

**Universidade Federal do Piauí**

**Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de soja por  
REML/BLUP e GGE Biplot**

**Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves**

**Dissertação apresentada à Universidade  
Federal do Piauí como parte das exigências  
do Programa de Pós-Graduação em  
Genética e Melhoramento para obtenção do  
título de “Mestre”.**

**Teresina**

**2019**



**Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves**  
**Engenheiro Agrônomo**

**Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de soja por  
REML/BLUP e GGE Biplot**

**Orientadora:**

Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes

**Coorientadores:**

Profa. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes

Dr. Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira

**Dissertação apresentada à Universidade  
Federal do Piauí, como parte das  
exigências do Programa de Pós-Graduação  
em Genética e Melhoramento, para a  
obtenção do título de “Mestre”.**

**Teresina**  
**2019**

FICHA CATALOGRÁFICA  
Universidade Federal do Piauí  
Biblioteca Setorial do Centro de Ciências Agrárias  
Serviço de Processamento Técnico

**G635a** Gonçalves, Gabriel de Moraes Cunha  
Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de soja por  
REML / BLUP e GGE Biplot / Gabriel de Moraes Cunha - 2019.  
61 f. : il.

Dissertação ( Mestrado) – Universidade Federal do Piauí, Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Teresina, 2019.  
Orientação: Prof<sup>ª</sup>. Dr.<sup>ª</sup>Regina Lucia Ferreira Gomes

1. *Glycine max* (L.) Merrill 2. Interação genótipos x ambientes 3.  
Melhoramento genético. I. Título

**CDD 633.34**

**Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de soja por  
REML/BLUP e GGE Biplot**

**Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves**

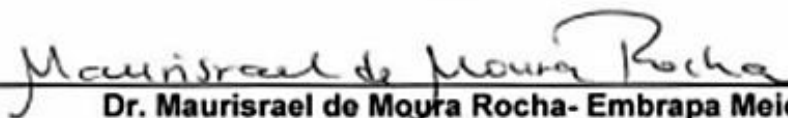
Aprovada em: 22/03/2019

Comissão julgadora:



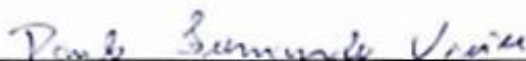
---

**Dr. Francisco José Correia Farias- Embrapa Algodão**



---

**Dr. Maurisrael de Moura Rocha- Embrapa Meio Norte**



---

**Dr. Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira - Embrapa Meio Norte  
(Coorientador)**



---

**Profa. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes - CCA/UFPI  
(Coorientadora)**



---

**Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes - CCA/UFPI  
(Orientadora)**

A meus pais, Fábio e Aline, e a meus irmãos,  
Fábio e Matheus, por todo amor e carinho,

**DEDICO**

## AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal do Piauí, pela oportunidade de realização do curso de Mestrado em Genética e Melhoramento;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos;

À minha orientadora, Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes, e aos meus coorientadores, Dr. Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira e Profa. Dr. Ângela Celis de Almeida Lopes, por todo conhecimento passado, orientação, profissionalismo e incentivo, que tornaram possível a conclusão desta dissertação;

Ao corpo docente do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, e em especial, aos Profs. Dr. Raimundo Nonato Oliveira Silva e Dr. Leonardo Castelo Branco Carvalho, pela atenção e disponibilidade desde o início do curso;

Aos meus pais, Fábio e Aline, meus irmãos, Fábio e Matheus e, à Pâmela, por sempre acreditarem no meu potencial, pela ajuda na escrita deste trabalho, pelos momentos de descontração e por todo amor e carinho que sempre tiveram comigo.

## SUMÁRIO

|   |    |
|---|----|
| RESUMO .....  | 7  |
| ABSTRACT .....  | 8  |
| LISTA DE ABREVIATURAS.....  | 9  |
| LISTA DE FIGURAS .....  | 10 |
| LISTA DE TABELAS .....  | 11 |
| 1 INTRODUÇÃO .....  | 13 |
| 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....  | 15 |
| 2.1 A cultura da soja .....   | 15 |
| 2.2 Interação genótipos x ambientes .....                               | 18 |
| 2.4 Adaptabilidade e estabilidade em soja.....                          | 22 |
| 3 MATERIAL E MÉTODOS.....   | 25 |
| 3.1 Material genético.....  | 25 |
| 3.2 Procedimentos experimentais.....                                    | 25 |
| 3.3 Análises estatístico-genéticas.....                                 | 27 |
| 3.3.1 Análise individual .....  | 27 |
| 3.3.2 Análise conjunta.....   | 28 |
| 3.3.3 Análises de adaptabilidade e estabilidade .....                   | 29 |
| 3.3.3.1 Metodologia REML/BLUP .....                                     | 29 |
| 3.5.4.2 Metodologia GGE Biplot.....                                     | 30 |
| 4.1 Análises de variância individuais.....                              | 32 |
| 4.2 Análise conjunta.....   | 35 |
| 4.3 Valores genotípicos preditos livre da interação com ambientes ..... | 38 |
| 4.4 Análise de adaptabilidade e estabilidade produtiva .....            | 43 |
| 4.4.1 Metodologia REML/BLUP .....                                       | 43 |
| 4.4.2 Metodologia GGE Biplot.....                                       | 45 |
| 5. CONCLUSÃO.....   | 52 |
| REFERÊNCIAS.....  | 53 |
| ANEXOS .....  | 61 |



## RESUMO

GONÇALVES, G. M. C. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de soja por REML/BLUP e GGE Biplot.** 2019. 61 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, Piauí, 2019.

A soja apresenta grande importância socioeconômica no cenário nacional. Para a Região Meio-Norte brasileira, apesar das suas condições edafoclimáticas favoráveis para a produção de grãos, ainda são escassos, na literatura, trabalhos objetivando a seleção de genótipos de soja adaptados e com comportamento produtivo estável. O objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos superiores quanto a adaptabilidade e estabilidade produtiva para municípios da Região Meio-Norte do Brasil a partir das metodologias REML/BLUP e GGE Biplot. Avaliou-se 16 genótipos de soja em oito ambientes, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017, analisando-se os caracteres: número de dias para maturação, altura da planta, peso de cem sementes e produtividade de grãos. Os genótipos com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva pela metodologia REML/BLUP são: BRS8980 IPRO, BRASBT13-0528, M8372 IPRO e BRASBT13-0621; e pela metodologia GGE Biplot, M8372 IPRO, BRASBT13-0528 e BRASBT13-0621 são os mais próximos do ideal. Pela facilidade de identificação e seleção de genótipos superiores quanto a adaptabilidade, estabilidade e produtividade, a metodologia REML/BLUP mostrou-se mais vantajosa que a GGE Biplot.

**Palavras-chave:** *Glycine max* (L.) Merrill, interação genótipos x ambientes, melhoramento genético.

## ABSTRACT

GONÇALVES, G. M. C. **Adaptability and productive stability of soybean genotypes by REML / BLUP and GGE Biplot.** 2019. 61 p. Dissertation (Master in Genetics and Breeding) – Federal University of Piau , Teresina, Piau , 2019.

Soybean is a leguminous vegetable of great socioeconomic importance in Brazil. The Brazilian Mid-North Region has favorable edaphoclimatic conditions that allow the cultivation of the grain. However, there are few studies in the literature regarding the development of adapted soybean genotypes to different conditions and with stable productive behavior. Thus, this study aimed to select adapted soybean genotypes to the conditions of municipalities from the Mid-North Region of Brazil, and with high productive stability. The methodologies used were the REML/BLUP and GGE Biplot. Sixteen soybean genotypes were evaluated in eight different environments, during the periods of 2015/2016 and 2016/2017. It was analyzed the following characteristics: number of days for maturation, plant height, weight of one hundred seeds, and grain yield. According to the results obtained from the REML/BLUP methodology, the genotypes with the greatest adaptability and productive stability are BRS8980 IPRO, BRASBT13-0528, M8372 IPRO and BRASBT13-0621; the results from the GGE Biplot methodology indicated that the genotypes IPRO M8372, BRASBT13-0528 and BRASBT13-0621 are the closest to the ideal. The REML/BLUP methodology was easier to be carried out for the identification and selection of the genotypes regarding adaptability, stability and productivity than the GGE Biplot methodology.

**Key words:** Glycine max (L.) Merrill, interaction genotypes x environments, genetic improvement.

## LISTA DE ABREVIATURAS

- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento  
USDA – Departamento de Agricultura dos Estados Unidos  
RELM – Máxima Verossimilhança Restrita  
BLUP – Melhor Preditor Não Viesado  
MHVG – Média Harmônica dos Valores Genotípicos  
PRVG – Performance Relativa dos Valores Genotípicos  
MHPRVG – Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos  
VCU – Valor de Cultivo e Uso  
NDM – Número de dias para maturação  
AP- Altura da planta  
PCS – Peso de cem sementes  
PROD – Produtividade de grãos  
CP – Componentes Principais  
RI – Relação de Informação  
MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento  
RNC – Registo Nacional de Cultivares

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. Evolução da área, produtividade e produção de soja na região Meio-Norte, nas safras 1998/1999 a 2018/2019. .... 18
- Figura 2. Locais de condução dos ensaios de soja nos estados do Maranhão e Piauí, nas safras agrícolas 2015/16 e 2016/17. ....26
- Figura 3. GGE Biplot para a produtividade de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017. ....46
- Figura 4. GGE Biplot mega-ambiente (which-won-where) para a produtividade de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017. ....48
- Figura 5. GGE Biplot “média x estabilidade” para a produtividade de grãos de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017. ....49
- Figura 6. GGE Biplot para identificação do genótipo ideal em relação à produtividade de grãos de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.....50
- Figura 7. GGE Biplot “discriminação e representatividade” dos oito ambientes de teste da região Meio-Norte do Brasil, com base na produtividade de grãos de 16 genótipos de soja, avaliados nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017. ....51

## LISTA DE TABELAS

|   |    |
|---|----|
| Tabela 1. Relação dos genótipos de soja utilizados nos ensaios de VCU. Teresina, PI, 2018. ....   | 25 |
| Tabela 2. Ambientes, safra agrícola, local e coordenadas geográficas dos ensaios de avaliação final das linhagens e cultivares de soja nos estados do Maranhão e Piauí. ....  | 26 |
| Tabela 3. Quadrados médios das análises de variâncias individuais, por ambientes, para o caráter número de dias para maturação (NDM), altura da planta (AP), peso de cem sementes (PCS) e produtividade de grãos (PROD) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017 ..... | 33 |
| Tabela 4. Análise de deviance e teste $\chi^2$ para o caráter número de dias para maturação (NDM), altura da planta (AP), peso de cem sementes (PCS) e produtividade de grãos (PROD) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.....                                     | 36 |
| Tabela 5. Componentes de variância e parâmetros genéticos (REML individual) para o caráter número de dias para maturação (NDM), altura da planta (AP), peso de cem sementes (PCS) e produtividade de grãos (PROD) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017 .....       | 37 |
| Tabela 6. Valores genotípicos preditos livre de interação com ambientes para os caracteres número de dias para maturação (NDM) e altura da planta (AP) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.....   | 39 |
| Tabela 7. Valores genotípicos preditos livre de interação com ambientes para os caracteres peso de cem sementes (PCS) e produtividade (PROD) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/17. ....  | 40 |
| Tabela 8. Estimativas dos valores genotípicos do caráter produtividade de grãos (PROD) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.....   | 42 |
| Tabela 9. Estabilidade genotípica (MHVG), adaptabilidade genotípica (PRVG), adaptabilidade e estabilidade genotípica simultaneamente (MHPRVG), valor genotípico capitalizando a adaptabilidade (PRVG*MG) e valor genotípico penalizado  |    |

pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade (MHPRVG\*MG) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017. ....43

Tabela 10. Importância dos componentes principais (CP) e a relação de informação (RI) para análise de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017, pela metodologia GGE Biplot. ....45

## 1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill), pertencente à família Fabaceae, é originária do nordeste da China. A espécie foi introduzida nas américas no ano de 1765, chegando ao Brasil por volta de 1882, sendo cultivada de maneira experimental no estado da Bahia, de onde se disseminou por todo o país (DALL'AGNOL, 2016).

A cultura apresenta grande importância socioeconômica para o Brasil, sendo a base de diversos produtos para a alimentação humana e animal, como a produção de óleo, farelo, farinha, proteína texturizada, extrato solúvel e lecitina. Além disso, a leguminosa é importante nutricionalmente, sendo o seu grão composto, em média, por 40% de proteínas, 20% de óleo, 34% de carboidratos e 5% de minerais (POYSA; WOODROW; YU, 2006).

Na safra 2017/2018, o Brasil produziu cerca de 118,8 milhões de toneladas de soja, se firmando como o segundo maior produtor mundial, perdendo apenas para os Estados Unidos da América. Na mesma safra, a produtividade média brasileira foi em torno de 3.382 kg.ha<sup>-1</sup>, sendo o estado de Mato Grosso o maior produtor nacional, seguido por Paraná e Rio Grande do Sul. Os estados do Piauí e Maranhão produziram cerca de 2,53 e 2,97 milhões de toneladas, respectivamente (CONAB, 2018a).

O Piauí e o Maranhão juntos formam a Região Meio-Norte, representando cerca de 10,7% da área física de cerrados brasileiros (CASTRO, 1997). Nos últimos 21 anos, a região apresentou um grande aumento na produção de soja, saindo de 459,3 mil toneladas na safra 1998/1999 para estimados 5,4 milhões de toneladas na safra 2018/2019 (CONAB, 2018b).

O aumento da produção e produtividade se dá, principalmente, pelo melhoramento genético da cultura. Uma cultivar de soja deve apresentar, simultaneamente, bom desempenho, estabilidade e adaptabilidade produtiva para a região onde será recomendada e exibir tolerância aos estresses bióticos e abióticos, que possam influenciar no seu desenvolvimento.

Para a recomendação de novas cultivares é necessário a implantação de experimentos em vários locais e anos diferentes, denominados ensaios multiambientais. Nesses tipos de ensaios, durante a avaliação dos genótipos, é comum a presença da interação genótipos x ambientes (G x A). Em virtude desse fenômeno, uma mesma cultivar pode apresentar desempenho diferente de acordo com o ambiente de cultivo, sendo um dos principais desafios enfrentados pelos melhoristas no momento da seleção e recomendação de novas cultivares.

Ao se constatar a presença da interação genótipos x ambientes, uma alternativa é selecionar os genótipos superiores quanto à adaptabilidade e estabilidade produtiva. A adaptabilidade pode ser definida como a capacidade dos genótipos responderem de forma positiva as variações ambientais. Ao passo que a estabilidade se refere a capacidade dos genótipos apresentarem comportamento previsível, mesmo com as variações do ambiente (CRUZ, REGAZZI e CARNEIRO, 2012).

Existem muitas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade destinada à avaliação de um grupo de genótipos em vários ambientes, as quais diferem no princípio estatístico e na facilidade de interpretação dos resultados. Entre os métodos comumente utilizados, pode-se destacar: Wricke (1965); Eberhart e Russell (1966); Lin; Binns (1988), modificado por Carneiro (1998); Annicchiarico (1992); Centroid (ROCHA et al., 2005); AMMI (ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988); GGE Biplot (YAN et al., 2000) e Modelos Mistos (RESENDE, 2007).

Para aumentar a eficiência na seleção de genótipos com desempenho superior, é aconselhável a utilização, de forma simultânea, das metodologias de modelos mistos e multivariadas, tornando-se possível explorar diferentes conceitos de adaptabilidade e estabilidade (ANDRADE et al., 2016).

Apesar do crescimento do cultivo de soja no Meio-Norte brasileiro, nos últimos anos, são escassos os trabalhos na literatura objetivando a seleção de genótipos quanto adaptabilidade e estabilidade produtiva para a região. Portanto, o objetivo desse trabalho é avaliar e selecionar genótipos de soja superiores em produtividade, estabilidade e adaptabilidade para a região Meio-Norte do Brasil, a partir das metodologias REML/BLUP e GGE Biplot.



## 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 A cultura da soja

A soja pertence à família Fabaceae, subfamília Papilionoideae, tribo Phaseoleae e gênero *Glycine*. Este último é subdividido em dois subgêneros, *Glycine* e *Soja*. Dentro do subgênero *Soja*, existem duas espécies conhecidas, *Glycine max* e *Glycine soja*, ambas diploides com  $2n = 40$  cromossomos. A soja cultivada pertence à espécie *Glycine max* (OLIVEIRA; ARIAS, 2017). O subgênero *Glycine* é formado por pelo menos 16 espécies perenes silvestres, como a *Glycine canescens* e *Glycine tomentella*, ambas encontradas na Austrália e na Nova Guiné (SAMMOUR, 2014).

A soja cultivada é uma planta anual de dias curtos, autógama, geralmente de porte ereto, ramificada esparsamente, com folhas trifolioladas, alternas e folíolos ovalados, ovais a lanceolado-elípticos. Apresenta o hábito de crescimento determinado, semideterminado e indeterminado. A flores podem ser brancas ou roxas (diversas tonalidades). As vagens são retas ou ligeiramente curvadas, contendo de uma a quatro sementes ovais ou subesféricas, com cor do tegumento variando de amarelo-claro a preto-avermelhado. As sementes de cultivares destinadas a produção de óleo e farelo geralmente pesam de 10 a 20 g por 100 unidades (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2013).

Não existe um consenso na literatura sobre o centro de origem e domesticação da soja cultivada (*Glycine max* (L.) Merr.). Chung e Singh (2008) afirmaram que ela foi domesticada a partir do seu parental silvestre *G. soja* Sieb & Zucc, que cresce na China incluindo Taiwan, no extremo leste da Rússia, na península coreana e no Japão. Li et al. (2008) creditaram a região ao longo do Vale do Rio Amarelo na China como centro de origem primário, devido a ampla diversidade genética encontrada, e a região da Manchúria, como centro secundário.

No Oriente, a soja tem uma longa história, sendo cultivada na China há mais de 3.000 anos e na Coreia e no Japão, por mais de 2.000 anos. Estes três países são, portanto, considerados como as principais fontes de germoplasma da espécie (SAMMOUR, 2014). Apenas em 1739 ocorreu o primeiro plantio experimental da cultura no continente europeu, quando o Jardim Botânico de Paris recebeu sementes enviadas da China por missionários (BONATO; BONATO, 1987).

No continente americano, a introdução da espécie ocorreu em 1765, por Samuel Bowen, em Savannah, na Georgia (EUA). Apesar de ser explorada intensamente na dieta alimentar no Oriente, apenas na segunda década do século XX

foi instituído o seu cultivo no Ocidente, quando os Estados Unidos iniciaram sua exploração comercial, primeiramente como forrageira e, posteriormente, como grão (MIYASAKA; MEDINA, 1981). Em 1941, as áreas destinadas a produção de grãos superaram as cultivadas com forragem. Um ano depois, os Estados Unidos já se firmavam como os maiores produtores de soja do mundo, totalizando cerca de 36,5% da produção mundial (BONATO; BONATO, 1987).

O primeiro registro de cultivo experimental de soja, no Brasil, data de 1882, quando Gustavo D'Utra introduziu cultivares no Recôncavo Baiano. A iniciativa não teve sucesso, pois, nessa época, a produção de soja estava restrita à região leste da Ásia, em latitudes próximas a 40°N, onde o clima é temperado, em contraste com o clima tropical e a baixa latitude da Bahia. Apenas em 1940, a soja teve êxito no Brasil, quando foi cultivada no estado do Rio Grande do Sul. Assim, como nos Estados Unidos, as primeiras áreas foram destinadas ao cultivo de forragem e, posteriormente, tornaram-se áreas produtoras de grãos (DALL'AGNOL, 2016).

O cultivo de soja em regiões de baixa latitude só foi possível a partir do desenvolvimento de cultivares que apresentavam genes para florescimento tardio em dias curtos, também chamados de genes para período juvenil longo (ALMEIDA et al., 1999). Silva et al. (2017a) afirmaram que o cultivo de soja vem se expandindo no Cerrado brasileiro desde a década de 70, ocupando, atualmente, áreas da região Sul a região Norte do Brasil. O sucesso da expansão das lavouras em todo o território nacional é decorrente de alguns fatores, dentre eles o melhoramento genético da espécie, com o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, adaptadas e resistentes a diversas pragas e doenças.

Segundo dados do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA, 2018), a produção mundial de soja para a safra 2018/2019 é estimada em 369,2 milhões de toneladas, resultado 29,73 milhões de toneladas superior ao ciclo 2017/2018. A importância econômica mundial dessa oleaginosa se dá pela composição química da semente e pelas suas aplicações. Segundo Poysa et al. (2006), cerca de 60% do peso seco do grão de soja é constituído por, geralmente, 20% de óleo e 40% de proteína. Ela pode ser utilizada em produtos alimentícios, como tofu, molho de soja e óleo vegetal comestível; serve como matéria-prima para produção de biocombustível, tintas, lubrificantes e plásticos; sua farinha pode ser utilizada como fonte proteica em rações para animais (BOEREMA et al., 2016).

Segundo USDA (2018), para a safra mundial de soja 2018/2019, estima-se que a produção brasileira seja em torno de 122 milhões de toneladas, firmando-se como o segundo produtor mundial, perdendo apenas para os Estados Unidos com produção estimada de 125,17 milhões de toneladas. No Brasil, na safra 2017/2018, ocorreu um aumento de 3,7% da área plantada, correspondendo ao plantio de 35,1 milhões de hectares, com produção total de 118,8 milhões de toneladas e produtividade média de 3.382 kg.ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2018a).

Na referida safra, o estado de Mato Grosso se firmou como o maior produtor nacional, colhendo 32,3 milhões de toneladas, seguido por Paraná e Rio Grande do Sul, com produção de 19,1 e 17,1 milhões de toneladas, respectivamente. O Maranhão produziu cerca de 2,97 milhões de toneladas na safra atual, com produtividade em torno de 3.125 kg.ha<sup>-1</sup>. Já, no Piauí, a produtividade foi de 3.570 kg.ha<sup>-1</sup>, semelhante a média nacional, com uma produção de 2,53 milhões de toneladas. O cenário positivo nas lavouras de soja nos dois estados foi decorrente das condições climáticas favoráveis para os diversos estágios de desenvolvimento da cultura (CONAB, 2018a).

Os cerrados brasileiros apresentam 204 milhões de hectares. Desse total, 11.856.866 ha encontram-se no Piauí e 9.800.000 no Maranhão, os quais, juntos, formam a região Meio-Norte ou Nordeste Ocidental do Brasil, representando cerca de 10,7% da área física de cerrados do país (CASTRO, 1997). A região destaca-se na produção de alimentos em decorrência das suas condições climáticas e dos solos propícios à produção de grãos (CARDOSO et al., 2012).

Na região, os cerrados apresentam solos ácidos e de baixa fertilidade natural, predominando as classes de solos Latossolo Vermelho Amarelo, Areias Quartzosas e solos Concrecionários. As altas temperaturas médias (de 25 a 26°C) também são características dessa localidade, juntamente com a precipitação média de 1.200 mm, de outubro a abril, sujeitos a ocorrência de veranicos (FROTA; CAMPELO, 1999).

A produção de soja no Meio-Norte do Brasil, ao longo do período das safras agrícolas 1998/1999 a 2018/2019 tem acompanhado, em quase todos os ciclos agrícolas, o crescimento da área cultivada (Figura 1). Na safra 1998/1999, a região possuía 192,6 mil hectares de lavoura, já na safra atual, essa área passou para 1,6 milhões de hectares. A produção também apresentou grande crescimento com o decorrer dos anos, saindo de 459,3 mil toneladas (1998/1999) para cerca de 5,4 milhões de toneladas de grão em 2018/2019. A produtividade média oscilou entre

1.366 kg.ha<sup>-1</sup> na safra 2015/16 a 3.347,5 (2017/2018), sendo esta última equivalente à produtividade média nacional (CONAB, 2018b). A safra 2015/2016 foi atípica quando comparada aos outros anos. Embora a região tenha mantido um crescimento constante da área cultivada com soja, a produção e a produtividade tiveram uma queda expressiva, ocasionada, provavelmente, por condições climáticas adversas ao desenvolvimento das lavouras.

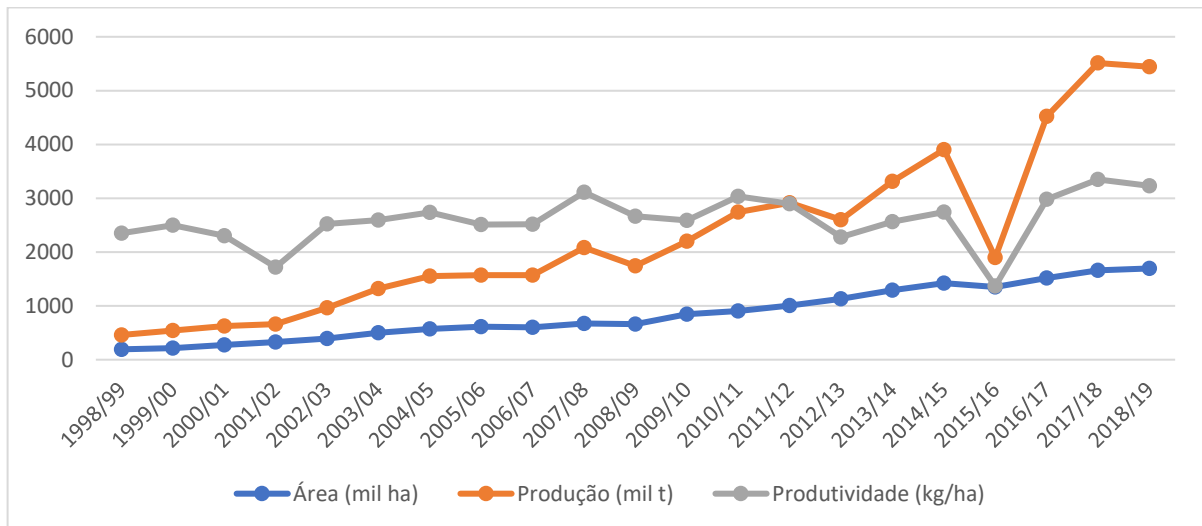


Figura 1 Evolução da área, produtividade e produção de soja na região Meio-Norte, nas safras 1998/1999 a 2018/2019.

O incremento da produção e produtividade está intimamente relacionado com a melhoria do manejo cultural, decorrente da utilização de insumos e práticas agrônômicas adequadas e, pelo uso de cultivares melhoradas geneticamente. Estima-se que cerca de 50% do aumento de produtividade das espécies cultivadas seja atribuída ao melhoramento genético (RAPOSO et al., 2000), que é um processo contínuo de desenvolvimento de novas cultivares.

## 2.2 Interação genótipos x ambientes

Para a inserção de novas cultivares pelos melhoristas no Registro Nacional de Cultivares (RNC), segundo as normas do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC – MAPA), é necessário a condução de experimentos em diferentes ambientes (anos e locais), denominados ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Segundo o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (BRASIL, 2017), o Valor de Cultivo e Uso refere-se ao valor intrínseco de combinação das características agrônômicas da cultivar com as suas propriedades de uso em atividades agrícolas, industriais, comerciais e/ou de consumo *in natura*.

Com a implantação de ensaios em vários ambientes, uma mesma cultivar pode apresentar desempenho diferente de acordo com o ambiente de cultivo, essa variação é decorrente dos componentes genéticos e ambientais e da interação entre ambos, denominado interação genótipos x ambientes (G x A) (BORNHOFEN et al., 2017).

Entende-se por ambientes todas as variáveis não genéticas que interferem no desempenho dos genótipos, como fertilidade do solo, fatores climáticos, índice pluviométrico, ataque de pragas e doenças. Allard e Bradshaw (1964) afirmaram que a resposta dos genótipos frente às variações ambientes é de dois tipos, denominadas previsíveis e imprevisíveis. Fazem parte dos fatores previsíveis todos os atributos permanentes do ambiente, como características gerais do clima, tipo de solo, comprimento do dia, data de plantio, métodos de colheita e outras práticas agrônômicas. Na segunda categoria, estão inclusos fatores ambientais não previsíveis, como a temperatura e a quantidade e distribuição das chuvas.

A natureza da interação G x A pode ser atribuída a fatores fisiológicos e bioquímicos próprios de cada cultivar. Em termos genéticos, a interação ocorre quando um gene, ou um conjunto de genes, apresentam expressão diferenciada de acordo com o ambiente em que estão inseridos, uma vez que as condições ambientais regulam ou influenciam a sua expressão (KANG, 1998).

Para a detecção ou estimação da interação G x A é necessária uma tabela de dupla entrada, necessitando de experimentos que envolvam pelo menos duas cultivares em dois ambientes. Em seguida, é realizada a análise conjunta dos dados para verificar a significância da interação (RAMALHO et al., 2012)

Em função da tabela de dupla entrada, pode-se observar ausência de interação, interação simples e interação complexa. Logo, a existência da interação está associada a dois fatores, denominados simples e complexos. O primeiro relaciona-se à presença de variabilidade genética entre os genótipos nos ambientes avaliados e, o segundo, pela falta de correlação entre os genótipos (CRUZ e CASTOLDI, 1991). O fator complexo é o principal complicador dos trabalhos dos melhoristas no momento da seleção e recomendação de novas cultivares, uma vez que os genótipos vão apresentar comportamento diferencial de acordo com o ambiente de avaliação, ou seja, há genótipos com melhor desempenho em um ambiente, mas não em outros.

Existem algumas opções para atenuar os efeitos da interação. A primeira seria identificar e selecionar genótipos para cada ambiente específico, sendo dispendiosa

e de difícil execução; a segunda opção seria a realização do zoneamento ecológico ou estratificação ambiental, onde os ambientes ecologicamente semelhantes são agrupados em sub-regiões dentro das quais a interação passa a ser não significativa. A principal desvantagem desse método é não conseguir controlar a interação genótipo x anos. A terceira opção e a mais utilizada, é a identificação de seleção de genótipos com maior adaptabilidade e estabilidade (RAMALHO et al., 2012).

### **2.3 Adaptabilidade e estabilidade**

Os efeitos da interação constituem um dos principais desafios enfrentados pelos melhoristas no momento da identificação, seleção e recomendação de cultivares, uma vez que ele pode levar a uma inconsistência na classificação dos genótipos nos vários ambientes testados e minimizar a magnitude da associação entre os valores fenotípicos e genotípicos (POLIZEL et al., 2013; SOARES et al., 2017). Logo, é necessário a avaliação dos genótipos em ensaios multiambientes, inclusive alternando condições favoráveis e desfavoráveis de cultivo (ALWALA et al., 2010).

Apesar da grande importância de estudos da interação genótipos x ambientes para os programas de melhoramento, eles não proporcionam informações detalhadas a respeito do comportamento de cada genótipo em frente às variações ambientais. Para contornar esse problema, são feitas análises de adaptabilidade e estabilidade (CRUZ, 2012). Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) definem adaptabilidade como a capacidade dos genótipos responderem de forma positiva as variações ambientais. Ao passo que a estabilidade se refere a capacidade dos genótipos apresentarem comportamento previsível mesmo com as variações do ambiente.

Existem inúmeras metodologias reportadas na literatura para o estudo de adaptabilidade e estabilidade em ensaios multiambientes. A escolha da metodologia adequada depende dos dados experimentais, da precisão requerida e do tipo de informação desejada pelo melhorista (CRUZ, REGAZZI e CARNEIRO, 2012). Os métodos propostos podem ser baseados nos componentes da análise de variância, no método da regressão, em metodologias não paramétricas, em métodos multivariados e em modelos mistos (CARVALHO et al., 2016).

Dentre os métodos que estimam a adaptabilidade e a estabilidade por meio dos componentes da análise de variância, destaca-se o de Yates e Cochran (1938), Plaisted e Peterson (1959) e Wricke (1965), conhecido por Ecovalência. Outros métodos propostos foram baseados em equações de regressão linear simples, como

a de Finlay e Wilkinson (1963), Eberhart e Russell (1966) e Cruz, Torres e Vencovsky (1989).

Metodologias não paramétricas foram propostas para os casos em que os dados experimentais não atendessem os pressupostos da análise de regressão. Dentre elas pode-se citar a de Nassar e Hühn (1987), Lin e Binns (1988) e Annicchiarico (1992). Carneiro (1998) propôs uma modificação do método de Lin e Bins, decompondo o parâmetro de adaptabilidade em ambientes favoráveis e desfavoráveis, visando facilitar a recomendação de cultivares para ambientes específicos de cultivo.

Considerando os métodos multivariados, dois modelos frequentemente utilizados são os de efeitos aditivos principais e interação multiplicativa – AMMI e de efeitos principais de genótipos + efeito multiplicativo da interação genótipos x ambientes – GGE Biplot.

A metodologia AMMI associa um modelo aditivo e multiplicativo para explicar a interação genótipo x ambientes, englobando a análise de variância dos efeitos aditivos principais de genótipos e ambientes com a análise de componentes principais do efeito multiplicativo da interação genótipo x ambiente. Ela permite uma análise mais detalhada da interação G x A, propiciando, ainda, estimativas mais precisas das respostas genotípicas e fácil interpretação dos resultados por meio do gráfico biplot (ZOBEL, WRIGHT; GAUCH, 1988).

No método GGE Biplot, proposto por Yan et al. (2000), o modelo é composto pelos efeitos dos genótipos e da interação genótipo x ambiente. A análise agrupa os efeitos aditivos dos genótipos com os efeitos multiplicativos da interação e submete estes à análise de componentes principais. Assim como na metodologia AMMI, a interpretação dos resultados do GGE Biplot é facilitada pela visualização gráfica dos biplots, permitindo observar aspectos importantes, como por exemplo, a formação de mega-ambientes, os genótipos e ambientes ideais, os ambientes mais representativos e discriminantes, além de facilitar a comparação dos genótipos avaliados (YAN, 2001).

A abordagem de modelos mistos é também conhecida por REML/BLUP. O procedimento REML (*Restricted Maximum Likelihood*) ou máxima verossimilhança restrita, estima os componentes de variância necessários ao modelo e o BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), melhor preditor linear não viesado, é o procedimento de seleção ideal para efeitos genéticos aditivos, de dominância e efeitos genotípicos (RESENDE, 2016).

Na metodologia REML/BLUP, a análise de adaptabilidade e estabilidade é feita a partir de três parâmetros, denominados: a) média harmônica dos valores genotípicos (MHVG); b) performance relativa dos valores genotípicos (PRVG); c) média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG). A MHVG tem como objetivo ordenar os genótipos simultaneamente pela sua produtividade e estabilidade. Em contrapartida, a PRVG é utilizada para selecionar os genótipos com maior adaptabilidade genotípica. A MHPRVG, diferente dos outros dois parâmetros, seleciona os genótipos quanto a estabilidade, adaptabilidade e produtividade simultaneamente. A MHPRVG considera os efeitos dos genótipos como aleatórios, fornecendo estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica, além disso, permite lidar com dados desbalanceados, delineamentos não ortogonais e com heterogeneidade de variância (RESENDE, 2007). Segundo ainda o mesmo autor, o método fornece valores genéticos já descontados da instabilidade, podendo ser aplicado a qualquer número de ambientes. Outra vantagem é que os resultados são gerados na própria unidade ou escala do caráter avaliado.

Maiores informações sobre as vantagens e desvantagens de cada metodologia podem ser encontradas em revisão feita por Carvalho et al. (2016).

#### **2.4 Adaptabilidade e estabilidade em soja**

Diversos métodos têm sido utilizados para o estudo de adaptabilidade e estabilidade na cultura da soja. Avaliando adaptabilidade e estabilidade de 28 genótipos de soja em cinco ambientes dos estados do Maranhão, Piauí, Tocantins e Bahia, na safra agrícola 2009/2010, por meio do método da Ecovalência (Wricke, 1965), Eberhart e Russell (1966) e Annicchiaricho (1992), Hamawaki et al. (2018), concluíram que a linhagem UFU 521 merece destaque, pois apresentou, simultaneamente, alta produtividade, comportamento previsível e ampla adaptabilidade.

Romanato et al. (2016), avaliando adaptabilidade e estabilidade de 30 genótipos de soja a partir de metodologias paramétricas e não paramétricas em Campo Alegre de Goiás, Brasil, selecionaram as linhagens UFUS 6 e UFUS 21 e as cultivares comerciais UFUS Impacta e UFUS Xavante, por terem sido as mais produtivas, com ampla adaptabilidade e alta estabilidade.

Estudando adaptabilidade e estabilidade fenotípica de dez linhagens e quatro cultivares comerciais em duas safras agrícolas no estado de Minas Gerais pelo método de Annicchiaricho (1992) e Centróide, Vasconcelos et al. (2015), concluíram



que o genótipo CS 801 apresentou maior adaptabilidade a ambientes favoráveis, enquanto os genótipos CAC-1, UFV-16, UFV-19, CS 801, CS 802 e UFV98 700739 foram classificadas como de adaptabilidade geral.

No estado de Tocantins, Monteiro et al. (2017) investigaram adaptabilidade e estabilidade para a produtividade de óleo nos grãos de 11 cultivares de soja por meio das metodologias propostas por Eberhart e Russell (1966) e Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998). Os autores selecionaram, tanto para ambientes favoráveis como desfavoráveis, os genótipos BR/ENGOPA314, P98Y51 e M8766RR.

Ao estudarem adaptabilidade e estabilidade produtiva de seis cultivares de soja em nove ambientes do estado de Minas Gerais pela metodologia de Wricke (1965) e Annicchiaricho (1992), Soares et al. (2017) classificaram cinco ambientes como sendo favoráveis e quatro como desfavoráveis, selecionando BRSMG 820RR e BRSMG 760SRR como de adaptabilidade geral e alta estabilidade.

No Sul do Brasil, Tessele et al. (2016), avaliando adaptabilidade e estabilidade de dez genótipos de soja sob diferentes épocas de semeadura por meio das metodologias Eberhart e Russell (1966) e MHPRVG (Resende, 2004), selecionaram os genótipos TMG 7060 IPRO, TMG 7062 IPRO e NA 5909 RG, com ampla adaptabilidade, alta estabilidade e bom potencial de resposta em ambiente favoráveis.

No cerrado piauiense, Alcântara Neto et al. (2018) estudaram adaptabilidade e estabilidade de 26 genótipos de soja pelas metodologias de Eberhart e Russell (1966) e AMMI. Os autores selecionaram os genótipos G5 e G9 como os mais produtivos, adaptados e estáveis, observando um razoável grau de concordância entre as duas metodologias utilizadas. Uma parcial concordância entre as metodologias de Eberhart e Russell (1966) e AMMI também foi observado por Silveira et al. (2016), ao avaliarem dez genótipos de soja no estado do Paraná.

Em seis ambientes do estado de Minas Gerais, Silva et al. (2016) estudaram adaptabilidade e estabilidade fenotípica de 36 cultivares de soja para a produtividade de grãos e conteúdo de óleo pela metodologia de Wricke (1965) e GGE biplot (YAN et al., 2000). Os autores afirmaram que a metodologia GGE Biplot foi eficiente na seleção de genótipos com ampla adaptabilidade e alta estabilidade. Para a produtividade de grãos, destacaram-se as cultivares BRSGO204 e BRSMG, enquanto que para o conteúdo de óleo, o melhor resultado foi obtido pela BRSMG 760 SRR.

A partir da metodologia GGE Biplot (YAN et al., 2000), Silva et al. (2017b) avaliaram adaptabilidade e estabilidade fenotípica de 17 cultivares comerciais de soja

quanto a produtividade de grãos e a qualidade de sementes. A cultivar NA 7200 apresentou, simultaneamente, boa produtividade e qualidade de sementes e alta adaptabilidade e estabilidade.

Pela abordagem de modelos mistos, Torres et al. (2018) estudaram adaptabilidade e estabilidade de 10 genótipos de soja, encontrando os genótipos AS3730, 97R73 e SYN9070 como os mais produtivos e adaptados, sendo indicados para o cultivo na região Cerrado-Pantanal.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Material genético

Foram utilizados dados dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de 16 genótipos de soja, entre 12 linhagens com a tecnologia Intacta® oriundas do Programa de Melhoramento de Soja da Embrapa Meio-Norte e quatro cultivares. As quatro cultivares (G13 a G16) foram empregadas como testemunhas nos ensaios de avaliação (Tabela 1).

Tabela 1. Relação dos genótipos de soja utilizados nos ensaios de Valor de Cultivo e Uso, nas safras agrícolas 2015/16 e 2016/17.

| Código | Genótipo                    | Grupo de Maturação |
|--------|-----------------------------|--------------------|
| G1     | BRASBT13-0054               | 8.2                |
| G2     | BRASBT13-0176               | 8.1                |
| G3     | BRASBT13-0200               | 8.4                |
| G4     | BRASBT13-0468               | 8.0                |
| G5     | BRASBT13-0528               | 8.2                |
| G6     | BRASBT13-0553               | 8.5                |
| G7     | BRASBT13-0590               | 7.9                |
| G8     | BRASBT13-0621               | 8.4                |
| G9     | BRASBT13-0646               | 8.1                |
| G10    | BRASBT13-0715               | 7.9                |
| G11    | BRASBT13-0762               | 8.1                |
| G12    | BRASBT13-0834               | 8.2                |
| G13    | M7739 IPRO <sup>(1)</sup>   | 7.7                |
| G14    | M8372 IPRO <sup>(1)</sup>   | 8.3                |
| G15    | M9144 RR <sup>(1)</sup>     | 9.1                |
| G16    | BRS8980 IPRO <sup>(1)</sup> | 8.9                |

<sup>1</sup>Testemunhas

#### 3.2 Procedimentos experimentais

Os ensaios foram conduzidos nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017, nos municípios de Chapadinha, Caxias, Tasso Fragoso e São Raimundo das Mangabeiras, localizados no estado do Maranhão, e Bom Jesus, situado no estado do Piauí (Figura 1).

Os ambientes de avaliação dos ensaios experimentais consistiram da combinação local x safras agrícolas, totalizando, assim, oito ambientes de cultivo. A descrição dos ambientes, com suas respectivas safras agrícolas, local de avaliação e coordenadas geográficas são apresentados na Tabela 2.

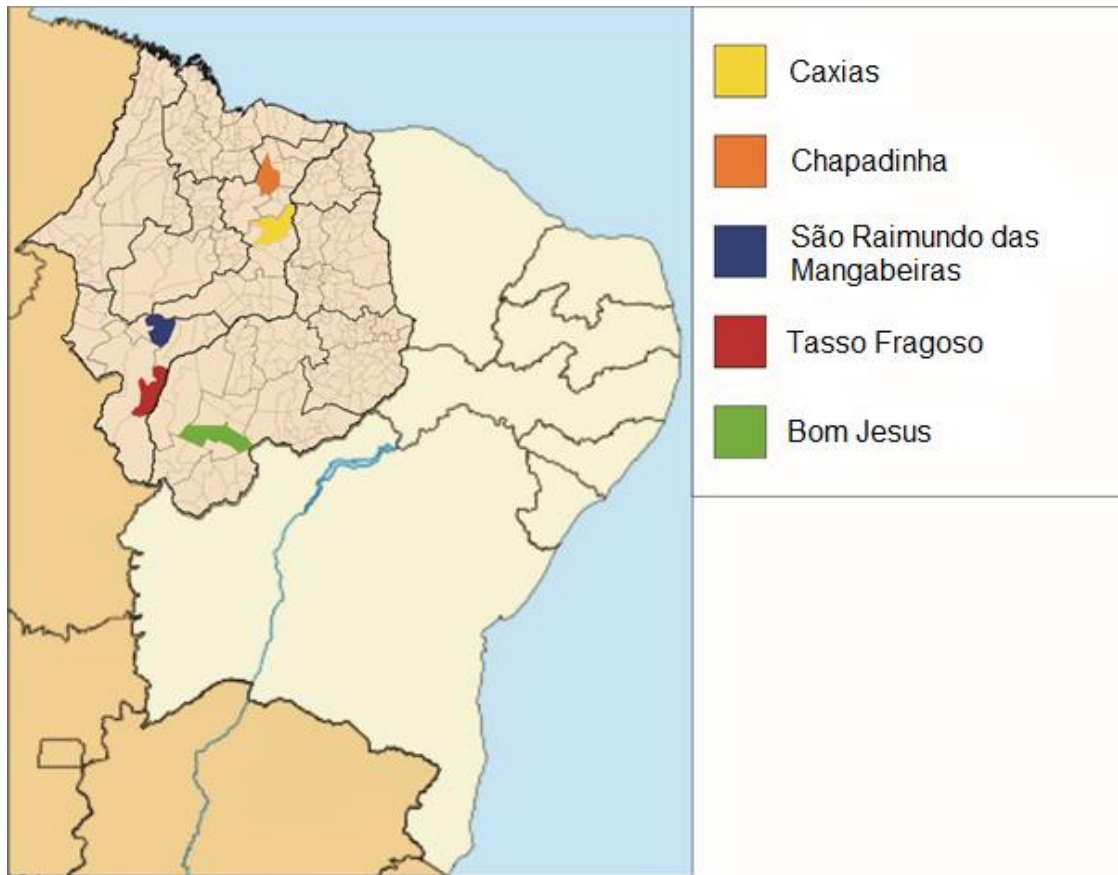


Figura 2. Locais de condução dos ensaios de soja nos estados do Maranhão e Piauí, nas safras agrícolas 2015/16 e 2016/17.

Tabela 2. Ambientes, safra agrícola, local e coordenadas geográficas dos ensaios de avaliação final das linhagens e cultivares de soja nos estados do Maranhão e Piauí.

| Ambiente | Safra   | Local                        | Estado | Latitude-S | Longitude-W | Altitude (m) |
|----------|---------|------------------------------|--------|------------|-------------|--------------|
| A1       | 2015/16 | Chapadinha                   | MA     | 03°44'30"  | 43°21'37"   | 105          |
| A2       | 2015/16 | Caxias                       | MA     | 04°51'32"  | 43°21'22"   | 66           |
| A3       | 2015/16 | São Raimundo das Mangabeiras | MA     | 07°01'09"  | 45°28'51"   | 234          |
| A4       | 2015/16 | Tasso Fragoso                | MA     | 08°28'30"  | 45°44'34"   | 242          |
| A5       | 2016/17 | Bom Jesus                    | PI     | 09°04'28"  | 44°21'31"   | 277          |
| A6       | 2016/17 | Chapadinha                   | MA     | 03°44'30"  | 43°21'37"   | 105          |
| A7       | 2016/17 | São Raimundo das Mangabeiras | MA     | 07°01'09"  | 45°28'51"   | 234          |
| A8       | 2016/17 | Tasso Fragoso                | MA     | 08°28'30"  | 45°44'34"   | 242          |

O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com três repetições. Cada parcela experimental foi composta de quatro linhas de 5,0 m de comprimento, espaçadas 0,5 m, tendo como área útil as duas linhas centrais, totalizando 4,0 m<sup>2</sup> desprezando-se 0,5 m de bordadura das extremidades.

Todos os ensaios foram semeados mecanizadamente, com plantadeira de parcelas, a uma profundidade de aproximadamente 3,0 cm, distribuindo uniformemente 15 sementes por metro linear. As adubações e demais práticas culturais foram semelhantes às adotadas segundo sistema usual dos produtores, refletindo as recomendações técnicas locais.

Foi realizado, sempre que necessário, a aplicação de herbicidas para o controle de plantas daninhas, assim como a aplicação de fungicidas, inseticidas e acaricidas, para controle de doenças e pragas incidentes durante a condução dos experimentos.

Na maturação, os seguintes caracteres foram avaliados:

- Número de dias para maturação (NDM) - compreendeu o período entre a semeadura e o estágio fenológico R<sub>8</sub>, no qual 95% das vagens da área útil estavam maduras;
- Altura da planta (AP) - medida em cm, compreendendo a distância entre a superfície do solo e a extremidade da haste principal. As medidas foram realizadas em 5 plantas aleatórias da área útil da parcela e feita a média aritmética;
- Peso de cem sementes (PCS) – correspondeu a massa, em g, de 100 sementes tomadas ao acaso da área útil da parcela;
- Produtividade de grãos (PROD) – correspondeu à produção de grãos das plantas da área útil das parcelas que foram colhidas e trilhadas separadamente. Os grãos foram pesados, corrigidos para 13% de umidade e o valor obtido foi extrapolado para kg.ha<sup>-1</sup>.

### 3.3 Análises estatístico-genéticas

#### 3.3.1 Análise individual

Os caracteres avaliados em todos os ambientes estudados foram submetidos à análise de variância individual, adotando-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + E_{ij},$$

Em que,

$Y_{ij}$ : observação obtida na parcela com i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

$\mu$ : média geral;

$G_i$ : efeito do i-ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, g$ );

$B_j$ : efeito do j-ésimo bloco ( $j = 1, 2, \dots, r$ );

$E_{ij}$ : erro experimental médio.

Após a realização das análises de variância individuais, foi verificada a existência de homogeneidade de variância dos erros experimentais pelo teste F máximo, que consiste na relação entre o maior e menor quadrado médio do resíduo do grupo de experimentos. Segundo Cruz (2006), existe homogeneidade das variâncias se a relação encontrada for menor que sete, ao passo que, relação superior a sete indica heterogeneidade das variâncias.

As análises de variância individuais foram realizadas utilizando o programa computacional Genes (CRUZ, 2013).

### 3.3.2 Análise conjunta

Considerando todos os experimentos, a avaliação dos efeitos dos genótipos e da interação genótipos x ambientes para cada caráter avaliado seguiu o seguinte modelo estatístico, com base nos modelos mistos:

$$y = Xr + Zg + Wi + e$$

Em que,

$y$ : vetor de dados;

$r$ : vetor dos efeitos da repetição (assumidos como fixos), somados à média geral, e contempla todas as repetições de todos os locais;

$g$ : vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

$i$ : vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios);

$e$ : vetor de erros ou resíduos (aleatórios);

$X$ ,  $Z$  e  $W$ : representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Na análise de modelos mistos, principalmente com dados desbalanceados e heterogeneidade de variâncias, os efeitos dos modelos não são testados via teste F, como é feito no método de análise de variância. Neste caso, para os efeitos aleatórios, recomenda-se a realização do teste da razão da verossimilhança (LTR), gerando um quadro semelhante ao da análise de variância. Este quadro é denominado de Análise de Deviance (ANADEV) e é estabelecido de acordo com os seguintes passos: i) obtenção do logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual (Log L), para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obtenção da deviance  $D = -2 \text{ Log L}$ , para modelos com e sem o efeito a ser testado; iii) fazer a diferença entre as

devianças para modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão da verossimilhança (LTR); iv) testar, via LTR, a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 ou 0,5 graus de liberdade (RESENDE, 2016)

Para a realização da análise conjunta, estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos (REML individual) adotou-se o modelo 54 do software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007).

A interação genótipo x ambiente foi decomposta segundo algoritmo apresentado por Ramalho et al (2012):

$$\sigma^2_{g*l} = \frac{1}{n \times (n - 1)} \sum_{x < y} (\sigma_{gx} - \sigma_{gy})^2 + 2(1 - r_{gxgy})\sigma_{gx}\sigma_{gy}$$

Em que,  $n$  é o número de ambientes;  $\sigma_{gx}$  e  $\sigma_{gy}$  correspondem aos desvios padrões genéticos nos ambientes  $x$  e  $y$ , respectivamente; e  $r_{gxgy}$  é a correlação entre médias de genótipos nos ambientes.

### 3.3.3 Análises de adaptabilidade e estabilidade

Nas análises de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos avaliados, considerou-se apenas o caráter produtividade de grãos, adotando-se duas metodologias: REML/BLUP (RESENDE, 2007) e GGE Biplot (YAN et al., 2000).

#### 3.3.3.1 Metodologia REML/BLUP

Os valores genotípicos preditos, livre de toda interação com ambientes, foram obtidos por  $\mu + g_i$ , via análise conjunta (item 2.5.2), em que  $\mu$  é a média de todos os ambientes e  $g_i$  é o efeito genotípico livre da interação genótipo x ambiente. Para cada ambiente  $j$ , os valores genotípicos foram preditos por  $\mu + g_i + (ge)_{ij}$ , sendo  $\mu$  a média do ambiente  $j$ ,  $g_i$  o efeito genotípico do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ ,  $(ge)_{ij}$  o efeito da interação G x A em relação ao genótipo  $i$  (RESENDE, 2007).

Com base na metodologia de Máxima Verossimilhança Restrita – REML e Melhor Preditor Linear Não Viesado – BLUP, pode-se estimar a média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), que avalia, simultaneamente, a produtividade e estabilidade; a performance relativa dos valores genotípicos (PRVG), que avalia a adaptabilidade genotípica e a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG), que avalia, de forma simultânea, a produtividade, a adaptabilidade e a estabilidade (RESENDE, 2007). Esses preditores foram obtidos de acordo com as expressões abaixo:

$$MHVG_i = \frac{a}{\sum_{i=j}^a \frac{1}{V_{gj}}} \quad PRVG_i = \frac{1}{a} \left[ \frac{\sum V_{gj}}{M_j} \right] \quad MHPRVG_i = \frac{a}{\sum_{i=j}^a \frac{1}{V_{gij}}}$$

Em que,

$a$ : número de ambientes de avaliação do genótipo  $i$ ;

$V_{gij}$ : valor genotípico do  $i$ -ésimo genótipo do  $j$ -ésimo ambiente;

$V_{gj}$ : média genotípica do  $j$ -ésimo ambiente;

Para as análises de adaptabilidade e estabilidade pela metodologia REML/BLUP, foi utilizado o modelo 54 do software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007).

### 3.5.4.2 Metodologia GGE Biplot

Para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade produtiva através da metodologia GGE Biplot, foi utilizado uma tabela de dupla entrada contendo as médias genotípicas dos genótipos em cada ambiente, considerando o seguinte modelo:

$$\bar{Y}_{ij} - \mu - A_j = G_i + GA_{ij}$$

Em que,

$\bar{Y}_{ij}$ : o valor genotípico do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ ;

$\mu$ : a média geral das observações;

$A_j$ : o efeito principal do ambiente  $j$ ;

$G_i$ : o efeito principal do genótipo  $i$ ;

$GA_{ij}$ : o efeito da interação entre o genótipo  $i$  e o ambiente  $j$ ;

Na análise GGE Biplot, apenas os efeitos dos genótipos e da interação G x A são importantes, devendo ser considerados simultaneamente. Assim, o modelo não separa G da G x A, mantendo-os juntos em dois termos multiplicativos, que podem ser visualizados na expressão abaixo:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}e_{i1} + g_{i2}e_{i2} + \varepsilon_{ij}$$

Em que,

$Y_{ij}$ : rendimento esperado do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ ;



$\mu$ : média geral das observações;

$\beta_j$ : efeito principal do ambiente  $j$ ;

$g_{i1}$  e  $e_{i1}$ : escores principais do genótipo  $i$  e ambiente  $j$ , respectivamente;

$g_{i2}$  e  $e_{i2}$ : escores secundários para o genótipo  $i$  e ambiente  $j$ , respectivamente;

$\varepsilon_{ij}$ : resíduo não explicado por ambos os efeitos.

Assim, a construção do gráfico no modelo GGE Biplot se dá por meio da dispersão simples de  $g_{j1}$  e  $g_{j2}$  para genótipos e  $e_{j1}$  e  $e_{j2}$  para ambientes, pela decomposição do valor singular, de acordo com a equação:

$$Y_{ij} - Y_j = \lambda_1 \varepsilon_{i1} \rho_{j1} + \lambda_2 \varepsilon_{i2} \rho_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

Em que,

$\lambda_1$  e  $\lambda_2$ : são os maiores autovalores do primeiro (CPA1) e segundo (CPA2) componentes principais, respectivamente;

$\varepsilon_{i1}$  e  $\varepsilon_{i2}$ : são os autovalores do genótipo  $i$  para CPA1 e CPA2, respectivamente;

$\rho_{j1}$  e  $\rho_{j2}$ : são os autovalores do ambiente  $j$  para CPA1 e CPA2, respectivamente (YAN; RAJCAN, 2002; YAN; TINKER, 2006).

A análise foi realizada com o auxílio do Ambiente Estatístico R (R Development Core Team, 2014) utilizando o pacote *GGEbiplotGUI* (FRUTOS; GALINDO; LEIVA, 2014).

Ao gerar os gráficos biplot pelo pacote *GGEbiplotGUI*, selecionou-se o modelo: sem escalamento (*no scaling*); com G+GA centrado pelo testador (*tester-centered G+GE*), que corresponde ao modelo GGE; o método de particionamento por valor singular (SPV) do tipo preservação métrica por coluna (*column metric preserving*); e o tipo de biplot considerando o primeiro e o segundo componentes principais (CP).

Com o objetivo de avaliar a adequação de um biplot em exibir os padrões de uma tabela de dupla entrada, com  $g$  genótipos e  $e$  ambientes, Yan e Tinker (2006) propuseram uma Relação de Informação (RI), podendo ser calculada para cada CP, sendo a proporção da variação total explicada por cada CP multiplicada por  $k$  (número total de CPs). O biplot de dimensão dois (CP1 x CP2) representa adequadamente os padrões nos dados se pelo menos um dos dois primeiros componentes apresentarem RI maior que um.

## **4 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **4.1 Análises de variância individuais**

Nos resumos das análises de variância individuais, por ambientes, observaram-se diferenças estatísticas significativas para a maioria dos caracteres avaliados em todos os ambientes, exceto para o PCS e PROD, no ambiente A2 e A5, respectivamente (Tabela 3). Isso demonstra presença de variabilidade genética entre os genótipos avaliados na maioria dos ambientes testes.

O efeito de genótipos foi decomposto em efeitos de linhagens, testemunhas e contraste linhagens x testemunhas (L vs Test.) em todas as análises individuais, de modo que se tornou possível a avaliação de cada uma dessas fontes de variação de maneira isolada.

Diferenças significativas também foram encontradas para o efeito de linhagens em todos os ambientes, exceto para PCS no ambiente A2 e PROD nos ambientes A4 e A5. Isso evidencia a presença de variabilidade genética entre as linhagens de soja avaliadas e a possibilidade de seleção, dentro da maioria dos ambientes, de genótipos superiores. Perini et al. (2012), estudando os componentes de produção de cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado, também observaram diferenças significativas para todos os genótipos na maioria das características analisadas.

Foram também observadas diferenças significativas entre as testemunhas avaliadas, menos para AP nos ambientes A2 e A7; PCS nos ambientes A2, A4, A7 e A8; PROD nos ambientes A2 e A4. Para o contraste linhagens x testemunhas (L vs Test.) menos efeitos significativos foram observados. Para NDM, as linhagens não diferiram das testemunhas apenas no ambiente A1; quanto a AP, em quase todos os ambientes, as linhagens apresentaram o mesmo comportamento das testemunhas, não diferindo estatisticamente, exceto para os ambientes A6 e A7. Para o PCS, as linhagens não diferiram das testemunhas nos ambientes A2, A4, A6 e A8. Resultado semelhante foi encontrado para PROD, em que não houve diferenças estatísticas significativas entre linhagens e testemunhas em quatro ambientes testes (A3, A5, A6 e A8).

Os efeitos significativos encontrados entre as linhagens, testemunhas e o contraste linhagens x testemunhas (L vs Test.) contribuem para a variabilidade genética observada entre os genótipos para quase todas as características avaliadas, podendo, dessa forma, selecionar indivíduos com desempenho superior.

Tabela 3. Quadrados médios das análises de variâncias individuais, por ambientes, para o caráter número de dias para maturação (NDM), altura da planta (AP), peso de cem sementes (PCS) e produtividade de grãos (PROD) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017

| Chapadinha 15/16 (A1) |    |                     |                     |       |               |
|-----------------------|----|---------------------|---------------------|-------|---------------|
| Fonte de Variação     | GL | NDM                 | AP                  | PCS   | PROD          |
| Blocos                | 2  | 5,33                | 52,64               | 0,06  | 573.118,02    |
| Genótipos             | 15 | 61,12*              | 815,69*             | 3,26* | 787.727,73*   |
| Linhagens (L)         | 11 | 39,35*              | 932,78*             | 2,24* | 530.446,76*   |
| Testemunha (T)        | 3  | 157,41*             | 650,75*             | 6,98* | 784.848,23*   |
| L vs T                | 1  | 11,67 <sup>ns</sup> | 22,56 <sup>ns</sup> | 3,30* | 3.626.456,87* |
| Erro                  | 30 | 8,73                | 24,76               | 0,25  | 228.970,72    |
| Média Geral           | -  | 103,72              | 52,39               | 14,12 | 2.438,81      |
| CV(%)                 | -  | 2,84                | 9,49                | 3,52  | 19,62         |

| Caxias 15/16 (A2) |    |        |                      |                    |                        |
|-------------------|----|--------|----------------------|--------------------|------------------------|
| Fonte de Variação | GL | NDM    | AP                   | PCS                | PROD                   |
| Blocos            | 2  | 6,52   | 154,39               | 0,67               | 48738,89               |
| Genótipos         | 15 | 22,46* | 292,68*              | 2,08 <sup>ns</sup> | 125697,21*             |
| Linhagens (L)     | 11 | 14,81* | 332,25*              | 1,62 <sup>ns</sup> | 126374,14*             |
| Testemunha (T)    | 3  | 43,19* | 216,66 <sup>ns</sup> | 0,08 <sup>ns</sup> | 36636,22 <sup>ns</sup> |
| L vs T            | 1  | 44,44* | 85,56 <sup>ns</sup>  | 13,08*             | 385434,02*             |
| Erro              | 30 | 5,52   | 97,06                | 1,05               | 41597,97               |
| Média Geral       | -  | 89,41  | 48,97                | 10,24              | 1400,75                |
| CV(%)             | -  | 2,63   | 20,11                | 10,02              | 14,56                  |

| São Raimundo das Mangabeiras 15/16 (A3) |    |         |                    |       |                      |
|---|----|---------|--------------------|-------|----------------------|
| Fonte de Variação                       | GL | NDM     | AP                 | PCS   | PROD                 |
| Blocos                                  | 2  | 5,08    | 0,14               | 0,11  | 440860,71            |
| Genótipos                               | 15 | 77,72*  | 417,26*            | 1,22* | 441158,85*           |
| Linhagens (L)                           | 11 | 30,81*  | 462,51*            | 1,27* | 418582,16*           |
| Testemunha (T)                          | 3  | 235,89* | 390,30*            | 1,26* | 670728,32*           |
| L vs T                                  | 1  | 119,17* | 0,44 <sup>ns</sup> | 0,56* | 794,14 <sup>ns</sup> |
| Erro                                    | 30 | 2,48    | 8,88               | 0,11  | 91967,73             |
| Média Geral                             | -  | 96,77   | 67,08              | 14,38 | 2079,15              |
| CV(%)                                   | -  | 1,62    | 4,44               | 2,34  | 14,58                |

| Tasso Frágoso 15/16 (A4) |    |         |                    |                    |                         |
|--------------------------|----|---------|--------------------|--------------------|-------------------------|
| Fonte de Variação        | GL | NDM     | AP                 | PCS                | PROD                    |
| Blocos                   | 2  | 2,89    | 30,33              | 0,76               | 132297,70               |
| Genótipos                | 15 | 107,28* | 667,04*            | 4,21*              | 736699,14*              |
| Linhagens (L)            | 11 | 40,93*  | 674,75*            | 4,94*              | 612092,39 <sup>ns</sup> |
| Testemunha (T)           | 3  | 276,31* | 860,97*            | 2,52 <sup>ns</sup> | 883288,13 <sup>ns</sup> |
| L vs T                   | 1  | 330,03* | 0,44 <sup>ns</sup> | 1,26 <sup>ns</sup> | 1667606,34*             |
| Erro                     | 30 | 3,76    | 47,57              | 0,99               | 327681,59               |
| Média Geral              | -  | 101,21  | 84,08              | 15,47              | 3740,22                 |
| CV(%)                    | -  | 1,91    | 8,20               | 6,46               | 15,30                   |

Continua...

Tabela 3. Quadrados médios das análises de variâncias individuais, por ambientes, para o caráter número de dias para maturação (NDM), altura da planta (AP), peso de cem sementes (PCS) e produtividade de grãos (PROD) de 16 genótipos de soja avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017

| Bom Jesus 16/17 (A5)                    |    |         |                      |                     |                         |
|---|----|---------|----------------------|---------------------|-------------------------|
| Fonte de Variação                       | GL | NDM     | AP                   | PCS                 | PROD                    |
| Blocos                                  | 2  | 0,56    | 39,52                | 0,14                | 19296,81                |
| Genótipos                               | 15 | 124,70* | 633,09*              | 2,40*               | 312465,43*              |
| Linhagens (L)                           | 11 | 29,28*  | 555,81*              | 1,99*               | 344087,91*              |
| Testemunha (T)                          | 3  | 455,42* | 1104,33*             | 2,75*               | 261197,45*              |
| L vs T                                  | 1  | 182,25* | 69,44 <sup>ns</sup>  | 5,84*               | 118422,01 <sup>ns</sup> |
| Erro                                    | 30 | 5,84    | 27,54                | 0,59                | 87318,61                |
| Média Geral                             | -  | 120,37  | 72,92                | 14,48               | 3571,91                 |
| CV(%)                                   | -  | 2,01    | 7,18                 | 5,31                | 8,27                    |
| Chapadinha 16/17 (A6)                   |    |         |                      |                     |                         |
| Fonte de Variação                       | GL | NDM     | AP                   | PCS                 | PROD                    |
| BLOCOS                                  | 2  | 0,19    | 98,52                | 0,3                 | 1098539,56              |
| GENÓTIPOS                               | 15 | 84,21*  | 836,73*              | 2,83*               | 388644,56 <sup>ns</sup> |
| Linhagens (L)                           | 11 | 4,87*   | 689,57*              | 2,55*               | 325932,03 <sup>ns</sup> |
| Testemunha (T)                          | 3  | 387,22* | 1489,00*             | 4,78*               | 714105,71*              |
| L vs T                                  | 1  | 47,84*  | 498,78*              | 0,018 <sup>ns</sup> | 102098,89 <sup>ns</sup> |
| Erro                                    | 30 | 10,25   | 58,12                | 0,68                | 237912,13               |
| Média Geral                             | -  | 106,44  | 57,92                | 14,08               | 3029,07                 |
| CV(%)                                   | -  | 3,01    | 13,16                | 5,88                | 16,10                   |
| São Raimundo das Mangabeiras 16/17 (A7) |    |         |                      |                     |                         |
| Fonte de Variação                       | GL | NDM     | AP                   | PCS                 | PROD                    |
| BLOCOS                                  | 2  | 12,89   | 50,42                | 0,7                 | 478296,09               |
| GENÓTIPOS                               | 15 | 331,28* | 498,37*              | 2,62*               | 1099642,45*             |
| Linhagens (L)                           | 11 | 264,56* | 599,54*              | 2,64*               | 690385,95*              |
| Testemunha (T)                          | 3  | 402,78* | 216,62 <sup>ns</sup> | 0,81 <sup>ns</sup>  | 2942447,43*             |
| L vs T                                  | 1  | 850,69* | 230,79 <sup>ns</sup> | 7,84*               | 73049,026 <sup>ns</sup> |
| Erro                                    | 30 | 26,96   | 93,41                | 1,21                | 184971,98               |
| Média Geral                             | -  | 100,54  | 73,63                | 15,19               | 3097,99                 |
| CV(%)                                   | -  | 5,16    | 13,12                | 7,24                | 13,88                   |
| Tasso Frágoso 16/17 (A8)                |    |         |                      |                     |                         |
| Fonte de Variação                       | GL | NDM     | AP                   | PCS                 | PROD                    |
| BLOCOS                                  | 2  | 7,27    | 3,58                 | 0,22                | 159769,66               |
| GENÓTIPOS                               | 15 | 140,4*  | 663,01*              | 2,77*               | 804390,66*              |
| Linhagens (L)                           | 11 | 11,70*  | 678,27*              | 2,85*               | 701129,30*              |
| Testemunha (T)                          | 3  | 378,75* | 706,67*              | 2,97 <sup>ns</sup>  | 910746,05*              |
| L vs T                                  | 1  | 841,00* | 364,17*              | 1,26 <sup>ns</sup>  | 1621199,51*             |
| Erro                                    | 30 | 4,87    | 76,41                | 1,18                | 163877,65               |
| Média Geral                             | -  | 120,66  | 79,10                | 17,13               | 4500,22                 |
| CV(%)                                   | -  | 1,83    | 11,05                | 6,33                | 8,99                    |

\*, ns, significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Os coeficientes de variação (CV) oscilaram de acordo com a característica e o ambiente teste. O NDM variou de 1,62% (A3) a 5,84% (A5), a AP de 4,44% (A3) a 20,11% (A2), o PCS de 2,34% (A3) a 10,02% (A2), a PROD de 8,27% (A5) a 19,62% (A1). Em média, os CV foram de 3,11%, 10,84%, 5,89% e 13,91% para NDM, AP, PCS e PROD, respectivamente, estando de acordo com o apresentado pela literatura (ROCHA et al., 2012; BOSSOLANI et al., 2015; SCHWERZ et al., 2016; MILIOLI et al., 2018).

Para produtividade de grãos, foi obtido CV médio superior, resultado esperado por se tratar de uma característica controlada por muito genes, sendo, portanto, muito influenciada pelo ambiente. Mas, de acordo com a classificação de Pimentel-Gomes (2009), os CV foram classificados de médio a baixos, indicando boa precisão experimental.

Observou-se que o quociente entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo para todas as características avaliadas foi maior que sete. Segundo Cruz (2006), nessas circunstâncias, rejeita-se a hipótese de que as variâncias são homogêneas e aceita-se a heterogeneidade das variâncias. Resende (2004) afirma que, na experimentação de campo, a heterogeneidade de variâncias entre os locais testes é algo corriqueiro. Neste caso, segundo o mesmo autor, o método ótimo de análise conjunta é por modelos mistos via REML/BLUP, testando a significância dos efeitos pela análise de deviance via teste de razão de verossimilhança considerando a distribuição  $\chi^2$ .

#### **4.2 Análise conjunta**

O teste de razão de verossimilhança foi significativo ( $p < 0,01$ ) para todos os genótipos em todas os caracteres avaliados, conforme análises conjuntas (Tabela 4). Logo, pode-se inferir que existe variabilidade genética para todas as características, possibilitando a seleção de genótipos com desempenho superior. Verificou-se, também, efeito significativo ( $p < 0,01$ ) para a interação G x A em todas as características. Este resultado indica comportamento diferencial dos genótipos nos ambientes avaliados. A significância da interação G x A pode influenciar na seleção dos melhores genótipos, dificultando a recomendação de novas cultivares pelos melhoristas.

Hamawaki et al. (2018), avaliando 28 genótipos de soja quanto a adaptabilidade e estabilidade produtiva nos estados do Maranhão, Piauí, Tocantins e Bahia, na safra agrícola 2009/2010, também observaram efeitos significativos para genótipos e

interação G x A. A significância desses efeitos também foi encontrada por Freiria et al. (2018), ao avaliarem 12 genótipos de soja nos municípios de Londrina, Guarapuava, Ponta Grossa e Pato Branco.

Tabela 4. Análise de deviance e teste  $\chi^2$  para o caráter número de dias para maturação (NDM), altura da planta (AP), peso de cem sementes (PCS) e produtividade de grãos (PROD) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017

| Efeito             | NDM                     | AP                     | PCS                    | PROD                   |
|--------------------|-------------------------|------------------------|------------------------|------------------------|
| Completo           | 1388,36                 | 2066,21                | 447,76                 | 4896,90                |
| Genótipos (G)      | 1458,84                 | 2153,10                | 478,83                 | 4911,70                |
|                    | (70,48 <sup>++</sup> )  | (86,89 <sup>++</sup> ) | (31,07 <sup>++</sup> ) | (14,80 <sup>++</sup> ) |
| G x A              | 1544,18                 | 2138,67                | 471,59                 | 4933,12                |
|                    | (155,82 <sup>++</sup> ) | (72,46 <sup>++</sup> ) | (23,83 <sup>++</sup> ) | (36,22 <sup>++</sup> ) |
| Interação Simples  | 56,30                   | 49,94                  | 29,22                  | 24,16                  |
| Interação Complexa | 43,70                   | 50,06                  | 70,78                  | 75,84                  |

Qui-quadrado ( $\chi^2$ ) tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente.  
<sup>++</sup> Razão de verossimilhança do modelo sem o referido efeito.

Para as características PCS e PROD, houve predominância da interação do tipo complexa (70,78% e 75,84%, respectivamente) (Tabela 4). Segundo Ramalho et al. (2012), esse tipo de interação é indesejável pelos melhoristas, pois, na sua presença, há uma mudança no ranqueamento dos genótipos. Soares et al. (2017) também observaram maior influência da interação do tipo complexa para produtividade de grãos de genótipos de soja.

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos obtidos por meio da máxima verossimilhança restrita (REML) (Tabela 5) revelaram maior contribuição da variância genotípica para a expressão fenotípica (Vf) do caráter NDM e AP. Em contrapartida, para PCS e PROD, observou-se uma maior contribuição da variância ambiental e da variância da interação G x A para a variação fenotípica. Portanto, apesar de todas características avaliadas apresentarem herança complexa, o PCS e PROD foram mais afetadas pelo ambiente. Este resultado já era esperado, uma vez que a produtividade é controlada por muitos genes e, conseqüentemente, muito influenciada pelo ambiente de cultivo (COSTA et al., 2015).

Matei et al. (2017), avaliaram 26 cultivares de soja nas macrorregiões 1 e 2 do Brasil de 2007 a 2013, e também observaram grande influência da variância devido ao ambiente e devido a interação G x A para a variância fenotípica da produtividade de grãos. Em contrapartida, Andrade et al. (2016) estudando estratégias para seleção de genótipos de soja usando modelos mistos e abordagens multivariadas,

encontraram para as características peso de cem sementes e rendimento de grãos uma maior influência da variância genética para suas expressões fenotípicas.

Torres et al. (2016), estudaram 20 genótipos de feijão-caupi nos estados de Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, em 2005 e 2006, e também observaram maior influência da variância ambiental e da variância da interação G x A para a produtividade de grãos. Resultado semelhante foi encontrado por Torres Filho et al. (2017) trabalhando com a mesma espécie, em Mossoró, Rio Grande do Norte.

Tabela 5. Componentes de variância e parâmetros genéticos (REML individual) para o caráter número de dias para maturação (NDM), altura da planta (AP), peso de cem sementes (PCS) e produtividade de grãos (PROD) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017

| Parâmetro   | NDM    | AP     | PCS   | PROD       |
|---|--------|--------|-------|------------|
| Variância genotípica ( $V_g$ )                          | 23,56  | 132,31 | 0,34  | 48.480,70  |
| Variância da interação G x A ( $V_{ge}$ )               | 13,72  | 50,60  | 0,30  | 90.347,60  |
| Variância residual ( $V_e$ )                            | 6,77   | 54,22  | 0,76  | 170.544,38 |
| Variância fenotípica ( $V_f$ )                          | 44,06  | 237,14 | 1,40  | 309.372,69 |
| Herdabilidade da média dos genótipos ( $h^2_{mg}$ )     | 0,92   | 0,94   | 0,83  | 0,72       |
| Acurácia seletiva ( $A_{cgen}$ )                        | 0,96   | 0,97   | 0,91  | 0,85       |
| Correlação genotípica entre os ambientes ( $r_{gloc}$ ) | 0,63   | 0,72   | 0,53  | 0,35       |
| Coefficiente de variação relativo ( $CV_g\% / CV_e\%$ ) | 1,87   | 1,56   | 0,67  | 0,53       |
| Média Geral   | 104,89 | 67,01  | 14,39 | 2.982,26   |

As herdabilidades da média de genótipos variaram de 0,72 a 0,94, para PROD e AP, respectivamente (Tabela 5). O parâmetro é estimado utilizando médias de blocos como critério de avaliação e/ou seleção (RESENDE, 2007). Dados os valores obtidos para todas as características ( $>0,70$ ), a seleção de genótipos de soja com base nos valores genotípicos preditos pode ser realizada com relativa facilidade.

A herdabilidade da característica é uma importante propriedade para o melhoramento genético, e pode ser definida como a proporção da variação fenotípica que é de natureza genética (CRUZ, 2012). O mesmo autor afirma que o aumento da herdabilidade pode ser obtido pela incorporação de maior variabilidade genética na população ou pelo controle ambiental sobre a característica. A estimativa da herdabilidade permite ao melhorista antever o sucesso com a seleção, direcionando recursos financeiros, mão-de-obra e tempo (PELEGRIN et al., 2017).

Como exposto por Cruz (2012), quanto menor a variância genética e maior o efeito ambiental menor será a herdabilidade da característica, e isto pode ser demonstrado pelos resultados obtidos. A PROD e o PCS, por apresentarem maior

influência do ambiente e da interação G x A na sua expressão fenotípica, mostraram menor herdabilidade quando comparadas com NDM e AP. Os maiores efeitos ambientais sobre a PROD e o PCS também podem ser visualizados pelo coeficiente de variação relativo menor que um.

No contexto de modelos mistos, a acurácia seletiva foi utilizada como parâmetro para avaliar a precisão experimental. Segundo Resende e Duarte (2007), a acurácia seletiva é um dos parâmetros mais relevantes para avaliação da qualidade dos experimentos, definido como sendo a correlação entre os valores genotípicos preditos a partir de dados experimentais e os valores genotípicos verdadeiros.

Os caracteres NDM, AP, PCS e PROD apresentaram acurácia seletiva de 0,96, 0,97, 0,91 e 0,85, respectivamente, indicando alta precisão experimental (RESENDE; DUARTE, 2007). Assim sendo, estes valores obtidos revelam alta qualidade experimental e, portanto, credibilidade e segurança na seleção de genótipos superiores para as características avaliadas. Valores semelhantes foram encontrados em soja (SILVA et al., 2017b; MATEI et al., 2017; TORRES et al., 2018), feijão-caupi (TORRES et al., 2015; CARVALHO et al., 2017; ROCHA et al., 2017) e feijão comum (SOUZA et al., 2018; SANTOS et al., 2018).

A PROD e o PCS apresentam uma menor correlação entre os ambientes (0,35 e 0,53, respectivamente) quando comparado com NDM e AP (0,63 e 0,72, respectivamente). Segundo Cruz e Castoldi (1991), a falta ou a baixa correlação evidencia a predominância da interação do tipo complexa, dificultando a seleção e recomendação de genótipos superiores. A afirmação dos autores é confirmada comparando-se as correlações das características da Tabela 5 com os tipos de interação predominantes expostos na Tabela 4. Em PROD e PCS, por apresentarem baixa correlação, houve predominância da interação do tipo complexa. Para NDM e AP, por apresentarem correlações mais elevadas, a proporção da interação complexa foi menor.

#### **4.3 Valores genotípicos preditos livre da interação com ambientes**

As estimativas das médias genotípicas livres da interação para os caracteres NDM, AP, PCS e PROD são apresentados na Tabela 6 e na Tabela 7. É importante ressaltar que quando se aceita os efeitos de tratamentos como aleatórios não é necessário a realização dos testes de comparação múltiplas de médias (RESENDE, 2004).



O ciclo dos tratamentos avaliados variou de 96,85 dias (M7739 IPRO) a 114,98 dias (BRS8980 IPRO), com uma média de 104,89 dias (Tabela 6). As linhagens, de maneira geral, apresentaram-se mais precoces que as testemunhas. Para a região Meio-Norte, recomenda-se genótipos com ciclo em torno de 110 dias, pois, apesar de mais tardios, exibem um maior rendimento de grãos e melhor rendimento de palhada.

Tabela 6. Valores genotípicos preditos livre de interação com ambientes para os caracteres número de dias para maturação (NDM) e altura da planta (AP) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.

| Código                | Genótipo                  | NDM (dias)  |                       | AP (cm)     |                       |
|-----------------------|---------------------------|-------------|-----------------------|-------------|-----------------------|
|                       |                           | $\mu + g_i$ | IC (95%) <sup>2</sup> | $\mu + g_i$ | IC (95%) <sup>2</sup> |
| G1                    | BRASBT13-0054             | 103,65      | 100,14 – 107,15       | 60,43       | 52,63 – 68,22         |
| G2                    | BRASBT13-0176             | 103,22      | 99,71 – 106,73        | 57,45       | 49,66 – 65,25         |
| G3                    | BRASBT13-0200             | 106,30      | 102,79 – 109,80       | 56,55       | 48,76 – 64,35         |
| G4                    | BRASBT13-0468             | 101,88      | 98,37 – 105,38        | 60,62       | 52,83 – 68,42         |
| G5                    | BRASBT13-0528             | 103,88      | 100,37 – 107,38       | 80,30       | 72,51 – 88,10         |
| G6                    | BRASBT13-0553             | 107,99      | 104,48 – 111,49       | 83,43       | 75,64 – 91,23         |
| G7                    | BRASBT13-0590             | 100,73      | 97,22 – 104,23        | 50,80       | 43,00 – 58,60         |
| G8                    | BRASBT13-0621             | 106,45      | 102,94 – 109,95       | 82,77       | 74,97 – 90,56         |
| G9                    | BRASBT13-0646             | 103,26      | 99,75 – 106,76        | 65,98       | 58,19 – 73,78         |
| G10                   | BRASBT13-0715             | 100,11      | 96,60 – 103,61        | 55,46       | 47,66 – 63,25         |
| G11                   | BRASBT13-0762             | 103,19      | 99,68 – 106,69        | 77,37       | 69,57 – 85,16         |
| G12                   | BRASBT13-0834             | 104,49      | 100,98 – 107,99       | 72,32       | 64,52 – 80,12         |
| G13                   | M7739 IPRO <sup>1</sup>   | 96,85       | 93,34 – 100,35        | 52,60       | 44,80 – 60,40         |
| G14                   | M8372 IPRO <sup>1</sup>   | 107,60      | 104,09 – 111,10       | 65,67       | 57,87 – 73,46         |
| G15                   | M9144 RR <sup>1</sup>     | 113,71      | 110,20 – 117,21       | 73,32       | 65,52 – 81,11         |
| G16                   | BRS8980 IPRO <sup>1</sup> | 114,98      | 111,47 – 118,48       | 77,12       | 69,33 – 84,92         |
| Média das linhagens   |                           | 103,76      |                       | 66,96       |                       |
| Média das testemunhas |                           | 108,29      |                       | 67,18       |                       |

<sup>1</sup>Testemunhas; <sup>2</sup>Intervalos de confiança obtidos para os valores genotípicos preditos.

Para a AP, observou-se uma variação de 52,60 cm (M7739 IPRO) a 83,43 cm (BRASBT13-0553), com média de 67,01 cm (Tabela 6). As testemunhas avaliadas apresentaram-se ligeiramente maiores que as linhagens. A altura de plantas está relacionada com rendimento de grãos, controle de plantas daninhas e com as perdas durante a colheita mecanizada, sendo influenciada pela época de semeadura, espaçamento entre e dentro das fileiras, suprimento de umidade, temperatura, fertilidade do solo, resposta fotoperiódica da cultivar e outras condições do ambiente (ROCHA et al., 2012). Segundo Shigihara e Hamawaki (2005) para melhor eficiência das colheitadeiras espera-se que a soja atinja alturas entre 60,0 cm e 110,0 cm.

Foi observada uma variação do PCS de 13,61 g (BRASBT13-0054) a 15,13 g (BRASBT13-0621), com média de 14,39 g (Tabela 7). As linhagens e as testemunhas apresentaram peso médio de cem sementes muito próximos, com 14,33 g e 14,55 g, respectivamente. Para a PROD, verificou-se que o genótipo BRASBT13-0590 foi o menos produtivo, com 2597,19 kg.ha<sup>-1</sup>. Enquanto que o genótipo BRS8980 IPRO apresentou a maior produtividade, com 3238,09 kg.ha<sup>-1</sup> (Tabela 7).

Tabela 7. Valores genotípicos preditos livre de interação com ambientes para os caracteres peso de cem sementes (PCS) e produtividade (PROD) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/17.

| Código                | Genótipo                  | PCS (g)     |                       | PROD (kg.ha <sup>-1</sup> ) |                       |
|-----------------------|---------------------------|-------------|-----------------------|-----------------------------|-----------------------|
|                       |                           | $\mu + g_i$ | IC (95%) <sup>2</sup> | $\mu + g_i$                 | IC (95%) <sup>2</sup> |
| G1                    | BRASBT13-0054             | 13,61       | 13,07 – 14,14         | 2.978,50                    | 2.734,22 - 3.222,78   |
| G2                    | BRASBT13-0176             | 13,87       | 13,33 – 14,40         | 3.030,08                    | 2.785,80 - 3.274,36   |
| G3                    | BRASBT13-0200             | 14,61       | 14,07 – 15,14         | 3.128,61                    | 2.884,32 - 3.372,89   |
| G4                    | BRASBT13-0468             | 14,70       | 14,16 – 15,23         | 2.768,12                    | 2.523,84 - 3.012,40   |
| G5                    | BRASBT13-0528             | 13,68       | 13,15 – 14,22         | 3.181,64                    | 2.937,35 - 3.425,92   |
| G6                    | BRASBT13-0553             | 14,93       | 14,06 – 15,12         | 3.029,24                    | 2.784,95 - 3.273,52   |
| G7                    | BRASBT13-0590             | 14,59       | 14,60 – 15,66         | 2.597,19                    | 2.352,90 - 2.841,47   |
| G8                    | BRASBT13-0621             | 15,13       | 12,96 – 14,03         | 3.139,96                    | 2.895,68 - 3.384,24   |
| G9                    | BRASBT13-0646             | 13,50       | 14,03 – 15,10         | 2.877,54                    | 2.633,26 - 3.121,82   |
| G10                   | BRASBT13-0715             | 14,57       | 13,99 – 15,06         | 2.889,36                    | 2.645,07 - 3.133,64   |
| G11                   | BRASBT13-0762             | 14,53       | 13,75 – 14,82         | 3.035,08                    | 2.790,80 - 3.279,36   |
| G12                   | BRASBT13-0834             | 14,29       | 14,51 – 15,58         | 2.984,67                    | 2.740,39 - 3.228,95   |
| G13                   | M7739 IPRO <sup>1</sup>   | 15,05       | 14,45 – 15,52         | 2.665,45                    | 2.421,17 - 2.909,73   |
| G14                   | M8372 IPRO <sup>1</sup>   | 14,99       | 13,62 – 14,68         | 3.214,02                    | 2.926,73 - 3.458,30   |
| G15                   | M9144 RR <sup>1</sup>     | 14,15       | 14,39 – 15,46         | 2.958,72                    | 2.714,44 - 3.203,00   |
| G16                   | BRS8980 IPRO <sup>1</sup> | 14,01       | 13,48 – 14,55         | 3.238,09                    | 2.993,80 - 3.482,37   |
| Média das linhagens   |                           | 14,33       |                       | 2.970,00                    |                       |
| Média das testemunhas |                           | 14,55       |                       | 3.019,07                    |                       |

<sup>1</sup>Testemunhas; <sup>2</sup>Intervalos de confiança obtidos para os valores genotípicos preditos.

De maneira geral, as linhagens avaliadas foram menos produtivas que as testemunhas, com produtividades médias de 2.970,00 kg.ha<sup>-1</sup> e 3.019,07kg.ha<sup>-1</sup>, respectivamente. Dentre as linhagens, BRASBT13-0528, BRASBT13-0621 e BRASBT13-0200, se destacaram, com rendimento de grãos de 3.181.64 kg.ha<sup>-1</sup>, 3.139.96kg.ha<sup>-1</sup> e 3128.61kg.ha<sup>-1</sup>, respectivamente, chegando a ultrapassar as testemunhas M7739 IPRO e M9144.

Pelos valores genotípicos preditos para produtividade de grãos em todos os ambientes avaliados (Tabela 8), verifica-se que as maiores produtividades foram observadas para BRS8980 IPRO, M8372 IPRO, BRASBT13-0528, BRASBT13-0200,

com 3.238,09, 3.214,02, 3.181,64 e 3.128,61 kg.ha<sup>-1</sup>, respectivamente. O genótipo BRASBT13-0528 apresentou a maior produtividade absoluta (4.955,08 kg.ha<sup>-1</sup>), no ambiente A8. Em contrapartida, o genótipo BRASBT13-0590, com produtividade de 1.113,15 kg.ha<sup>-1</sup>, no ambiente A2, apresentou o pior desempenho produtivo.

Foi observado que os ambientes A1, A2, A3 e A4, na safra agrícola 2015/2016, tiveram produtividade média de 2.414,73 kg.ha<sup>-1</sup>. Esse valor foi inferior aos dos ambientes A5, A6, A7, A8, na safra agrícola 2016/2017, os quais apresentaram média de 3.549,80 kg.ha<sup>-1</sup>, com o ambiente A8 destacando-se dos demais com maior média produtiva.

Essa diferença de produtividade entre as safras agrícolas está relacionada com as condições climáticas em cada época de avaliação. Na safra 2015/2016, a região passou por um logo período de estiagem, associados a altas temperaturas, reflexo das consequências negativas do El Niño, que causaram redução na área plantada e rendimento da soja, ocasionando uma queda de produção (HIRAKURI et al, 2018). As melhorias das condições climáticas no Maranhão e no Piauí, na safra 2016/2017, com maior índice pluviométrico e com chuvas distribuídas nos momentos importantes para lavoura, contribuíram para o aumento de produtividade quando comparadas à safra anterior (CONAB, 2017).

Ao se analisar os valores genotípicos para produtividade de grãos de cada genótipo em cada ambiente avaliado (ANEXO A e Tabela 8), foi possível verificar que houve alteração no ordenamento dos melhores genótipos em função do ambiente de cultivo, evidenciando o efeito significativo da interação genótipos x ambientes e da contribuição da interação complexa para a produtividade de grãos (Tabela 4), explicando, ainda, a baixa correlação genotípica observada (Tabela 5).

Tabela 8. Estimativas dos valores genotípicos do caráter produtividade de grãos (PROD) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.

| Código | Genótipo                  | A1                      | A2                      | A3                      | A4                      | A5                      | A6                      | A7                      | A8                      | Ambiente médio          |
|--------|---------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|
|        |                           | $\mu + g_i + (ge)_{ij}$ | $\mu + g_i + (ge)_{ij}$ | $\mu + g_i + (ge)_{ij}$ | $\mu + g_i + (ge)_{ij}$ | $\mu + g_i + (ge)_{ij}$ | $\mu + g_i + (ge)_{ij}$ | $\mu + g_i + (ge)_{ij}$ | $\mu + g_i + (ge)_{ij}$ | $\mu + g_i + (ge)_{ij}$ |
| G1     | BRASBT13-0054             | 2.295,39                | 1.544,87                | 2.190,16                | 3.026,39                | 3.681,77                | 3.144,65                | 3.081,80                | 4.855,96                | 2.978,50                |
| G2     | BRASBT13-0176             | 2.207,54                | 1.311,37                | 2.212,21                | 3.631,67                | 3.900,98                | 2.984,74                | 3.165,79                | 4.915,47                | 3.030,08                |
| G3     | BRASBT13-0200             | 2.090,21                | 1.615,81                | 2.275,52                | 3.904,74                | 3.953,79                | 3.145,08                | 3.417,36                | 4.899,05                | 3.128,61                |
| G4     | BRASBT13-0468             | 2.314,45                | 1.625,03                | 1.743,53                | 3.353,78                | 3.166,06                | 2.757,12                | 2.510,28                | 4.275,66                | 2.768,12                |
| G5     | BRASBT13-0528             | 2.888,66                | 1.523,83                | 2.298,54                | 3.957,97                | 3.468,65                | 3.219,47                | 3.512,39                | 4.955,08                | 3.181,64                |
| G6     | BRASBT13-0553             | 2.016,89                | 1.467,14                | 2.220,59                | 4.015,36                | 3.422,51                | 3.159,80                | 3.395,19                | 4.623,95                | 3.029,24                |
| G7     | BRASBT13-0590             | 2.105,76                | 1.113,15                | 1.517,41                | 3.377,29                | 3.186,58                | 2.592,34                | 2.397,10                | 3.770,32                | 2.597,19                |
| G8     | BRASBT13-0621             | 2.703,85                | 1.472,75                | 2.376,55                | 4.086,37                | 3.605,53                | 3.518,82                | 3.018,65                | 4.631,01                | 3.139,96                |
| G9     | BRASBT13-0646             | 2.310,96                | 1.326,47                | 1.937,25                | 3.757,26                | 3.399,66                | 2.778,62                | 2.945,92                | 4.369,03                | 2.877,54                |
| G10    | BRASBT13-0715             | 2.254,60                | 1.419,41                | 1.666,35                | 3.723,97                | 3.566,47                | 2.840,22                | 3.167,35                | 4.303,36                | 2.889,36                |
| G11    | BRASBT13-0762             | 2.717,66                | 1.382,18                | 2.331,75                | 3.670,17                | 3.734,28                | 3.164,87                | 2.978,36                | 4.399,78                | 3.035,08                |
| G12    | BRASBT13-0834             | 2.134,08                | 1.331,22                | 2.105,74                | 3.528,21                | 3.508,58                | 3.182,38                | 3.363,03                | 4.728,61                | 2.984,67                |
| G13    | M7739 IPRO <sup>1</sup>   | 2.503,20                | 1.197,99                | 1.618,49                | 3.318,58                | 3.411,01                | 2.746,62                | 2.131,22                | 3.806,12                | 2.665,45                |
| G14    | M8372 IPRO <sup>1</sup>   | 2.906,55                | 1.482,21                | 2.213,94                | 4.161,64                | 3.884,17                | 3.050,20                | 3.606,36                | 4.838,92                | 3.214,02                |
| G15    | M9144 RR <sup>1</sup>     | 2.359,52                | 1.225,80                | 2.015,31                | 4.136,60                | 3.746,73                | 2.684,14                | 3.223,39                | 4.234,42                | 2.958,72                |
| G16    | BRS8980 IPRO <sup>1</sup> | 3.211,68                | 1.372,81                | 2.543,00                | 4.193,52                | 3.513,80                | 3.496,05                | 3.653,77                | 4.396,79                | 3.238,09                |
|        | Média                     | 2.438,81                | 1.400,75                | 2.079,15                | 3.740,22                | 3.571,91                | 3.029,07                | 3.098,00                | 4.500,22                | 2.982,27                |

<sup>1</sup>Testemunhas; A1: Chapadinha (2015/16); A2: Caxias (2015/16); A3: São Raimundo das Mangabeiras (2015/16); A4: Tasso Fragoso (2015/16); A5: Bom Jesus (2016/17); A6: Chapadinha (2016/17); A7: São Raimundo das Mangabeiras (2016/17); A8: Tasso Fragoso (2016/17).

Nessas condições, é aconselhável o estudo de adaptabilidade e estabilidade para a seleção dos genótipos com comportamento previsível e responsivos a melhoria das variações ambientais.

#### 4.4 Análise de adaptabilidade e estabilidade produtiva

##### 4.4.1 Metodologia REML/BLUP

Os resultados da estabilidade genotípica (MHVG), adaptabilidade dos valores genotípicos (PRVG) e da adaptabilidade e estabilidade genotípica simultâneas (MHPRVG) para produtividade de grãos dos genótipos avaliados (Tabela 9) mostram que os cinco melhores genótipos com base nos critérios MHVG, PRVG e MHPRVG correspondem aos cinco genótipos mais produtivos (Tabela 7 e 8). Com relação a MHVG, houve inversão entre os genótipos G5 e G14. Para a PRVG e MHPRVG a ordem dos cinco melhores genótipos foi a mesma obtida pelo valor genotípico médio ( $\mu+g$ ).

Tabela 9. Estabilidade genotípica (MHVG), adaptabilidade genotípica (PRVG), adaptabilidade e estabilidade genotípica simultaneamente (MHPRVG), valor genotípico capitalizando a adaptabilidade (PRVG\*MG) e valor genotípico penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade (MHPRVG\*MG) de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.

| Código | MHVG     | Código | PRVG | PRVG*MG  | Código | MHPRVG | MHPRVG*MG |
|--------|----------|--------|------|----------|--------|--------|-----------|
| G16    | 2.916,25 | G16    | 1,12 | 3.331,03 | G16    | 1,10   | 3.293,69  |
| G5     | 2.882,30 | G14    | 1,10 | 3.266,03 | G14    | 1,09   | 3.257,66  |
| G14    | 2.877,76 | G5     | 1,09 | 3.245,02 | G5     | 1,08   | 3.235,49  |
| G8     | 2.833,78 | G8     | 1,07 | 3.194,83 | G8     | 1,07   | 3.184,15  |
| G3     | 2.796,73 | G3     | 1,06 | 3.163,42 | G3     | 1,05   | 3.140,50  |
| G11    | 2.721,47 | G11    | 1,03 | 3.069,20 | G11    | 1,03   | 3.059,44  |
| G1     | 2.675,58 | G6     | 1,02 | 3.034,73 | G6     | 1,01   | 3.012,50  |
| G6     | 2.670,01 | G2     | 1,01 | 3.007,61 | G2     | 1,00   | 2.994,52  |
| G2     | 2.619,82 | G1     | 1,01 | 3.000,66 | G1     | 1,00   | 2.974,91  |
| G12    | 2.592,20 | G12    | 0,99 | 2.963,89 | G12    | 0,99   | 2.950,82  |
| G15    | 2.528,92 | G15    | 0,98 | 2.920,51 | G15    | 0,97   | 2.903,19  |
| G9     | 2.506,80 | G10    | 0,96 | 2.851,67 | G9     | 0,95   | 2.839,41  |
| G10    | 2.502,13 | G9     | 0,95 | 2.841,24 | G10    | 0,95   | 2.836,03  |
| G4     | 2.476,82 | G4     | 0,93 | 2.759,11 | G4     | 0,92   | 2.730,73  |
| G13    | 2.258,22 | G13    | 0,87 | 2.588,15 | G13    | 0,86   | 2.554,07  |
| G7     | 2.156,15 | G7     | 0,83 | 2.479,16 | G7     | 0,83   | 2.467,34  |

Em trabalho desenvolvido por Rocha et al. (2017), avaliando 20 genótipos de feijão-caupi na região Nordeste do Brasil, encontraram coincidência de 80% entre MHVG, PRVG e MHPRVG, com inversão no ordenamento dos genótipos. Já Carvalho

et al. (2017), também estudando adaptabilidade e estabilidade produtiva de feijão-caupi via modelos mistos, encontraram coincidência de 100% e o mesmo ordenamento dos genótipos segundo a MHPRVG e o valores genotípicos médios.

A MHPRVG fornece uma seleção simultânea para adaptabilidade, estabilidade e produtividade. Segundo Resende (2007), MHPRVG\*MG refere-se a MHPRVG multiplicada pela média geral em todos os locais, propiciando, assim, o valor genotípico médio penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade.

Dentre as vantagens da MHPRVG\*MG, pode-se citar a seleção através da adaptabilidade e estabilidade genotípica (uma vez que os efeitos dos genótipos são considerados como aleatórios), permite lidar com dados desbalanceados e heterogeneidade das variâncias, fornece resultados na própria grandeza do caráter avaliado, permitindo sua utilização para qualquer número de ambientes (RESENDE, 2007).

Os cinco melhores genótipos (G16 – BRS8980 IPRO, G14 – M8372 IPRO, G5 – BRASBT13-0528, G8 – BRASBT13-0621 e G3 – BRASBT13-0200), pelo critério MHPRVG\*MG, apresentaram produtividade de grãos de 3.293,69 kg.ha<sup>-1</sup>, 3.257,66 kg.ha<sup>-1</sup>, 3.235,49 kg.ha<sup>-1</sup>, 3.184,15 kg.ha<sup>-1</sup> e 3.140,50 kg.ha<sup>-1</sup>, respectivamente. Isto representa uma superioridade em relação à média geral dos oito ambientes avaliados de 10%, 9%, 8%, 7% e 5%, respectivamente. Ademais, no critério MHPRVG\*MG, esses genótipos mantiveram praticamente a mesma ordem, apenas com a inversão do segundo para o terceiro lugar entre os genótipos 14 (M8372 IPRO) e 5 (BRASBT-0528).

Ao avaliar adaptabilidade e estabilidade produtiva de dez genótipos de soja via modelos mistos, na safra agrícola 2014/2015, Torres et al. (2018) encontraram resultados semelhantes ao selecionarem os três melhores genótipos, com ganhos, em relação à média geral, de 14%, 14% e 5%. Genótipos que apresentam, simultaneamente, superioridade quanto a produtividade, adaptabilidade e estabilidade, podem ser utilizados como critério de seleção nos programas de melhoramento (TORRES et al., 2016).

Logo, os genótipos BRS8980 IPRO, M8372 IPRO, BRASBT13-0528, BRASBT13-0621 e BRASBT13-0200 (Tabela 9), podem ser recomendados para o cultivo nos municípios avaliados, proporcionando uma maior segurança frente às variações ambientais.

#### 4.4.2 Metodologia GGE Biplot

Pela análise de adaptabilidade e estabilidade produtiva dos 16 genótipos avaliados nos oito ambientes, com base na metodologia GGE Biplot (Tabela 10), observa-se que pela Análise de Componentes Principais (ACP) os dois primeiros componentes explicaram 78% da variação total para a produtividade de grãos. Yang et al. (2009) afirmam que, para uma maior confiabilidade da análise biplot, os dois primeiros componentes principais devem capturar mais de 60% da variação total.

Tabela 10. Importância dos componentes principais (CP) e a relação de informação (RI) para análise de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017, pela metodologia GGE Biplot.

| CP | Varição Explicada<br>% | Varição Acumulada<br>% | RI   |
|----|------------------------|------------------------|------|
| 1  | 60,91                  | 60,91                  | 4,87 |
| 2  | 17,09                  | 78,00                  | 1,37 |
| 3  | 10,10                  | 88,10                  | 0,81 |
| 4  | 4,46                   | 92,56                  | 0,36 |
| 5  | 3,49                   | 96,05                  | 0,28 |
| 6  | 2,31                   | 98,36                  | 0,18 |
| 7  | 1,11                   | 99,47                  | 0,09 |
| 8  | 0,53                   | 100,00                 | 0,04 |

De acordo com a relação de informação (RI) (Tabela 10), dos oito componentes principais para produtividade, apenas os dois primeiros contêm padrões ( $R > 1$ ). Os componentes que apresentam RI menor que um expressam poucas informações, enquanto os CPs com um valor de RI maior que um, como o CP1 e CP2, exibem padrões importantes (SANTOS et al., 2017). Portanto, o biplot foi considerado adequado para representar os padrões relacionados à interação.

Resultados semelhantes foram encontrados por Bhartiya et al. (2017) que, estudando adaptabilidade e estabilidade produtiva de 35 genótipos de soja na Índia, pelas análises GGE biplot e AMMI, encontraram, para a produtividade de grãos, os dois primeiros componentes principais explicando 74,40% da variação. Krisnawati e Adie (2018), avaliando a estabilidade produtiva de 12 genótipos de soja também na Índia, observaram que os dois primeiros componentes principais explicaram 57,41% e 18,55%, respectivamente, totalizando 75,96% da variação para produtividade.

Maior explicação da variação total pelos dois primeiros componentes principais também foi observada por Alcântara Neto et al. (2018), ao avaliarem a produção de

grãos, adaptabilidade e estabilidade de 26 genótipos de soja em diferentes regiões do Cerrado do Piauí, encontrando explicação de 83,84% da variação acumulada.

Na Figura 3 pode-se observar o desempenho de um genótipo específico em qualquer ambiente, como também a identificação de ambientes acerca do desempenho relativo dos genótipos. As linhas retas tracejadas que partem da origem do biplot e fazem a conexão com os ambientes são denominadas de vetor de ambiente. Ao passo que as linhas imaginárias que partem da origem do biplot e fazem a conexão com os genótipos são denominadas de vetor de genótipo.

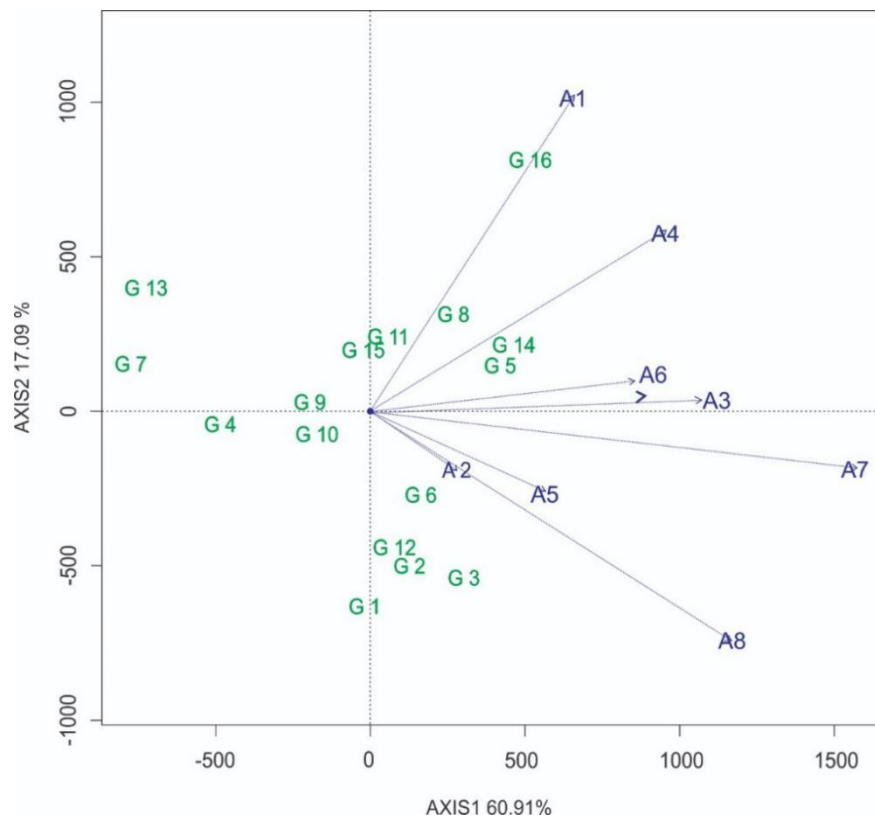


Figura 3. GGE Biplot para a produtividade de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.

Pela análise dos vetores é possível a avaliação da interação existente entre genótipos e ambientes específicos. Um genótipo tem desempenho superior à média em um dado ambiente quando os seus vetores formam um ângulo menor que  $90^\circ$ , ao passo que, se esse ângulo formado for obtuso ou reto, seu desempenho será inferior ou próximo da média, respectivamente (YAN; TINKER, 2006).

Os genótipos G14 (M8372 IPRO) e G5 (BRASBT13-0528) formaram ângulo agudo com todos os ambientes, demonstrando que apresentaram produtividade de grãos superior à média em todos os ambientes avaliados. Em contrapartida, os



genótipos G10 (BRASBT13-0715), G9 (BRASBT13-0646), G4 (BRASBT13-0468), G7 (BRASBT13-0590) e G13 (M7739 IPRO) formaram ângulo obtuso com os oito ambientes de teste, tendo, portanto, produtividade de grãos inferior à média em todos os locais em estudo. O genótipo G16 (BRS8980 IPRO) formou ângulo próximo a 90° apenas com A2, A5, A8, apresentando, assim, produtividade acima da média em todos os outros ambientes (Figura 3).

Os genótipos G6 (BRASBT13-0553) e G3 (BRASBT13-0200) apresentaram desempenho produtivo acima da média nos ambientes A2, A8, A5, A7, A3 e A6. Resultado semelhante foi encontrado para os genótipos G12 (BRASBT13-0834) e G2 (BRASBT13-0176), no qual diferiram apenas para o A6. Os genótipos G1 (BRASBT13-0054), G15 (M9144 RR) e G11 (BRASBT13-0762) formaram ângulo reto com o A3, indicando que suas produtividades giraram em torno da média nesse ambiente. Para os ambientes A1, A4 e A6, os genótipos G15 (M9144 RR) e G11 (BRASBT13-0762) apresentaram produtividade superior à média e, para os ambientes A8, A2, A5 e A7, o G1 (BRASBT13-0054) mostrou rendimento produtivo acima da média (Figura 3).

O gráfico GGE Biplot mega-ambientes, conhecido por “which-won-where” (quem vence onde), pode ser visualizado na Figura 4. Nos vértices do polígono ficam localizados os genótipos mais distantes da origem do biplot e que apresentam o melhor desempenho em um ou mais ambientes (YAN; RAJCAN, 2002). Os vetores (linhas vermelhas) que partem do centro do biplot (0,0) delimitaram o gráfico em seis setores.

De acordo com o gráfico, o polígono foi delimitado pelos genótipos G16, G3, G1, G7 e G13, que correspondem aos genótipos presentes nos vértices. A análise do gráfico indicou a existência de dois mega-ambientes: I) A1, A4, A6, A3; II) A2, A5, A8. Segundo Yan et al. (2000), um mega-ambiente pode ser definido como um grupo de ambientes ou sub-regiões correlacionadas positivamente, em que um genótipo ou um grupo de genótipos são especificamente adaptados e atingem melhor desempenho.

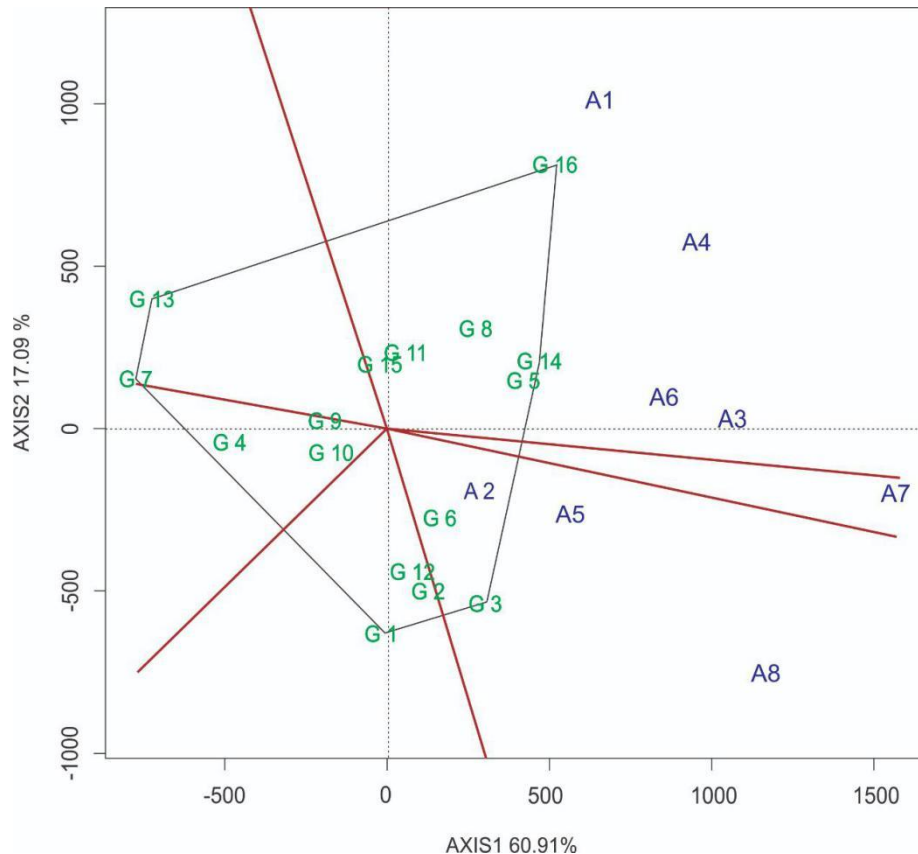


Figura 4. GGE Biplot mega-ambiente (which-won-where) para a produtividade de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.

Para o mega-ambiente I, o genótipo com melhor desempenho produtivo e mais adaptados ao conjunto de ambientes foi o G16. O genótipo G3, localizado no vértice do polígono, foi o mais produtivo e adaptado para todos os ambientes que compõem o mega-ambiente II. Os genótipos que estão localizados em setores que não apresentam nenhum ambiente agrupado, demonstraram baixa produtividade, sendo, portanto, desfavoráveis em todos os ambientes teste.

É interessante notar que os ambientes A4 e A8, apesar de representarem o mesmo município (Tasso Fragoso), nas safras agrícolas 2015/16 e 2016/17, respectivamente, ficaram alocados em mega-ambientes diferentes. Isso pode estar relacionado aos efeitos de fatores ambientais imprevisíveis, como a temperatura e a quantidade e distribuição das chuvas.

De acordo com o gráfico “média x estabilidade” (Figura 5), a linha verde contínua com uma única seta, denominada “eixo do ambiente-média” (EAM), aponta para os genótipos que apresentaram maior desempenho médio produtivo. A segunda linha verde contínua, perpendicular ao EAM, aponta para uma maior variabilidade

(menor estabilidade) em qualquer direção, de modo que, quanto maior o comprimento da linha verde pontilhada, mais instável é o genótipo (YAN; TINKER, 2006). Além disso, ela permite a separação dos genótipos que estão abaixo ou acima da média.

Os genótipos que apresentaram maior produtividade de grãos são, em ordem decrescente, G16, G14, G5, G8, G3, G6, G2, G11, G12. Em contrapartida, G15, G1, G10, G9, G4, G13 e G7 foram os menos produtivos, com desempenho inferior à média. Destaca-se G16 e G7 como sendo o de melhor e pior rendimento, respectivamente, em relação a todos os genótipos estudados.

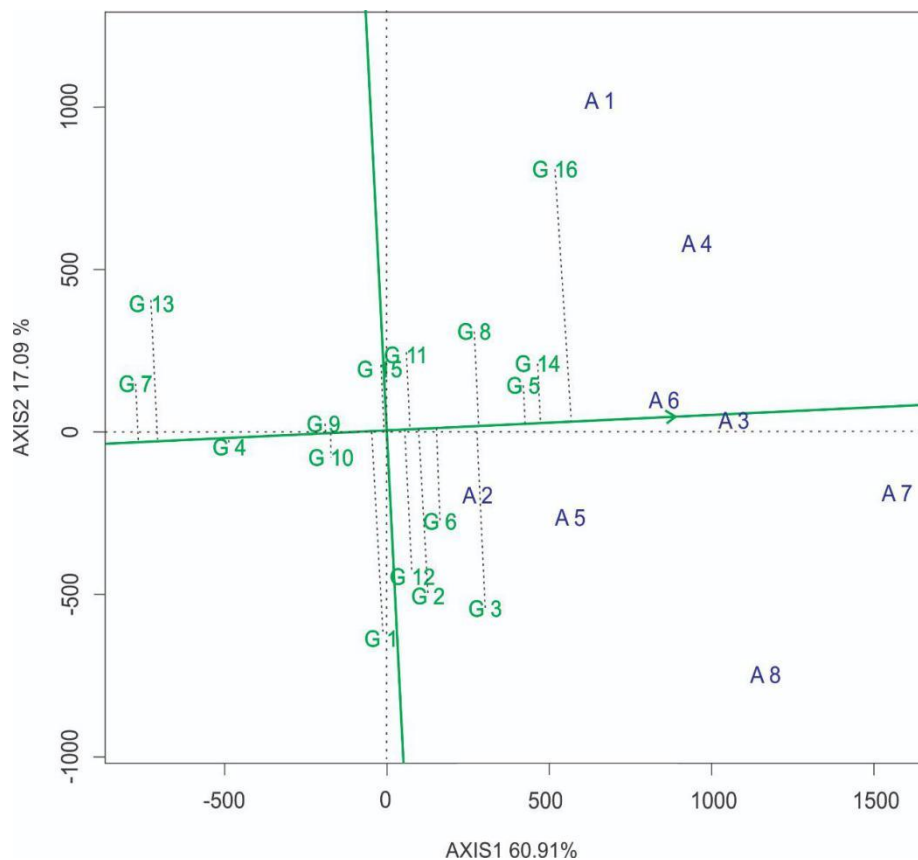


Figura 5. GGE Biplot “média x estabilidade” para a produtividade de grãos de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.

Com relação a estabilidade, dos 16 genótipos de soja em estudo, G4 (BRASBT13-0468) foi o mais estável, enquanto que G16 (BRS8980 IPRO) apresentou-se como o menos estável. Apesar da maior estabilidade observada no G4 (BRASBT13-0468), o seu desempenho produtivo foi inferior à média. Resultado diferente sobre o G16 (BRS8980 IPRO) foi encontrado pela MHPRVG (Tabela 6). Destacam-se os genótipos G14 (M8372 IPRO) e G5 (BRASBT13-0528), que apresentaram, simultaneamente, altas produtividades e estabilidades.

Segundo Yan (2001), o genótipo deve apresentar tanto alta performance produtiva como alta estabilidade. Os genótipos que mais se aproximam do centro dos círculos concêntricos são os mais desejáveis (Figura 6). Logo, os genótipos G5 (BRASBT13-0528) e G14 (M8372 IPRO), dentre todos os 16 avaliados, são os que mais se aproximam de um genótipo hipotético ideal.

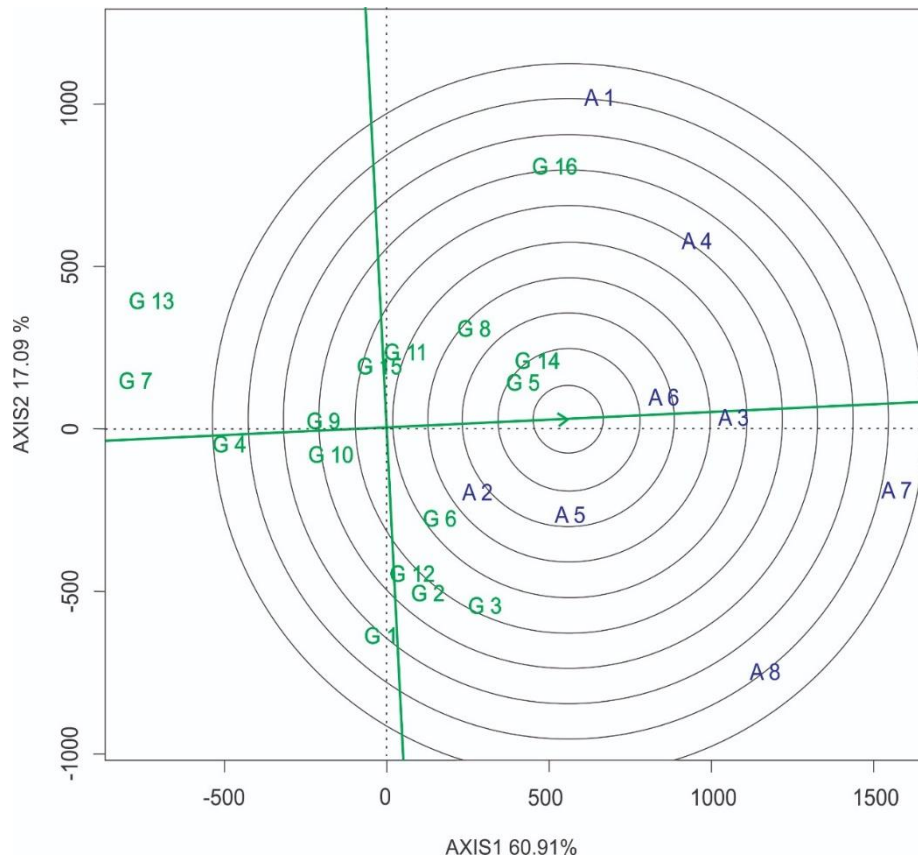


Figura 6. GGE Biplot para identificação do genótipo ideal em relação à produtividade de grãos de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.

A Figura 7 apresenta o GGE Biplot “discriminação e representatividade”. Os ambientes de teste ideais para identificação e seleção de genótipos superiores devem ser tanto discriminativos como representativos. Os ambientes que apresentam os vetores mais longos são os mais discriminativos, em contrapartida, aqueles que apresentam vetores mais curtos são menos discriminantes, fornecendo pouca ou nenhuma informação sobre os genótipos, podendo ser descartados como ambiente teste (YAN et al., 2007). Assim, os ambientes A7 e A8 foram os mais discriminantes em relação aos genótipos, uma vez que apresentaram os vetores mais longos.

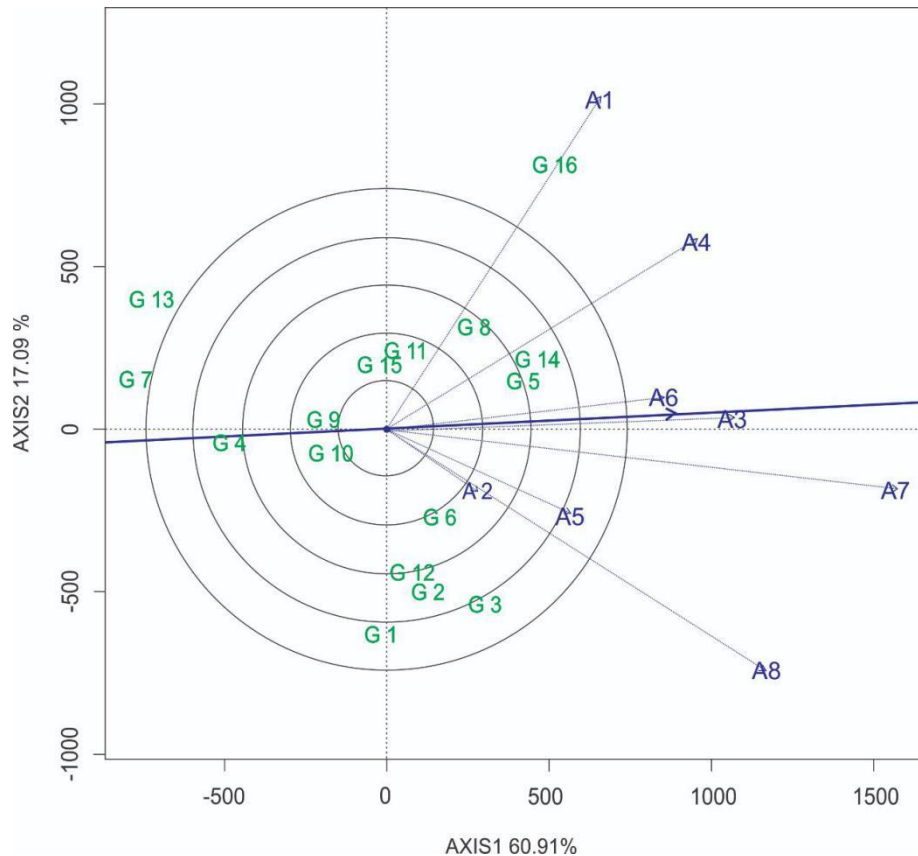


Figura 7. GGE Biplot “discriminação e representatividade” dos oito ambientes de teste da região Meio-Norte do Brasil, com base na produtividade de grãos de 16 genótipos de soja, avaliados nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.

Os ambientes mais representativos são aqueles que formam um menor ângulo entre o seu vetor e o eixo do ambiente-média (linha azul contínua). Assim, os ambientes mais representativos são, em ordem decrescente, A3, A6 e A7. O ambiente A7 é o mais próximo do ideal, pois apresenta alta discriminação aliada a boa representatividade.

Ambientes que apresentam alta discriminação e representatividade são bons ambientes de teste para selecionar genótipos geralmente adaptados. Enquanto que, ambientes discriminantes, mas não representativos (por exemplo, A8 e A1) podem ser utilizados para seleção de genótipos especificamente adaptados em mega-ambientes ou para identificação de genótipos instáveis, se este ambiente for um único mega-ambiente (YAN; TINKER, 2006).

## 5. CONCLUSÃO

A interação genótipos x ambientes, significativa para todas as características avaliadas, reflete um desempenho diferencial dos genótipos de acordo com os ambientes estudados.

Pela metodologia REML/BLUP, os genótipos BRS8980 IPRO, BRASBT13-0528, M8372 IPRO e BRASBT13-0621, são os que apresentaram maior adaptabilidade e estabilidade produtiva para os municípios avaliados nos estados do Maranhão e Piauí.

A metodologia GGE Biplot considerou os genótipos BRASBT13-0528, M8372 IPRO e BRASBT13-0621 como os mais próximos do ideal para os municípios avaliados. O município São Raimundo das Mangabeiras (2016/17) (A7) foi o mais próximo do ideal por ser discriminante e representativo.

As metodologias utilizadas exibem razoável concordância na seleção de genótipos superiores, mas, a abordagem dos modelos mistos apresenta como vantagem a simplicidade na identificação de genótipos superiores quanto a adaptabilidade, estabilidade e produtividade.

## REFERÊNCIAS

- ALCÂNTARA NETO, F.; TAVARES, S. O.; LEITE, W. S.; SILVA, J. A. L.; MATOS FILHO, C. H. A.; GRAVINA, G. A. Grain yield, adaptability and stability of soybean genotypes in different Cerrado environments of PiauÍ, Brazil. **Comunicata Scientiae**, v. 9, n. 2, p. 226-234, 2018.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.
- ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; MIRANDA, M. A. C.; CAMPELO, G. J. A. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro**: melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. Londrina: EMBRAPA, 1999.
- ALWALA, S.; KWOLEK, T.; MCPHERSON, M.; PELLOW, J.; MEYER, D. A comprehensive comparison between Eberhart and Russell joint regression and GGE biplot analyses to identify stable and high yielding maize hybrids. **Field Crops Research**, v. 119, p. 225-230, 2010.
- ANDRADE, A. C. B.; SILVA, A. J.; FERRAUDO, A. S.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DI MAURO, A. O. Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, p. 23- 31, 2016.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v. 46, p. 269-278, 1992.
- BHARTIYA A.; ADITYA, J. P.; KUMARI, V.; KISHORE, N.; PURWAR, J. P.; AGRAWAL, A.; KANT, L. GGE Biplot & AMMI analysis of yield stability in multi environment trial of soybean [*Glycine max* (L.) merrill] genotypes under rainfed condition of north western Himalayan hills. **The Journal of Animal & Plant Sciences**, v. 27, n. 1, p. 227-238, 2017.
- BOEREMA, A.; PEETERS, A.; SWOLFS, S.; VANDEVENNE, F.; JACOBS, S.; STAES, J.; MEIRE, P. Soybean Trade: balancing Environmental and Socio-Economic Impacts of an Intercontinental Market. **PLoS One**, v. 11, n. 5, 2016.
- BONATO, E. R.; BONATO, A. L. V. **A soja no Brasil**: história e estatística. Londrina, PR: EMBRAPA-CNPSo, 1987. 61 p. (EMBRAPA-CNPSo – Documentos, 21).
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. Ed. rev. e ampl. – Viçosa, MG: Ed. UFV, 2013. 523 p.
- BORNHOFEN, E.; BENIN, G.; STORCK, L.; WOYANN, L. G.; DUARTE, T.; STOCO, M. G.; MARCHIORO, S. V. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade em trigo. **Bragantia**, Campinas, v. 76, n. 1, p. 1-10, 2017.
- BOSSOLANI, J. W.; LAZARINI, L.; SOUZA, L. G. M; PARENTE, T. L.; PIVETTA, R. S.; GARCIA, A. Características agronômicas e produtividade de genótipos de soja

no cerrado em Selvíria, Mato Grosso do Sul. **Tecnologia & Ciência Agropecuária**, v. 9, n. 4 p. 85-87, set. 2015.

BRASIL. MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO.

**Informações ao usuário.** Fevereiro, 2017. Disponível em:

<<http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares-2013-rnc-1/informacoes-ao-usuario>>. Acesso em: 29/03/2019

CARDOSO, M. J.; CARVALHO, H. W. L.; ROCHA, L. M. P.; PACHECO, C. A. P.; GUIMARÃES, L. J. M.; GUIMARÃES, P. E. O.; PARENTONY, S. N.; OLIVEIRA, I. R. Identificação de cultivares de milho com base na análise de estabilidade fenotípica no Meio-Norte brasileiro. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, p. 346-353, 2012.

CARNEIRO, P. C. S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento.** Viçosa, MG: UFV, 1998. 168 f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

CARVALHO, L. C. B., DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; OLIVEIRA, G. C. X. Genotype x environment interaction in cowpea by mixed models. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 5, p. 872-878, 2017.

CARVALHO, L. C. B.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; OLIVEIRA, G. C. X. Evolution of methodology for the study of adaptability and stability in cultivated species. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 12, p. 990-1000, 24 March, 2016.

CASTRO, A. A. Características da vegetação do Meio-Norte. In: SIMPÓSIO SOBRE CERRADOS DO MEIO-NORTE, 1997. Teresina. **Anais...** Teresina: Embrapa/Meio-Norte, 1997. p. 45-56.

CHUNG, G.; SINGH, R. J. Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach. **Critical Reviews in Plant Science**, v. 27, p. 295-341, 2008.

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 10 Safra 2017/18 - Décimo levantamento, Brasília, p. 1-178, julho 2018a.

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v.3 – Safra 2016/2017, n. 12 – Décimo segundo levantamento, Brasília, p. 1-182, setembro 2017.

CONAB. **Série histórica das safras.** Dezembro, 2018b. Disponível em:

<<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras?start=20>>. Acesso em: 31/01/2019.

COSTA, A. F.; LEAL, N. R.; VENTURA, J. A.; GONÇALVES, L. S. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; COSTA, H. Adaptability and stability of strawberry cultivars using a mixed models. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 37, n. 4, p. 435, 2015.

CRUZ, C. D. **Princípios da Genética Quantitativa.** Viçosa: Ed. da UFV, 2012. p. 307-365.



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

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

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

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 567-580, 1989.

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

DALL'AGNOL, A. **A Embrapa Soja no contexto do desenvolvimento da soja no Brasil: histórico e contribuições**. Brasília, DF: Embrapa, 2016. 72 p.

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

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 14, n. 5, p. 742-754, 1963.

FREIRIA, G. H.; GONÇALVES, L. S. A.; FURLAN, F. F.; FONSECA JUNIOR, N. S.; LIMA, W. F.; PRETE, C. E.C. Statistical methods to study adaptability and stability in breeding lines of food-type soybeans. **Bragantia**, v. 77, n. 2, p. 253-264, 2018.

FROTA, A. B.; CAMPELO, G. J. A.; **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro**: Evolução e perspectivas da produção de soja na região Meio-Norte do Brasil. Londrina: EMBRAPA, 1999.

FRUTOS, E.; GALINDO, M. P.; LEIVA, V. An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. **Stochastic Environmental Research and Risk Assessment**, v. 28, n. 7, p. 1629-1641, 2014.

HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; TEIXEIRA, F. G.; BICALHO, T. F.; JORGE, G. L.; HAMAWAKI, R. L.; MACHADO JÚNIOR, C. S.; GOMES, G. F., HAMAWAKI, C. L. Adaptability and Stability of Soybean Genotypes in the States of Maranhão, Piauí, Tocantins and Bahia. **Genetic and Molecular Research**, v. 17, n. 1, 2018.

HIRAKURI, M. H.; CONTE, O.; PRANDO, A. M.; CASTRO, C.; BALBINOT JUNIOR, A. A. **Diagnóstico da produção de soja na macrorregião 5**. Londrina: Embrapa Soja, p. 120, 2018.

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

- KRISNAWATI, A; ADIE, M. M. Genotype by environment interaction and yield stability of soybean genotypes. **Indonesian Journal of Agricultural Science**, v. 19, n. 1, p. 25–32, June 2018.
- LI, Y.; LIU, R.; LIU, Z.; MA, Y.; WANG, L.; LI, L.; LIN, F.; LUAN, W.; CHEN, P.; YAN, G.; YUAN, Z.; GUAN, Z. L.; NING, X.; SMULDERS, M. J. M.; LI, W.; PIAO, R., CUI, Y.; YU, Z.; GUAN, M.; CHANG, R.; HOU, A.; SHI, A.; ZHANG, B.; ZHU, S.; QIU, L. Genetic structure and diversity of cultivated soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) landraces in China. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 117, n. 6, p. 857-871, 2008.
- LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 68, p. 193-198, 1988.
- MATEI, G.; BENIN, G.; WOYANN, L. G.; DALLÓ, S. C.; MILIOLI, A. S.; ZDZIARSKI, A. D. Agronomic performance of modern soybean cultivars in multi-environment trials. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 7, p. 500-511, 2017.
- MILIOLI, A. S.; ZDZIARSKI, A. D.; WOYANN, L. G.; SANTOS, R.; ROSA, A. C.; MADUREIRA, A.; BENIN, G. Yield stability and relationships among stability parameters in soybean genotypes across years. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 78, n. 2, p. 299-309, 2018.
- MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. (Ed.). **A soja no Brasil**. Campinas: ITAL, 1981. 1062 p.
- MONTEIRO, F. J. F.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S.; CARVALHO, E. V.; SANTOS, W. F. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja para produtividade de óleo nos grãos. **Revista Agrarian**, v. 10, n. 35, p. 18-21, 2017.
- NASSAR R.; HÜHN, M. Studies on estimation of phenotypic stability: Tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. **Biometrics**, v. 43, p. 45-53, 1987.
- OLIVEIRA, M. F.; ARIAS, C. A. A. Centro de diversidade e recursos genéticos. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. **Melhoramento da soja**. Viçosa (MG): Ed. UFV, 2017. p. 44-61.
- PELEGRIN, A. J.; CARVALHO, I. R.; NUNES, A. C. P.; DEMARI, G. H.; SZARESKI, V. J.; BARBOSA, M. H.; ROSA, T. C.; FERRARI, M.; NARDINO, M.; SANTOS, O. P. S.; RESENDE, M. D. V.; SOUZA, V. Q.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C. Adaptability, Stability and Multivariate Selection by Mixed Models. **American Journal of Plant Sciences**, v. 8, n. 13, 2017.
- PERINI, L.; FONSECA JÚNIOR, N. S.; DESTRO, D.; PRETE, C. E.C. Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 1, p. 2531-2544, 2012.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: FEALQ, 2009, 451 p.

PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. **American Potato Journal**, v. 36, n. 2, p. 381-385, 1959.

POLIZEL, A. C.; JULIATTI, F. C.; HAMAWAKI, O. T.; HAMAWAKI, R.L; GUIMARÃES, S.L. Phenotypical adaptability and stability of soybean genotypes in the state of Mato Grosso. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 4, p. 910-920, 2013.

POYSA, V.; WOODROW, L.; YU, K. Effect of soy protein subunit composition on tofu quality. **Food Research International**, v. 39, n. 3, p. 309-317, 2006.

R Development Core Team. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, 2014. Disponível em: <<http://www.R-project.org>> Acesso em: 02/10/2018.

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

RAPOSO, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Comparação de métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 10, p. 1991-1997, out. 2000.

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Floresta, 2004. 57 p.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330 -339, 2016.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

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

ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; MENEZES-JÚNIOR, J. A. N.; CARVALHO, H. W. L.; COSTA, A. F.; LIMA, J. M. P.; SANTOS, J. F.; BERTINI, C. H. C. M.; PASSOS, A. R. P.; MORAIS, O. M. Yield adaptability and stability of semi-erect cowpea genotypes in the Northeast region of Brazil by REML/BLUP. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 48, n. 5, p. 862-871, 2017.

ROCHA, R. S.; SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C. Desempenho agrônomo de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. **Ciencia Agronomica**, v. 43, n. 1, p. 154-162, jan-mar, 2012. *Revista Ciencia Agronomica*, v. 43, n. 1, p. 154-162, jan-mar, 2012.

ROMANATO, F. N.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; NOGUEIRA, A. P. O.; CARVALHO NETO, D. P. C.; BORGES, C. C. R.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L. Parametric and non-parametric analysis for determining the adaptability and stability of soybean genotypes in three sowing periods. **Bioscience Journal**, v. 32, n. 3, p. 574-580, May/June. 2016.

SAMMOUR, R. H. Morphological, cytological and biochemical characterization of soybean germplasm. **Trade Science Inc**, v. 8, n. 7, p. 277-284, 2014.

SANTOS, A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; KUROSAWA, R. N. F.; GERHARDT, I. F. S.; FRITSCH NETO, R. GGE Biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 41, n.1, p. 22-31, Jan/Feb. 2017.

SANTOS, P. R.; COSTA, K. D. S.; NASCIMENTO, M. R.; LIMA, T. V.; SOUZA, Y. P.; COSTA, A. F.; SILVA, J. W. Simultaneous selection for yield, stability, and adaptability of carioca and black beans. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 6, p. 736-745, June 2018.

SCHMILDT, E. R.; CRUZ, C. D. Análise da adaptabilidade e estabilidade do milho pelos métodos de Eberhart e Russell (1966) e de Annicchiarico (1992). **Revista Ceres**, v. 52, n. 299, p. 45-58, 2005.

SCHWERZ, F. Z.; CARON, B. O.; ELLI, E. F.; SOUZA, V. Q.; OLIVEIRA, D. M.; ROCKENBACH, A. P. Soybean morphological and productive characteristics influenced by meteorological parameters and sowing dates. **Científica**, Jaboticabal, v. 44, n. 2, p. 121-130, 2016.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento de soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa (MG): Ed. da UFV, 2013. p. 553-603.

SHIGIHARA, D.; HAMAWAKI, O. T. Seleção de Genótipos para Juvenilidade em Progênes de soja (Glycinemax (L.) Merrill). **Bioscience Journal**. Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Uberlândia-MG, p. 01-26, 2005.

SILVA, F. C. S.; SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; BORÉM, A.; SILVA, F. L.; BEZERRA, A. R. G.; SILVA, A. F. Importância econômica e evolução do melhoramento. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. **Melhoramento da soja**. Viçosa (MG): Ed. UFV, 2017a. p. 09-29.

SILVA, K. B.; BRUZI, A. T.; ZAMBIAZZI, E. V.; SOARES, I. O.; PEREIRA, J. L. A. R.; CARVALHO, M. L. M. Adaptability and stability of soybean cultivars for grain yield and seed quality. **Genetic and Molecular Research**, v. 16, n. 2, 2017b.

SILVA, K. B.; BRUZI, A. T.; ZUFFO, A. M.; ZAMBIAZZI, E. V.; SOARES, I. O.; REZENDE, P. M.; FRONZA, V.; VILELA, G. D. L.; BOTELHO, F. B. S.; TEIXEIRA, C. M.; COELHO, M. A. O. Adaptability and phenotypic stability of soybean cultivars for grain yield and oil content. **Genetic and Molecular Research**, v. 15, n. 2, 2016.

SILVEIRA, D. A.; PRICINOTTO, L. F.; NARDINO, M.; BAHRY, C. A.; PRETE, C. E. C.; CRUZ, L. Determination of the adaptability and stability of soybean cultivars in different locations and at different sowing times in Paraná state using the AMMI and Eberhart and Russel methods. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 37, n. 6, p. 3973-3982, nov./dez. 2016.

SOARES, I. O.; BRUZI, A. T.; ZAMBIAZZI, E. V.; GUILHERME, S. R.; BIANCHI, M. C.; SILVA, K. B.; FRONZA, V.; TEIXEIRA, C. M. Stability and adaptability of soybean cultivars in Minas Geras. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, 2017.

SOUZA, Y. P.; SANTOS, P. R.; NASCIMENTO, M. R.; COSTA, K. D. S.; LIMA, T. V.; OLIVEIRA, T. R. A.; COSTA, A. F.; PEREIRA, H. S.; SILVA, J. W. Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. **Ciência Rural**, v. 48, n. 7, 2018.

TESSELE, A.; MISSIO, R. F.; LORENZETTI, J. B.; TRENTINI, J. C. B.; FURTADO, R. C. N.; MORENO, G. Adaptability and Stability of Soybean Cultivars Under Different Times of Sowing in Southern Brazil. **Journal of Plant Sciences**, v. 4, n. 2, p. 17-22, 2016.

TORRES FILHO, J.; OLIVEIRA, C. N. G. S.; SILVEIRA, L. M.; NUNES, G. H. S.; SILVA, A. J. R.; SILVA, M. F. N. Genotype by environment interaction in green cowpea analyzed via mixed models. **Revista Caatinga**, v. 30, n. 3, p. 687–697, jul. – set., 2017.

TORRES, F. E.; BENITES, S. B.; RIBEIRO, L. P.; CORREA, A. M.; SILVA JUNIOR, C. A.; TEODORO, P. E. Selection of soybean genotypes for to cerrado/pantanal ecotone via REML/BLUP. **Bioscience Journal**, v. 34, n. 2, p. 333-340, Mar./Apr. 2018.

TORRES, F. E.; TEODORO, P. E.; SAGRILO, E.; CECCON, G.; CORREA, A. M. Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. **Bragantia**, v. 74, n. 3, p. 255-260, 2015.

TORRES, F. E.; TEODORO, P. E.; RODRIGUES, E. V.; SANTOS A.; CORRÊA, A. M.; CECCON, G. Simultaneous selection for cowpea (*Vigna unguiculata* L.) genotypes with adaptability and yield stability using mixed models. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, p. 1-11, 2016.

USDA. Soybeans: World Supply and Distribution. **Foreign Agricultural Service/USDA**. November, 2018. Disponível em:

<<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/downloads>>. Acesso em: 03/01/2019.

VASCONCELOS, E. S.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T. CRUZ, C. D. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 3, p. 1203-1214, maio/jun. 2015.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei someerweizen und hafer. Z. **Planzenzuechtung**, v. 52, p. 127-138, 1965.

YAN, W. GGE biplot — A Windows Application for Graphical Analysis of Multienvironment Trial Data and Other Types of Two-Way Data. **Agronomy Journal**, v. 93, sept.–oct., 2001.

YAN, W.; CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; HUNT, L. A. Two types of GGE Biplot for analyzing multienvironment trial data. **Crop Science**, v. 41, p. 656-663, 2001.

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and megaenvironment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, v. 40, p. 597- 605, 2000.

YAN, W.; KANG, M. S.; M. A. B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v. 47, n. 2, p. 643-653, 2007.

YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, v. 42, p. 11–20, 2002.

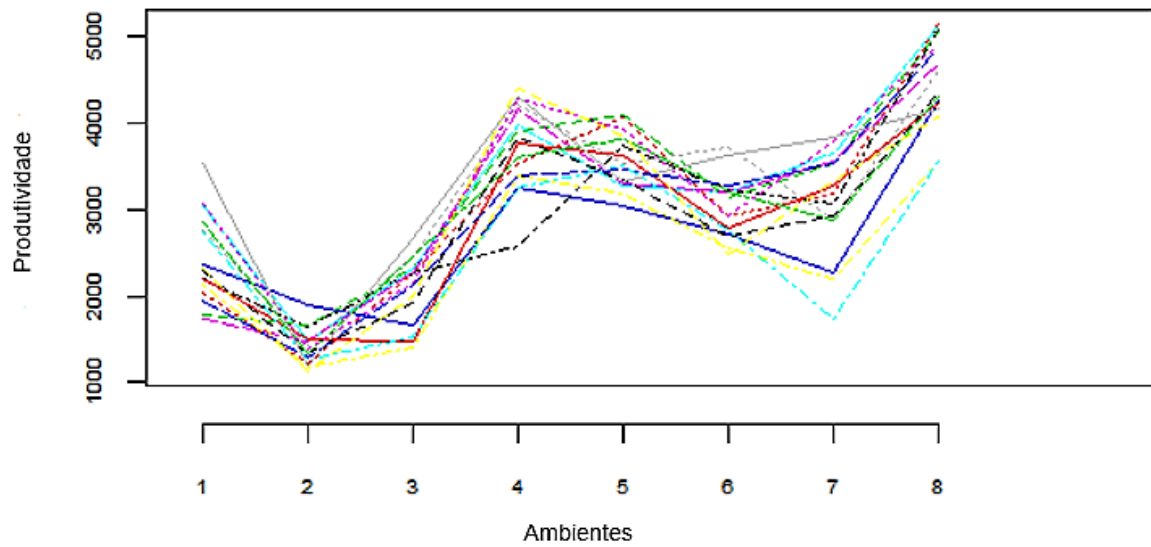
YAN, W; TINKER, A. Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 86, n. 3, p. 623-645, 2006.

YANG, R. C.; CROSSA, J. CORNELUIS, P. L.; BURGUEÑO, J. Biplot Analysis of Genotype x Environment Interaction: Proceed with Caution. **Crop Science**, v. 49, p. 1564–1576, sept–oct.,2009.

YATES, F.; COCHRAN, W. G. The analysis of groups of experiments. **The Journal of Agricultural Science**, v. 28, p. 556-580, 1938.

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

## ANEXOS



ANEXO A - *Interaction-plot*, demonstrando a alteração no ordenamento de 16 genótipos de soja, avaliados em oito ambientes da região Meio-Norte do Brasil, nas safras agrícolas 2015/2016 e 2016/2017, para produtividade de grãos.