamente previsível em função das variações dos

ambientes, para isso, inúmeros genótipos são testados anualmente antes da recomendação final e da multiplicação, permitindo alta confiabilidade nas etapas de seleção e posterior indicação dos genótipos mais promissores (Ferrari et al., 2018).

Ao final das etapas de condução é possível dimensionar o impacto real da seleção, garantindo maior segurança na recomendação genótipos visando alta produtividade e outras características agronômicas de interesse em um local específico ou grupo de ambientes (Teodoro et al., 2015).

Segundo o conceito sugerido por Sedyama (2015), a adaptabilidade de uma variedade está relacionada ao seu potencial de assimilar proveitosamente as variações do ambiente. Borém et al. (2017) definem a estabilidade como a maior ou menor habilidade de genótipos se adaptarem às alterações climáticas, durante os anos agrícolas, dentro de um local, ou seja, indica a capacidade do genótipo de exibir um comportamento altamente previsível, mesmo com as variações ambientais.

Quando uma linhagem e/ou cultivar for avaliada em mais de um ambiente, através das análises adaptabilidade e estabilidade, é possível por procedimentos estatísticos identificar as cultivares de comportamento mais estável e que reagem positivamente às mudanças no ambiente. Através dessas análises é possível também fragmentar os efeitos da IGA em efeitos de ambiente e efeitos de genótipos, evidenciando a contribuição relativa de cada um para a interação total (Ramalho et al., 2005).

As metodologias existentes para a análise de adaptabilidade e estabilidade são baseadas nos seguintes sistemas: variância da IGA; regressão linear simples; regressão linear bissegmentada; regressão quadrática; modelos não lineares; métodos não-paramétricos; análise de agrupamentos; análise fatorial de correspondência; análise de coordenadas principais; e métodos que abordam a análise comum de variância (método univariado) complementando a análise de componentes principais (método multivariado), como é o caso da análise GGE Biplot e AMMI (Souza et al., 2015).

Estas técnicas computacionais interativas estão comumente associadas às metodologias dos modelos mistos para obtenção dos componentes de variância e parâmetros genéticos (Cruz et al., 2014).

2.4 Modelos mistos na identificação de genótipos superiores

De modo a obter maior eficiência agrônômica na classificação de um ranking com índice de genótipos adaptados e estáveis, é utilizada abordagem estatística baseada na máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximum Likelihood - REML), estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos e as inferências obtidas pelo melhor preditor linear, denominado modelo de melhor preditor linear não viesado (Best Linear Unbiased Prediction - BLUP) (Gonçalves et al., 2020).

A metodologia baseada em modelos mistos sugerida por Resende (2007) apresenta vantagens sobre os outros métodos existentes, sendo capaz de caracterizar erros correlacionados dentro de locais, assim como determinar a estabilidade e a adaptabilidade na seleção de genótipos superiores, gerar valores genéticos já extraídos da instabilidade, podendo ser aplicado sobre diversos tipos de ambientes, como também em experimentos desbalanceados.

Outra vantagem também relacionada ao método de modelos mistos está na possibilidade de gerar resultados na própria unidade ou escala do caráter avaliado, podendo ser posteriormente interpretados diretamente como valores genéticos, sobressaindo a outros métodos que não possibilitam estes resultados (Rosado et al., 2012).

Segundo Resende (2007), a máxima verossimilhança restrita (REML) e o melhor preditor linear não viesado (BLUP) são metodologias que possibilitam determinações complementares, assim como, selecionar: genótipos com alta adaptabilidade e responsivos à melhoria do ambiente; genótipos específicos para determinada localidade; e seleção pelos atributos produtividade, estabilidade e adaptabilidade, concomitantemente.

A utilização destes métodos está presente em diversas culturas, possibilitando análise de produtividade, estabilidade e adaptabilidade, como verificado em: cana-de-açúcar (Ferraudo e Perecin, 2014), arroz (Streck et al., 2009), cenoura (Silva et al., 2011), café (Rocha et al., 2015), feijão (Torres et al., 2016), clones de *Eucalyptus* (Castro et al., 2018).

Na cultura da soja, Andrade et al. (2015) utilizaram o método de modelos mistos para determinar a interação genótipos x ambientes de 202 genótipos de soja, a partir da metodologia de modelos mistos, e utilizando o software estatístico Selegen

REML/BLUP. A conclusão chegada por estes autores é que os parâmetros genéticos são facilmente estimados pela metodologia de modelos mistos, sendo os valores de precisão muito elevados e indicativo da confiabilidade do modelo na classificação dos genótipos, sendo MHPRVG a estratégia mais proeminente para a seleção responsável pela produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

Para compreensão do valor genético dos genótipos é utilizado a máxima verossimilhança restrita (REML) associada ao preditor linear não viesado (BLUP), determinando os elementos de variância como conhecidos e os efeitos genéticos são classificados como aleatórios (Freitas et al., 2013).

A superioridade do genótipo será estabelecida através de índice ambiental que classifica os ambientes em favoráveis ou desfavoráveis, baseado nos efeitos genéticos que quantifica a média do genótipo, efeitos do ambiente e determina um índice de confiança, permitindo inferir sobre a adaptabilidade e estabilidade fenotípica. A contribuição de cada fator de variação permite utilizar a contribuição relativa da soma de quadrados dos genótipos e ambientes de cultivo para a interação, identificando quais os níveis de tratamento que mais participaram da IGA para cada caráter (Pimentel et al., 2014).

A metodologia REML/BLUP maximiza a relação entre a predição do valor genético, com o verdadeiro valor genético, onde se busca minimizar o erro de predição aliada ao uso de técnicas multivariadas e análises gráficas Biplot, possibilita realizar inferências para as interações complexas, promovendo interpretações menos viesadas, com resultados expressos de modo simplificado e confiável (Piepho et al., 2008).

Estes modelos lineares mistos são amplamente utilizados em culturas anuais, como também em autógamias, consiste em técnica eficaz estratégia para aumentar a precisão no posicionamento dos genótipos (Follmann et al., 2019).

O princípio da verossimilhança foi proposto por Fischer (1922), em que a função será fornecer estimativas relativas e caracteriza-se por ser um método que independe do tamanho amostral ou da distribuição que os dados assumem, onde os modelos mistos consideram conjuntamente os efeitos fixos e aleatórios, assim, as conclusões obtidas para os efeitos fixos são estabelecidas como estimativas, entretanto, para os efeitos aleatórios o termo correto é predição.

Efeitos aleatórios são conferidos aos fatores de variação referentes à amostra representativa da população, em contrapartida, efeitos fixos são atribuídos a aqueles fatores de variação delimitados e restritos aos níveis pré-estabelecidos (Johnson e Wichern, 2002).

A máxima verossimilhança é baseada na obtenção do ponto da máxima função, sendo definida como a função densidade de probabilidade conjunta para todas as observações experimentais. Como desvantagem, este modelo não considera a perda dos graus de liberdade, devido à estimativa dos efeitos fixos e isso culmina em estimadores viesados (Resende et al., 2014).

Este estimador deve apresentar consistência com propriedade assintótica, e seu valor não deve se alterar devido ao aumento do tamanho amostral, devendo revelar precisão com variância mínima (Johnson e Wichern, 2002).

2.5 Utilização do método GGE biplot na seleção dos genótipos

O método GGE Biplot tem como origem a análise de dados o modelo SREG (Sites Regression), em que é possível identificar as respostas dos genótipos em cada ambiente por meio gráfico GGE (Genotype main effects and Genotype x Environment interaction) (Ramos et al., 2009).

Quando muitos genótipos são testados ao longo de vários anos e locais, muitas vezes é difícil determinar o padrão de resposta genotípica em todos os ambientes sem a ajuda de exibição gráfica dos dados. O método biplot fornece uma solução facilitada para esse problema ao auxiliar o melhorista a trabalhar não somente com a variância proveniente da IGA, por meio de uma abordagem analítica multivariada que graficamente exhibe os dados bidirecionais e permite a visualização dos genótipos e ambientes avaliados e a estratificação ambiental (Yan e Kang, 2003).

Um GGE biplot é formado plotando as pontuações do primeiro componente principal (PC) dos genótipos e os ambientes contra suas respectivas pontuações para o segundo PC resultado da decomposição de valor singular (DVS) de genótipo por ambiente e um biplot bidimensional pode ser gerado, demonstrando eficiência na

explicação da soma dos quadrados da interação quando comparado com análises convencionais de variância (Oliveira et al., 2017).

Esta análise é usada tanto para identificar genótipos adaptados e de alto rendimento em cada ambiente, como também na composição de estratos ou mega-ambientes capazes de gerar recomendações. Na análise, os melhores genótipos devem ter uma grande pontuação PC1 e uma pequena pontuação PC2, e os escores dos componentes principais pela DVS dos efeitos de genótipo (G) + interação (GxA) regionalizadas (Yan et al. 2000).

Melhoristas de plantas utilizam o GGE Biplot como uma ferramenta de análise de estabilidade e seleção de variedades, que respondam de forma otimizada e consistente em todos os ambientes, com o objetivo de incorporá-las em seus programas de melhoramento (Santos et al., 2017).

As IGA existem quando as respostas de dois genótipos para diferentes níveis de estresse ambiental não são paralelas, assim, inúmeros métodos foram desenvolvidos para medir a resposta dos genótipos às mudanças no ambiente (Cheelo et al., 2017). No entanto, GGE Biplot oferece uma forma mais completa de avaliação visual de todos os aspectos dos dados, criando um biplot que representa simultaneamente o desempenho médio e a estabilidade (Yan, 2001).

A aceitação generalizada do GGE Biplot por sua capacidade de avaliar desempenho e estabilidade médios e para identificar mega-ambientes, acabou criando uma necessidade de pesquisa para comparar o GGE Biplot com outras ferramentas de análise de estabilidade já utilizadas tradicionalmente (Musundire et al., 2021).

A análise duplo fatorial utilizada nesta metodologia permite que ambos os eixos estejam na mesma escala, em que o cosseno do ângulo entre os ambientes coincide com correlação genética entre eles, assim, o gráfico gerado ilustra não só o desempenho médio e a estabilidade de cada genótipo, como também o desempenho relativo em cada ambiente, o que diferencia essa análise tornando-a mais proveitosa em relação a outras metodologias biplot (Amira et al., 2013).

O desempenho medido de um genótipo é o resultado de sua composição, o ambiente em que o genótipo é cultivado e a interação entre o genótipo e os ambientes.

Estudos têm mostrado que o ambiente no qual o genótipo é cultivado é a maior fonte de variação com base na contribuição para a soma total dos quadrados (Vianna et al., 2013).

Outra característica significativa do GGE Biplot é a sua capacidade de remover o impacto de ambiente, permitindo que o avaliador se concentre nos dois componentes de desempenho da IGA que são significativos para a condução dos experimentos (Oliveira et al., 2017).

A interpretação do gráfico formado é realizada ao identificar o número de estratos ambientais ou mega-ambientes gerados, as linhas traçadas em cada quadrante que ligam os pontos mais dispersos dos genótipos mais afastados da origem e o polígono formado que contém os pontos de todos os outros genótipos não ligados na linha traçada. Em sequência, é necessário identificar a divisão do polígono em diferentes setores por meio de linhas perpendiculares (Yan e Tinker, 2006).

O genótipo que estiver situado no vértice de cada estrato ou mega-ambiente é considerado o genótipo vencedor para o grupo de ambientes em questão. Este procedimento é capaz de discriminar “qual genótipo ganha onde”, utilizando o critério de identificar em qual ambiente cada genótipo é mais indicado e definir o genótipo ideal (Musundire et al., 2021).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

Foram utilizados 47 genótipos superiores de soja, desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético da UNESP/FCAV Jaboticabal, obtidos por meio de hibridações artificiais entre cultivares, sendo 41 genótipos oriundos de cruzamentos de diferentes genealogias biparentais, 3 de cruzamentos quádruplos e 3 de cruzamentos óctuplos, além de 3 cultivares comerciais (M5947IPRO, AS3680IPRO e TMG 1175 RR) utilizados como testemunhas (Tabela 1).

Tabela 1. Genealogia dos genótipos de soja do Programa de Melhoramento Genético de Soja da FCAV/UNESP Jaboticabal e cultivares comerciais utilizados nos experimentos. Jaboticabal, SP.

Cruzamento	Genótipos Derivados	Cruzamento	Genótipos Derivados
BR-16 x Paraná	1	BR-16 x Ocepar-5	30
FT-Cometa x Bossier	2, 3, 4, 5, 6, 7, 29	JAB.00-05-1/5C3B x M 7211 RR	31
FT-Cometa x IAC-13	8	JAB.00-05-5/4A2D x M 7578 RR	32, 45
FT-Cometa x IAC-10	9	JAB.00-05-1/5C3B x M 7639 RR	33, 37, 38
FT-Cometa x Paraná	10, 11, 12, 13, 14, 15	JAB.00-05-5/4A2D x M 7908 RR	34, 35, 39
EMBRAPA 48 x Conquista	16, 17, 18	JAB.00-06-2/3I3D x M 8236 RR	36, 40
CAC 1 x BR-16	19	JAB.00-01-21/4M1D x M 8336 RR	41, 42
CAC 1 x BR-19	20	JAB.03-3/1H2D x M 8360 RR	43
IAC 17 x BR-16	21	JAB.04-1/5A4D x M 8230 RR	44
CD 204 X Liderança	22	JAB.03-3/1C3D x M 7211 RR	46
(BRS -137 x Hartwig) x (IAC-8-2 x Embrapa 48)	23	JAB.04-1/5A4D x M 7639 RR	47
(Hartwig x BRS-134) x (Coodetec-201 x BRS MS Bacuri)	24	M5947IPRO*	48
(Hartwig x BRS-134) x (Taninung-4 x Renascença)	25	AS3680IPRO*	49
[[Taninung-4 x Renascença) x (FT-Estrela x BRS-134)] x [(EMBRAPA-59 x CD-204) x (CAC-1 x BRS-137)]]	26, 28	TMG 1175 RR*	50
[[[(BR-16 x Taninung-3) x (CAC-1 x BRS-137)] x [(Embrapa-59 x FT-2) x (Conquista x CD-204)]]	27		

3.2 Manejo e condução experimental

Os experimentos foram conduzidos em campo nos anos agrícolas 2018/2019 e 2019/2020 em sistema plantio direto, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Unesp em Jaboticabal, localizada na região norte do Estado de São Paulo, a 21°15' S e 48°18' O, com altitude aproximada de 575 m em Latossolo Vermelho-Escuro eutroférico muito argiloso, de relevo suavemente ondulado. O clima da região é do tipo tropical (Aw) com temperatura média anual de 22,2°C e precipitação média de 1.400 mm (Gazotto et al., 2020).

Para efeito de análise e interpretação, cada ano agrícola foi considerado como um ambiente, sendo, 2018/2019 ambiente 1 e, 2019/2020 ambiente 2. Ainda, por meio da Estação Agroclimatológica da FCAV foram acompanhadas as precipitações

pluviométricas durante a condução dos experimentos, resultante em acumulados de 1.053 mm para ambiente 1 e 1.038 mm para o ambiente 2.

O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso, com duas repetições, sendo mantidas de 12 a 15 plantas por metro linear. Cada parcela experimental foi composta por quatro linhas de 5 m de comprimento espaçadas de 0,5 m entre si, considerando como área útil as duas linhas centrais e desprezando-se 0,5 m de cada extremidade das linhas (totalizando 4,0 m²). As adubações, manejo e controle fitossanitário seguiram as recomendações para a cultura da soja (Embrapa, 2014).

3.3 Caracteres avaliados

A caracterização fenotípica foi realizada por meio da avaliação dos seguintes caracteres agrônômicos: número de dias entre a emergência e estágio R8 (NDM); número de dias entre a emergência até o estágio R1-R2 (NDF); altura de plantas na maturidade, média aritmética da medida em centímetros do colo até a extremidade da haste principal de cinco plantas aleatórias na área útil das parcelas (APM); acamamento avaliado por meio de escala visual de notas, 1 = plantas totalmente eretas, à 5 = plantas acamadas (Ac); peso de mil grãos obtido pela média do peso de quatro amostras com 1000 grãos (PMG); teor de óleo (ÓLEO) determinado em amostras de grãos íntegros de soja pela técnica da Refletância do Infravermelho Próximo; produtividade obtida pelo peso dos grãos colhidos na área útil das parcelas extrapolado em kg.ha⁻¹, sendo corrigido a 13% de umidade dos grãos (PROD).

3.4 Análises de variância e análises de correlações

Visando a seleção dos genótipos mais adaptados e estáveis aos ambientes, para fins de modelagem foram considerados ambiente como aleatório e genótipos como fixos, em que a avaliação da variabilidade genética entre os tratamentos (testemunhas e genótipos) consistiu na análise de variância dos efeitos principais e da interação entre as fontes de variação pelo teste F. As médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, sendo os dados de Acamamento (Ac) transformados por meio de ($\sqrt{x}$).

Adicionalmente, foi avaliada a magnitude e o sentido das associações entre as variáveis pela correlação linear simples de Pearson, mantendo na análise a representação de caracteres com número de condição alto, definido pela razão entre o maior e o menor autovalor da matriz (Cruz et al., 2014).

As matrizes de correlação foram analisadas criando redes de correlação ponderada, nas quais as conexões entre as variáveis são determinadas pela "matriz adjacente" $A = h(R)$, com a seguinte função:

$$h(r_{ij}) = \frac{1}{2} \{ \text{sgn}(|r_{ij}| - \rho) + 1 \}$$

Em que: ρ é o parâmetro de "limite rígido", que foi definido como nulo, de modo que todas as conexões entre variáveis possam ser vistas. No entanto, a espessura das bordas foi controlada pela aplicação de um valor de corte igual a 0,3, o que significa que apenas $|r_{ij}| \geq 0,3$ têm suas arestas em destaque. O algoritmo de Fruchterman-Reingold (Fruchterman e Reingold, 1991) foi usado para criar um layout direcionado, em que a proximidade entre os nós (características) é proporcional ao valor absoluto de correlação entre esses nós, indicando correlações positivas coloridas em verde escuro, enquanto as negativas foram representadas em vermelho.

Todas as análises foram feitas utilizando o programa computacional estatístico Genes, versão 2020 (Cruz, 2013) e software R, Versão 3.1.2 para utilização da rede de correlações fenotípicas do pacote "Qgraph" (Epskamp et al., 2012).

3.5 Análises de adaptabilidade e estabilidade

Após verificar a significância da interação genótipos x ambientes, foram realizadas as análises de adaptabilidade e estabilidade dos 50 genótipos de soja, pelas metodologias GGE Biplot (Yan et al., 2000) pelo RStudio (Rstudio Team, 2017), e MHPRVG para modelos mistos (Resende, 2006) pelo software Selegen.

O método GGE Biplot considera o efeito do genótipo e da sua interação com os anos, assim, os efeitos dos ambientes foram considerados como fixos, enquanto que os efeitos dos genótipos foram considerados como aleatórios, pois apenas o

efeito principal de genótipo e da IGA são importantes e interpretados simultaneamente em dois termos multiplicativos, podendo ser observado na seguinte equação:

$$Y_{ijk} = m + g_i + l_k + g_{lik} + r_{j/k} + e_{ijk}$$

Em que: Y_{ijk} = é o valor observado no i-ésimo genótipo, j-ésima repetição, no k-ésimo local; m = é a média geral; g_i = é o efeito do i-ésimo genótipo; l_k = é o efeito do k-ésimo local; g_{lik} = é o efeito da interação do i-ésimo genótipo com o k-ésimo local; $r_{j/k}$ = é o efeito da j-ésima repetição dentro do k-ésimo local, e_{ijk} = erro.

A realização desta análise assumindo os genótipos como aleatórios, foi atribuída somente às variáveis de maior importância para seleção neste estudo, PROD e ÓLEO, considerando o ano 2018/2019 como Ambiente 1 e o ano 2019/2020 como Ambiente 2.

Para a análise de Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP) foi utilizado o modelo estatístico de avaliação genética pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos:

$$y = Xr + Zg + Wb + e$$

Em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos, b é o vetor dos efeitos de blocos, e é o vetor de erros ou resíduos. As letras maiúsculas na fórmula representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Este modelo estatístico permite obter inferências conjuntas de adaptabilidade e estabilidade pelo ranking obtido da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG), pelo ganho genético acumulado (GA) com as gerações de seleção:

$$GA = \text{nova média} + g - (u + g)$$

Em que: GA é o ganho genético acumulado, nova média = média geral da produtividade, g é o efeito genético aditivo, $(u + g)$ é o valor genético aditivo.

Desta forma, ao corrigir simultaneamente os dados para os efeitos ambientais, estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos, em que se objetiva maximizar o ganho genético e a eficiência dos programas de melhoramento, garante

a capacidade de avaliar muitos genitores, sendo promissor em intensidade de seleção em termos de ganho (Resende, 2007).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média geral de produtividade de soja do experimento para os dois ambientes foi de 3326,59 kg.ha⁻¹. Na Tabela 2 é apresentada a análise de variância dos efeitos principais e da interação entre as fontes de variação para cada caráter agrônomo avaliado.

A análise de variância conjunta apresentou interação genótipo x ambiente significativa para a maioria dos caracteres agrônômicos avaliados, com exceção de peso de mil grãos e teor de óleo indicando que os anos de cultivo devem ser considerados como ambientes distintos para os caracteres significativos.

Os coeficientes de variação obtidos nos experimentos avaliados foram de baixa magnitude (CV ≤11,51%), permitindo considerar que os experimentos apresentaram boa acurácia e que não ocorrem grandes interferências de fatores não controlados (Tabela 2). Soares et al. (2017) confirmam que a constância no desempenho de experimentos que envolvem ambientes, justifica a boa precisão dos dados, e que resulta em baixos índices de CV, os quais obtiveram índices em torno de 8,45%. Para a fonte de variação genótipos (tratamentos), todos os caracteres avaliados foram significativos, indicando a variabilidade presente entre os mesmos.

Tabela 2. Quadrados médios (QM) e suas respectivas significâncias obtidas na análise de variância para os caracteres: número de dias para florescimento (NDF), número de dias para maturidade (NDM), altura de plantas na maturidade (APM), acamamento (Ac), peso de mil grãos (PMG), teor de óleo (OLEO) e produtividade de grãos (PROD) de 50 genótipos de soja nos anos agrícolas 2018/2019 e 2019/2020. Jaboticabal, SP.

FV	GL	QM						
		NDF	NDM	APM	Ac ¹	PC	OLEO	PROD
Bloco	3	2,10	5,30	178,91	0,01	1,66	0,84	317555,22
Genótipo	49	113,45**	80,43**	950,48**	0,12**	15,28*	3,78**	668965,27**
Ambiente	1	1176,12**	1095,12**	35154,91**	2,26**	16,84 ^{ns}	24,73*	139860,20 ^{ns}
IGA	49	8,38**	17,49**	126,96*	0,05**	1,12 ^{ns}	0,43 ^{ns}	260651,68**
Resíduo	98	4,77	6,25	76,40	0,02	0,77	0,51	47774,99
Total	199							
Média		50,71	118	75,90	1,64	13,22	21,16	3326,59
CV(%)		4,31	2,12	11,51	9,56	6,64	3,40	6,57

¹ notas de 1 a 5; ** Significativo a 1% de probabilidade; *significativo a 5% de probabilidade; ns não significativo; CV(%) coeficiente de variação em porcentagem; Média = média geral do experimento.

Para os genótipos houve interação significativa para todos a 1% de probabilidade, o que indica que apesar do alto número de genótipos obtiveram diferença entre si. Para ambiente, os caracteres que não obtiveram diferença significativa foram PMG e PROD, que leva considerar que o ambiente não interferiu na performance da planta, sendo para o melhoramento uma condição favorável em que apresenta constância e estabilidade entre os ambientes. Ao analisar a IGA, o caráter PROD apresentou significância a 1% de probabilidade, sendo que para OLEO e PMG o teste foi não significativo, corroborando Bonato et al., (2000) ao concluir que estes caracteres não sofrem alta influência do ambiente, não variando muito com o avanço das gerações, possuem inter-relação entre a biossíntese de ambos os compostos determinado principalmente pela ação aditiva dos genes e alta herdabilidade. Assim, melhoristas visam buscar em seus programas de melhoramento genótipos que possuam altos valores de óleo ou proteína, sendo estes caracteres inversamente proporcionais (Calçado et al., 2019).

Como o efeito de genótipos foi significativo para todos os caracteres, para melhor ilustração da diferença entre os mesmos, as comparações de médias dos genótipos pelo teste de Scott & Knott foram representadas em tabela de médias (Tabela 3) e gráficos de dispersão (Figuras 1, 2 3 e 4).

Observa-se que para o grupamento dos ciclos em NDF (Figura 1) e NDM (Figura 2), os genótipos 4, 48 e 49 apresentaram menor número de dias, indicando maior precocidade nos dois ambientes. Por sua vez, os genótipos 18, 36, 43 e 47 que apresentaram maior NDF se comportaram como os mais tardios quando analisados em NDM nos dois ambientes de cultivo. Storck e Ribeiro (2011), relacionam que a expressão fenotípica em NDM está relacionada a altos valores de herdabilidade, indicando grande potencial de seleção de genótipos de soja.

Tabela 3. Médias das variáveis de número de dias ao florescimento (NDF), número de dias a maturidade (NDM), altura de plantas na maturidade, acamamento (Ac), peso de mil grãos em g (PMG), produtividade em Kg ha⁻¹ (PROD) e teor de óleo em % (ÓLEO) dos 50 genótipos de soja em dois ambientes.

Genótipos	Ambiente 1							Ambiente 2						
	NDF	NDM	APM	Ac	PMG	PROD	ÓLEO	NDF	NDM	APM	Ac	PMG	PROD	ÓLEO
G1	45 c	109 c	44 d	1,7 b	135 c	3010 d	21,3 a	47 d	119 b	36 d	1,4 c	148 b	2840 c	21,5 a
G2	51 b	114 b	85 c	1,8 a	133 c	3052 d	19,8 b	56 b	121 b	68 c	1,4 c	153 b	4141 a	20,8 b
G3	52 b	120 a	123 a	2,3 a	138 c	2763 e	19,9 b	56 b	122 a	115 a	1,8 b	155 b	2934 c	20,9 b
G4	34 e	107 d	103 b	1,6 b	118 d	2628 e	21,9 a	43 e	112 c	70 c	1,6 c	130 c	3117 c	22,5 a
G5	52 b	116 b	83 c	1,7 b	146 c	3477 c	21,0 a	56 b	117 b	58 c	1,4 c	152 b	3533 b	21,6 a
G6	54 b	121 a	84 c	1,7 b	103 e	3480 c	19,9 b	58 b	120 b	56 d	1,6 c	106 d	3019 c	21,8 a
G7	44 d	107 d	104 b	2,0 a	125 d	2908 d	20,0 b	53 c	119 b	49 d	1,5 c	139 c	2471 c	20,5 b
G8	34 e	107 d	115 a	1,8 a	129 d	3580 c	24,4 a	47 d	116 b	84 b	1,5 c	126 c	2463 c	22,6 a
G9	46 c	120 a	93 b	2,1 a	98 e	2725 e	18,1 b	52 c	122 a	69 c	1,6 c	106 d	3493 b	17,2 d
G10	52 b	116 b	117 a	2,1 a	133 c	2657 e	20,7 b	52 c	118 b	94 b	1,7 b	136 c	3316 c	21,7 a
G11	48 c	118 a	103 b	2,2 a	94 e	2982 d	19,6 b	51 c	118 b	80 b	1,7 b	108 d	3552 b	21,1 b
G12	48 c	119 a	87 c	1,6 b	109 e	3366 c	19,9 b	58 b	124 a	63 b	1,7 b	127 c	2898 c	21,2 b
G13	50 c	120 a	92 b	2,0 a	106 e	3053 d	20,4 b	55 c	123 a	65 c	1,4 c	118 d	3107 c	21,0 b
G14	50 c	116 b	67 d	1,7 b	127 d	3091 d	19,9 b	53 c	122 a	69 c	1,7 b	150 b	2917 c	21,3 b
G15	40 d	115 b	88 c	1,6 b	152 b	3213 d	20,9 a	44 d	119 b	43 c	1,4 c	160 b	2440 c	20,8 b
G16	48 c	104 e	59 d	1,4 b	153 b	3171 d	22,0 a	53 c	118 b	41 d	1,4 c	154 b	3076 c	22,1 a
G17	48 c	104 e	55 d	1,7 b	143 c	3356 c	21,9 a	53 c	114 c	49 d	1,5 c	157 b	3120 c	22,6 a
G18	60 a	121 a	88 c	1,8 a	155 b	3501 c	21,0 a	60 a	116 b	68 d	1,8 b	134 c	3971 a	21,0 b

Continuação...

Genótipos	Ambiente 1							Ambiente 2						
	NDF	NDM	APM	Ac	PMG	PROD	ÓLEO	NDF	NDM	APM	Ac	PMG	PROD	ÓLEO
G19	47 c	115 b	91 b	1,6 b	98 e	2938 d	20,0 b	51 c	120 b	49 c	1,6 c	128 c	2996 c	21,7 a
G20	50 c	118 a	109 a	2,0 a	139 c	3094 d	20,2 b	59 b	124 a	61 d	1,4 c	137 c	2813 c	20,9 b
G21	45 c	111 c	61 d	1,4 b	210 a	2924 d	20,3 b	51 c	122 a	46 c	1,4 c	184 a	4053 a	20,8 b
G22	47 c	109 c	72 c	1,4 b	142 c	3536 c	20,2 b	54 c	120 b	51 d	1,4 c	152 b	3545 b	21,8 a
G23	52 b	121 a	98 b	2,1 a	116 d	3352 c	18,9 b	54 c	124 a	66 d	1,5 c	128 c	3734 b	20,1 c
G24	50 c	119 a	81 c	1,7 b	163 b	3662 c	21,0 a	59 b	126 a	65 c	1,4 c	160 b	3737 b	21,9 a
G25	50 c	120 a	84 c	2,0 a	145 c	3585 c	20,2 b	52 c	122 a	58 c	1,4 c	144 b	3528 b	21,9 a
G26	53 b	119 a	84 c	1,8 a	149 b	2740 e	20,7 b	58 b	124 a	68 c	1,4 c	147 b	3934 a	21,5 a
G27	45 c	111 c	72 c	1,4 b	103 e	3349 c	20,6 b	50 c	118 b	47 d	1,6 b	118 d	3269 c	21,3 b
G28	52 b	118 a	94 b	1,6 b	109 e	3162 d	19,2 b	57 b	129 a	67 c	1,5 c	111 d	5391 b	19,7 c
G29	41 d	107 d	86 c	1,7 b	142 c	3702 c	20,6 b	55 c	120 b	63 c	1,5 c	149 b	3692 b	21,2 b
G30	40 d	109 c	77 c	1,6 b	159 b	4666 a	20,2 b	42 e	120 b	55 d	1,4 c	181 a	4350 a	20,9 b
G31	49 c	121 a	98 b	2,1 a	119 d	3119 d	20,4 b	55 c	128 a	54 d	1,7 b	114 d	2776 c	22,0 a
G32	48 c	119 a	125 a	2,4 a	119 d	4872 a	20,8 b	53 c	123 a	106 a	2,2 a	120 d	4439 a	21,7 a
G33	49 c	116 b	98 b	1,4 b	109 e	2945 d	21,9 a	53 c	120 b	61 c	1,4 c	125 c	3164 c	23,1 a
G34	50 c	120 a	83 c	1,7 b	131 c	3759 b	21,0 a	56 b	124 a	62 c	1,5 c	138 c	3736 b	22,2 a
G35	49 c	118 a	93 b	1,6 b	168 b	3274 d	21,4 a	58 b	123 a	54 d	1,5 c	155 b	4210 a	22,4 a
G36	56 a	122 a	101 b	1,7 b	96 e	3380 c	19,5 b	63 a	128 a	83 b	2,0 a	114 d	3385 c	20,6 b
G37	50 c	117 b	93 b	1,6 b	107 e	2591 e	21,6 a	52 c	121 b	60 c	1,4 c	122 d	3279 c	22,2 a
G38	50 c	119 a	96 b	1,7 b	116 d	3999 b	21,5 a	54 c	114 c	58 c	1,5 c	120 d	3347 c	22,0 a

Continuação...

Genótipos	Ambiente 1							Ambiente 2						
	NDF	NDM	APM	Ac	PMG	PROD	ÓLEO	NDF	NDM	APM	Ac	PMG	PROD	ÓLEO
G39	51 b	117 b	80 c	1,8 a	121 d	2967 d	21,3 a	57 b	119 b	58 c	1,4 c	136 c	3475 b	21,3 b
G40	50 c	121 a	75 c	2,0 a	122 d	3479 c	21,2 a	56 b	121 b	57 c	1,5 c	120 d	3935 a	22,0 a
G41	48 c	113 b	86 c	1,4 b	136 c	3929 b	20,4 b	54 c	119 b	51 d	1,5 c	146 b	3291 c	21,7 a
G42	48 c	116 b	80 c	2,0 a	137 c	3485 c	20,3 b	54 c	120 b	61 c	1,6 c	133 c	3518 b	21,3 b
G43	56 a	121 a	95 b	1,8 a	106 e	2818 e	19,5 b	59 b	126 a	61 c	1,5 c	105 d	3066 c	19,8 c
G44	49 c	121 a	69 d	1,7 b	130 d	4097 b	22,4 a	55 c	123 a	46 d	1,4 c	131 c	3241 c	23,3 a
G45	54 b	121 a	96 b	1,8 a	116 d	2899 d	21,0 a	56 b	124 a	53 d	1,5 c	116 d	3065 c	21,3 a
G46	46 c	115 b	72 c	1,6 b	138 c	3479 c	21,8 a	56 b	122 a	48 d	1,4 c	152 b	3387 c	22,2 b
G47	58 a	121 a	113 a	1,7 b	118 d	3275 d	21,0 a	65 a	125 a	76 b	1,5 c	128 c	2984 c	21,8 a
G48	34 e	104 e	83 c	1,6 b	140 c	3056 d	22,3 a	39 e	109 c	65 c	1,7 b	145 b	2849 c	22,0 a
G49	37 e	104 e	92 b	1,7 b	117 d	2380 e	21,5 a	39 e	111 c	69 c	1,7 b	126 c	2990 c	22,3 a
G50	44 d	114 b	119 a	1,4 b	126 d	3654 c	22,4 a	46 d	118 b	87 b	1,6 c	126 c	3840 b	22,7 a

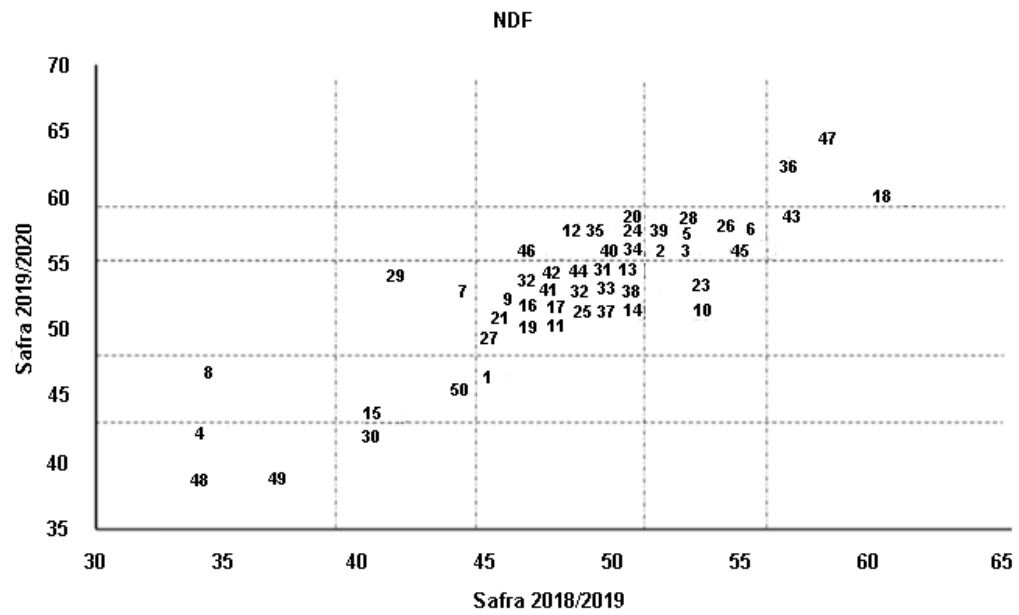


Figura 1. Projeção de 50 genótipos de soja em função dos ambientes para o caráter NDF. As linhas pontilhadas nos eixos x e y, representam o ponto de separação dos diferentes grupos de acordo com o teste de agrupamento Scott-Knott à 5% de probabilidade.

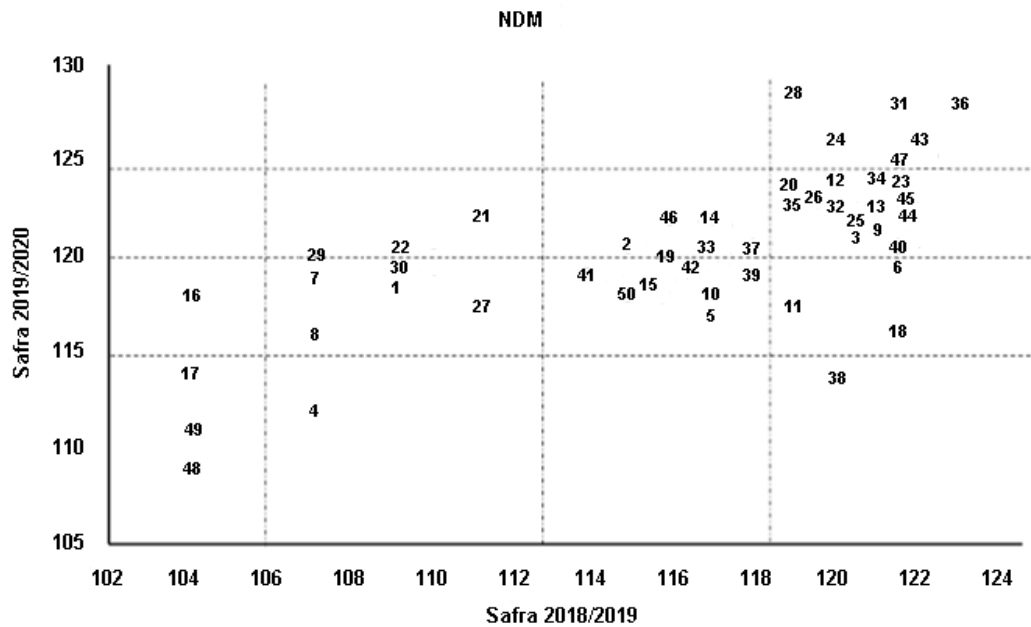


Figura 2. Projeção de 50 genótipos de soja em função dos ambientes para o caráter NDM. As linhas pontilhadas nos eixos x e y, representam o ponto de separação dos diferentes grupos de acordo com o teste de agrupamento Scott-Knott à 5% de probabilidade.

Plantas de soja que atingem altura ≥ 100 cm ficam sujeitas ao acamamento, dificultando o processo de colheita e consequentemente ocasionando perdas de grãos, sendo considerado em torno de 80 cm a altura ideal de uma planta de soja em fase de maturidade (Peluzio et al., 2014).

Nas Figura 3, foi possível observar que os genótipos 1, 16, 17, 21 e 44, representados na Figura 4, apresentam altura menor e estão entre as menores notas de acamamento indicando porte mais ereto, enquanto o genótipo 32 apresenta maior altura e alto acamamento para os dois caracteres. De acordo com Leite et al. (2016), as seleções de plantas mais altas na maturidade, desde que não ocorra processo de acamamento, resultam em plantas mais produtivas, em função da maior área útil disponível para formação dos nós produtivos, explicando assim, o fato do genótipo 32 apresentar também a maior produtividade.

A comparação das médias entre APM e Ac, estão representadas por gráfico de dispersão (Figura 3 e 4)

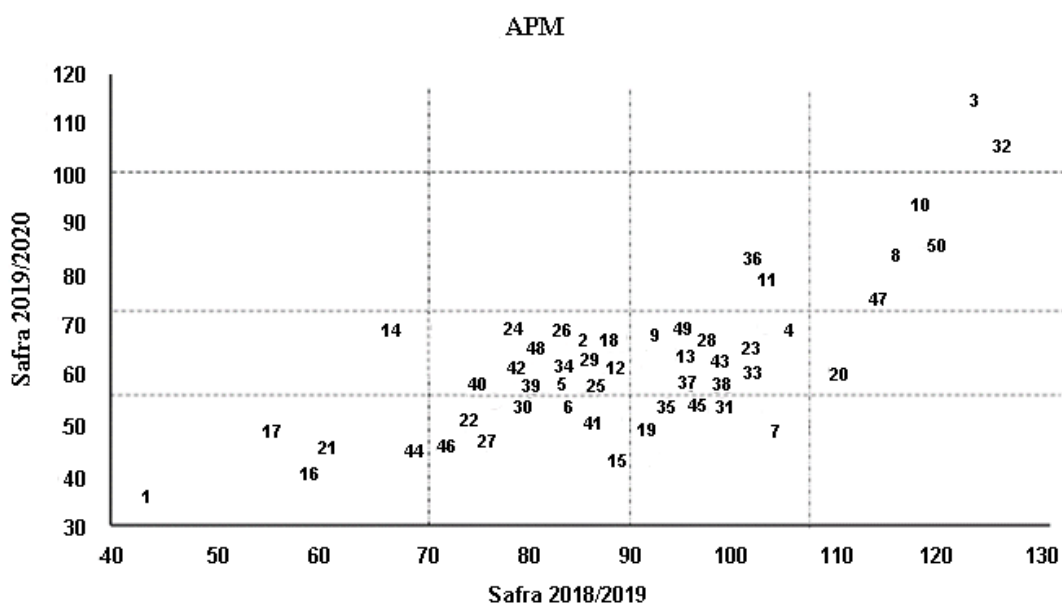


Figura 3. Projeção de 50 genótipos de soja em função dos ambientes para o caráter APM. As linhas pontilhadas nos eixos x e y, representam o ponto de separação dos diferentes grupos de acordo com o teste de agrupamento Scott-Knott à 5% de probabilidade.

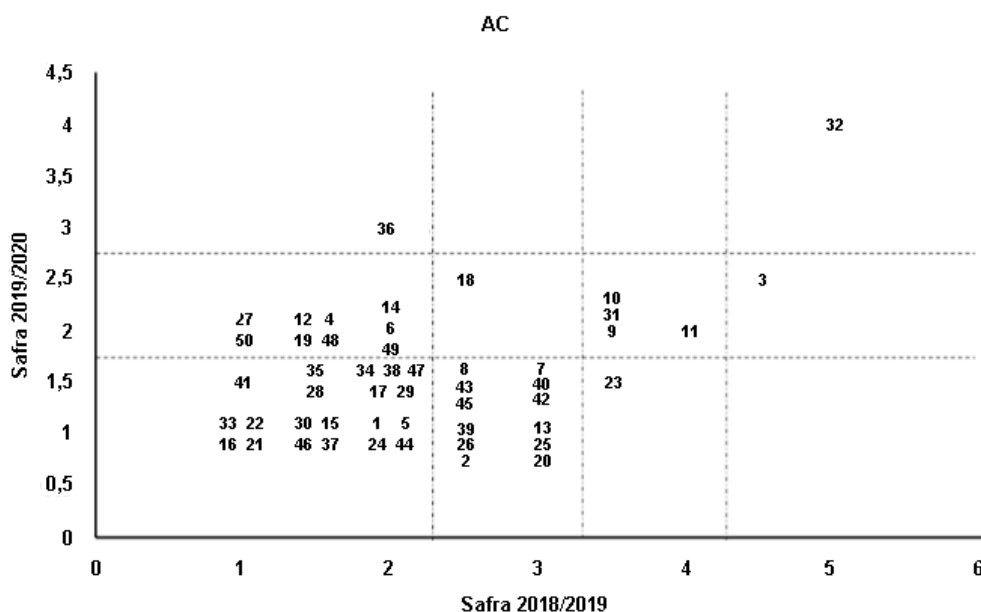


Figura 4. Projeção de 50 genótipos de soja em função dos ambientes para o caráter Ac. As linhas pontilhadas nos eixos x e y, representam o ponto de separação dos diferentes grupos de acordo com o teste de agrupamento Scott-Knott à 5% de probabilidade.

De acordo com Carpici e Celik (2012), os coeficientes de correlação podem ser classificados conforme sua magnitude, sendo: correlação nula ($r=0$), fraca ($0 < |r| \leq 0,30$), média ($0,30 < |r| \leq 0,60$), forte ($0,60 < |r| \leq 0,90$), fortíssima ($0,90 < |r| \leq 1$) e perfeita ($|r| = 1$). A espessura das linhas foi controlada aplicando um valor de corte igual a 0,3, onde apenas $|r_{ij}| \geq 0,3$ tiveram suas linhas realçadas de forma proporcional a intensidade da correlação. Correlações fenotípicas forte ($r > 0,60$) de acordo com a classificação de magnitude foram encontradas entre NDF e NDM e entre APM e Ac na Figura 5.

Para os caracteres NDF e NDM verificou-se correlação significativa, positiva de forte magnitude, semelhante ao encontrado por Almeida et al., (2010), verificaram que a soja influenciada pelo fotoperíodo, é sensível a época de semeadura podendo ocorrer alterações na arquitetura, comportamento e rendimento da planta.

Corroborando o encontrado por Salimi e Moradi (2012), houve correlação significativa e negativa entre APM e PMG, pois a planta ao demandar maior quantidade de fotoassimilados para seu crescimento, pode causar redução no peso do grão.

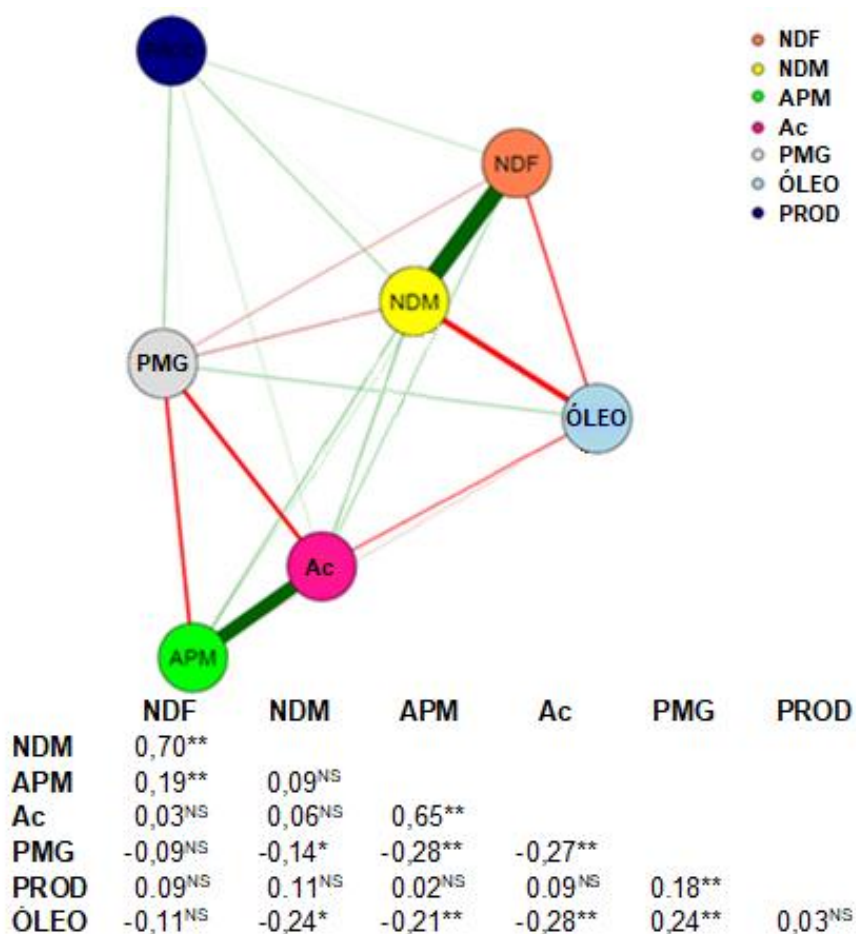


Figura 5. Rede de correlações fenotípicas entre os caracteres NDF, NDM, APM, Ac, PMG, ÓLEO e PROD dos 50 genótipos de soja em função dos ambientes 1 e 2. As linhas verdes representam correlação positiva entre as variáveis e linhas vermelhas correlação negativa.

Análises de adaptabilidade e estabilidade

O método de modelos mistos utilizando as estimativas por MHPRVG, gera resultados que podem ser interpretados diretamente como valores genotípicos, já penalizados ou descontados pelas estimativas de estabilidade e adaptabilidade.

Segundo Melo (2009), a análise do Coeficiente de Variação deve ser considerada de acordo com a cultura estudada, sendo que, geralmente adota-se como critério considerar em experimentos de VCU, coeficientes de variação experimental (CvE) inferiores ou iguais a 20% como sendo ideais.

Tabela 3. Análise REML da Média Harmônica dos Valores Genotípicos (MHVG), por meio dos componentes de variância e parâmetros genéticos para os caracteres agrônômicos avaliados. Jaboticabal, SP.

Componente	NDF (dias)	NDM (dias)	APM (cm)	Ac ¹	PC (g)	PROD (kg ha ⁻¹)	ÓLEO (%)
Ambiente 1							
σ^2_g	29,65	15,27	255,50	0,64	4,29	229018,78	0,75
σ^2_b	0,53	1,14	10,28	0,05	0,12	1623,27	0,09
σ^2_e	4,25	9,11	82,24	0,46	0,97	12986,29	0,77
σ^2_f	34,43	25,52	348,03	1,17	5,38	243628,26	1,63
h^2	0,86 ± 0,26	0,56 ± 0,20	0,73 ± 0,24	0,54 ± 0,20	0,79 ± 0,25	0,94 ± 0,27	0,46 ± 0,19
c^2_b	0,01	0,04	0,02	0,05	0,02	0,01	0,05
$h^2_{m lin}$	0,93	0,73	0,86	0,73	0,89	0,97	0,66
Ac	0,96	0,84	0,92	0,85	0,94	0,98	0,81
CV_g	11,27	4,48	17,92	16,16	16,01	14,50	4,18
CV_e	4,26	2,57	10,16	10,86	7,62	3,45	4,23
CV_g/CV_e	2,65	1,5	1,76	1,48	2,10	4,20	0,99
PEV	1,98	3,15	53,42	0,17	0,43	6314,08	0,25
SEP	1,40	1,74	5,95	0,41	0,66	79,46	0,50
M	48,29	115,49	89,18	2,22	12,93	3.300,14	20,81
Ambiente 2							
σ^2_g	26,48	12,1	204,69	0,26	3,14	188006,01	0,83
σ^2_b	0,66	1,27	8,78	0,02	0,07	10321,16	0,03
σ^2_e	5,3	10,16	70,28	0,21	0,57	82569,31	0,26
σ^2_f	32,45	23,54	283,76	0,5	3,78	280896,49	1,12
h^2	0,81 ± 0,25	0,51 ± 0,20	0,72 ± 0,24	0,51 ± 0,20	0,82 ± 0,25	0,66 ± 0,23	0,73 ± 0,24
c^2_b	0,02	0,05	0,03	0,05	0,01	0,03	0,02
$h^2_{m lin}$	0,9	0,7	0,85	0,7	0,91	0,81	0,86
Ac	0,95	0,83	0,92	0,84	0,95	0,9	0,92
CV_g	9,68	2,89	19,83	19,5	13,11	12,93	4,23
CV_e	4,33	2,64	13,38	13,47	5,59	8,56	2,37
CV_g/CV_e	2,24	1,09	1,48	1,44	2,35	1,51	1,78
PEV	2,41	3,58	29,99	0,07	0,26	33851,19	0,11
SEP	1,55	1,89	5,47	0,27	0,51	183,98	0,33
M	53,14	120,34	62,65	1,57	13,51	3353,03	21,51

¹notas de 1 a 5; σ^2_g : Variância genotípica; σ^2_b : Variância entre blocos; σ^2_e : Variância residual ambiental; σ^2_f : Variância fenotípica; h^2 : Herdabilidade dos efeitos genotípicos; c^2_b : coeficiente de determinação dos efeitos de bloco; $h^2_{m|lin}$: herdabilidade da média de linhagem; Ac: acurácia da seleção de genótipos; CV_g : coeficiente de variação genético; CV_e : coeficiente de variação ambiental; CV_g/CV_e : Razão; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito; μ : Média geral.

Na Tabela 3, verifica-se pelos resultados de MHVG que no Ambiente 1, o coeficiente de variação ambiental (C_{Ve}) teve variação de 2,57% (NDM) a 10,86% (Ac), enquanto no Ambiente 2 apresentou variação de 2,64% (NDM) a 13,47% (Ac). Por se tratar das mesmas variáveis e amplitude de variação semelhante, observa-se similaridade de comportamento das cultivares quanto aos ambientes estudados. Resultados similares foram obtidos por Tadege et al., (2014).

O coeficiente de herdabilidade (h^2) consiste na proporção da variância genética em relação à variância fenotípica. A precisão de seleção está relacionada aos valores determinados para dado caráter, sendo os coeficientes de herdabilidade classificados como: baixo < 0,2; médio 0,2 a 0,5 e alto > 0,5, obtendo-se maior sucesso na seleção de caracteres com maiores coeficientes (Ramalho et al., 2012).

De acordo com Melo (2009), valores elevados de coeficiente de variação genético (CV_g) são desejáveis, sendo definido como parâmetro que permite inferir sobre a magnitude da variabilidade genética presente na população para um determinado caráter, ao quantificar a magnitude da variação genética disponível para seleção. Os valores obtidos para os coeficientes de variação genético (CV_g) (Tabela 3) variaram de 4,18 (PROT %) a 17,92 (APM) no Ambiente 1 e de 2,89 (NDM %) a 19,83 (APM) no Ambiente 2.

Exceto para OLEO (Tabela 3), que apresentou variação entre os ambientes quanto ao valor de h^2 média no Ambiente 1, as outras variáveis permaneceram com valores de alta herdabilidade, como a variável PROD que ao apresentar valor de h^2 94% indica perspectivas de sucesso pela seleção fenotípica, o que pode ser confirmado com os valores maiores que 1,0 (um) apresentados por todas variáveis no quociente CV_g/C_{Ve}, que consiste em um indicativo de boa condição de seleção dos genótipos para o caráter, propiciado pela indicação de maior variância genética do que ambiental (Resende, 2006).

O sucesso alcançado pela alta produtividade da soja está diretamente ligado à diversos fatores como a heterogeneidade do solo, material experimental, as competições dentro e entre parcelas, amostragem e tamanho das parcelas, etc. (Resende, 2006). O valor de acurácia (Tabela 3) considerando os dois ambientes apresentou valores superior a 76% em PROT, atingindo 98% em PROD. Estes valores

de acurácia indicam credibilidade e segurança na seleção de genótipos superiores quanto aos caracteres avaliados (Pimentel-Gomes, 2000).

A análise por modelos mistos permite avaliar os genótipos entre os ambientes, classificando-os de acordo com as variáveis analisadas (Gonçalves et al., 2014). Para melhor determinação dos genótipos mais estáveis e adaptados, foi utilizado o método MHPRGV para predição dos valores genotípicos de OLEO e PROD, visando seleção de dez melhores genótipos nos Ambientes 1 e 2 (Tabela 4), conforme pressão de seleção de 20% recomendada pelo Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento.

Tabela 4. Análise de Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG), para classificação decrescente dos 10 melhores genótipos avaliados nos Ambientes 1 e 2. Jaboticabal, SP.

Genótipo	<i>g</i>	<i>u + g</i>	GA	Nova média	Genótipo	<i>g</i>	<i>u + g</i>	GA	Nova média
Ambiente 1					Ambiente 2				
Produção de grãos (kg ha ⁻¹)									
32	1529,3	4829,4	1529,3	4829,4	32	891,2	4244,2	891,2	4244,2
30	1329,1	4629,2	1429,2	4729,3	30	817,7	4170,7	854,4	4207,5
44	775,3	4075,5	1211,2	4511,4	35	703,2	4056,3	804,0	4157,1
38	680,2	3980,3	1078,5	4378,6	2	646,8	3999,8	764,7	4117,8
41	612,5	3912,6	985,3	4285,4	21	574,6	3927,6	726,7	4079,7
50*	539,3	3839,4	910,9	4211,1	18	506,8	3859,9	690,1	4043,1
34	446,3	3746,5	844,6	4144,7	40	478,0	3831,0	659,8	4012,8
42	423,1	3723,2	791,9	4092,0	26	476,5	3829,6	636,9	3989,9
29	391,0	3691,1	747,3	4047,5	50*	399,7	3752,7	610,5	3963,5
24	352,3	3652,5	707,8	4008,0	24	314,9	3668,0	580,9	3934,0
Teor de óleo (%)									
8	2,43	23,24	2,43	23,24	44	1,55	23,07	1,55	23,07
44	1,11	21,92	1,77	22,58	33	1,38	22,90	1,47	22,98
50*	1,06	21,87	1,53	22,34	50*	1,03	22,55	1,32	22,84
48*	0,99	21,81	1,40	22,21	8	0,98	22,50	1,24	22,75
16	0,84	21,66	1,29	22,10	17	0,95	22,47	1,18	22,70
17	0,75	21,57	1,20	22,01	4	0,89	22,41	1,13	22,65
33	0,74	21,56	1,13	21,95	35	0,77	22,29	1,08	22,60
4	0,71	21,53	1,08	21,89	49*	0,68	22,20	1,03	22,55
46	0,70	21,52	1,04	21,85	34	0,62	22,14	0,98	22,50
37	0,57	21,39	0,99	21,80	37	0,60	22,12	0,95	22,46

g: Efeito genético aditivo; *u+g*: Valor genético aditivo; GA: Ganho genético acumulado; *u*: média geral: produtividade = 3326,59; teor de óleo = 21,16; *: testemunhas.

Na Tabela 4, encontra-se apresentado o desempenho dos melhores genótipos relacionados à estabilidade e adaptabilidade. Segundo Condé et al., (2010), o conceito atribuído à estabilidade é definido como a constância de desempenho do genótipo através dos ambientes, não respondendo de forma desfavorável aos estímulos ambientais. Os genótipos 32, 30, 50 e 24 apresentaram repetição de desempenho nos dois ambientes no ordenamento dos dez melhores genótipos.

A partir da análise dos valores genotípicos previstos para a produção de grãos (Tabela 4), os ganhos preditos com a seleção dos dez genótipos superiores e com maiores médias baseado no efeito aditivo, obteve ganho genético variando de 707,8 kg ha⁻¹ a 1529,3 kg ha⁻¹ no Ambiente 1 e de 580,9 kg ha⁻¹ a 891,2 kg ha⁻¹ no Ambiente 2.

Os dez melhores genótipos selecionados nos dois ambientes considerando a Nova Média obtida para produção de grãos, superaram a média da produtividade de soja obtida no Estado de São Paulo (CONAB, 2020), evidenciando que os genótipos selecionados mais produtivos também foram os mais estáveis e adaptados por esse método.

De acordo com Bornhofen et al. (2017), genótipos estáveis não são necessariamente mais produtivos. Entretanto, os genótipos 32 e 30 lideram o ranking da análise de adaptabilidade e estabilidade como os genótipos mais produtivos e também apresentaram melhor desempenho pela análise da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG), pelo método de modelos mistos utilizando REML/BLUP.

Conforme mencionado, devido à necessidade de selecionar genótipos superiores do ponto de vista de produtividade, aliados às características específicas para o mercado consumidor, como alto teor de óleo (Peluzio et al., 2014), os genótipos foram classificados quanto ao desempenho apresentado nos dois ambientes (Tabela 4) para OLEO.

Pelo método MHPRVG foi possível verificar que a condução dos experimentos foi favorável em relação a estabilidade dos ambientes. O teor de óleo obteve constância na variabilidade fenotípica. Os genótipos 8, 44, 50, 17, 33, 4 e 37, mantiveram-se na seleção entre os dez melhores nos dois ambientes para teor de

óleo. Para o caráter produtividade, os genótipos 32, 30, 50 e 24 apresentaram maior estabilidade produtiva nos dois ambientes de cultivo.

De modo a auxiliar a seleção visual dos melhores genótipos, foi utilizado o método GGE biplot, que tem como parâmetro a plotagem dos escores associados aos ambientes e aos genótipos, apresentando os valores das projeções nos eixos das ordenadas e abscissas, gerando um ordenamento pela estabilidade e desempenho produtivo (Soares et al., 2017).

Na Figura 6 representada com os escores de teor de óleo, observa-se que dentro do mega-ambiente formado estão inseridos os genótipos 44, 50, 4, 17, 49, 37, 38 e 26. O genótipo 26 está no centro do círculo limitante de adaptabilidade e estabilidade, coincidindo com a média geral do experimento. No vértice do polígono encontra-se o genótipo 44, indicando sua superioridade em relação aos ambientes e aos demais genótipos.

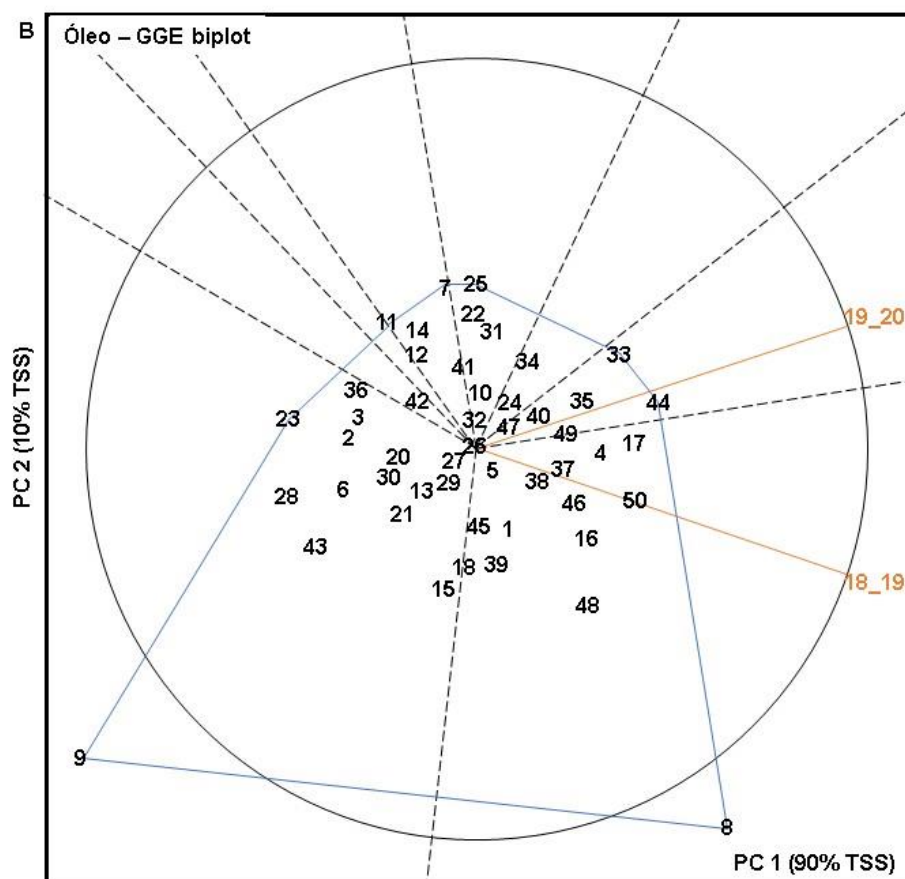


Figura 6. Gráfico GGE biplot representando os escores de genótipos e ambientes da análise do teor de óleo. PC1 e PC2 = primeiro e segundo componentes principais, respectivamente.

características. Portanto, a classificação quanto ao melhor desempenho se apresenta da seguinte forma: 32>30>50>34>29>24>42>25>22>5>36. Exceto os genótipos 42 e 36 que apresentaram melhor desempenho no Ambiente 1 (ano agrícola 2018/2019), os demais obtiveram comportamento semelhante em ambos os ambientes (Figura 7).

Segundo Andrade et al. (2016), para seleção de genótipo ideal deve-se considerar conjuntamente alta produtividade e elevada estabilidade entre os ambientes, assim como o ambiente-teste ideal deve ser representativo e ser capaz de selecionar bem os genótipos, ressaltando os genótipos localizados mais próximos do ideótipo, considerando-os como mais desejáveis para a seleção (Freiria et al., 2018).

Os métodos de adaptabilidade e estabilidade existentes podem apresentar concordâncias e discordâncias (Pereira et al., 2014), entretanto, os métodos GGE-biplot e MHPRVG foram unânimes em considerar como genótipos superiores: 24, 29, 30, 32, 34 e 42 para produtividade; 4, 17, 37 e 44 para teor de óleo. Com exceção do genótipo 24, oriundo de cruzamento quádruplo, a maioria dos genótipos considerados superiores são oriundos de cruzamentos biparentais.

Para teor de óleo, o método MHPRVG considerou o genótipo 8 como superior no Ambiente 1, por sua vez, o método GGE biplot o considerou como não adaptado, não sendo recomendado para nenhum ambiente. De acordo com Almeida Filho et al. (2014), os genótipos que não apresentam desempenho favorável em todos os ambientes, são desclassificados quando são comparados com a média geral dos ambientes avaliados.

De acordo com Yang et al. (2009), é preciso levar em consideração a capacidade do método GGE biplot, que discrimina apenas pequena porcentagem da variabilidade total, evidenciando a necessidade do uso de metodologias que obtenham padrões mais precisos, como a utilização de modelos mistos pelo método MHPRVG, que considera os resultados diretamente em valores genotípicos.

5. CONCLUSÃO

As análises pelos métodos GGE biplot e MHPRVG permitem a seleção de genótipos promissores, com destaque para os genótipos 24, 29, 30, 32, 34 e 42 para produtividade; 4, 17, 37 e 44 para teor de óleo.

A associação entre os métodos MHPRVG e GGE biplot deve ser utilizada e levada em consideração na seleção de genótipos promissores de soja.

6. AGRADECIMENTOS

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

7. REFERÊNCIAS

Almeida RD, Peluzui JM, Afferi FS (2010) Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal, Uberlândia** v.26, n.1, p.95.

Almeida Filho J E, Tardin FD, Resende MDV, Silva FF, Granato SC, Menezes CB (2014) Genetic evaluation of grain sorghum hybrids in Brazilian environments using the REML/BLUP procedure. **Scientia Agricola** v. 71, n. 2, 2014. DOI: 10.1590/S0103-90162014000200009

Alves RS, Rocha JRAC, Teodoro PE, Resende MDV, Henriques EP, Silva LA, Bhering LL (2018) BLUP múltiplo: uma estratégia adequada para seleção genética de eucaliptos. **Tree Genetics & Genomes** 14, 77. DOI: 10.1007/s11295-018-1292-7

Amira JO, Ojo DK, Ariyo OJ, Oduwaye OA, Ayo-Vaughan MA (2013) Relative Discriminating Powers of GGE and AMMI Models in the Selection of Tropical Soybean (*Glycine max* L. Merr.) **Genotypes. International Journal of Plant Breeding and Genetics** 7: 139-145. DOI: 10.3923/ijpbpg.2013.139.145

Andrade ACB, Silva AJ, Ferraudo AS, Unêda-Trevisoli SH, Di Mauro AO (2016) Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. **African Journal of Agricultural Research** v. 11. DOI: 10.5897/AJAR2015.9715

Arega A, Dabessa A, Dabala C (2018) Genotype and genotype by environment interaction and grain yield stability of medium maturity groups of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] varieties in Western Oromia, Ethiopia. **African Journal of Plant Science** v. 12, n. 9. DOI: 10.5897 / AJPS2018.1674

Bernardo R (2020) Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. **Heredity** 125, 375–385. DOI: 10.1038/s41437-020-0312-1

Bonato ER, Bertagnolli PF, Lange CE, Rubin SAL (2000) Teor de óleo e de proteína em genótipos de soja desenvolvidos após 1990 **Pesquisa Agropecuária Brasileira** Brasília, v. 35, n. 12. DOI:10.1590/S0100-204X2000001200009

Borém A, Miranda GV, Fritsche-Neto R (2017) *Melhoramento de Plantas* 7 Ed. Viçosa: Editora UFV, 2017, 543p.

Bornhofen E, Benin G, Storck L, Woyann LG, Duarte T, Stoco MG, Marchioro SV (2017) Statistical methods to study adaptability and stability of wheat genotypes. **Bragantia** 76 (1). DOI:10.1590/1678-4499.557

Calçado JPA, Peluzio JM, Siqueira FLT, Siqueira GB, Aferri FS, Tavares AT (2019) Épocas de semeadura e períodos de colheita de soja visando produção de óleo e proteínas. **Nativa** 7(4), 376-382. DOI:10.31413/nativa.v7i4.6667

Carpici EB, Celik N (2012) Correlation and path coefficient analyses of grain yield and yield components in two-rowed of barley (*Hordeum vulgare* convar. distichon) varieties. **Notulae. Scientia Biologicae** v. 4, n. 2, p. 128-131. DOI: 10.15835/nsb.4.2.7388

Castro CEC, Silva PHM, Araújo MJ, Miranda AC, Moraes MLT, Paula RC (2018) Adaptability, stability and productivity of *Eucalyptus grandis* progênies. **Scientia Forestalis** Piracicaba, v. 46, n. 118, p. 157-166. DOI:10.18671/scifor.v46n118.02

Cheelo P, Lungu D, Mwala M (2017) GGE biplot analysis for identification of ideal soybean [*Glycine max* L. Merrill] test and production locations in Zambia. **Journal of Experimental Agriculture International** v.15, n. 3. DOI:10.9734/JEAI/2017/30154

Conab. Acompanhamento da safra brasileira de grãos, Safra 2018/19. Brasília, p. 1-69. Maio 2019. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>> Acesso em: 30 Abr 2020

Conab. Acompanhamento da safra brasileira de grãos, Safra 2019/2020. Brasília, p. 1-68, Setembro 2020. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>; Acesso: 30 Abr 2020

Colombari Filho JM, Resende MDV, Morais OP, Castro AP, Guimarães EP, Pereira, JA, Breseghello F (2013) Upland rice breeding in Brazil: a simultaneous genotypic evaluation of stability, adaptability and grain yield. **Euphytica** 192, 117–129. DOI: 10.1007/s10681-013-0922-2

Condé ABT, Coelho MAO, Yamanaka CH, Corte HR (2010). Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de trigo sob cultivo de sequeiro em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Tropical** Goiânia, 40, 45-52. DOI: 10.5216/pat.v40i1.5618

Cruz CD (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum** v.35, n.3, p.271-276. DOI: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251

Cruz CD, Carneiro PCS, Regazzi AJ (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético (3. ed.). Viçosa: Editora UFV. 668 p.

Embrapa (2014) Indicações Técnicas para a cultura da soja no Rio Grande do Sul e Santa Catarina. Embrapa Clima Temperado Pelotas, RS

Epskamp S, Cramer AOJ, Waldorp LJ, Schmittmann VD, Borsboom D (2012) Qgraph: network visualizations of relationships in psychometric data. **Journal of Statistical Software** v.48, p.1-18. DOI: 10.18637/jss.v048.i04

Ferrari M, Carvalho IR, Pelegrin AJ, Nardino M (2018) Path analysis and phenotypic correlation among yield components of soybean using environmental stratification methods. **Australian Journal of Crop Science** v.12, n. 2, p. 193-202. DOI: 10.21475/ajcs.18.12.02.pne488

Ferraudo GM, Perecin D (2014) Mixed Model, AMMI and Eberhart-Russel comparison via simulation on genotype × environment interaction study in sugarcane. **Applied Mathematics** 5, 2107-2119. DOI: 10.4236/am.2014.514205

Fisher RA (1922) On the mathematical foundations of theoretical statistics. **Philosophical Transactions of the Royal Society**, v.222, p.309-368. DOI: 10.1098/rsta.1922.0009

Follmann DN, Souza VQ, Cargnelutti Filho A, Demari GH (2019) Agronomic performance and genetic dissimilarity of second-harvest soybean cultivars using REML/BLUP and Gower's algorithm. **Bragantia** v. 78, p.197-207. DOI:10.1590/1678-4499.20180194

Freiria GH, Gonçalves LSA, Furlan F, Fonseca Junior NS, Lima WF, Prete CEC (2018) Métodos estatísticos para estudar adaptabilidade e estabilidade em linhagens de soja para fins alimentícios. **Bragantia** 77 (2). DOI: 10.1590/1678-4499.2017076

Freitas ILJ, Amaral Junior AT, Viana AP, Pena GF, Cabral PS, Vittorazzi C (2013) Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/BLUP em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v. 48, n. 11, p. 1464-1471, nov. DOI:10.1590/S0100-204X2013001100007

Fruchterman TMJ, Reingold, EM (1991) Graph drawing by force-directed placement. **Software: Practice and Experience**, v.21, p.1129-1164. DOI: 10.1002/spe.4380211102

Gazotto LAC, Charnai K, Santos LF, Carvalho MN, Moro GV (2020) Correlation between grain yield in maize plant densities. **Científica** 48(3), 226–231.

Gonçalves GM, Viana AP, Amaral Junior AT, Resende MDV (2014) Breeding new sugarcane clones by mixed models under genotype by environmental interaction. **Scientia Agricola** v.71, p.66–71. DOI: 10.1590/S0103-90162014000100009

Gonçalves GMC, Ferreira-Gomes RL, Lopes ACA, Vieira PFM (2020) Adaptability and yield stability of soybean genotypes by REML/BLUP and GGE Biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** v.20 (2). DOI:10.1590/1984-70332020v20n2a33

González-Barrios P, Díaz-García L, Gutiérrez L (2019) Mega-environmental design: using genotype × environment interaction to optimize resources for cultivar testing. **Crop Science** v.59, p.189. DOI:10.2135/cropsci2018.11.0692

Johnson RA, Wichern DV (2002) Applied Multivariate Statistical Analysis. 5. ed. New Jersey: Prentice Hall, p.767.

Kaster M, Farias JRB (2012) **Regionalização dos testes de valor de cultivo e uso e da indicação de cultivares de soja: terceira aproximação**. Londrina: Embrapa Soja.

Lado B, Barrios PG, Quincke M, Silva P, Gutiérrez L (2016) Modeling genotype × environment interaction for genomic selection with unbalanced data from a wheat breeding program. **Crop Science** v.56, p.2165-2179. DOI:10.2135/cropsci2015.04.0207

Leite WS, Pavan BE, Matos Filho CHA, Alcantara Neto F, Oliveira CB, Feitosa FS (2016) Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae** 7(3): 302-310. DOI: 10.14295/CS.v7i3.1176

Matei G, Woyann LG, Milioli AS, Oliveira IB, ZdZiarski AD, Zanella R, Benin G (2018) Genomic selection in soybean: accuracy and time gain in relation to phenotypic selection. **Molecular Breeding** v. 38, n. 117. DOI: 10.1007/s11032-018-0872-4

Melo LC (2009) Procedimentos para Condução de Experimentos de Valor de Cultivo e Uso em Feijoeiro Comum. Embrapa Arroz e Feijão Santo Antônio de Goiás, GO

Musundire L, Derera J, Dari S, Lagat A, Tongoona P (2021) Avaliação da estabilidade de híbridos de milho cruzado simples usando análise GGE-Biplot. **Journal of Agricultural Science**, 13 (2). DOI:10.5539/jas.v13n2p78

Nogueira APO, Sediyaama T, Gomes JD (2015) Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas últimas décadas. **Doenças da soja: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo** Campinas: Millennium Editora, p.159-178.

Oliveira DSV d, Franco LJD, Menezes-Júnior JÂNd, Damasceno-Silva KJ, Rocha MdM, Neves ACd, Sousa FMd (2017). Adaptability and stability of the zinc density in cowpea genotypes through GGE-Biplot method. **Revista Ciência Agronômica**, 48(5 Especial).

Oliveira VM, Hamawaki OT, Nogueira AO, Sousa LB, Santos FM, Hamawaki RL (2016) Selection for wide adaptability and high phenotypic stability of Brazilian soybean genotypes. **Genetics and molecular research** v. 15, n. 1. DOI:10.4238/gmr.15017843

Pacheco RM, Duarte JB, Branquinho, RG, Souza PI (2017) Environmental stratifications for soybean cultivar recommendation and its consistency over time. **Genetics and Molecular Research** v. 13, n. 3. DOI:10.4238/gmr16039693

Passos MLV, Ferreira LS, Figueirinha KT, Souza JBC (2019) Growth, productivity and quality of soybean grains, submitted to different seed treatments. **Journal of Agricultural Science** v. 11, n. 11. DOI: 10.5539/jas.v11n11p274

Pavão MA, Alencar LD, Zanello CA, Morais JPG, Cardoso JC (2015) Cultivo e produção de soja em reforma de canavial. **Revista ciência tecnologia e ambiente** Araras, v. 2, n. 01, 17 - 25.

Peluzio JM, Lopes LA, Carvalho EV, Afférri FS, Dotto MA (2014) Características agronômicas e divergência genética de cultivares de soja para percentagem de óleo nas sementes. **Revista Ciências Agrárias** 57 (1), 1-8. DOI: 10.4322/rca.2013.058

Pereira HS, Bueno LG, Peloso MJ, Abreu AD, Moreira J, Martins M, Melo L (2014) Agronomic performance and stability of andean common bean lines with white grains in Brazil. **Bragantia** 73, 130-137. DOI: 10.1590 / BRAG.2014.020

Piepho HP, Mohring J, Melchinger AE, Buchse, A (2008) BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, p. 209–228. DOI 10.1007/s10681-007-9449-8

Pimentel AJP, Guimarães JFR, Souza MA, Resende MDV, Moura LM (2014) Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v. 49, n. 11, p.882-890. DOI: 10.1590/S0100-204X2014001100007

Pimentel-Gomes F (2000) Curso de Estatística Experimental. 15. ed. Piracicaba.

Qin J, Xu R, Li H, Yang C, Liu D, Liu Z, Zhang L (2015) Evaluation of productivity and stability of elite summer soybean cultivars in multi-environment trials. **Euphytica** v.206. DOI:10.1007/s10681-015-1513-1

Ramalho MAP, Ferreira DF, Oliveira AC de (2005) Experimentação em genética e melhoramento de plantas. 2. ed. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 322p.

Ramalho MAP, Abreu AFB, Santos JB, Nunes JAR (2012) Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: UFLA, 522p.

Ramos LM, Sanches A, Cotes JM (2009) Multi-environment tests in the selection of rice genotypes using sites regression model. **Ciência Rural** 39, (1). DOI:10.1590/S0103-84782009000100009

Resende MDV (2006) Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo, Embrapa Florestas. Embrapa Florestas, Colombo, PR.

Resende MDV (2007) Selegen-Reml/Blup: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo, PR: Embrapa Florestas.

Resende MDV, Silva FF, Azevedo CF (2014) Estatística Matemática, Biométrica e Computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. 1. ed. Visconde do Rio Branco: Suprema, v. 1. 881p.

Rocha RB, Ramalho AR, Teixeira AL, Souza FDF, Cruz CD (2015) Adaptabilidade e estabilidade da produção de café beneficiado em *Coffea canephora*. **Ciência Rural** 45, 1531-1537. DOI: 10.1590/0103-8478cr20141554

Rosado AM, Rosado TB, Alves AA, Laviola BG, Bhering LL (2012) Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 7, p. 964-971. DOI:10.1590/S0100-204X2012000700013

RStudio Team (2017) RStudio: Integrated Development for R. RStudio, Inc., Boston, MA.

Salimi S, Moradi S (2012) Effect the correlation, regression and path analysis in soybean genotypes (*Glycine max* L.) under moisture and normal condition. *International Journal of Agronomy and Plant Production*, 3: 447-454.

Santos A dos, Amaral Júnior AT do, Kurosawa R do NF, Gerhardt IFS, Fritsche Neto R (2017) GGE Biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. **Ciência e Agrotecnologia** 41(1), 22-31. DOI:10.1590/1413-70542017411030816

Sediyama T (2015) Origem e evolução. Melhoramento genético *da soja*. Londrina, Editora Mecenaz, p. 352.

Sediyama T, Silva F, Borém A (2015) *Soja: do plantio à colheita*. Viçosa, MG: UFV, 333p.

Silva GO, Carvalho, ADF, Veira JV, Benin G (2011) Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE Biplot e REML/BLUP. **Bragantia** v.70, n.3, p.494-501. DOI:10.1590/S0006-87052011005000003.

Soares IO, Bruzi AT, Zambiazzi EV, Guilherme SR, Bianchi MC, Silva KB, Teixeira CM (2017) Stability and adaptability of soybean cultivars in Minas Gerais. **Genetics and Molecular Research** 16 (3). DOI: 10.4238/gmr16039730

Sousa LB, Hamawaki OT, Nogueira AP, Batista RO (2015) Evaluation of soybean lines and environmental stratification using the AMMI, GGE biplot, and factor analysis methods. **Genetics and Molecular Research** v. 14, n. 4. DOI:10.4238/2015.October.19.10

Storck L, Ribeiro ND (2011) Valores genéticos de linhas puras de soja preditos com o uso do método de Papadakis. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 4, p. 1-6. DOI:10.1590/S0006-87052011000400004

Streck EA, Magalhães Júnior AM de, Aguiar GA, Facchinello PH K, Fagundes, PRR (2019) Genotypic performance, adaptability and stability in special types of irrigated rice using mixed models. **Revista Ciência Agronômica**, 50(1). DOI:10.5935/1806-6690.20190008

Tadege MB, Uta HZ, Aga AA (2014) Association of statistical methods used to explore genotype x environment interaction (GEI) and cultivar stability. **African Journal of Agricultural Research** 9, 2231-2237. DOI:10.5897/AJAR2013.8366

Teodoro PE, Barroso LMA, Nascimento M, Torres FE, Sagrilo E, Santos AD, Ribeiro, LP (2015) Artificial neural networks to identify semi-prostrate cowpea genotypes with high phenotypic adaptability and stability. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 50(11). DOI:10.1590/S0100-204X2015001100008

Tessele A, Missio RF, Lorenzetti JB, Trentini JC, Furtado RC, Moreno G (2016) Adaptability and Stability of Soybean Cultivars Under Different Times of Sowing in Southern Brazil. **Journal of Plant Sciences** Vol. 4, No. 2. DOI:10.11648/j.jps.20160402.11

Torres FE, David GV, Teodoro PE, Ribeiro LP, Correa CG, Luz Júnior, RA (2015) Desempenho agrônomico e dissimilaridade genética entre genótipos de soja. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 38, n. 1, p. 111-117. DOI: 10.19084/rca.16876

Torres FE, Teodoro PE, Rodrigues EVA, Santos A, Corrêa AM, Ceccon G (2016) Simultaneous selection for cowpea (*Vigna unguiculata* L.) genotypes with adaptability and yield stability using mixed models. **Genetics and Molecular Research** v.15, 1-11. DOI: 10.4238/gmr.15028272

Vianna VF, Unêda-Trevisoli SH, Desidério JA, Santiago S, Charnai K, Ferreira Júnior JA, Mauro AO (2013) The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Agricultural Research** v. 8, p. 4162-4169, 2013. DOI: 10.5897/AJAR2013.7064

Yan W (2001) GGE-biplot a windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, vol. 93, p. 1111–1118

Yan W, Hunt L, Sheng Q, Szlavnic Z (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop and Science** v.40, p.597–605. DOI: 10.2135/cropsci2000.403597x

Yan W, Kang MS (2003) GGE-biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Boca Raton, USA, p. 63–98

Yan W, Tinker NA (2006) Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science** v86, n3. DOI:10.4141/P05-169

Yang RC, Crossa J, Cornelius PL, Burgueño J (2009). Biplot Analysis of Genotype x Environment Interaction: Proceed with Caution. **Crop Science** 49 (5), 1564. DOI: 10.2135 / cropci2008.11.0665