



**CIRO HUMBERTO ALMEIDA ALVARES**

**ADAPTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA EM ENSAIOS  
MULTIAMBIENTES PARA O CERRADO DO PIAUÍ**

**LAVRAS – MG  
2021**

**CIRO HUMBERTO ALMEIDA ALVARES**

**ADAPTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA EM ENSAIOS  
MULTIAMBIENTES PARA O CERRADO DO PIAUÍ**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação do Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes  
Orientador

Pesq. Dra. Aurinelza Batista Teixeira Condé  
Pesq. Dr. Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira  
Coorientadores

**LAVRAS- MG  
2021**

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca Universitária da UFLA,  
com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Alvares, Ciro Humberto Almeida.

Adaptabilidade de genótipos de soja em ensaios multiambientes para o cerrado do Piauí / Ciro Humberto Almeida Alvares. – 2020.  
58 p. : il.

Orientador: José Airton Rodrigues Nunes.

Coorientadores: Aurinelza Batista Teixeira Condé; Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira.

Dissertação (Mestrado profissional) - Universidade Federal de Lavras, 2020.

Bibliografia.

1. *Glycine max*. 2. Interação genótipo x ambiente. 3. GGEBiplot.  
I. Nunes, José Airton Rodrigues. II. Condé, Aurinelza Batista Teixeira. III. Vieira, Paulo Fernando de Melo Jorge. IV. Título.

**CIRO HUMBERTO ALMEIDA ALVARES**

**ADAPTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA EM ENSAIOS MULTIAMBIENTES  
PARA O CERRADO DO PIAUÍ**

**ADAPTABILITY OF SOYBEAN GENOTYPES IN MULTIENVIRONMENT TRIALS  
FOR THE CERRADO REGION OF THE STATE OF PIAUI, BRAZIL**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação do Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 30 de outubro de 2020.

Dr. Eduardo de Souza Lambert	BAYER
Dr. Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira	EMBRAPA
Dr. João Luís da Silva Filho	EMBRAPA

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes  
Orientador

**LAVRAS- MG  
2021**

À minha esposa Lara Beatriz, aos meus pais,  
Francisco e Cleide e às minhas irmãs, Vivian e  
Claudia, por todo amor e carinho.

**DEDICO.**

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus.

À empresa Latitude Genética pela oportunidade e pelo apoio.

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas profissional, pela oportunidade de realizar.

Aos meus pais, Cleide e Francisco, pelos ensinamentos e minha família pelo apoio incondicional.

A Lara, minha esposa, pelo amor, paciência e companheirismo.

Ao meu Gestor Silvio Tiecher por todo apoio e confiança.

Ao José Airton, pela importante orientação do mestrado.

Ao Pesq. Dr Paulo Vieira pela parceria de longa data e apoio de sempre.

À Pesq. Dra. Aurinelza Condé, pelo apoio.

A todos os colegas do mestrado profissional, em especial ao Anderson Pscheidt pela amizade e apoio.

Aos colegas de equipe de trabalho pelo apoio de sempre.

A todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, **MUITO OBRIGADO.**

## RESUMO

O cultivo da soja cresceu muito nos últimos anos no cerrado piauiense. Porém essa região costuma apresentar veranicos, o que torna fundamental para o produtor semear cultivares que apresentem adaptação. Para identificar genótipos com ampla adaptabilidade e estabilidade, é necessário realizar ensaios em diversos ambientes. O objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade de genótipos de soja e o inter-relacionamento dos ambientes no cerrado do Piauí. No primeiro ano de avaliação, foram realizados dois ensaios distintos, em cinco localidades: no município de Monte Alegre do Piauí, na Fazenda Celeiro, em Baixa Grande do Ribeiro, nas fazendas Aliança e Ypê e em Uruçuí, nas fazendas Canel e Emílio. No segundo ano, os melhores genótipos do primeiro ano foram semeados nas mesmas fazendas. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições e as seguintes características foram avaliadas: rendimento de grãos (RG), peso de 100 sementes (PCG) e altura de plantas (AP). Foram realizadas as análises de variância por meio do método GGEBiplot. Nos dois anos dos ensaios, não houve déficit hídrico sendo anos agrícolas com boas produtividades. A variação entre ambientes foi expressiva para todos os caracteres. De maneira geral, os genótipos apresentaram PCG acima de 15 g e AP acima de 60 cm. A princípio, para os anos e locais considerados, seria possível reduzir o número locais, já que não estão discriminando os genótipos de maneira satisfatória. Contudo, para rendimento de grãos, em dois dos ambientes não houve diferença. Se o número de locais for muito reduzido, pode ser que poucos ambientes dificultem a seleção, dependendo do ano agrícola. Ainda mais, se ocorrerem safras com veranicos intensos, os desempenhos produtivos tendem a reduzir bastante. Além disso, não houve consistência no inter-relacionamento dos ambientes. Foi possível identificar genótipos que associaram alta produtividade, bem como estabilidade fenotípica para RG.

**Palavras-chave:** *Glycine max*. Interação genótipo x ambiente. GGEBiplot. Estabilidade.

## ABSTRACT

The cultivation of soybean has significantly grown in the cerrado region of Piauí, Brazil. However, this region usually presents Indian summer, which makes it essential for the producer to grow adapted cultivars. It is necessary to perform trials in different environments to identify genotypes with wide adaptability and stability. The objective of this work was to evaluate the adaptability of soybean genotypes and the interrelationship of environments in the cerrado of Piauí. In the first year of evaluation, two different trials were performed in five locations: in Monte Alegre do Piauí, at Fazenda Celeiro; in Baixa Grande do Ribeiro, at the Aliança and Ypê farms; and in Uruçuí, at the Canel and Emílio farms. In the second year, the best genotypes of the first year were sown at the same farms. The experimental design used was in randomized blocks, with three replicates. The following characteristics were evaluated: grain yield (GY), weight of 100 seeds (WHG), and plant height (H). Analysis of variance was performed using the GGEBiplot method. There was no water deficit and the agricultural years presented good productivity in both years. The variation between environments was significant for all characteristics. In general, the genotypes showed WHG above 15 g and H superior to 60 cm. It would be initially possible to reduce the number of sites for the years and places considered, given that they are not discriminating the genotypes satisfactorily. However, there was no difference for grain yield in two environments. A small number of environments can make selection difficult depending on the agricultural year, especially if there are harvests with intense Indian summer seasons, in which the productive performances tend to reduce significantly. Additionally, there was no consistency in the interrelationship of the environments. In conclusion, it was possible to identify genotypes that associated high productivity and phenotypic stability for GY.

**Keywords:** *Glycine max.* Genotype x environment interaction. GGEBiplot. Stability.



## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 – Localização dos municípios no estado do Piauí em que foram implantados os ensaios nas safras 2017-18 e 2018-19. .... 19
- Figura 2 – Valores da acurácia para a seleção de genótipo (linhagem) (barra azul), do coeficiente de variação experimental (barra verde) e do logaritmo do p-valor do teste F para o efeito de genótipos (linha azul) das análises de variância individuais (por ambiente) para os caracteres altura de plantas na maturação (A), peso de cem grãos (B) e rendimento de grãos (C) avaliados nos ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19..... 29
- Figura 3 – Porcentagens da variação fenotípica pelas fontes de variação ambiente (A), genótipo (G) e interação GxA, para os caracteres altura de plantas na maturação (ALT), peso de cem grãos (PCG) e rendimento de grãos (REND) avaliados nos ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19..... 30
- Figura 4 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) de genótipos de soja avaliados quanto à altura das plantas na maturação nos ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19. A linha vertical vermelha representa a média de cada ensaio..... 33
- Figura 5 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) de genótipos de soja avaliados quanto ao peso de 100 grãos nos ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19. A linha vertical vermelha representa a média de cada ensaio..... 34
- Figura 6 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) de genótipos de soja avaliados quanto ao rendimento de grãos nos ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19. A linha vertical vermelha representa a média de cada ensaio..... 35

Figura 7 – Biplot da representatividade e capacidade de discriminação de ambientes, para o caráter altura de plantas, na maturação referente à avaliação de genótipos de soja em ensaios multiambientes VCU1-2017-18 (A), VCU2-2017-18 (B) e VCU1-2018-19 (C).....	36
Figura 8 – Biplot da representatividade e capacidade de discriminação de ambientes, para o caráter peso de 100 grãos, referente à avaliação de genótipos de soja em ensaios multiambientes VCU1-2017-18 (A), VCU2-2017-18 (B) e VCU1-2018-19 (C).....	37
Figura 9 – Biplot da representatividade e capacidade de discriminação de ambientes, para o caráter rendimento de grãos, referente à avaliação de genótipos de soja em ensaios multiambientes VCU1-2017-18 (A), VCU2-2017-18 (B) e VCU1-2018-19 (C).....	38
Figura 10 – Biplot de mega-ambientes, para o caráter altura das plantas, na maturação referente à avaliação de genótipos de soja em ensaios multiambientes VCU1-2017-18 (A), VCU2-2017-18 (B) e VCU1-2018-19 (C).....	39
Figura 11 – Biplot de mega-ambientes, para o caráter peso de 100 grãos, referente à avaliação de genótipos de soja em ensaios multiambientes VCU1-2017-18 (A), VCU2-2017-18 (B) e VCU1-2018-19 (C).....	40
Figura 12 – Biplot de mega-ambientes, para o caráter rendimento de grãos, referente à avaliação de genótipos de soja em ensaios multiambientes VCU1-2017-18 (A), VCU2-2017-18 (B) e VCU1-2018-19 (C).....	41
Figura 13 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas dos 12 genótipos comuns, limites de confiança a 95% e agrupamento pelo teste de Scott-Knott (1974), para altura de plantas na maturação (A), peso de 100 grãos (B) e rendimento de grãos (C), nas safras 2017-18 e 2018-19. A linha contínua vermelha representa a média geral de todos os genótipos envolvidos nos ensaios multiambientes e a linha pontilhada vermelha a média geral dos doze genótipos comuns. ....	43
Figura 14 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) dos 12 genótipos comuns de soja avaliados quanto à altura das plantas na maturação nas safras 2017-18 e 2018-19. A linha contínua vermelha representa a média geral de todos os	

genótipos e a linha pontilhada vermelha a média geral dos doze genótipos comuns. ....	44
Figura 15 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) dos 12 genótipos comuns de soja avaliados quanto ao peso de 100 grãos nas safras 2017-18 e 2018-19. A linha contínua vermelha representa a média geral de todos os genótipos e a linha pontilhada vermelha a média geral dos doze genótipos comuns. ....	45
Figura 16 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) dos 12 genótipos comuns de soja avaliados quanto ao rendimento de grãos nas safras 2017-18 e 2018-19. A linha contínua vermelha representa a média geral de todos os genótipos e a linha pontilhada vermelha a média geral dos doze genótipos comuns. ....	46
Figura 17 – Biplot dos 12 genótipos comuns quanto à adaptabilidade e estabilidade para altura de planta na maturação nas safras 2017-18 e 2018-19.....	47
Figura 18 – Biplot dos 12 genótipos comuns quanto à adaptabilidade e estabilidade para peso de 100 grãos nas safras 2017-18 e 2018-19. ....	48
Figura 19 – Biplot dos 12 genótipos comuns quanto à adaptabilidade e estabilidade para rendimento de grãos nas safras 2017-18 e 2018-19.....	49
Figura 20 – Representação gráfica da soma dos agrupamentos de Scott-Knott, nos ambientes dos doze genótipos comuns, avaliados nas safras 2017-18 e 2018-19. A linha vertical vermelha representa o genótipo ideal alocado no grupo dos mais produtivos em todos os dez ambientes. ....	50

## **ANEXO A**

Figura 1 - fotos do seminário realizado.....	57
--	----

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Área, produção e rendimento médio da soja no estado do Piauí por município na safra 2019-20.....	16
Tabela 2- Código dos ambientes, fazenda, município, safra agrícola, coordenadas geográficas dos ensaios de avaliação final das linhagens e cultivares de soja no estado do Piauí.....	20
Tabela 3 – Genótipos de soja testados no ensaio de VCU1-2017-18.....	21
Tabela 4 – Genótipos de soja testados no ensaio de VCU2-2017-18.....	21
Tabela 5 – Genótipos de soja testados no ensaio de VCU2-2018-19.....	22
Tabela 6 – Linhagens e cultivares comuns de soja avaliadas nas safras 2017-18 e 2018-19 de acordo com tipo de crescimento e grupo de maturidade. ....	22

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>12</b>
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO .....</b>	<b>14</b>
<b>2.1</b>	<b>Soja no Cerrado do Piauí.....</b>	<b>14</b>
<b>2.2</b>	<b>Interação Genótipos por Ambientes em Soja .....</b>	<b>16</b>
<b>2.3</b>	<b>Adaptabilidade e Estabilidade em Soja.....</b>	<b>17</b>
<b>3</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>19</b>
<b>3.1</b>	<b>Descrição dos Ambientes .....</b>	<b>19</b>
<b>3.2</b>	<b>Descrição dos Genótipos e Ensaios Multiambientes .....</b>	<b>20</b>
<b>3.3</b>	<b>Análises Estatísticas .....</b>	<b>24</b>
<b>3.3.1</b>	<b>Análises de Variância Individuais .....</b>	<b>24</b>
<b>3.3.2</b>	<b>Análises Multiambientes.....</b>	<b>24</b>
<b>3.3.3</b>	<b>Análise GGE Biplot.....</b>	<b>26</b>
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>28</b>
<b>4.1</b>	<b>Análises individuais (por ambiente) .....</b>	<b>28</b>
<b>4.2</b>	<b>Análises multiambientes .....</b>	<b>29</b>
<b>4.3</b>	<b>Análise dos Genótipos Comuns nos Ensaios Multiambientes e Multisafras quanto à adaptabilidade e estabilidade .....</b>	<b>42</b>
<b>5</b>	<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>51</b>
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>52</b>
	<b>ANEXO A - PRODUTO TÉCNICO .....</b>	<b>56</b>

## 1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max Merr.*) é a principal oleaginosa produzida e consumida no mundo. Tal fato se justifica pela grande importância socioeconômica, sendo a base de diversos produtos para a alimentação humana e animal, como óleo, farelo, farinha, proteína texturizada, extrato solúvel e lecitina, produção de biodiesel e outros produtos. Além disso, a soja 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).

No Brasil, em 2020, segundo estimativas da Associação Brasileira das Indústrias de Óleos Vegetais (ABIOVE, 2020), 63,74 % da produção de soja foram destinados às exportações. Os principais destinos da soja brasileira são: China (62%), União Europeia (15%) e Ásia (13%, restante sem a China). Do total de soja processada no país, 33,9 milhões de toneladas são de farelo de soja e 8,9 milhões de toneladas de óleo de soja.

Na safra 2019/2020, o Brasil produziu 120,9 milhões de toneladas, consolidando-se como maior produtor e maior exportador da commodity. Na segunda e terceira colocação, estão, respectivamente, os Estados Unidos da América, com 96,6 milhões de toneladas e a Argentina, com 49,7 milhões de toneladas (UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA, 2020). Nesta mesma safra, a área plantada foi de 36,9 milhões de hectares, e a produtividade média brasileira em torno de 3.273 kg.ha<sup>-1</sup> (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2020).

Os principais estados produtores de soja são: Mato Grosso (29,3%), Paraná (17,8%), Goiás (10,3%), Rio Grande do Sul (9%) e Mato Grosso do Sul (8,9%). O Rio Grande do Sul era líder de produção até a safra 2000/01, quando foi ultrapassado pelo Mato Grosso. Desde então, a diferença foi só aumentando, pelo grande percentual de soja nas áreas de cerrado no Brasil central (CONAB, 2020).

O bioma do cerrado ocupa, aproximadamente, 24% do território nacional (204 milhões de hectares) e é considerado como a savana tropical mais rica do mundo em biodiversidade (fauna e flora). Além disso, é uma das regiões em que a agricultura brasileira mais se desenvolveu nas últimas décadas. As culturas agrícolas anuais no Cerrado correspondem a 40% da produção total nacional. Esse bioma se tornou, em um curto espaço de tempo, na principal região agropecuária do Brasil. Esse sucesso foi principalmente pelo uso de tecnologias, pelo empreendedorismo dos produtores e pela influência dos mercados (BOLFE; SANO; CAMPOS, 2020).

No bioma cerrado na Região Nordeste, os estados da Bahia, Maranhão e Piauí têm se destacado na expansão das áreas de cultivo e produção de soja. O estado do Piauí cultivou na safra 2019/2020 758,9 mil hectares, produzindo 2,41 milhões de toneladas, com produtividade média de 3.178 kg.ha<sup>-1</sup>. Desde o primeiro registro nas estatísticas da Conab com apenas 12,2 mil toneladas, na safra 1993/1994, constata-se um aumento de 198 vezes na produção de soja (CONAB, 2020).

Todo esse sucesso da cultura na região Nordeste deve-se ao desenvolvimento de novas cultivares mais adaptadas às condições locais, principalmente de baixa latitude, consolidando a exploração dessa cultura no cerrado desses estados (SOARES *et al.*, 2015).

Contudo a produtividade oscila muito dependendo do ambiente. Há variações nas condições edafoclimáticas, no Piauí, com ocorrência frequente de veranicos no período de cultivo, proporcionando ao Estado um ambiente de cultivo extremamente diverso. Com isso, destaca-se a importância dos programas de melhoramento de soja para se obter cultivares cada vez mais produtivas e adaptadas. Para ter sucesso no programa, é importante lidar adequadamente com o efeito da interação genótipos x ambientes, quanto às variações ambientais. Dessa forma, uma estratégia comumente adotada pelos programas de melhoramento é proceder a avaliação dos potenciais cultivares, em ensaios em diferentes épocas, safras e locais, procurando identificar aquelas que associem elevada adaptabilidade e estabilidade (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Para a recomendação de novas cultivares de soja, é necessária a implantação de ensaios multiambientes ou ensaios de VCU (Valor de Cultivo e Uso), devidamente cadastrados e seguindo as normativas do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento.

Nos ensaios multiambientes realizados, no cerrado piauiense, é comum a presença da interação genótipos x ambientes (G x A), o que impõe um desafio enfrentado pelos melhoristas no momento da seleção e recomendação de novas cultivares. Nesse contexto, a Latitude Genética, empresa de melhoramento genético com sede em (...), desenvolve um programa de melhoramento para obter novas cultivares de soja adaptadas ao cerrado do Piauí. O objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade de genótipos de soja e o inter-relacionamento dos ambientes no cerrado do Piauí.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Soja no Cerrado do Piauí

A soja pertence à família Leguminosae, subfamília Papilionoideae, tribo Phaseoleae e gênero *Glycine*. Esse 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, tipicamente herbácea, ereta, hastes e vagens pubescentes, altura de 0,3 a 2,0 m, de ramificação variada, com ciclo de 80 a 200 dias. Apresenta grande diversificação genética e morfológica, o que tem sido destacado no elevado número de cultivares existentes (MÜLLER, 1981; SEDIYAMA *et al.*, 1985).

A primeira referência sobre soja no Brasil é de 1882, na Bahia, em relato de D'Utra. No entanto as cultivares introduzidas dos Estados Unidos não tiveram boa adaptação numa latitude em torno de 12° Sul (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Em 1908, imigrantes japoneses introduziram a soja em São Paulo, em latitude em torno de 22°54' Sul, cujas primeiras observações foram feitas no Instituto Agrônomo de Campinas (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 1974; SEDIYAMA *et al.*, 1985). Nessa região, a soja apresentou melhor desenvolvimento que na Bahia.

O cultivo de soja, para a produção comercial de grãos, teve início no Rio Grande do Sul, por volta de 1935. Em 1941, a soja constava pela primeira vez nas estatísticas do Rio Grande do Sul, com uma área cultivada de 702 hectares. A partir de 1950, a soja expandiu-se para os estados de Santa Catarina, Paraná, São Paulo, Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso, Bahia, Tocantins e demais regiões ao Norte e Nordeste (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

Entre as principais causas da expansão da soja no Brasil são mencionadas: a semelhança das condições climáticas da região Sul, na latitude em torno de 30° com o Sul dos Estados Unidos, de onde a maioria das cultivares eram originadas; aquecimento do mercado internacional na década de 1970; estabelecimento de parque industrial de processamento de soja, máquinas agrícolas e insumos; organização em redes de pesquisa dos setores público e privado; baixo valor da terra com ampliação da fronteira agrícola; topografia plana dos solos



do cerrado; desenvolvimento de tecnologias para a produção em baixas latitudes, nos aspectos genéticos e de fertilidade do solo; regime pluviométrico favorável, coincidindo com o período de entressafra da produção dos Estados Unidos (EMBRAPA, 2005).

A soja desenvolveu características peculiares aos diferentes locais de cultivo, garantindo sua adaptação, especialmente caracteres morfofisiológicos que apresentam influência direta em relação ao fotoperíodo e temperatura da região. São 14 genes que regulam a época de floração e determinam o ciclo de cultivo e também interferem diretamente a produção de grãos (MUNDSTOCK; THOMAS, 2005).

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.* (2017) afirmaram que o cultivo de soja vem se expandindo no Cerrado brasileiro desde a década de 1970, ocupando, atualmente, áreas da região Sul até 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.

Com a consolidação da soja na região do cerrado, o Brasil, na safra 2019/2020, tornou-se o maior produtor mundial de soja, superando os Estados Unidos. Os cerrados brasileiros apresentam 204 milhões de hectares. Desse total, 11.856.866 hectares encontram-se no Piauí (CASTRO, 1997). Os cerrados dessa região apresentam solos ácidos e de baixa fertilidade natural. 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 à ocorrência de veranicos (FROTA; CAMPELO, 1999).

O incremento da produção e produtividade está intimamente relacionado com a melhoria do manejo cultural, decorrente da utilização de insumos e práticas agronômicas adequadas e pelo uso de cultivares melhoradas geneticamente. Estima-se que 50% do aumento de produtividade das espécies cultivadas sejam atribuídos ao melhoramento genético (RAPOSO; RAMALHO; ABREU, 2000), que é um processo contínuo de desenvolvimento de novas cultivares. Nos últimos anos, o Piauí vem crescendo sua participação, na produção de soja no cenário nacional, destacando a importância da seleção de genótipos de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade fenotípica para a região.

Em relação aos municípios produtores de soja no Piauí, apresenta-se, na Tabela 1, a relação de área, produção e rendimento médio por município no Estado para a safra 2019-20. Os municípios de Baixa Grande do Ribeiro, Monte Alegre do Piauí e Uruçuí respondem por

quase 50% do total de soja produzido no Estado (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2020).

Tabela 1 – Área, produção e rendimento médio da soja no estado do Piauí por município na safra 2019-20.

MUNICÍPIO	ÁREA	PRODUÇÃO	RENDIMENTO MÉDIO
	( ha )	( t )	( Kg/ha )
Alvorada do Gurgueia	2.030	6.699	3.300
Agricolândia	710	2.625	3.697
Antônio Almeida	5.313	15.860	2.985
Baixa Grande do Ribeiro	198.507	649.126	3.270
Barreiras do Piauí	14.777	48.798	3.302
Boa Hora	1.500	3.600	2.400
Bom Jesus	65.809	222.817	3.386
Corrente	20.853	66.022	3.166
Cristalândia do Piauí	980	3.528	3.600
Currais	45.428	137.118	3.018
Gilbués	29.915	108.258	3.619
Landri Sales	2.000	6.000	3.000
Monte Alegre do Piauí	21.877	77.025	3.521
Palmeira do Piauí	10.310	33.324	3.232
Palmeirais	330	1.208	3.660
Piracuruca	750	2.340	3.120
Redenção do Gurgueia	1.410	5.076	3.600
Regeneração	8.757	30.810	3.518
Ribeiro Gonçalves	76.622	261.371	3.411
Santa Filomena	71.086	219.859	3.093
São Gonçalo do Gurgueia	700	2.520	3.600
São Gonçalo do Piauí	2.100	6.930	3.300
São Pedro do Piauí	96	202	2.100
Sebastião Barros	730	2.199	3.012
Sebastião Leal	27.566	84.626	3.070
Tanque do Piauí	1.200	3.960	3.300
Uruçuí	146.354	445.991	3.047
<b>TOTAL</b>	<b>757.710</b>	<b>2.447.893</b>	<b>3.231</b>

Fonte: IBGE (2020).

## 2.2 Interação Genótipos por Ambientes em Soja

Em programas de melhoramento genético, a seleção de genótipos mais produtivos e com características desejáveis é realizada com base em experimentos conduzidos em diferentes ambientes (anos e locais). 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 quanto às variações ambientes é de dois tipos, 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.

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, em que os ambientes ecologicamente semelhantes são agrupados em subregiões dentro das quais a interação passa a ser minimizada ou não significativa. A principal desvantagem dessa segunda opção é não conseguir controlar a interação genótipo x anos. A terceira opção é a mais comumente utilizada, a qual se refere à identificação de genótipos com elevada adaptabilidade e estabilidade referente aos ambientes avaliados (RAMALHO *et al.*, 2012).

### **2.3 Adaptabilidade e Estabilidade em Soja**

Os efeitos da interação constituem um dos principais desafios enfrentados pelos melhoristas, no momento da identificação, seleção e recomendação de cultivares, uma vez que eles podem levar a uma inconsistência na classificação dos genótipos nos vários ambientes testados e impactar negativamente na magnitude da associação entre os valores fenotípicos e genotípicos (POLIZEL *et al.*, 2013; SOARES *et al.*, 2017). Logo é necessária a avaliação dos genótipos em ensaios multiambientais, a fim de obter informações mais detalhadas a respeito do comportamento de cada genótipo no que diz respeito às variações ambientais (ALWALA *et al.*, 2010), a exemplo de suas propriedades em termos de adaptabilidade e estabilidade. Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) definem adaptabilidade como a capacidade de os genótipos responderem de forma positiva às variações ambientais. Ao passo que a estabilidade se refere a capacidade de os genótipos apresentarem comportamento previsível mesmo com as variações do ambiente.

Existem várias 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; 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).

Considerando os métodos multivariados, dois modelos frequentemente utilizados são os de efeitos aditivos principais e interação multiplicativa – AMMI e de efeitos principais de genótipos adicionados ao efeito multiplicativo da interação genótipos x ambientes – GGE Biplot. No método GGE Biplot, proposto por Yan *et al.* (2000), os efeitos aditivos dos genótipos são somados aos efeitos multiplicativos da interação e submetidos à análise de componentes principais. 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).

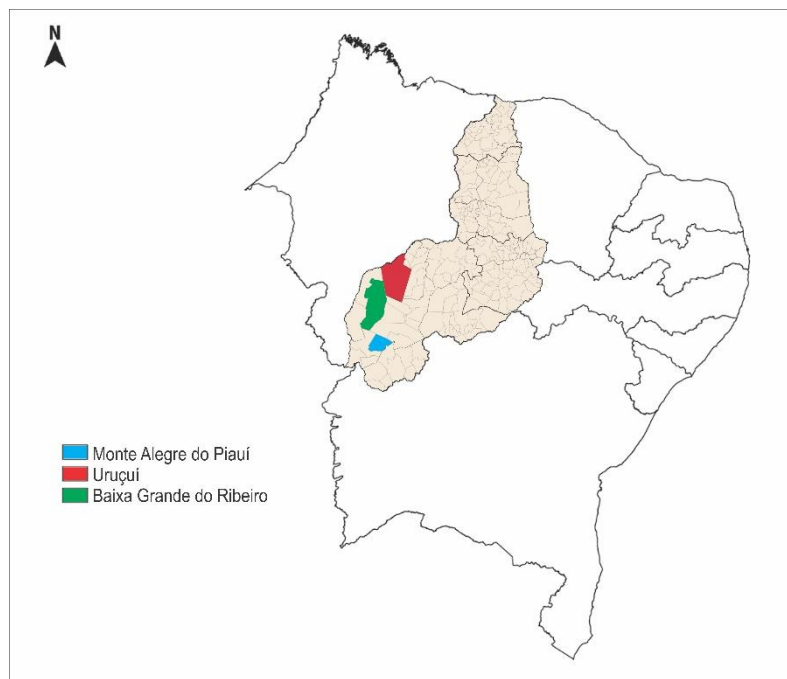
### 3 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados para este trabalho foram fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Soja da empresa Latitude Genética LTDA, com sede experimental na Fazenda Celeiro, situada em Monte Alegre do Piauí, PI. As linhagens são desenvolvidas para a adaptação ao cerrado do Nordeste e Norte brasileiro, principalmente os estados de Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia.

#### 3.1 Descrição dos Ambientes

Os ensaios foram conduzidos, nas safras 2017-18 e 2018-19, em cinco diferentes propriedades no Estado do Piauí, nos seguintes municípios (FIGURA 1): Monte Alegre do Piauí - Fazenda Celeiro; Uruçuí - na Fazenda Canel e Fazenda Emilio no distrito de Nova Santa Rosa e Município de Uruçuí; Baixa Grande do Ribeiro - na Fazenda Ypê do grupo Insolo e na Fazenda Aliança. Com isso, contemplou-se grande parte das áreas de produção de soja, bem como diferentes condições edafoclimáticas do Estado.

Figura 1 – Localização dos municípios no estado do Piauí em que foram implantados os ensaios nas safras 2017-18 e 2018-19.



Fonte: Do autor (2020).

Apesar dos locais terem sido os mesmos, nos dois anos agrícolas de avaliação, os ensaios, ocasionalmente, não foram no mesmo talhão, já que as áreas de pesquisa das grandes fazendas seguem uma rotação de culturas a cada no. Os dados das coordenadas geográficas e altitudes das áreas dos experimentos, bem como a codificação de ambientes estão descritos na Tabela 2.

Tabela 2- Código dos ambientes, fazenda, município, safra agrícola, coordenadas geográficas dos ensaios de avaliação final das linhagens e cultivares de soja no estado do Piauí.

Código Ambiente	Fazenda	Município	Safra	Latitude (S)	Longitude (W)	Altitude (m)
BGR – Aliança	Faz. Aliança	Baixa Grande do Ribeiro	2017-18	8° 14' 26"	44° 59' 20"	536
BGR – Ypê	Faz. Ypê	Baixa Grande do Ribeiro	2017-18	8° 26' 22"	45° 18' 52"	530
MAP – Celeiro	Faz. Celeiro	Monte Alegre do Piauí	2017-18	9° 23' 52"	45° 07' 40"	640
URU – Canel	Faz. Canel	Uruçuí	2017-18	7° 32' 52"	44° 50' 49"	403
URU – Emilio	Faz. Emilio	Uruçuí	2017-18	8° 14' 52"	44° 37' 05"	545
BGR – Aliança	Faz. Aliança	Baixa Grande do Ribeiro	2018-19	8° 14' 16"	44° 59' 35"	528
BGR – Ypê	Faz. Ypê	Baixa Grande do Ribeiro	2018-19	8° 26' 08"	45° 18' 57"	531
MAP – Celeiro	Faz. Celeiro	Monte Alegre do Piauí	2018-19	9° 24' 10"	45° 07' 06"	642
URU – Canel	Faz. Canel	Uruçuí	2018-19	7° 39' 27"	44° 54' 15"	433
URU – Emilio	Faz. Emilio	Uruçuí	2018-19	8° 11' 25"	44° 39' 16"	536

Fonte: Do autor (2020).

### 3.2 Descrição dos Genótipos e Ensaios Multiambientes

Os ensaios multiambientes foram conduzidos em cinco locais ou propriedades anteriormente descritas e foram avaliados, nas safras 2017-18 e 2018-19, nem sempre com o mesmo grupo de genótipos. Como o programa de melhoramento é contínuo de uma safra para outra, houve seleção, com alguns genótipos sendo descartados e outros sendo promovidos. Na safra 2017-18, foram conduzidos dois ensaios VCU:

-VCU1-2017-18: Nesse ensaio, foram testados 20 genótipos, sendo 15 linhagens oriundas do programa de melhoramento genético de soja da empresa e cinco cultivares comerciais cultivadas na região (BMX Bônus ou 8579RSFIPRO, M8372IPRO, M8349IPRO, M8644IPRO e M8808IPRO), que foram empregadas como testemunhas (TABELA 3).

Tabela 3 – Genótipos de soja testados no ensaio de VCU1-2017-18.

Código	Genótipo	Código	Genótipo
1	BMX BÔNUS IPRO	11	GCS 586-665 F04
2	M 8349 IPRO	12	GCS 41 -406
3	M 8372 IPRO	13	GCS 39 -391
4	M 8644 IPRO	14	GCS 41 -127
5	M 8808 IPRO	15	GCS 583 -927
6	GCS 36 -268	16	GCS 41 -791
7	GCS 40 -177	17	GCS 586 -725
8	GCS 41 – 809	18	GCS 41-727 F05
9	GCS 585 -249	19	GCS 586-769 F07
10	GCS 41 -467	20	GCS 586-673 F06

Fonte: Do autor (2020).

- VCU2-2017-18: Nesse ensaio, foram testados 25 genótipos, sendo 19 linhagens oriundas do programa de melhoramento genético de soja da empresa e seis cultivares comerciais cultivadas na região (BMX 8579 BÔNUS IPRO, M 8372 IPRO, M 8349 IPRO, M 8644 IPRO, M 8808 IPRO e BRS 9180 IPRO), que foram empregadas como testemunhas (TABELA 4).

Tabela 4 – Genótipos de soja testados no ensaio de VCU2-2017-18.

Código	Genótipo	Código	Genótipo
1	BMX BÔNUS IPRO	14	GCS 583-25-N° 12
2	M 8349 IPRO	15	GCS 576-130-792
3	M 8372 IPRO	16	GCS 583-540-N° 24
4	M 8644 IPRO	17	GCS 583-32-384
5	M 8808 IPRO	18	GCS 603-42-N° 21
6	BRS 9180 IPRO	19	GCS 583-479-764
7	GCS 36 -217	20	GCS 583-56-596
8	GCS 36 -133	21	GCS 583-93-552
9	GCS 40-214 F08	22	GCS 576-188-808
10	GCS 583 -25	23	GCS 581-287-600 F11
11	GCS 41-563 F09	24	GCS 583-486-692
12	GCS 40 -421	25	GCS 561-57-60 F10
13	GCS 583-59-N° 01		

Fonte: Do autor (2020).

Na safra 2018-19, foi conduzido apenas o ensaio VCU1-2018-19, no qual foram testados 25 genótipos, sendo 21 linhagens oriundas do programa de melhoramento genético de soja da empresa, das quais oito linhagens foram selecionadas dos ensaios VCU da safra

2017-18 (quatro linhagens do ensaio VCU1-2017-18 e outras quatro linhagens do ensaio VCU2-2017-18) e 13 foram novas linhagens incluídas e quatro cultivares comerciais: (BMX BÔNUS IPRO, M 8349 IPRO, M 8644 IPRO e M 8808 IPRO), que foram empregadas como testemunhas (TABELA 5).

Tabela 5 – Genótipos de soja testados no ensaio de VCU2-2018-19.

Código	Genótipo	Código	Genótipo
1	BMX BÔNUS IPRO	14	GCS 30 F 15-E
2	M 8349 IPRO	15	GCS 30 F 15-C
3	M 8644 IPRO	16	GCS 40 F 18
4	M 8808 IPRO	17	GCS 576 F 19
5	GCS 586-665 F04	18	GCS 585 F20
6	GCS 41-727 F05	19	GCS 41 F21
7	GCS 586-673 F06	20	GCS 586 F22
8	GCS 586-769 F07	21	GCS 41 F23
9	GCS 40 -214	22	GCS 39 F24
10	GCS 40-214 F08	23	GCS 40 F26
11	GCS 41-563 F09	24	GCS 34 F27
12	GCS 561-57-60 F10	25	GCS 40 F28
13	GCS 581-287-600 F11		

Fonte: Do autor (2020).

Considerando as duas safras (2017-18 e 2018-19), tem-se 12 genótipos (linhagens e cultivares) comuns (TABELA 6).

Tabela 6 – Linhagens e cultivares comuns de soja avaliadas nas safras 2017-18 e 2018-19 de acordo com tipo de crescimento e grupo de maturidade.

(continua)

Genótipo	Tipo de Crescimento	Grupo de Maturidade
BMX BÔNUS IPRO	Indeterminado	7.9
M 8349 IPRO	Determinado	8.3
M 8644 IPRO	Determinado	8.6
M 8808 IPRO	Determinado	8.8
GCS 586-665 F04	Indeterminado	8.3
GCS 41-727 F05	Indeterminado	8.3
GCS 586-673 F06	Indeterminado	8.3
GCS 586-769 F07	Indeterminado	8.3
GCS 40-214 F08	Indeterminado	8.3



Tabela 6 – Linhagens e cultivares comuns de soja avaliadas nas safras 2017-18 e 2018-19 de acordo com tipo de crescimento e grupo de maturidade.

(conclusão)

Genótipo	Tipo de Crescimento	Grupo de Maturidade
GCS 41-563 F09	Indeterminado	8.3
GCS 561-57-60 F10	Determinado	8.6
GCS 581-287-600 F11	Determinado	8.6

Fonte: Do autor (2020).

Para todos os experimentos, o delineamento experimental foi o de blocos completos casualizados com três repetições e parcela composta de 4 linhas de 5,0 m de comprimento, com espaçamento de 0,50 m entre linhas. A área útil foi representada pelas duas fileiras centrais.

A semeadura foi realizada com semeadora de parcelas experimentais mecanizada, de acordo com o número de sementes de cada genótipo, levando em consideração o ciclo e o teste de germinação prévio à instalação dos ensaios. A adubação e o manejo ( inseticidas, fungicidas e herbicidas) dos ensaios, foram seguidos conforme os padrões utilizados pelas propriedades em que foram implantados os ensaios.

Foram avaliadas as seguintes características em todos os ensaios VCU's:

- a) Altura da planta (AP): medida em centímetros, compreendendo a distância entre a superfície do solo e a extremidade da haste principal. As medidas foram realizadas em cinco plantas aleatórias da área útil da parcela e calculada a média aritmética;
- b) Peso de cem sementes (PCS): peso, em gramas, de 100 sementes tomadas ao acaso da área útil da parcela;
- c) Rendimento de grãos (PROD): as plantas da área útil das parcelas foram colhidas e trilhadas separadamente. Os grãos foram pesados, corrigidos para 13% de umidade e o valor obtido foi extrapolado para  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ .

### 3.3 Análises Estatísticas

#### 3.3.1 Análises de Variância Individuais

Os caracteres mensurados, em todos os ambientes estudados, foram submetidos à análise de variância individual, usando a função `lm` do pacote `Stats` em ambiente R (R CORE TEAM, 2019), adotando-se o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ij} = \mu + b_j + g_i + e_{ij}, \quad (1)$$

em que:

$y_{ij}$ : observação da parcela no bloco  $j$  que recebeu o genótipo  $i$ ;

$\mu$ : constante geral do experimento;

$g_i$ : efeito do genótipo ou linhagem  $i$ ;

$b_j$ : efeito do bloco  $j$ ;

$e_{ij}$ : erro experimental associado à observação  $y_{ij}$ , sendo  $e_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$ .

A significância do efeito de genótipos foi avaliada pelo teste F-Snedecor-Fisher a 5% de probabilidade. A qualidade experimental por ambiente foi estimada, por meio do coeficiente de variação experimental (CV) (GARCIA, 1989; PIMENTEL-GOMES, 1991) e pela estimação da acurácia seletiva (AC), essa última como medida da confiabilidade da seleção de genótipo (RESENDE; DUARTE, 2007).

#### 3.3.2 Análises Multiambientes

Após a realização das análises de variância individuais, foi verificada a pressuposição de homogeneidade das variâncias dos erros experimentais ( $\sigma_e^2$ ) pelo teste de Hartley ou do F máximo, o qual consiste na razão entre o maior e menor quadrado médio do resíduo do grupo de experimentos. Como critério, a homogeneidade das variâncias foi atestada quando o valor do F máximo foi inferior a sete (PIMENTEL-GOMES, 2009).

Constatada a homocedasticidade, foram realizadas as análises multiambientes de cada rede de ensaios VCU, em cada safra (VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19), usando a função `lm` do pacote `stats` em ambiente R (R CORE TEAM, 2019) de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ijm} = \mu + l_m + b_{j(k)} + g_i + ga_{im} + e_{ijm}, \quad (2)$$

em que:

$y_{ijm}$ : observação da parcela no bloco j no local k que recebeu o genótipo i;

$\mu$ : constante geral dos experimentos;

$l_m$ : efeito do local m;

$b_{j(k)}$ : efeito do bloco j no local m;

$g_i$ : efeito do genótipo i;

$gl_{im}$ : efeito da interação entre o genótipo i e o local k;

$e_{ijm}$ : efeito do erro associado à observação  $y_{ijk}$ ,  $e_{ijm} \sim N(0, \overline{\sigma_e^2})$ .

Adicionalmente foi feita a análise multiambientes dos ensaios VCU's envolvendo as duas safras (2017-18 e 2018-19). O modelo estatístico adotado foi o seguinte:

$$y_{ijkmn} = \mu + s_n + l_m + ls_{mn} + t_{k(mn)} + b_{j(kmn)} + g_i + gs_{in} + gl_{im} + gls_{imn} + e_{ijkmn}, \quad (3)$$

em que:

$y_{ijkmn}$ : observação da parcela no bloco j dentro do ensaio k no local m e safra n que recebeu o genótipo i;

$\mu$ : constante geral;

$s_n$ : efeito da safra n;

$l_m$ : efeito do local m;

$ls_{mn}$ : efeito da interação entre o local m e a safra n;

$t_{k(mn)}$ : efeito do ensaio dentro do local m e safra n;

$b_{j(kmn)}$ : efeito do bloco dentro do ensaio k no local m e safra n;

$g_i$ : efeito do genótipo i;

$gs_{in}$ : efeito da interação entre o genótipo i e a safra n;

$gl_{im}$ : efeito da interação entre o genótipo i e o local m;

$gls_{imn}$ : efeito da interação do genótipo i, local m e safra n;

$e_{ijkmn}$ : erro associado à observação  $y_{ijkmn}$ ,  $e_{ijkmn} \sim N(0, \overline{\sigma_e^2})$ .

A significância dos efeitos nas análises multiambientes (modelos 2 e 3) foi avaliada pelo teste F-Sendecor-Fisher a 5% de probabilidade. As médias fenotípicas ajustadas dos

efeitos principais de genótipos, bem como dos efeitos de genótipos, em cada local e/ou safra, obtidas por meio função emmeans do pacote emmeans (RUSSELL, 2020), foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (SCOTT; KNOTT, 1974), usando uma customização da função scottknott do pacote ExpDes (FERREIRA; CAVALCANTI; NOGUEIRA, 2018). Foram gerados gráficos do tipo *caterpillar* das médias ajustadas e respectivos limites de confiança a 95% de probabilidade usando a função ggplot do pacote ggplot2 (WICKHAM, 2016).

### 3.3.3 Análise GGE Biplot

A partir das médias fenotípicas ajustadas dos genótipos por locais, para cada rede de ensaios VCU do modelo 2 (VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19), foi realizada a análise pelo método GGE biplot (YAN *et al.*, 2000; YAN; KANG, 2003), de acordo com o seguinte modelo:

$$\bar{y}_{im} - \bar{y}_m = \lambda_1 \gamma_{i1} \delta_{1m} + \lambda_2 \gamma_{i2} \delta_{2m} + \rho_{im} \quad (4)$$

em que:

$\bar{y}_{im}$ : média ajustada do genótipo  $i$  no local  $m$ ;

$\bar{y}_m$ : média ajustada do local  $m$ ;

$\lambda_1$  e  $\lambda_2$ : valores singulares dos componentes principais (CP) 1 e 2, respectivamente;

$\gamma_{i1}$  e  $\gamma_{i2}$ : elementos dos autovetores dos CP 1 e 2, respectivamente, relacionados ao genótipo  $i$ ;

$\delta_{1m}$  e  $\delta_{2m}$ : elementos dos autovetores dos CP 1 e 2, respectivamente, relacionados ao local  $m$ ;

O ajuste do modelo 4 foi realizado, usando a função GGEModel do pacote GGEBiplots (DUMBLE, 2017), com método de partição dos valores singulares inteiramente nos autovetores dos locais, permitindo assim o estudo e visualização mais detalhada do inter-relacionamento dos ambientes, em termos de capacidade de discriminação dos genótipos e/ou representatividade ambiental (YAN; KANG, 2002). Foram gerados gráficos biplots pelo uso da função GGEPlot do pacote GGEBiplots (DUMBLE, 2017).

Adicionalmente, a análise pelo método GGE biplot supracitada foi também empregada, a partir das médias fenotípicas ajustadas dos 12 genótipos comuns, nos cinco

locais e nas duas safras (2017-18 e 2018-19), obtidas pelo modelo 3. Neste caso, foram feitos ajustes do modelo 4, considerando os 10 ambientes (5 locais e 2 safras) com diferentes métodos de partição dos valores singulares de modo a gerar gráficos biplots, para a descrição do inter-relacionamento dos ambientes, bem como dos genótipos em termos de adaptabilidade estabilidade.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Análises individuais (por ambiente)

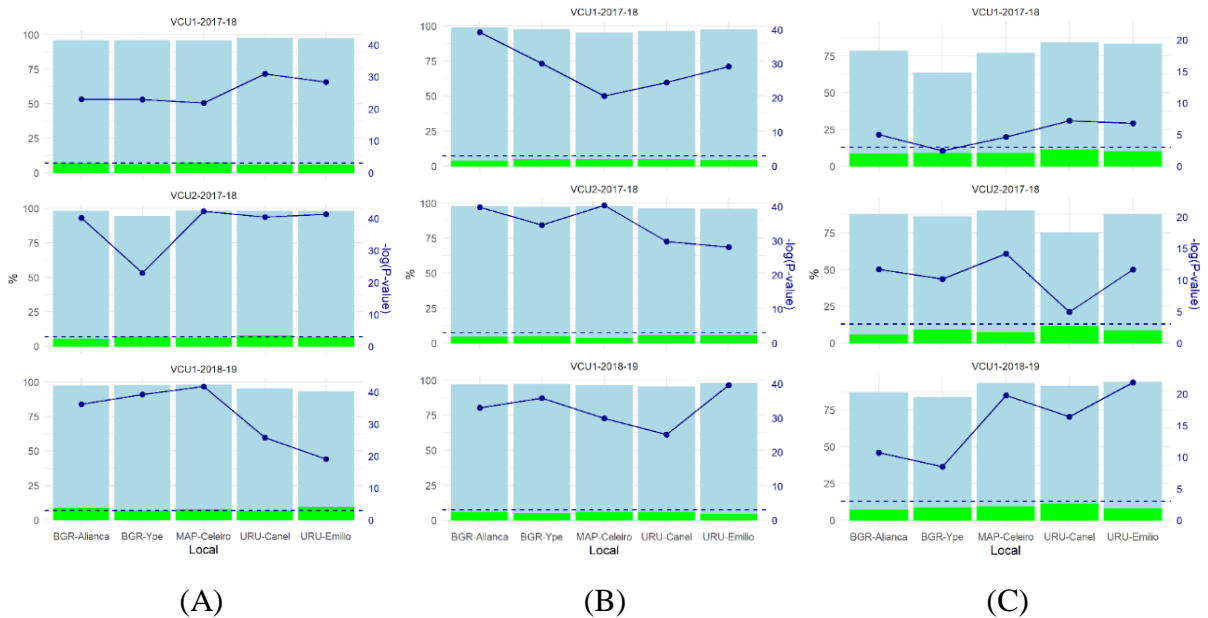
No processo de avaliação de linhagens em etapas finais, em um programa de melhoramento, ou seja, experimentos de Valor de Cultivo e Uso (VCU), é muito importante para o processo mensurar a qualidade dos experimentos. Para isso, foram obtidas estimativas dos parâmetros coeficiente de variação (PIMENTEL-GOMES, 2009) e acurácia seletiva (RESENDE; DUARTE, 2007).

Para o Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento, os experimentos de soja, cujos Coeficientes de Variação forem superiores a 20%, não deverão ser computados na análise de conjunto dos locais e, por consequência, no cálculo da produtividade na região (BRASIL, 2020). Neste presente trabalho, as estimativas dos coeficientes de variação experimental variaram de 5 a 9%, para a altura de plantas na maturação (ALT) [Figura 2(A)], de 3 a 6% para peso de cem grãos (PCG) [Figura 2(B)] e de 5 a 11%, para rendimento de grãos (REND) [Figura 2(C)], indicando elevada precisão experimental e atendimento às normas do MAPA e estando ainda de acordo com o relatado na literatura (BOSSOLANI *et al.*, 2015; MILIOLI *et al.*, 2018; ROCHA *et al.*, 2012; SCHWERZ *et al.*, 2016).

Levando em consideração a acurácia como medida da confiabilidade da seleção de linhagens de soja, a variação foi da seguinte forma para as características: 93 a 98% para ALT [Figura 2 (A)], de 95 a 98% para PCG [Figura 2(B)] e de 63 a 94% para REND [Figura 2(C)]. Destaca-se que, apesar da maior amplitude da acurácia para REND, apenas em um local, BGR-Ypê no ensaio VCU1-2017-2018, a acurácia ficou abaixo de 70%. Assim, considerando os valores da acurácia, tem-se que a precisão para os diferentes caracteres aferidos foi classificada como de média à alta precisão (RESENDE; DUARTE, 2007), demonstrando a alta confiabilidade, para a seleção dos genótipos de soja, com base nas informações extraídas a partir dos dados fenotípicos.

Foram observadas diferenças significativas ( $P < 0.05$ ) entre as linhagens em todos os ambientes para os caracteres altura de plantas [Figura 2(A)] e PCG [Figura 2(B)]. Para o caráter rendimento de grãos [Figura 2(C)], também, foram evidenciadas diferenças entre os genótipos, para quase a totalidade dos ambientes testados, com exceção apenas do ambiente BGR-Ypê, no ensaio VCU1-2017-18. Diante disso, pode-se inferir sobre a existência de expressiva variabilidade genética entre as linhagens, o que leva à possibilidade de efetiva seleção.

Figura 2 – Valores da acurácia para a seleção de genótipo (linhagem) (barra azul), do coeficiente de variação experimental (barra verde) e do logaritmo do p-valor do teste F para o efeito de genótipos (linha azul) das análises de variância individuais (por ambiente) para os caracteres altura de plantas na maturação (A), peso de cem grãos (B) e rendimento de grãos (C) avaliados nos ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19.



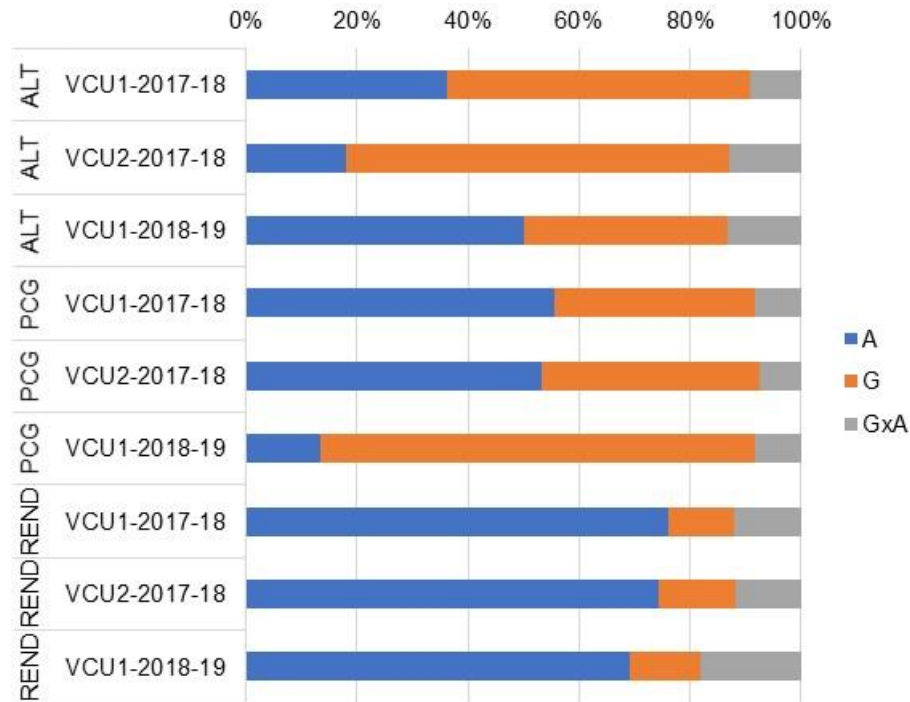
Fonte: Do autor (2020).

## 4.2 Análises multiambientes

De acordo com as análises conjuntas das redes de ensaios VCU das safras 2017-18 e 2018-19, observaram-se efeitos significativos ( $P < 0,05$ ) de ambiente, genótipo e da interação genótipo x ambiente (GxA) para os caracteres avaliados. Em se tratando da variação fenotípica (soma de quadrados), capturada pelas fontes de variação  $G + A + GxA$ , evidenciou-se que, para o caráter ALT, em média, 35% da variação foram atribuídos aos fatores macroambientais, 53% à variação entre genótipos e 12% à interação GxA (FIGURA 3). Para o caráter PCG, o padrão foi semelhante à ALT, sendo que, em média, 41% A, 51% G e 8% GxA (FIGURA 3). No entanto, para o caráter REND, houve uma predominância da variação atribuída ao ambiente (73%), enquanto as fontes de variação G e GxA explicaram 13 e 14% da variação  $G + A + GxA$ , respectivamente (FIGURA 3). Essas diferenças nos padrões de variação entre os caracteres ALT e PCG, em relação ao caráter REND, deve-se às diferenças no controle da expressão fenotípica, à medida que o REND apresenta uma herança poligênica mais complexa, aliada à pronunciada influência de fatores ambientais bióticos e abióticos. Segundo Gauch (2006), em média, observa-se o padrão de 70% A, 10% G e 20% GxA para o

rendimento das culturas. Resultados semelhantes, para rendimento de grãos em soja, também, têm sido relatados (AMARAL *et al.*, 2019; GESTEIRA *et al.*, 2018).

Figura 3 – Porcentagens da variação fenotípica pelas fontes de variação ambiente (A), genótipo (G) e interação GxA, para os caracteres altura de plantas na maturação (ALT), peso de cem grãos (PCG) e rendimento de grãos (REND) avaliados nos ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19.



Fonte: Do autor (2020).

A interação GxA é um efeito de grande relevância, em um programa de melhoramento, especialmente, se o tipo de interação for a complexa, a qual promove uma mudança no ranqueamento dos genótipos nos diferentes ambientes (GAUCH, 2006). Pelas Figuras 4, 5 e 6 é possível notar mudanças no ordenamento dos genótipos de soja, nos locais testados nas redes de ensaios VCU, nas safras 2017-18 e 2018-19, para os caracteres mensurados ALT, PCG e REND, respectivamente. Contudo a interação GxA foi especialmente mais expressiva em promover mudanças entre e dentro dos grupos de Scott-Knott obtidos em cada ambiente para o caráter REND.

À medida que a interação GxA for expressiva, há a necessidade de fazer um estudo mais detalhado, a fim de caracterizar melhor o inter-relacionamento dos genótipos e dos ambientes. Neste aspecto, o uso de abordagens multivariadas, baseadas em modelos lineares-bilineares, tem sido bastante recomendado, a exemplo do modelo de efeitos principais de



genótipos mais interação GxA, como o GGE biplot (YAN *et al.*, 2000; YAN; TINKER, 2006).

No presente estudo, conjuntos de linhagens de soja, sendo algumas comuns, foram avaliadas em ensaios multiambientais, em duas safras agrícolas (2017-18 e 2018-19), envolvendo o mesmo conjunto de locais de teste. Neste caso, há a oportunidade de avaliar de forma mais pormenorizada o inter-relacionamento dos ambientes, a fim de validar a definição de ambientes, de acordo com sua representatividade e capacidade de discriminação dos genótipos e os mega-ambientes eventualmente formados.

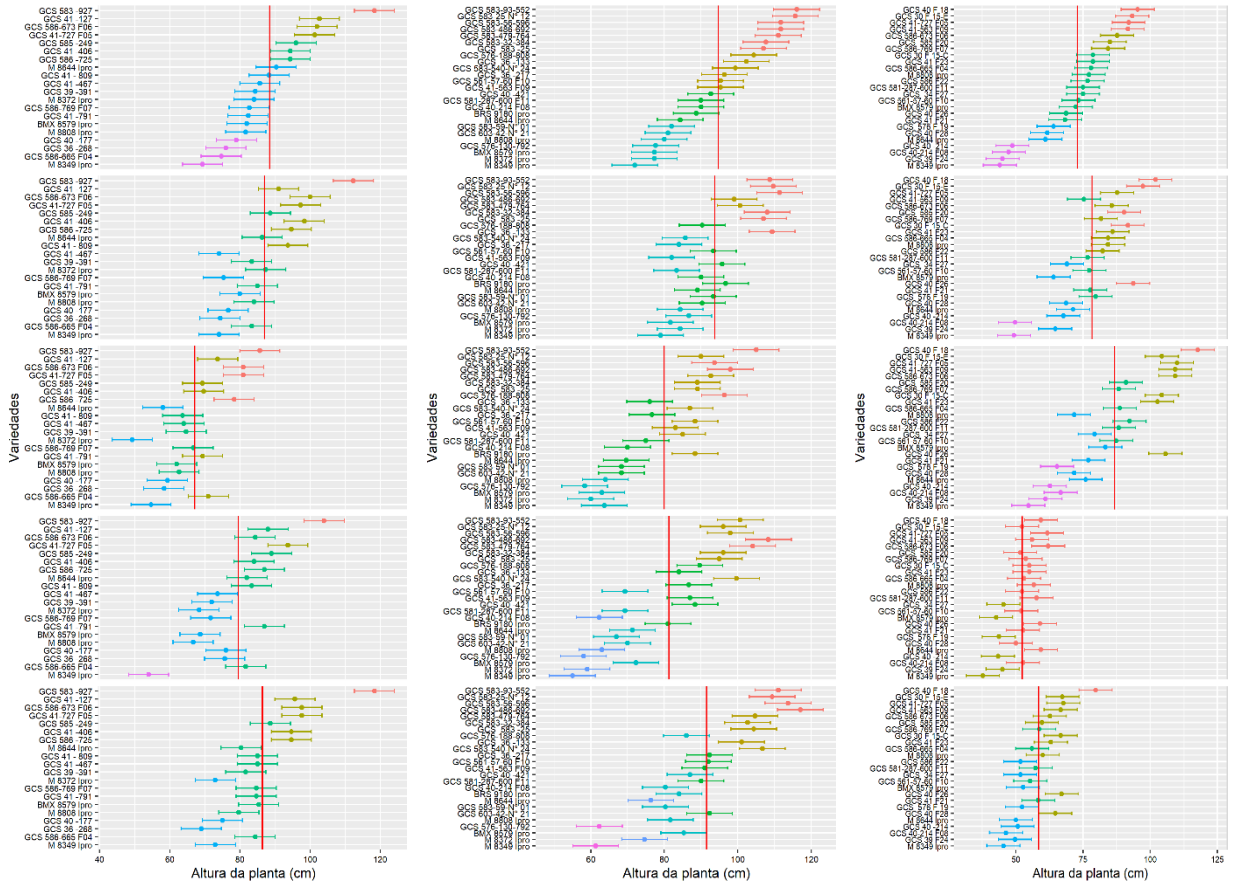
Para o caráter ALT, a quase totalidade da variação de G + GxA foi capturada pelos dois primeiros componentes principais (CP) (91,86%, 92,84% e 91,74% para os ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19, respectivamente) (FIGURA 7). Essa elevada variação explicada deve-se possivelmente à maior predominância de interação simples para esse caráter. Avaliando o inter-relacionamento dos ambientes pela representação biplot, observou-se que o ambiente URU-Emilio foi consistentemente o mais representativo desse conjunto de ambientes (FIGURA 7). Dessa forma, o ranqueamento dos genótipos de soja nesse ambiente deve ser próximo ao ranqueamento obtido na média dos ambientes. Contudo, para a escolha de ambientes de teste, outra característica importante do ambiente é a capacidade de discriminação dos genótipos. Neste quesito, MAP-Celeiro, BGR-Aliança e BGR-Ypê foram mais consistentemente discriminativos nas redes de ensaios VCU nas duas safras. Outro aspecto observado no biplot (FIGURA 7) foi que os ambientes testados apresentaram correlações moderadas a elevadas e positivas. No entanto pode-se evidenciar que os ambientes MAP-Celeiro e BGR-Ypê foram os menos correlacionados (FIGURA 7). Por outro lado, os ambientes URU-Emilio e BGR-Aliança se mostraram altamente correlacionados. A escolha de ambientes não redundantes tem grande importância para fins de otimização da rede de ensaios.

Para peso de cem grãos, os dois primeiros CP também explicaram expressiva fração da variação de G + GxA (89,51%, 90,55% e 94,56% para os ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19, respectivamente) (FIGURA 8). No geral, URU-Emilio foi o ambiente mais representativo, todos os ambientes demonstraram elevada capacidade de discriminação dos genótipos e correlação moderada a elevada e positiva (FIGURA 8). Em se tratando do caráter REND, os padrões de inter-relacionamento dos ambientes tiveram menor repetibilidade nas redes de ensaios (FIGURA 9). Relativo aos caracteres ALT e PCG, menor fração da variação de G + GxA foi capturada pelos dois primeiros CP (75,79%, 74,59% e 75,72%, para os ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19, respectivamente)

retratando a maior complexidade da interação GxA na expressão fenotípica do caráter REND (FIGURA 9). Não foi possível identificar um ambiente representativo consistente entre os ensaios multiambientais. O ambiente MAP-Celeiro destacou-se por ser consistentemente discriminativo dos genótipos de soja quanto ao REND. A partir dos biplots do VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19, observou-se que os ambientes apresentaram elevada correlação positiva, com exceção do ambiente MAP-Celeiro, o que não foi evidenciado no VCU1-2017-18 (FIGURA 9). Um acontecimento que poderia ser associado a essa baixa repetibilidade é o fato de estarmos avaliando conjuntos distintos de genótipos nos ensaios multiambientais à medida que a caracterização ambiental retratada é relativa. Contudo, ao se admitir os genótipos em estudo como parte de uma população-alvo de genótipos, essa explicação não se sustenta. Portanto a baixa reprodutibilidade nos escores dos CP é algo que dificulta a tomada de decisão, conforme também evidenciado por Mendes e Ramalho (2018).

No que concerne aos mega-ambientes, no geral, os ambientes testados formaram um único mega-ambiente relativo aos caracteres ALT (FIGURA 10) e PCG (FIGURA 11). Entretanto, para o caráter REND, não foi possível validar os mega-ambientes, à medida que os grupos de ambientes setorizados, de acordo como os genótipos vencedores, não foram os mesmos (FIGURA 12). No VCU1-2017-18, foram formados dois mega-ambientes, sendo o mega-ambiente 1 formado pelos ambientes BGR-Aliança e URU-Emílio e o mega-ambiente 2 pelos ambientes BGR-Ypê, MAP-Celeiro e URU-Canel. Já a partir do VCU2-2017-18, também foram formados dois mega-ambientes, sendo um deles formado apenas pelo ambiente MAP-Celeiro, ficando os demais no outro mega-ambiente. Por fim, no VCU1-2018-19, foram formados três mega-ambientes, sendo o mega-ambiente 1 com apenas o MAP-Celeiro, o mega-ambiente 2, com os ambientes BGR-Aliança, BGR-Ypê e URU-Emílio e o mega-ambiente 3, com o ambiente URU-Canel.

Figura 4 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) de genótipos de soja avaliados quanto à altura das plantas na maturação nos ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19. A linha vertical vermelha representa a média de cada ensaio.



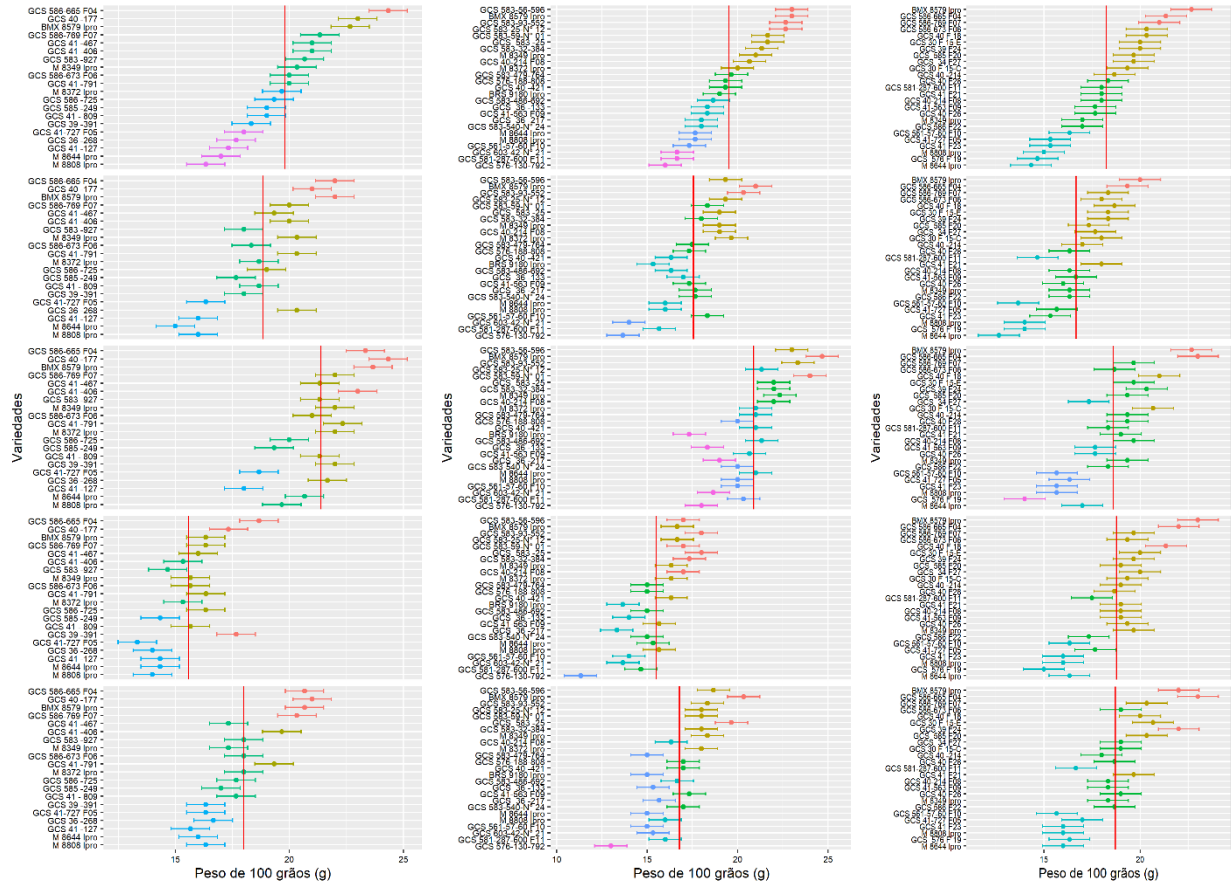
VCU1-2017-18

VCU2-2017-18

VCU1-2018-19

Fonte: Do autor (2020).

Figura 5 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) de genótipos de soja avaliados quanto ao peso de 100 grãos nos ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19. A linha vertical vermelha representa a média de cada ensaio.



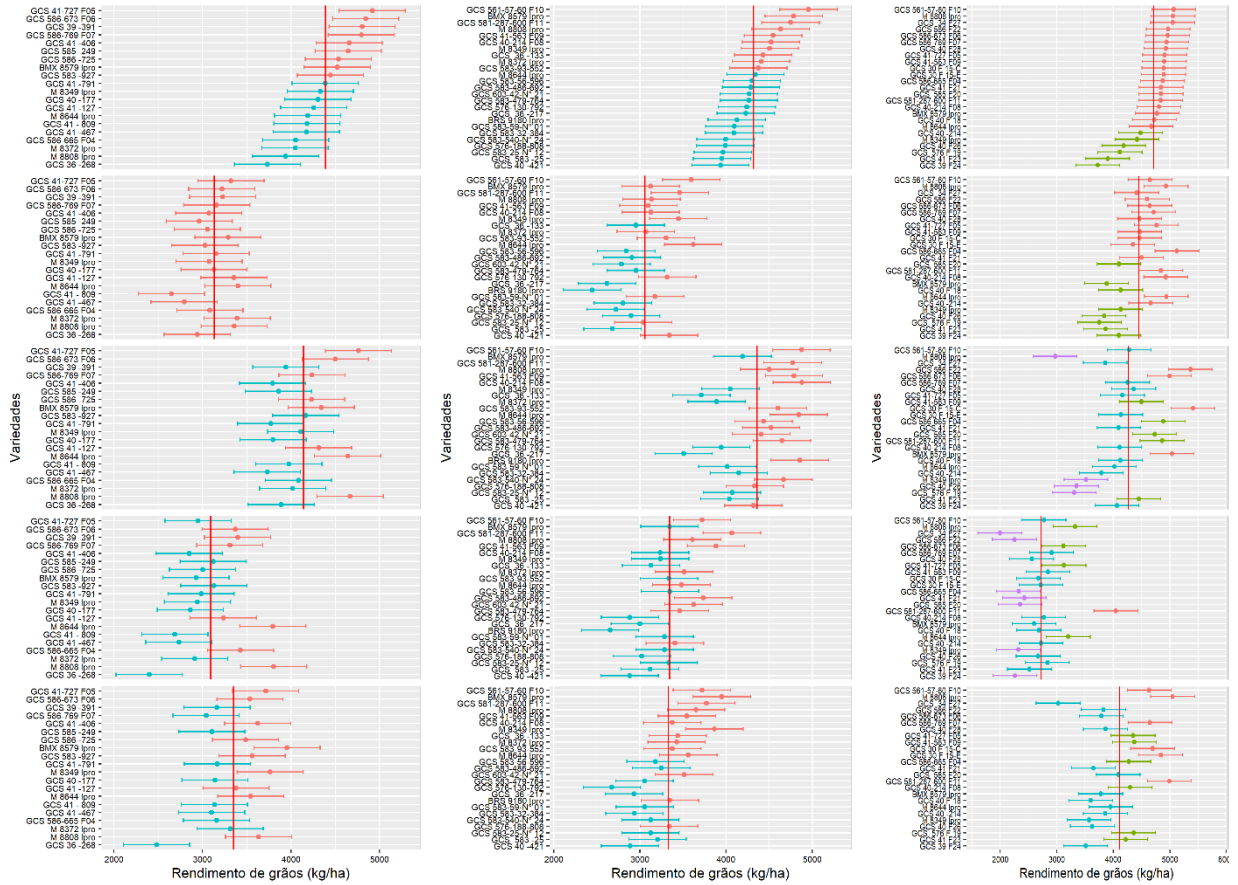
VCU1-2017-18

VCU2-2017-18

VCU1-2018-19

Fonte: Do autor (2020).

Figura 6 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) de genótipos de soja avaliados quanto ao rendimento de grãos nos ensaios VCU1-2017-18, VCU2-2017-18 e VCU1-2018-19. A linha vertical vermelha representa a média de cada ensaio.



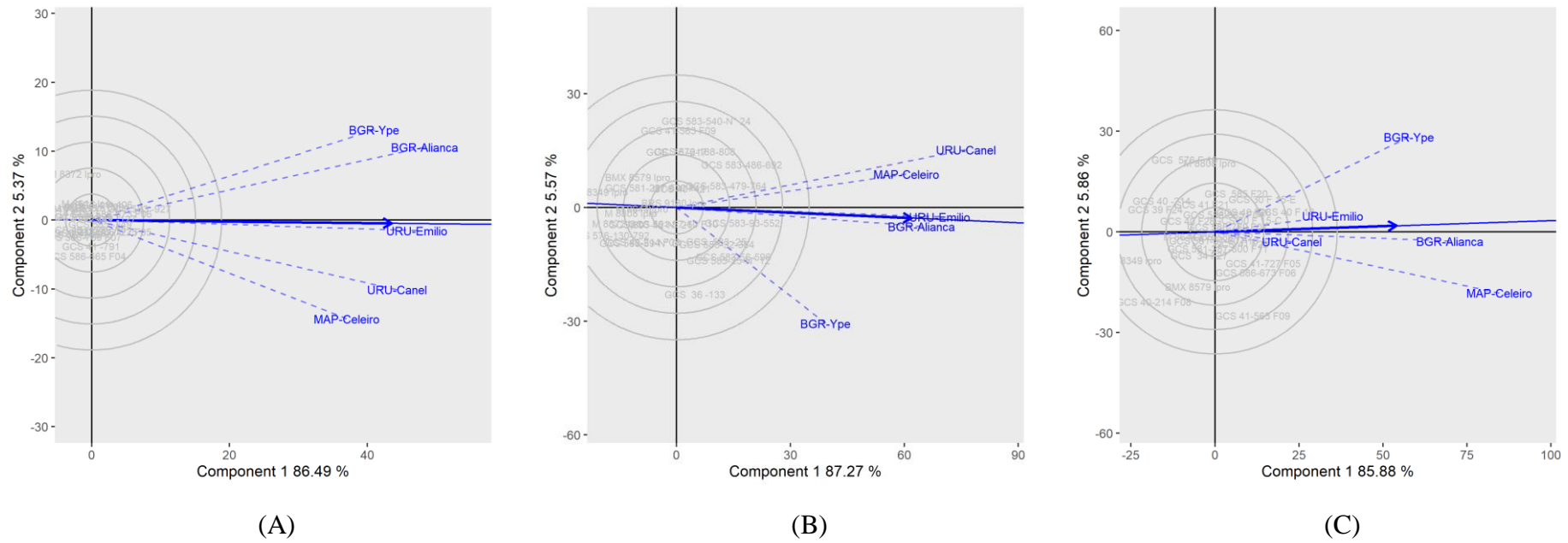
VCU1-2017-18

VCU2-2017-18

VCU1-2018-19

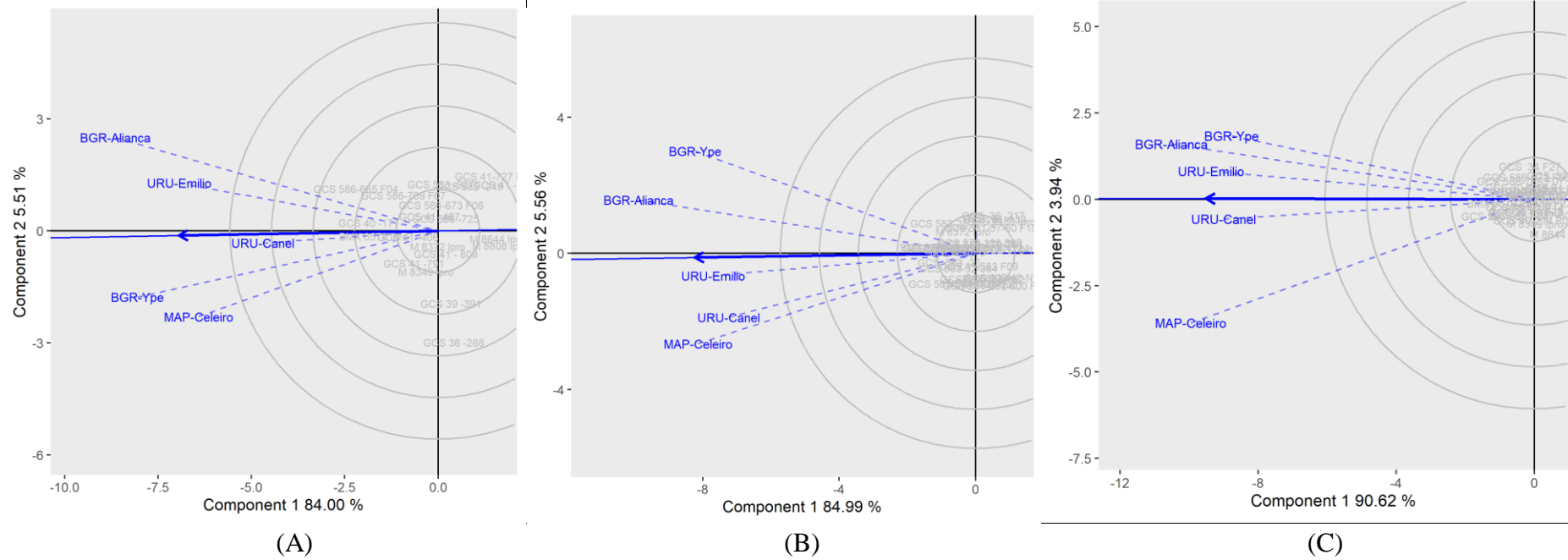
Fonte: Do autor (2020).

Figura 7 – Biplot da representatividade e capacidade de discriminação de ambientes, para o caráter altura de plantas, na maturação referente à avaliação de genótipos de soja em ensaios multiambientais VCU1-2017-18 (A), VCU2-2017-18 (B) e VCU1-2018-19 (C).



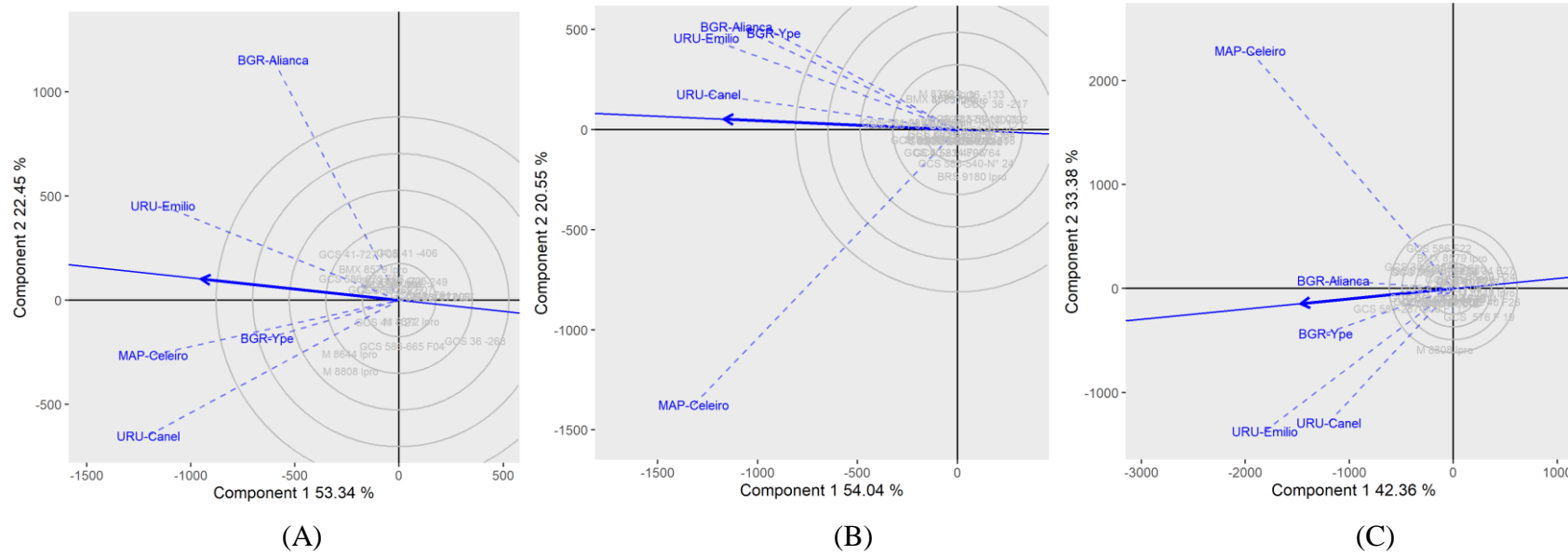
Fonte: Do autor (2020).

Figura 8 – Biplot da representatividade e capacidade de discriminação de ambientes, para o caráter peso de 100 grãos, referente à avaliação de genótipos de soja em ensaios multiambientais VCU1-2017-18 (A), VCU2-2017-18 (B) e VCU1-2018-19 (C).



Fonte: Do autor (2020).

Figura 9 – Biplot da representatividade e capacidade de discriminação de ambientes, para o caráter rendimento de grãos, referente à avaliação de genótipos de soja em ensaios multiambientais VCU1-2017-18 (A), VCU2-2017-18 (B) e VCU1-2018-19 (C).

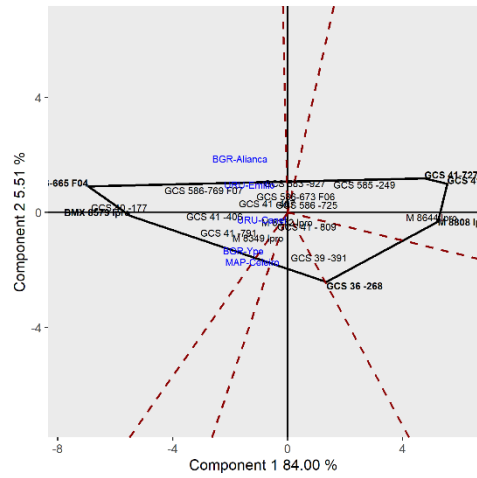


Fonte: Do autor (2020).

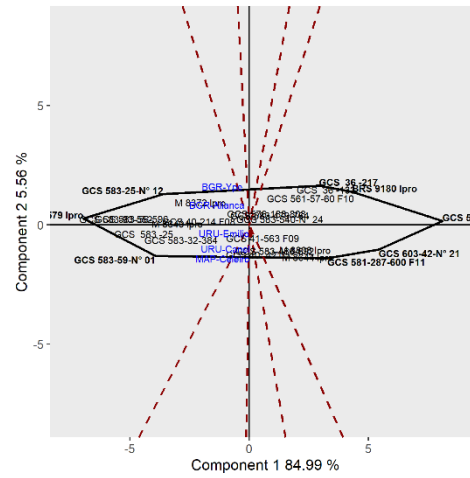




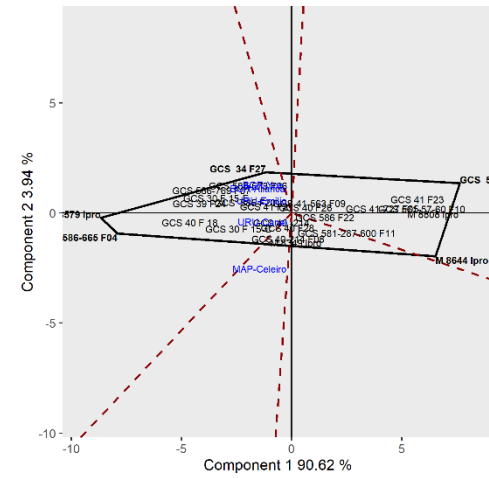
Figura 11 – Biplot de mega-ambientes, para o caráter peso de 100 grãos, referente à avaliação de genótipos de soja em ensaios multiambientes VCU1-2017-18 (A), VCU2-2017-18 (B) e VCU1-2018-19 (C).



(A)



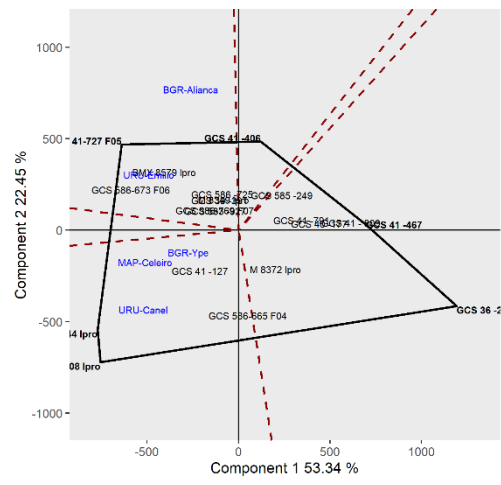
(B)



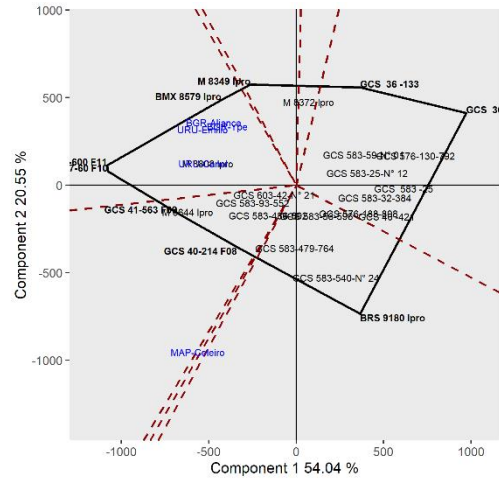
(C)

Fonte: Do autor (2020).

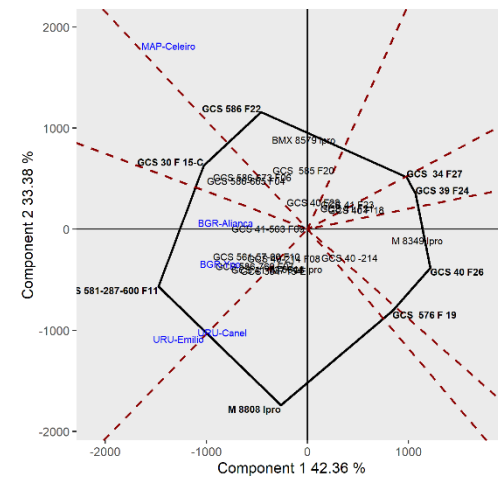
Figura 12 – Biplot de mega-ambientes, para o caráter rendimento de grãos, referente à avaliação de genótipos de soja em ensaios multiambientes VCU1-2017-18 (A), VCU2-2017-18 (B) e VCU1-2018-19 (C).



(A)



(B)



(C)

Fonte: Do autor (2020).

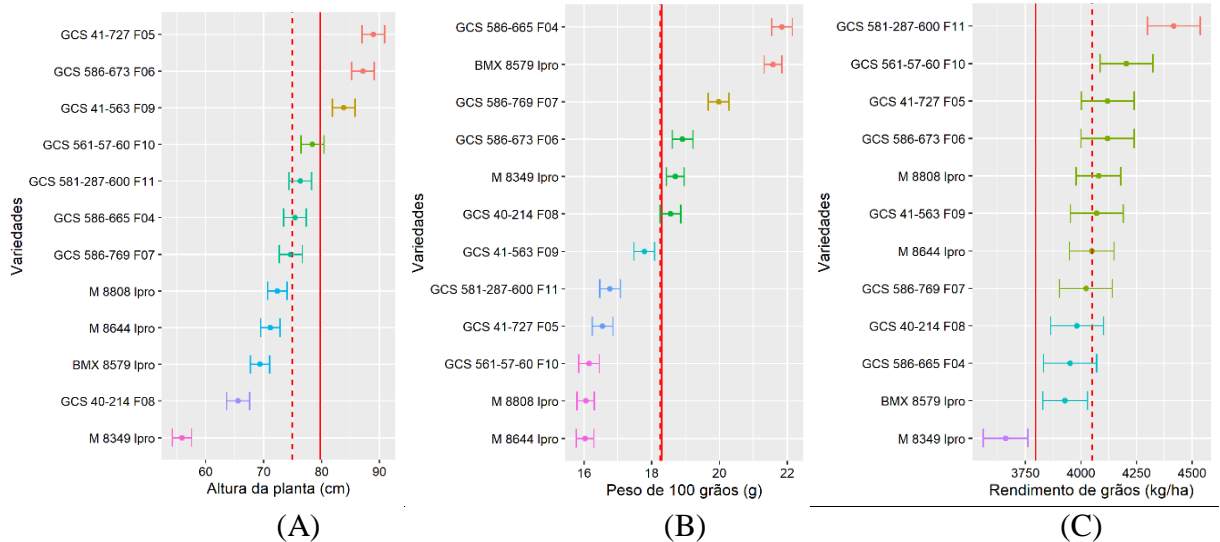
### **4.3 Análise dos Genótipos Comuns nos Ensaio Multiambientes e Multisafras quanto à adaptabilidade e estabilidade**

Como o trabalho avaliou experimentos nos mesmos locais (fazendas) por dois anos consecutivos, é possível avaliar o comportamento dos genótipos. Para tanto, consideramos apenas os genótipos comuns nos locais e safras. Nesse caso, tivemos doze genótipos comuns avaliados em dez ambientes (combinação local e safra), sendo cinco ambientes em cada safra. Pela análise de variância, houve efeito expressivo de safra, local, genótipo e interação GxA, envolvendo exclusivamente os doze genótipos comuns.

Pela Figura 13 (A), observou-se que, para o caráter ALT, a média dos doze genótipos comuns foi aproximadamente cinco centímetros superior à média geral dos ensaios envolvendo todos os genótipos (53 genótipos). Os genótipos foram separados em seis grupos distintos. Para o caráter PCG, a média geral dos doze genótipos comuns foi semelhante à média geral de todos os genótipos [Figura 13 (B)]. Foi observada ainda uma grande variação para essa característica com a formação de cinco grupos. O grupo com menor PCG englobou três genótipos, incluindo as cultivares M 8644 IPRO e M 8808 IPRO, com média de 16 gramas. O grupo com maior PCG foi representado por dois genótipos, a linhagem GCS 586-665 F04 e a cultivar BMX BÔNUS IPRO, com média de 22 gramas.

Pela Figura 13 (C), pode-se observar que, para REND, a média geral dos doze genótipos selecionados que participaram das duas safras foi maior que a média geral de todos os genótipos envolvidos nos ensaios multiambientes, com acréscimo de, aproximadamente 240 kg.ha<sup>-1</sup>, demonstrando a eficiência da seleção do programa de melhoramento. Os genótipos foram separados em quatro grupos. Em geral, os genótipos mais produtivos foram os mais altos, indicando uma correlação positiva entre altura de plantas na maturação e rendimento de grãos. A cultivar que teve menor porte, M8349IPRO, também teve o menor rendimento de grãos para esse grupo de genótipos.

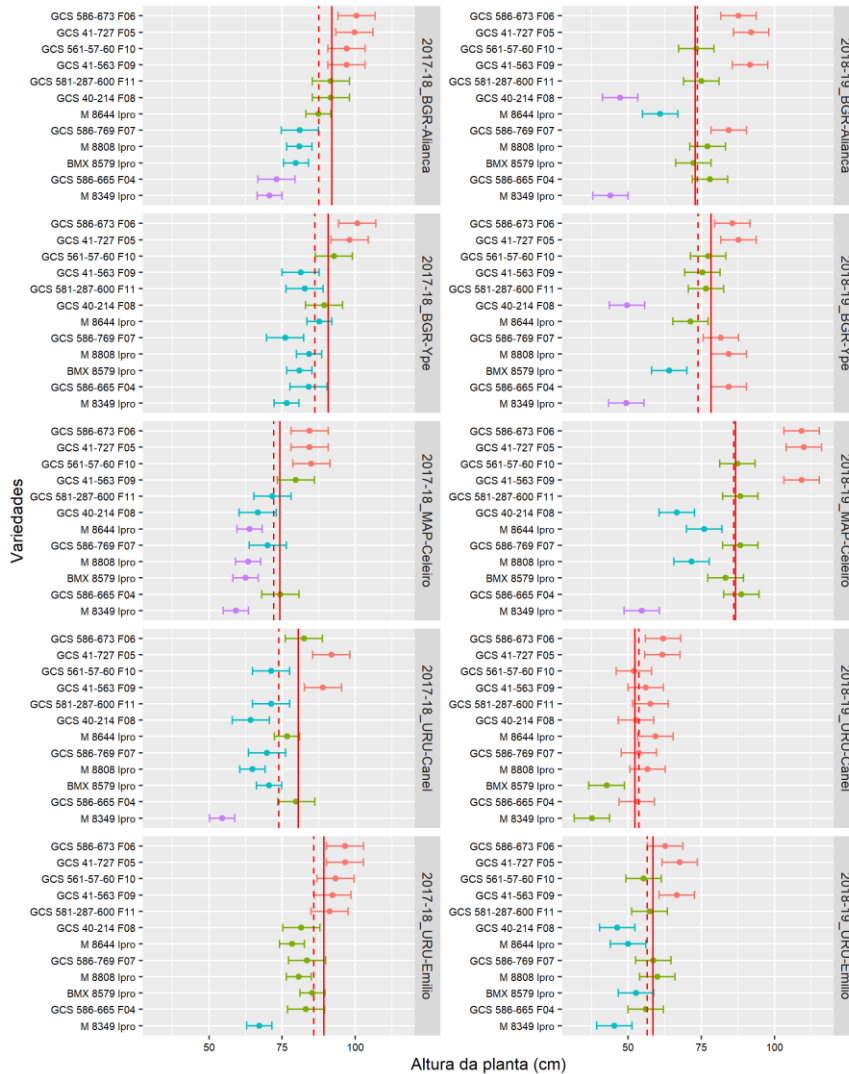
Figura 13 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas dos 12 genótipos comuns, limites de confiança a 95% e agrupamento pelo teste de Scott-Knott (1974), para altura de plantas na maturação (A), peso de 100 grãos (B) e rendimento de grãos (C), nas safras 2017-18 e 2018-19. A linha contínua vermelha representa a média geral de todos os genótipos envolvidos nos ensaios multiambientes e a linha pontilhada vermelha a média geral dos doze genótipos comuns.



Fonte: Do autor (2020).

Pelas Figuras 14, 15 e 16, percebe-se que a interação GxA resultou em mudanças no ranqueamento dos genótipos nos ambientes das safras 2017-18 e 2018-19 quanto aos caracteres avaliados ALT, PCG e REND, respectivamente. Para ALT, quando comparado às outras características, os resultados foram intermediários em relação à discriminação dos genótipos quanto à formação de grupos. Nas duas safras, em BGR-Aliança e MAP-Celeiro, formaram quatro grupos e, em URU-Emilio, três grupos. Já em URU-Canel 2017-18 e BGR-Ypê 2018-19, formaram quatro grupos. No ambiente BGR-Ypê 2017-18, formou três grupos e URU-Canel 2018-19 dois grupos apenas. Na safra 2017-18, os genótipos cresceram mais que na safra 2018-19, pois as condições climáticas, principalmente em relação à distribuição pluviométrica, favoreceram. Na safra 2018-19, no município de Uruçuí, o veranico foi mais intenso, resultando em menor crescimento das plantas e, conseqüentemente, tiveram menores médias de rendimento de grãos (FIGURA 14).

Figura 14 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) dos 12 genótipos comuns de soja avaliados quanto à altura das plantas na maturação nas safras 2017-18 e 2018-19. A linha contínua vermelha representa a média geral de todos os genótipos e a linha pontilhada vermelha a média geral dos doze genótipos comuns.



Fonte: Do autor (2020).

Para PCG, a quantidade de grupos formados por local nas duas safras foi praticamente a mesma (FIGURA 15). Em BGR-Alliança e BGR-Ypê, nas duas safras, formaram cinco grupos e, em MAP-Celeiro e URU-Canel, quatro grupos. Já em Emilio, na safra 2017-18, três grupos e, na safra 2018-19, quatro grupos. Porém, como a interação foi complexa, houve mudanças no ranqueamento entre alguns genótipos. Nos extremos a variação foi pequena.

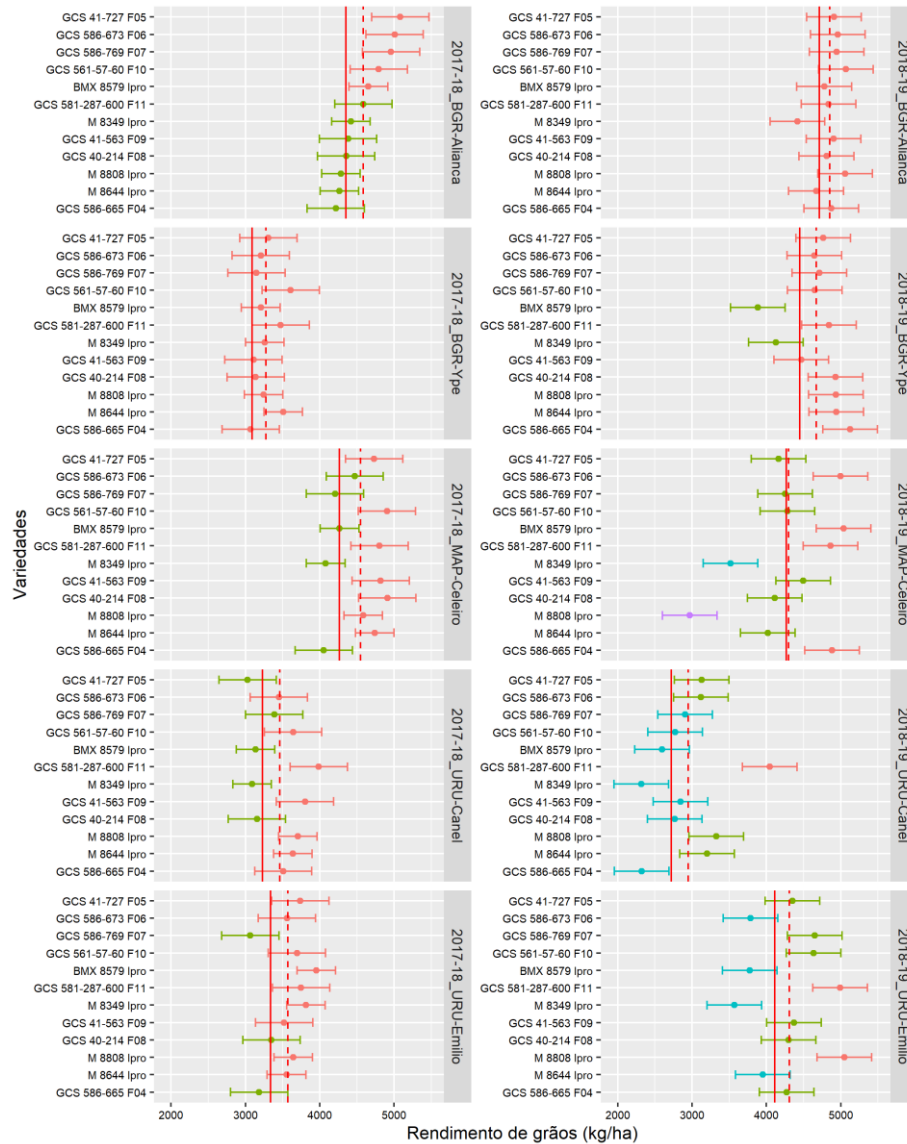
Figura 15 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) dos 12 genótipos comuns de soja avaliados quanto ao peso de 100 grãos nas safras 2017-18 e 2018-19. A linha contínua vermelha representa a média geral de todos os genótipos e a linha pontilhada vermelha a média geral dos doze genótipos comuns.



Fonte: Do autor (2020).

Para REND, de acordo com a Figura 16, os doze genótipos não diferiam entre si no ambiente BGR-Alliança, na safra 2018-19 e, no ambiente BGR-Ypê, na safra 2017-18. Já para cinco ambientes do total de dez (BGR-Alliança, MAP-Celeiro, URU-Canel, URU-Emilio, na safra 2017-18 e BGR-Ypê, na safra 2018-19), formaram dois grupos distintos. Os ambientes URU-Canel e URU-Emilio, na safra 2018-19, formaram três grupos e somente no ambiente MAP-Celeiro 2018-19 foram formados quatro grupos. Portanto, para REND, os genótipos foram menos divergentes que o observado para as características ALT e PCG.

Figura 16 – Representação gráfica das médias fenotípicas ajustadas, limites de confiança e agrupamento pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (grupos representados por diferentes cores) dos 12 genótipos comuns de soja avaliados quanto ao rendimento de grãos nas safras 2017-18 e 2018-19. A linha contínua vermelha representa a média geral de todos os genótipos e a linha pontilhada vermelha a média geral dos doze genótipos comuns.



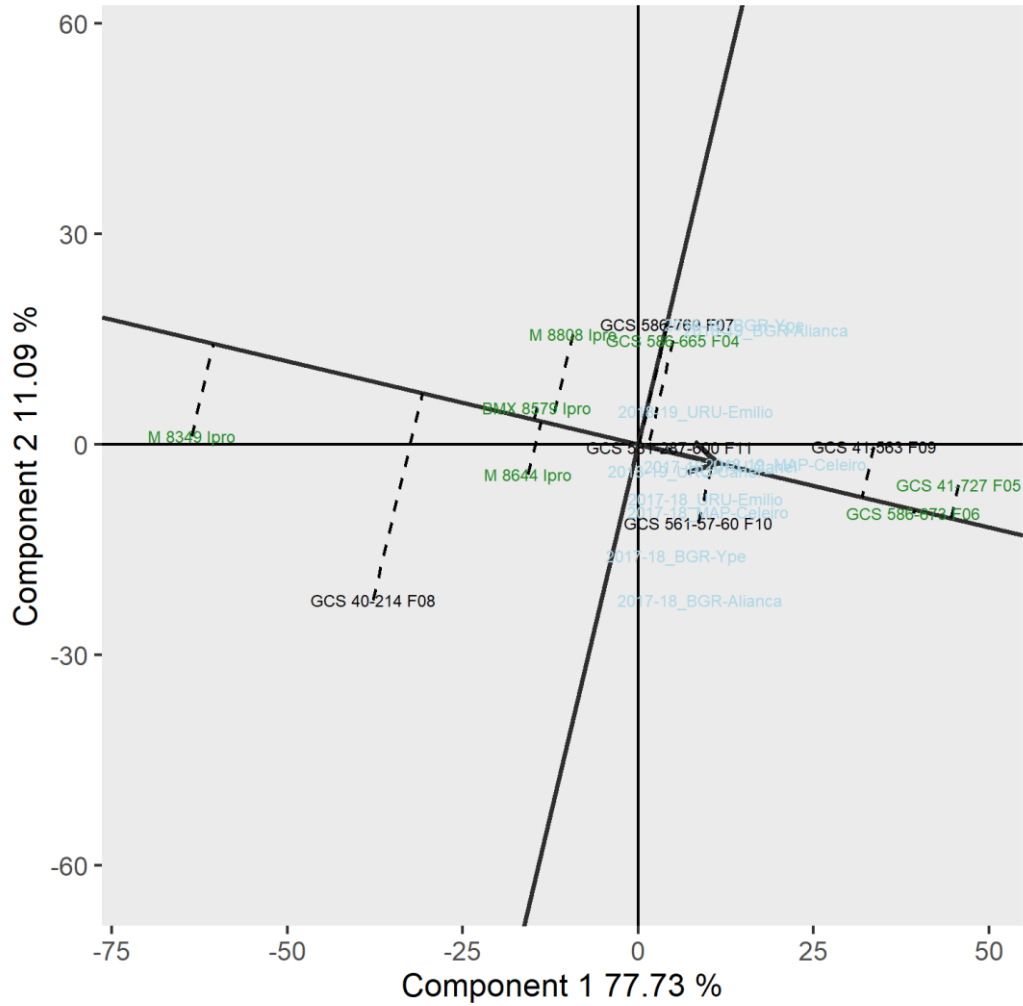
Fonte: Do autor (2020).

Uma forma de lidar com a interação GxA, especialmente na vigência de interação do tipo complexa com baixa repetibilidade, é buscar identificar genótipos quanto à sua adaptabilidade e estabilidade (YAN; KANG, 2003). Neste cenário, o uso da análise do modelo GGE biplot é de grande valia. Para o caráter ALT, a maioria dos genótipos se mostraram estáveis, com exceção do genótipo GCS 40-214 F08 que apresentou maior variação na ALT, especialmente, quando o ambiente estava estressante, como em Uruçuí (FIGURA 17). Para o PCG, os genótipos, no geral, foram estáveis, sendo que a linhagem



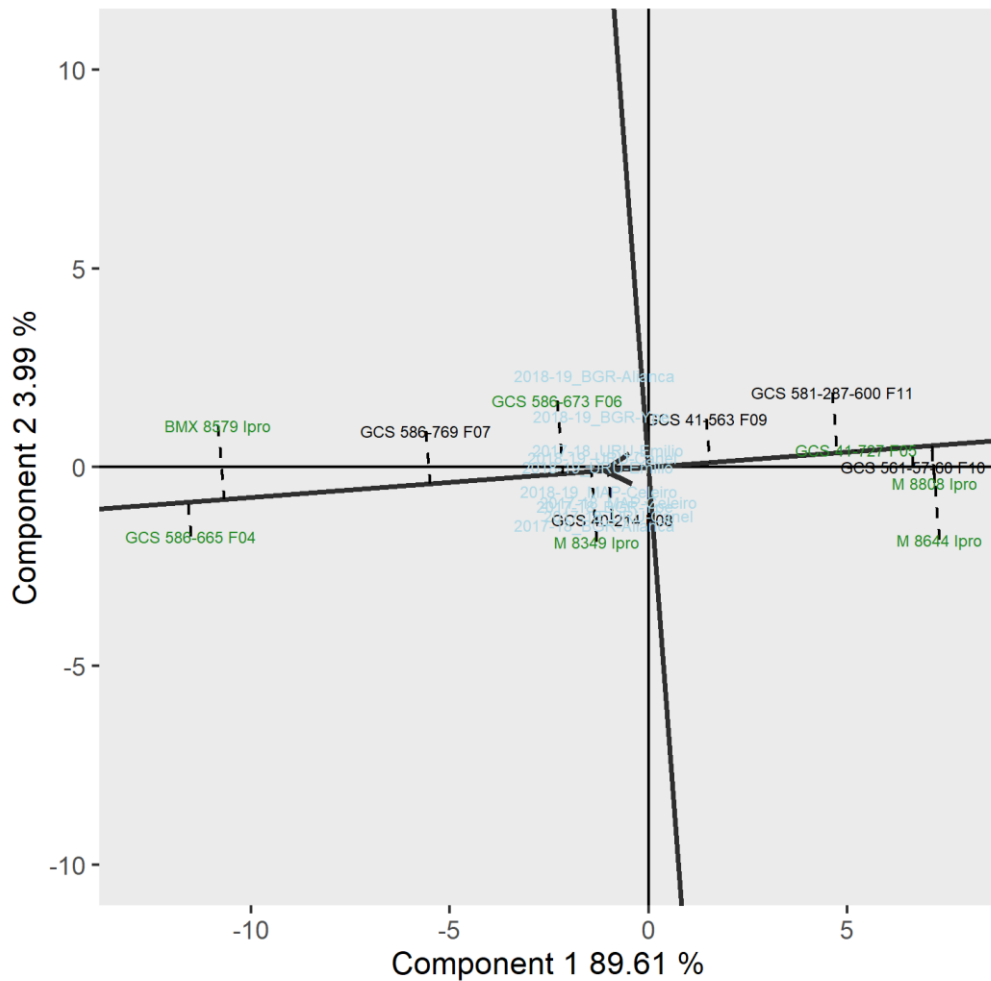
GCS 586-665 F04 e a cultivar BMX BÔNUS IPRO se destacaram por também associarem peso maior que 20 gramas.

Figura 17 – Biplot dos 12 genótipos comuns quanto à adaptabilidade e estabilidade para altura de planta na maturação nas safras 2017-18 e 2018-19.



Fonte: Do autor (2020).

Figura 18 – Biplot dos 12 genótipos comuns quanto à adaptabilidade e estabilidade para peso de 100 grãos nas safras 2017-18 e 2018-19.

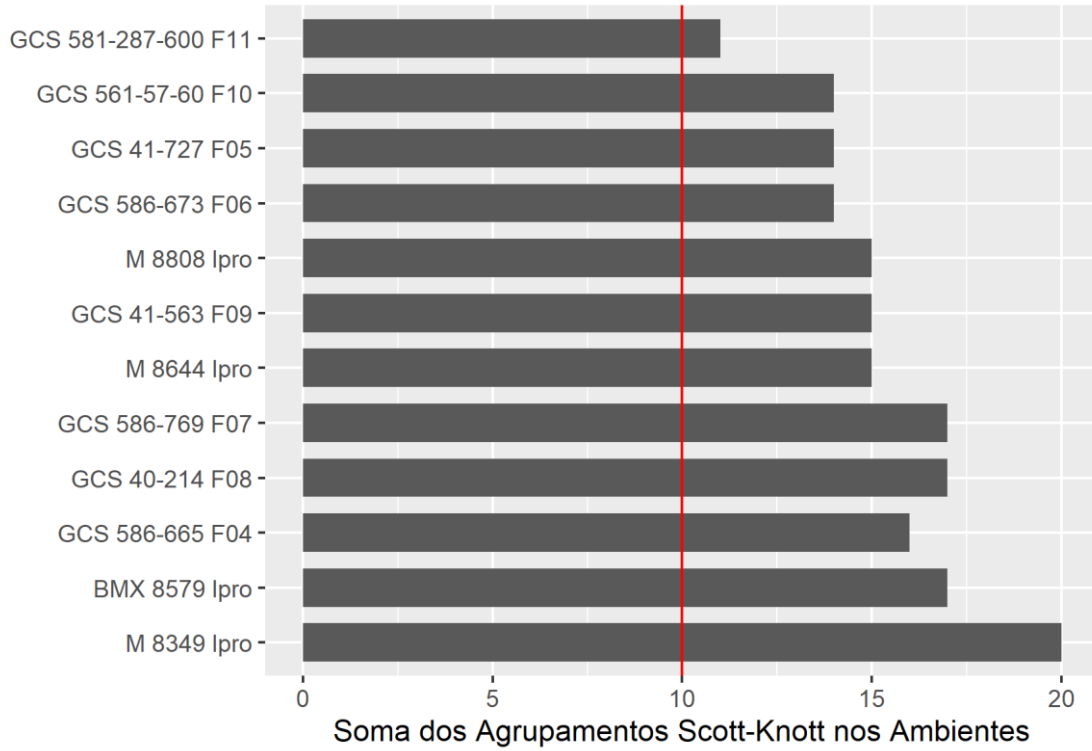


Fonte: Do autor (2020).

Considerando a análise de adaptabilidade e estabilidade para característica REND, o genótipo GCS 581-287-600 F11 se destacou, pois apresentou elevada média e estabilidade (FIGURA 19). Vale destacar ainda que o genótipo GCS 581-287-600 F11 ficou situado no grupo de Scott-Knott dos mais produtivos em nove dos dez ambientes (FIGURA 20). Outros genótipos apresentaram comportamento próximo em relação à adaptabilidade, porém alguns associaram baixa estabilidade (FIGURA 19). A cultivar M 8349 IPRO foi a que obteve menor altura de plantas e também apresentou pior desempenho produtivo, porém com boa estabilidade (FIGURA 19).



Figura 20 – Representação gráfica da soma dos agrupamentos de Scott-Knott, nos ambientes dos doze genótipos comuns, avaliados nas safras 2017-18 e 2018-19. A linha vertical vermelha representa o genótipo ideal alocado no grupo dos mais produtivos em todos os dez ambientes.



Fonte: Do autor (2020).

## 5 CONCLUSÕES

A interação genótipos por ambiente foi expressiva, para o caráter rendimento de grãos em soja, sendo relativamente mais pronunciada que a observada para a altura de planta na maturação e peso de cem grãos.

O padrão do inter-relacionamento dos ambientes, quanto à representatividade, capacidade de discriminação e formação de mega-ambientes, foi consistente no que se refere aos ensaios multiambientes, nas safras para os caracteres altura de planta, na maturação e peso de cem grãos, contudo não foi consistente para o caráter rendimento de grãos.

A linhagem GCS 581-287-600 F11 é uma linhagem promissora por apresentar elevada média e estabilidade produtiva para ser registrada como cultivar para o estado do Piauí.

## REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.
- ALMEIDA, L. A. *et al.* **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o nordeste brasileiro**: melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. Londrina: Ed. Embrapa, 1999.
- ALWALA, S. *et al.* A comprehensive comparison between Eberhart and Russell joint regression and GGE biplot analyses to identify stable and high yielding maize hybrids. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 119, p. 225-230, 2010.
- AMARAL, L. O. *et al.* Pure line selection in a heterogeneous soybean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 19, p. 277-284, 2019.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS DE ÓLEOS VEGETAIS. **Estatísticas mensais do complexo da soja safra 2019/20**. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em: 28 set. 2020.
- BOLFE, E. L.; SANO, E. E.; CAMPOS, S. K. (ed.). **Dinâmica agrícola no cerrado**: análises e projeções. Brasília, DF: Ed. Embrapa, 2020. v. 1.
- BORNHOFEN, E. *et al.* Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade em trigo. **Bragantia**, Campinas, v. 76, n. 1, p. 1-10, 2017.
- BOSSOLANI, J. W. *et al.* Características agronômicas e produtividade de genótipos de soja no cerrado em Selvíria, Mato Grosso do Sul. **Tecnologia & Ciência Agropecuária**, João Pessoa, v. 9, n. 4, p. 85-87, set. 2015.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de soja (*Glycine max*) para inscrição no Registro Nacional de Cultivares – RNC**. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em: 23 set. 2020.
- CARVALHO, L. C. B. *et al.* Evolution of methodology for the study of adaptability and stability in cultivated species. **African Journal of Agricultural Research**, Nairobi, v. 11, n. 12, p. 990-1000, Mar. 2016.
- CASTRO, A. A. Características da vegetação do meio-norte. *In*: SIMPÓSIO SOBRE CERRADOS DO MEIO-NORTE, 1997, Teresina. **Anais [...]**. Teresina: Ed. Embrapa Meio-Norte, 1997. p. 45-56.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Boletim de safra de grãos: 11º levantamento safra 2019/20**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 25 set. 2020.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2012. v. 1, 514 p.

DUMBLE, S. **GGEbiplots**: GGE Biplots with “ggplot2”. R package version 0.1.1. 2017. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=GGEbiplots>. Acesso em: 10 fev. 2020.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Anteprojeto de implantação do centro nacional de pesquisa de soja**. Brasília, DF: Ed. Embrapa, 1974. 113 p.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja**: região central do Brasil. Londrina: Ed. Embrapa Soja, 2005. 239 p.

FERREIRA, E. B.; CAVALCANTI, P. P.; NOGUEIRA, D. A. **ExpDes Experimental Designs**. R Package Version 1.2.0. 2018. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=ExpDes>. Acesso em: 10 jan. 2020.

FROTA, A. B.; CAMPELO, G. J. A. Evolução e perspectivas da produção de soja na região meio-norte do Brasil. *In*: QUEIROZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. (ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o nordeste**. Petrolina: Ed. Embrapa Semi-Árido, 1999. p. 49-60.

GARCIA, C. H. **Tabelas para classificação do coeficiente de variação**. Piracicaba: Ed. IPEF, 1989. 12 p. (Circular técnica, 171).

GAUCH, H. G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 4, p. 1488-1500, Sept./Oct. 2006.

GESTEIRA, G. de S. *et al.* Selection of early soybean inbred lines using multiple indices. **Crop Science**, Madison, v. 58, p. 2494, 2018.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Levantamento sistemático da produção agrícola safra 2019/20**. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em: 30 set. 2020.

MENDES, M. H. S.; RAMALHO, M. A. P. Repeatability of some phenotypic stability parameters: a resampling approach. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 18, n. 2, p. 139-147, 2018.

MILIOLI, A. S. *et al.* Yield stability and relationships among stability parameters in soybean genotypes across years. **Chilean Journal of Agricultural Research**, Santiago de Chile, v. 78, n. 2, p. 299-309, 2018.

MÜLLER, L. Fisiologia. *In*: MIYASAKA, S.; MEDINA, J. L. (ed.). **A soja no Brasil**. Campinas: Instituto Agrônomo, 1981. p. 109-129.

MUNDSTOCK, C. M.; THOMAS, A. L. **Soja**: fatores que afetam o crescimento e o rendimento de grãos. Porto Alegre: Ed. UFRGS, 2005. 31 p.

OLIVEIRA, M. F.; ARIAS, C. A. A. Centro de diversidade e recursos genéticos. *In*: SILVA, F. *et al.* (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2017. p. 44-61.

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

PIMENTEL-GOMES, F. **O índice de variação, um substituto vantajoso do coeficiente de variação**. Piracicaba: Ed. IPEF, 1991. 4 p. (Circular técnica, 178).

POLIZEL, A. C. *et al.* 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**, Barking, v. 39, n. 3, p. 309-317, 2006.

R CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2019. Disponível em: <https://www.R-project.org>. Acesso em: 10 jan. 2020.

RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. UFLA, 2012. v. 1, 365 p.

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, DF, v. 35, n. 10, p. 1991-1997, out. 2000.

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

ROCHA, R. S. *et al.* Desempenho agrônomo de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. **Ciência Agrônoma**, Fortaleza, v. 43, n. 1, p. 154-162, jan./mar. 2012.

RUSSELL, L. **Emmeans**: estimated marginal means, aka least-squares means. R Package Version 1.4.4. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=emmeans>. Acesso em: 10 jan. 2020.

SAMMOUR, R. H. Morphological, cytological and biochemical characterization of soybean germplasm. **Research & Reviews in Biosciences**, Hampshire, v. 8, n. 7, p. 277-284, 2014.

SCHWERZ, F. Z. *et al.* Soybean morphological and productive characteristics influenced by meteorological parameters and sowing dates. **Científica**, Jaboticabal, v. 44, n. 2, p. 121-130, 2016.

SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, Washington, DC, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SEDIYAMA, T. *et al.* **Cultura da soja**: parte I. Viçosa, MG: Ed. UFV, 1985. 96 p.

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



SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; BARROS, H. B. Origem, evolução e importância econômica. *In*: SEDIYAMA, T. (ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 2009. p. 1-5.

SILVA, F. C. S. *et al.* Importância econômica e evolução do melhoramento. *In*: SILVA, F. *et al.* (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2017. p. 9-29.

SOARES, I. O. *et al.* Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 8995-9003, 2015.

SOARES, I. O. *et al.* Stability and adaptability of soybean cultivars in Minas Gerais. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, Aug. 2017. Disponível em: <https://www.geneticsmr.org/articles/stability-and-adaptability-of-soybean-cultivars-in-minas-gerais-7380.html>. Acesso em: 10 mar. 2020.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Soybeans**: world supply and distribution. Washington, DC: Foreign Agricultural Service/USDA, 2020. Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/downloads>. Acesso em: 23 ago. 2020.

WICKHAM, H. **Ggplot2**: elegant graphics for data analysis. New York: Springer-Verlag, 2016.

YAN, W. GGE biplot: a windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, Madison, v. 93, n. 5, p. 1111-1118, Sept./Oct. 2001.

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

YAN, W.; KANG, M. **GGE biplot analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Boca Raton: CRC, 2003. 286 p.

YAN, W.; KANG, M. Singular-value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data. **Agronomy Journal**, Madison, v. 94, p. 990-996, 2002.

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

## **ANEXO A - PRODUTO TÉCNICO**

### **INTRODUÇÃO**

O cultivo da soja cresceu muito, nos últimos anos, no cerrado piauiense, principalmente por ser uma das últimas fronteiras agrícolas do Brasil. Porém essa região costuma apresentar veranicos, o que torna fundamental para o produtor semear cultivares que apresentem rusticidade. Para identificar genótipos com ampla adaptabilidade e estabilidade, é necessário realizar ensaios em diversos ambientes. A Latitude Genética LTDA desenvolve um programa de melhoramento de soja para obter novas cultivares de soja adaptadas ao cerrado do Piauí. Para tal, é necessária uma equipe de melhoramento bem treinada. Com a finalidade de treinar a equipe e apresentar alguns resultados do trabalho de Conclusão de Curso, este seminário foi realizado.

### **DESENVOLVIMENTO**

O seminário foi realizado com toda a equipe da pesquisa da Latitude Genética, um total de nove pessoas, dentre elas, Agrônomo, Técnico de Pesquisa e Auxiliares de Pesquisa.

Os temas tratados foram abordados de uma forma bem simples para facilitar o entendimento de toda equipe. Segue o resumo dos principais.

Importância da cultura da soja no Brasil- O Brasil é o maior exportador de soja do mundo e, na última safra (2020-21), tornou-se o maior produtor da leguminosa;

Resumo do avanço da cultura no país- Relato do avanço da cultura, a evolução da produtividade da cultura, ao longo das décadas de cultivo, frisando a importância do melhoramento de plantas neste crescimento. Os produtores, a cada safra, buscam aumentar a produtividade e, a cada ano, enfrentam novos desafios, dentre eles, pragas, doenças, estresses causados por veranicos; dificuldades em logística no estado Piauí, desafios na compra de insumos e na comercialização da produção.

Foi tratado sobre etapas do processo de melhoramento de soja (Hibridação, avanço de geração, e demais ensaios), tempo gasto para lançamento de uma cultivar.

O elevado custo dos ensaios finais de avaliação de linhagens e a realidade de um programa de melhoramento. Importância dos ensaios de VCU (Valor de Cultivo e Uso), para o lançamento de uma cultivar.

Como a equipe participou da implantação, condução, avaliação, colheita e tabulação dos dados utilizados no TCC do Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de

Plantas, o seminário seguiu para a apresentação de uma parte da análise dos dados do trabalho. Apresentação de tabelas e figuras de forma bem sucinta. Ao final da apresentação dos resultados, foi aberto para perguntas.

Figura 1 - fotos do seminário realizado.





## **CONSIDERAÇÕES FINAIS**

Seminários e troca de informações, como essas que foi realizada, são importantes de forma a aumentar a motivação da equipe. O Feedback recebido foi muito positivo para o programa.