



**GABRIEL DE SIQUEIRA GESTEIRA**

**SELEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA PRECOCE PARA  
PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DE GRÃOS**

**LAVRAS – MG  
2017**

**GABRIEL DE SIQUEIRA GESTEIRA**

**SELEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA PRECOCE PARA PRODUTIVIDADE E  
QUALIDADE DE GRÃOS**

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

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi  
Orientador

**LAVRAS – MG  
2017**

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

Gesteira, Gabriel de Siqueira.

Seleção de linhagens de soja precoce para produtividade e  
qualidade de grãos / Gabriel de Siqueira Gesteira. - 2017.  
58 p.

Orientador(a): Adriano Teodoro Bruzi.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de  
Lavras, 2017.

Bibliografia.

1. Glycine max. 2. Índice de seleção. 3. Interação genótipos por  
ambientes. I. Bruzi, Adriano Teodoro. . II. Título.

**GABRIEL DE SIQUEIRA GESTEIRA**

**SELEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA PRECOCE PARA PRODUTIVIDADE E  
QUALIDADE DE GRÃOS  
SELECTION OF EARLY SOYBEAN LINES FOR YIELD AND GRAIN QUALITY**

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

APROVADA em 24 de janeiro de 2017.  
Dr. Adriano Teodoro Bruzi (UFLA)  
Dr. Carlos Eduardo Pulcinelli (Souza Cruz)  
Dr. Roberto Kazuhiko Zito (Embrapa)

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi  
Orientador

**LAVRAS – MG  
2017**

*Aos meus pais Clóvis e Ana Flora, à minha irmã Ana Luiza e ao meu filho Henrique pela motivação, amor, carinho e confiança, que mesmo de longe sempre me ajudaram, apoiaram e incentivaram para que conseguisse chegar até aqui.*

Com todo amor, respeito, admiração e gratidão,

DEDICO.

## AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela oportunidade dada para o estudo, aperfeiçoamento profissional e realização deste trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa concedida.

Ao Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi pela amizade, orientação, dedicação e ensinamentos que foram essenciais para meu crescimento profissional.

Aos colegas do Programa, do GEN e do Grupo Pesquisa Soja pela convivência, amizade, companheirismo e diversos ensinamentos.

À minha avó Celina, tios e primos que apesar da distância sempre torceram e me incentivaram.

Aos meus pais Ana Flora e Clóvis e à minha irmã Ana Luiza, meus maiores exemplos, pelo amor incondicional, carinho, confiança, apoio e incentivo, fundamentais para que eu conseguisse alcançar mais esta etapa.

Ao meu filho Henrique pelo amor, companheirismo, compreensão e incentivo, e por ser minha maior fonte de inspiração e motivação.

Aos moradores e ex-moradores da república Bendito Grau por serem minha segunda família em Lavras, pela sincera amizade, parceria, companheirismo e apoio.

## RESUMO

A avaliação do desempenho das linhagens nas etapas finais de um programa de melhoramento é realizada por meio de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), e consiste em uma etapa importante pois permite selecionar genótipos que associem bons atributos agrônômicos, além de fornecer subsídios para a recomendação de cultivares através do estudo da interação genótipos por ambientes. Nesse contexto, o emprego de índices de seleção múltipla consiste em uma boa alternativa para considerar vários caracteres simultaneamente ao longo das avaliações, permitindo a identificação de genótipos superiores e que associem caracteres de interesse. O estudo da associação entre caracteres também possibilita um melhor entendimento das relações existentes entre os mesmos, e assim ampliar o sucesso com a seleção. Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo identificar linhagens em fase de final de avaliação que associem precocidade, bom desempenho produtivo e elevados teores de óleo e proteína nos grãos, além de estimar a correlação entre estes caracteres e estudar o efeito da interação genótipos por ambientes, utilizando para isso um índice de seleção múltipla padronizado. Os ensaios foram conduzidos nos anos agrícolas 2014/15 e 2015/16 no estado de Minas Gerais, utilizando delineamento em blocos completos casualizados com 39 linhagens em 13 ambientes de avaliação, considerando a combinação locais e anos agrícolas. Foram avaliados os caracteres produtividade de grãos, maturação absoluta, e os teores de óleo e proteína nos grãos. Também foram estimadas as correlações entre estes caracteres. Foi realizada análise das linhagens considerando dois índices de seleção múltipla, e o estudo da interação genótipos por ambientes foi realizado pelo método GGE Biplot, utilizando o índice de seleção múltipla padronizado (ISMP). Os resultados obtidos permitiram inferir que existe associação positiva e de alta magnitude entre a produtividade de grãos e a maturação absoluta, e também associação negativa e de alta magnitude entre os caracteres produtividade e teor de proteína, maturação absoluta e teor de proteína e entre os teores de óleo e proteína nos grãos. O índice de seleção múltipla padronizado foi eficiente no estudo da interação genótipos por ambientes utilizando o método GGE Biplot. As cultivares comerciais 4 e 5 se destacaram das demais por associarem bons atributos como precocidade, boa produtividade e qualidade de grãos.

**Palavras-chave:** Correlação. Glycine max. Índice de seleção. Interação genótipos por ambientes. GGE Biplot.

## ABSTRACT

The evaluation of soybean lines performance in the final stages of an plant breeding program is carried out by Cultivation and Use Value (CUV) tests, and it is an important step since it allows to select genotypes that associate good agronomic attributes, besides providing subsidies for recommendation of cultivars through the study of genotypes by environments interaction. In this context, the use of multiple selection indexes consists in a good alternative to consider several characters simultaneously throughout the evaluations, allowing the identification of superior genotypes and associating characters of interest. The study of the association between characters also allows a better understanding of the relationships between them, and thus increase success with selection. Thus, the present work aimed to identify soybean lines that associate precocity, good yield performance and high oil and protein contents in the grains, as well as to estimate the correlation between these traits and to study the effect of genotypes by environments interaction, using a standardized multiple selection index. The trials were conducted in the agricultural years 2014/15 and 2015/16 on Minas Gerais state, using a randomized complete block design with 39 lines in 13 evaluation environments, considering the combination of local and agricultural years. The characteristics of grain yield, absolute maturation, and oil and protein contents in the grains were evaluated. Correlations between these characters were also estimated. The soybean lines were analysed considering two multiple selection indices, and the study of genotypes by environments interaction was performed using the GGE Biplot method, using the standardized multiple selection index (SMSI). The results obtained allowed to infer that there is a positive and high magnitude association between grain yield and absolute maturation, as well as negative and high magnitude association between productivity and protein content, absolute maturation and protein content and between the contents of oil and protein in grains. The standardized multiple selection index was efficient in the study of the genotypes by environments interaction using the GGE Biplot method. The commercial cultivars 4 and 5 stood out from the others because they associated good attributes such as precocity, good productivity and grain quality.

**Keywords:** Correlation. Glycine max. Selection index. Genotype by environment interaction. GGE Biplot.

## SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	10
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	12
2.1 A cultura da soja no Brasil e no mundo.....	12
2.2 Métodos de melhoramento aplicados à cultura da soja.....	13
2.3 Óleo e proteína no grão.....	15
2.4 Interação genótipos x ambientes.....	17
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	20
3.1 Instalação e condução dos experimentos.....	20
3.2 Estimção dos parâmetros fenotípicos e índices de seleção.....	23
3.3 Estudo da interação genótipos por ambientes.....	25
4 RESULTADOS.....	27
5 DISCUSSÃO.....	38
6 CONCLUSÃO.....	42
REFERÊNCIAS.....	43
APÊNDICE.....	51

## 1 INTRODUÇÃO

A soja é uma das culturas mais importantes no mercado internacional, sendo a quarta mais produzida e consumida no mundo. O grão da soja possui teores médios de óleo e proteína que variam em torno de 20% e 40%, respectivamente, o que a torna uma excelente matéria prima para a confecção de rações, extração de óleos, produção de biodiesel, além de apresentar substâncias com propriedades cosméticas, nutracêuticas e farmacêuticas (EMBRAPA, 2013).

O Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja, sendo também um dos maiores exportadores de seus produtos e subprodutos (CONAB, 2016). O país destaca-se no mercado internacional por apresentar grande aptidão para a produção agrícola devido a união de diversas características favoráveis, como grande extensão territorial inserida em uma vasta diversidade de climas, boa disponibilidade de recursos hídricos, dentre outras. Além disso, o país destaca-se também por possibilitar em algumas regiões a realização de dois cultivos em sucessão no período chuvoso (verão), o que proporciona maior exploração de uma mesma área, maior produção e conseqüentemente, maiores retornos econômicos.

Após o início da exploração da segunda safra no Brasil, boa parte dos programas de melhoramento de soja se voltaram ao desenvolvimento de cultivares mais precoces, visando antecipar a colheita e viabilizar o plantio da cultura em sucessão. No entanto, esta redução no ciclo de cultivo pode influenciar a expressão de outros caracteres, sobretudo, os de maior interesse econômico como a produtividade, porte e arquitetura das plantas, resistência a fatores bióticos e abióticos, e também as quantidades de óleo e proteína nos grãos. Sabe-se que há uma correlação positiva e de grande magnitude entre a produção de grãos e a maturação absoluta na cultura da soja, o que significa que, de uma maneira geral, a redução no ciclo de cultivo implicaria em uma redução na produtividade média das cultivares.

A estimação de parâmetros fenotípicos, genéticos e ambientais permite identificar e estudar os caracteres de interesse aos programas de melhoramento. Também é possível estimar a correlação entre os mesmos, visando verificar se a variação observada em determinado caráter pode influenciar a variação observada em outro caráter (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Diversos estudos foram realizados com o objetivo de estimar estes parâmetros para vários caracteres na cultura da soja, bem como suas correlações (CARVALHO et al., 2002; LOPES et al., 2002; CARPENTIERI-PÍPOLO; GASTALDI, PÍPOLO, 2005; PELUZIO et al., 2005; ALMEIDA; PELUZIO; AFFERI, 2010; NOGUEIRA

et al., 2012; RIGON et al., 2012; GESTEIRA et al., 2015).

Apesar de grande parte destes trabalhos abordarem caracteres quantitativos, não foram encontrados na literatura estudos envolvendo a correlação entre os teores de óleo e proteína com a maturação absoluta na cultura da soja. O estudo da correlação entre estes caracteres é de extrema importância, pois permite identificar se a alteração na maturação absoluta das cultivares comerciais pode afetar os teores de óleo e proteína presentes nos grãos.

Em experimentos de Valor de Cultivo e Uso (VCU), normalmente são avaliados vários caracteres. Uma alternativa para se contemplar mais de uma característica na seleção é a adoção de um índice. Esta estratégia tem sido aplicada na cultura da soja em algumas oportunidades (SOARES et al., 2015; SILVA, 2016). Contudo, deve-se destacar que não há relatos do emprego desta ferramenta na seleção de cultivares de soja para maturação absoluta, produtividade e qualidade de grãos.

A interação genótipos por ambientes é frequentemente reportada para diferentes caracteres na cultura da soja (CARVALHO et al., 2002; LIMA et al., 2008; VASCONCELOS et al., 2010; MARQUES et al., 2011; BARROS et al., 2012; BUENO et al., 2013; SILVA et al., 2015; SOARES et al., 2015). Quando verifica-se a existência da interação, uma estratégia que pode ser adotada é a análise de adaptabilidade e estabilidade por meio do método GGE Biplot. Vários estudos relatam o emprego deste método, sobretudo para o caráter produtividade de grãos. Entretanto, não se dispõe de resultados do estudo de adaptabilidade e estabilidade quando se considera múltiplos caracteres.

Diante do exposto, realizou-se o presente estudo com o objetivo de: identificar linhagens de soja que associem ciclo precoce, boa produtividade e qualidade de grãos; obter informações a respeito da associação entre os caracteres produtividade de grãos, maturação absoluta e os teores de óleo e proteína nos grãos; estudar a implicação da interação genótipos por ambientes (anos agrícolas e locais) na escolha das cultivares, utilizando índice de seleção.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 A cultura da soja no Brasil e no mundo

Inserida no cenário mundial de *commodities* agrícolas, a soja destaca-se como a quarta cultura mais produzida no mundo, possuindo grande importância econômica e apresentando seus produtos e subprodutos inseridos em diversos setores das cadeias produtivas. A planta de soja, como um todo, pode ser utilizada para produção de silagem ou também empregada em sistemas de cultivo como adubo verde. O grão da soja possui em torno de 40% de proteína e 20% de óleo, constituindo-se na alternativa mais barata como fonte proteica para a alimentação animal. Além disso, também pode ser utilizada para alimentação humana, extração do óleo para produção de biodiesel, extração de substâncias nutracêuticas, farmacêuticas e cosméticas, produção de sabões, produção de proteínas recombinantes, entre diversas outras finalidades (EMBRAPA, 2013; SERRACCHIANI, 2013; SILVA, 2013).

O volume total de soja produzido no mundo no ano agrícola 2015/16 foi de 312,67 milhões de toneladas, destacando a importância da cultura no cenário agropecuário internacional. Os Estados Unidos é o maior produtor mundial, responsável por 106,93 milhões de toneladas de grãos e o Brasil é segundo, responsável por 96,50 milhões de toneladas de grãos. Estes dois países são responsáveis por mais de 50% da produção mundial de soja, seguidos pela Argentina e China, com 56,5 e 11,6 milhões de toneladas, respectivamente (CONAB, 2016; USDA, 2016).

A cultura da soja chegou ao Brasil no ano de 1882, introduzida experimentalmente na Bahia, acompanhada de outras culturas trazidas da América do Norte e da Europa. Por se tratar de uma planta naturalmente sensível ao fotoperíodo, seu desempenho não foi satisfatório na região Nordeste e sua produção foi desestimulada. Posteriormente, no ano de 1935, a soja começou a ter maior expressão econômica no Rio Grande do Sul, que possuía condições edafoclimáticas semelhantes às do Sul dos Estados Unidos, o que proporcionou boa resposta das cultivares. A partir de então, a cultura ganhou notoriedade e despertou o interesse de produtores e demais setores envolvidos na cadeia produtiva da cultura, alavancando a expansão da área plantada e, conseqüentemente, elevando o volume produzido (EMBRAPA, 2011).

No ano agrícola 2015/16, a soja foi cultivada em 33.251,9 mil ha, apresentando produtividade média de 2870,0 kg.ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2016), o que demonstra a grande aptidão do país na produção da cultura. O sucesso da soja no Brasil foi condicionado pelo melhoramento

genético, que possibilitou que a cultura tivesse sua área de cultivo expandida. No início da década de 1960, a soja se inseriu na região do Cerrado e vem se expandindo. Entre as décadas de 1970 e 1980, a soja passou de 2% para 20% do volume produzido oriundo de plantações do Cerrado. Em 1990, o volume já ultrapassava os 40%, sendo observado crescimento incessante desde então (ARANTES et al., 2005; DALL'AGNOL & HIRAKURI, 2008).

De acordo com Brum et al. (2005), a soja foi responsável por formar o conceito de agronegócio no país, não somente pelo seu valor econômico, mas principalmente pela formação e consolidação de todos os órgãos necessários em sua cadeia produtiva.

A expansão da soja nas regiões de baixas latitudes, que antes eram consideradas inaptas para seu cultivo, foi impulsionada pelo desenvolvimento das cultivares com características favoráveis aos ambientes tropicais, destacando-se a insensibilização ao fotoperíodo pelas cultivares com período juvenil longo (ALMEIDA et al., 1999). Isso possibilitou a expansão das fronteiras agrícolas do Cerrado, na década de 1970, e mais recentemente a incorporação de novas regiões produtivas, como o MATOPIBA (Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia) (FREITAS, 2011).

A obtenção de cultivares de período juvenil longo e a adaptação de cultivares precoces só se tornaram possíveis graças aos programas de melhoramento genético promovidos por empresas dos setores público e privado, que ganharam impulso na década de 1970 com o desbravamento do Cerrado brasileiro e, mais recentemente, com a Lei de Proteção de Cultivares (ARANTES et al., 2005; ALMEIDA et al., 1999).

Vale mencionar que a regulamentação da Lei de Proteção de Cultivares (Lei nº 9456/97) foi uma das grandes responsáveis pelo estímulo do melhoramento genético da cultura da soja no país, tendo em vista que regulamentou a produção, comércio e uso das sementes das cultivares registradas, estimulando a compra de novas sementes a cada ano agrícola por parte dos agricultores e o pagamento de royalties pelas tecnologias utilizadas, despertando o interesse das empresas do setor privado.

## **2.2 Métodos de melhoramento aplicados à cultura da soja**

A soja foi domesticada a cerca de 5 mil anos na China, seu local de origem e maior variabilidade natural. No início do século XVII, algumas sementes de soja foram levadas à Europa e aos Estados Unidos, onde era explorada como forrageira. O desenvolvimento das primeiras cultivares melhoradas proporcionou, no início do século XX, que a soja deixasse de ser vista apenas como forrageira e começasse a ser explorada como grão oleaginoso

(SCABOO et al., 2010).

Por ser uma planta de dias curtos, a soja apresenta alta sensibilidade a variações de fotoperíodo e, conseqüentemente, alterações de latitude e épocas de semeadura. Essa característica fez com que seu cultivo ficasse restrito somente em regiões de climas temperados, situadas em latitudes superiores a 30°C. Entretanto, por meio do melhoramento, foi possível selecionar plantas com menor sensibilidade ao fotoperíodo e conseqüentemente a obtenção de cultivares adaptadas à regiões de menores latitudes (HARTWIG & KIIHL, 1979).

O melhoramento da cultura da soja é um processo contínuo e cíclico que possui como objetivo vencer as limitações bióticas e abióticas impostas ao desenvolvimento da cultura (COSTA, 2008). As estratégias utilizadas envolvem basicamente ampliar a variabilidade genética por meio das hibridações e conduzir as populações segregantes, visando selecionar e avaliar os genótipos que reúnam as características desejadas (ALMEIDA et al., 1999; RAMALHO et al., 2012).

A maior parte da variabilidade genética existente para a cultura da soja é conservada e protegida em bancos de germoplasma. Os Estados Unidos possuem um acervo de aproximadamente 30 mil acessos de soja, fato que demonstra a grande variabilidade existente para a espécie (USDA, 2016). No Brasil, o banco de germoplasma de soja situa-se na Embrapa Soja (Londrina – PR), com armazenamento também na unidade central CENARGEN (Brasília – DF).

Apesar da grande variabilidade genética existente para a cultura, a base genética da grande maioria das cultivares existentes no mercado é considerada estreita, tendo em vista o uso preferencial de cultivares já melhoradas em cruzamentos dentro dos programas de melhoramento genético (ALMEIDA et al., 1999).

Historicamente existem três métodos utilizados na obtenção de novas cultivares, que são a introdução, seleção e hibridação. Grande parte das primeiras cultivares da região Sul do país foram obtidas por introdução de cultivares de outros países. A seleção consiste em identificar e obter sementes de plantas superiores à partir de uma população heterogênea, as quais darão origem à nova população selecionada, com atributos agrônômicos e médias superiores às da população original (CRUZ, REGAZZI & CARNEIRO, 2012). Já a hibridação é a técnica que permite a recombinação de características presentes em duas ou mais plantas diferentes, tornando possível a união de atributos e características desejáveis em uma mesma planta, ampliando a variabilidade genética existente.

O melhoramento da cultura da soja por hibridação consiste basicamente em quatro etapas: seleção dos genitores, realização da hibridação, condução das populações segregantes,

e processos de seleção e avaliação das linhagens (ALMEIDA & KIIHL, 1998; MUNIZ, 2007). As populações segregantes são obtidas a partir de hibridações artificiais, sendo conduzidas durante algumas gerações de endogamia para obtenção de maior grau de homozigose.

A hibridação consiste na fusão de gametas geneticamente diferentes, resultando em indivíduos heterozigóticos para um ou mais locos. Esta técnica permite a obtenção de linhagens que reúnam melhores características e maior concentração de alelos favoráveis (BESPALHOK, GUERRA & OLIVEIRA, 2007; RAMALHO et al., 2012).

A união de dois ou mais métodos também é possível e pode ocorrer de acordo com os objetivos do programa. Para todos os casos, em gerações mais avançadas (entre F5 e F6), são selecionadas plantas que originarão as progênes, as quais serão avaliadas e selecionadas (ALMEIDA et al., 1999).

Ao final do processo, as progênes que obtiverem melhor desempenho agrônômico e apresentarem mais atributos favoráveis são selecionadas dando origem as linhagens, as quais serão avaliadas em um grande número de locais e durante vários anos agrícolas, com o objetivo de possibilitar a identificação de genótipos superiores, associados a boa adaptabilidade e estabilidade (ALMEIDA et al., 1999)

### **2.3 Óleo e proteína no grão**

A composição do grão de soja pode variar de acordo com fatores como o tipo de cultivar empregado, local de cultivo, condições ambientais e época de plantio. De uma maneira geral, o grão é constituído basicamente por 8% de casca, 90% de cotilédones e 2% de hipocótilo. A composição química do grão é formada, em média, por 40% de proteínas, 20% de lipídios (óleo), 5% de minerais e 34% de carboidratos (POYSA; WOODROW; YU, 2006; EMBRAPA, 2015).

Os altos teores de óleo e proteína encontrados nos grãos da soja, juntamente com a alta produtividade, podem ser listados como as principais características que tornaram a soja uma commodity agrícola de grande sucesso, sendo uma das culturas de maior importância no mercado internacional.

A fração de óleo do grão constitui-se em uma boa fonte de energia e ácidos graxos essenciais. Do total de lipídios, 86% correspondem aos ácidos graxos insaturados. Dentre os ácidos graxos presentes nos grãos, o palmítico pode variar em média de 8 – 17%; o esteárico de 3 – 30%; o oléico de 25 – 60%; o linoléico de 25 – 60%; e o linolênico de 2 – 15% (HAMMOND; GLATZ, 1989; PENALVO et al., 2004). Na fração proteica, a soja é

considerada uma boa fonte de aminoácidos essenciais, como lisina e leucina (PIRES et al., 2006). As proteínas na soja podem ser classificadas em dois tipos: metabólica, as quais possuem atividade celular; e de reserva, as que possuem função de armazenamento de nitrogênio e carbono (LIU, 1999).

A obtenção de novos genótipos de soja com maior teor de óleo nos grãos é possível por meio de cruzamentos e seleção (ROCHA et al., 2006). Entretanto, a correlação entre os teores de óleo e proteína é negativa e de alta magnitude, o que implica no desenvolvimento de cultivares especializadas para alto teor de óleo ou de proteína separadamente (TAJUDDIN, 2003; MORAES et al., 2006; RODRIGUES et al., 2010).

A estimação dos componentes da variação genética para caracteres com importância econômica, como o teor de óleo e proteína na soja, teve início nos Estados Unidos com o estudo promovido por Horner & Weber (1956). A partir de estudos em populações segregantes, verificou-se que a maior parte da variância genética para estes caracteres é aditiva, o que foi posteriormente confirmado por Farias Neto (1995). Isso indica a possibilidade de obtenção de segregantes transgressivos para os teores de óleo e proteína na cultura da soja.

Cruzando linhagens que apresentam baixo teor de óleo (14,5%) com linhagens de alto teor (19 a 20,6%), Brim et al. (1968) verificaram que as sementes  $F_1$  não apresentaram diferenças significativas quando comparadas com as sementes obtidas por autofecundação da planta mãe, comprovando que o teor de óleo em soja também apresenta efeito materno. Assim, a quantidade de óleo presente na semente é fruto da expressão do genótipo da planta mãe.

Por serem características quantitativas e com a maioria dos locos com efeitos aditivos, um método de melhoramento bastante utilizado para o incremento destas características é a seleção recorrente. Seu princípio baseia-se no aumento gradativo das médias por meio dos ciclos de seleção. Diversos programas de seleção recorrente (BURTON & BRIM, 1981; MIRANDA, 1994) já obtiveram sucesso no incremento no teor de óleo do grão.

A herdabilidade no sentido restrito para o teor de óleo, que pode variar de 1 a 86% com valores médios entre 43 e 76,6% representa valores médios a altos para caracteres quantitativos, o que confirma a grande contribuição de locos com efeitos aditivos e torna a obtenção de ganhos com a seleção mais favoráveis (PHUL & SHARMA, 1993). Rodrigues et al. (2010) encontraram valores de herdabilidade de 71,61% e 62,36% para os teores de óleo e proteína, respectivamente, confirmando a grande contribuição de locos com efeitos aditivos para ambos os caracteres.

Nas cultivares já melhoradas, pelo fato de possuírem uma base genética estreita,

manter a variabilidade genética nas populações é de suma importância, o que permite a obtenção de ganhos genéticos sem exaurir a variabilidade genética existente na população. Entretanto, segundo Amorim (2011), os acessos presentes em bancos de germoplasma apresentam grande variabilidade existente para o teor de óleo, que pode variar de 6 e 27%.

A ocorrência de correlação genética positiva entre o teor de óleo e os caracteres produtividade de grãos, altura de plantas e maturação absoluta na cultura da soja foi observada por Zimback (1992). De acordo com Amorim (2011), a seleção praticada para o aumento da produtividade de grãos também elevou o teor de óleo nos grãos das cultivares atuais, devido à correlação genética positiva ( $r=0,1$ ) observada entre estes caracteres. Em ensaios conduzidos no estado de Minas Gerais, Silva et al. (2015) também observaram associação entre o teor de óleo e a produção de grãos, confirmando os relatos presentes na literatura.

## **2.4 Interação genótipos x ambientes**

A expressão fenotípica de um indivíduo consiste na ação conjunta de três efeitos: o genotípico, caracterizado pela constituição genética do indivíduo; o ambiental, que consiste nas condições que interferem no crescimento e desenvolvimento do indivíduo; e a interação genótipo por ambiente, que resulta no comportamento diferenciado de genótipos submetidos a ambientes distintos (RAMALHO et al., 2012). Este último efeito, em outras palavras, pode ser caracterizado como sendo toda a variação da expressão fenotípica observada que não é explicada pelos efeitos do genótipo e nem do ambiente (CRUZ, REGAZZI & CARNEIRO, 2012).

Devido à influência dos fatores ambientais na expressão fenotípica, é esperado que o comportamento das diferentes linhagens e/ou cultivares não seja coincidente nos ambientes avaliados (RAMALHO et al., 2012), havendo sempre o efeito da interação genótipos por ambientes (GxA).

A caracterização da interação GxA na cultura da soja é de grande relevância, tendo em vista o grande número de ambientes distintos nos quais a soja é cultivada. Além de determinar a correlação entre o genótipo e o fenótipo dos indivíduos, a interação GxA é fundamental para a recomendação de cultivares de acordo com os tipos de ambientes existentes (PRADO et al., 2001).

A condução de experimentos em vários locais e anos agrícolas é necessária pois permite avaliar a magnitude e o tipo de interação GxA existente, o que implica em alterações

no esquema básico de condução dos programas de melhoramento (SILVA & DUARTE, 2006). A magnitude da interação GxA pode impactar no processo de seleção, por alterar a herdabilidade e, conseqüentemente, o ganho de seleção. Já o tipo da interação pode alterar a estratégia de seleção e o padrão de recomendação das cultivares.

São possíveis três estratégias diante da presença de interação: identificar cultivares específicas para cada ambiente; promover a estratificação em regiões cujos efeitos da interação sejam minimizados; e identificar cultivares com maior adaptabilidade e estabilidade fenotípica (PELUZIO et al., 2008).

A interação GxA pode ser definida de acordo com três classificações básicas: i) sem interação, que consiste na variação constante entre os genótipos, quando comparados em ambientes diferentes; ii) interação do tipo simples, que ocorre com respostas diferentes dos genótipos quando comparados em ambientes diferentes, porém sem alterar a classificação dos mesmos; e iii) interação do tipo complexa, onde é possível observar grande variação entre os genótipos quando comparados em ambientes diferentes, ocorrendo alteração de classificação dos mesmos (ALLARD & BRADSHAW, 1964; CRUZ, REGAZZI & CARNEIRO, 2012).

Além de ser causadora de dificuldades nos programas de melhoramento, a interação do tipo complexa é também uma das responsáveis pela existência do zoneamento agrícola para recomendação de cultivares. Se a interação for inexistente ou do tipo simples, podem ser selecionados os mesmos genótipos para ambientes distintos. Já na interação do tipo complexa, os genótipos devem ser selecionados de acordo com seu desempenho em cada ambiente isoladamente, sendo necessário o estabelecimento de zonas agrícolas (MORAIS et al., 2010). Assim, o conhecimento da interação GxA permite melhorar a eficiência dos programas de melhoramento e indicação das cultivares.

Além da estimação da adaptabilidade, também torna-se necessário avaliar a estabilidade dos genótipos por meio da repetição dos ensaios em mais de um ano agrícola (ALMEIDA et al., 1999). O termo estabilidade é empregado para se referir à maior ou à menor habilidade de genótipos em se adaptarem às variações ambientais ao longo de anos agrícolas, dentro de um dado local (RAMALHO et al., 2012).

Diversos métodos podem ser utilizados na avaliação da estabilidade de cultivares (KANG & GAUCH, 1996; CRUZ, REGAZZI & CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012).

Na cultura da soja, alguns trabalhos foram realizados para estudar a adaptabilidade, estabilidade e interação genótipos por ambientes, evidenciando que o comportamento dos genótipos não foi coincidente nos diferentes ambientes avaliados (CARVALHO et al., 2002;

LIMA et al., 2008; VASCONCELOS et al., 2010; MARQUES et al., 2011; BARROS et al., 2012; SILVA et al., 2015; SOARES et al., 2015). Bueno et al. (2013) reforçam ainda a influência da interação no incremento do teor de óleo, proteína e no rendimento de grãos em soja.

O emprego de índices de seleção múltipla no estudo da interação genótipos por ambientes é muito importante, pois permite contemplar vários caracteres simultaneamente no estudo da adaptabilidade e estabilidade das linhagens. No entanto, esta técnica é pouco utilizado na cultura da soja. Apenas um estudo foi encontrado na literatura, envolvendo basicamente os caracteres produtividade e qualidade fisiológica de sementes (SILVA et al., 2015), o que demonstra a necessidade de maiores estudos envolvendo o emprego destes nas análises da interação genótipos por ambientes.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Instalação e condução dos experimentos

Foram utilizados dados fenotípicos de experimentos conduzidos nos anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16, em 10 cidades do estado de Minas Gerais (Água Comprida, Buritizeiro, Conceição das Alagoas, Iraí de Minas, Muzambinho, Pedrinópolis, Presidente Olegário, Sacramento, Uberaba e Muzambinho), com o objetivo de abranger a área sojícola do estado (TABELA 1).

**Tabela 1** – Identificação dos locais de condução experimental, dos anos agrícolas e dos ambientes correspondentes.

Ano agrícola	Local	Ambiente
2014/15	Conceição das Alagoas	1
2014/15	Iraí de Minas	2
2014/15	Presidente Olegário	3
2014/15	Sacramento	4
2014/15	Uberaba	5
2014/15	Muzambinho	6
2015/16	Conceição das Alagoas	7
2015/16	Presidente Olegário	8
2015/16	Sacramento	9
2015/16	Uberaba	10
2015/16	Água Comprida	11
2015/16	Buritizeiro	12
2015/16	Pedrinópolis	13

No ano agrícola 2014/15 foram avaliadas 17 linhagens elites do programa de melhoramento genético de soja desenvolvido em parceria pelas entidades Embrapa, Epamig, Fundação Triângulo, Emater-GO e CTPA, e na safra 2015/16 foram avaliadas 20 linhagens elites oriundas do mesmo programa (TABELA 2). Foram utilizadas como testemunhas cinco cultivares comerciais (Tratamentos 1 a 5).

**Tabela 2** – Identificação dos tratamentos e das linhagens correspondentes.

Tratamento	Linhagem	Tratamento	Linhagem
1	NA 5909 RR	21	BRRY34-0901
2	BMX Potência RR	22	RRMG11-55821
3	BMX Desafio RR	23	BRRR12-67015
4	Anta 82 RR	24	BRRR12-67205
5	NA 7337 RR	25	BRRY34-1172
6	BR09-1554	26	BRRY34-1175
7	RRMG09-99717	27	BRRY45-10190
8	RRMG11-53504	28	BRRY45-10378
9	RRMG11-54115	29	BRRY45-10473
10	RRMG11-56011	30	BRRY45-10649
11	RRMG11-57119	31	BRRY45-10729
12	BRRR12-67204	32	BRY34-1245
13	BRRR12-70304	33	RRMG12-69204
14	BRY23-0068	34	RRMG12-78605
15	BRY23-0080	35	RRMG13-85603
16	BRRY34-0591	36	RRMG13-85908
17	BRY23-0035	37	RRMG13-87803
18	BRY23-0089	38	RRMG13-88501
19	BRY23-0062	39	RRMG13-97816
20	BRRY34-0784		

Adotou-se o sistema de plantio direto e as sementes foram inoculadas com *Bradyrhizobium japonicum*, utilizando-se inoculante líquido na proporção de 1.200.000 bactérias por semente. A semeadura foi realizada mecanicamente em ambos os anos agrícolas. O desbaste foi efetuado 25 dias após a germinação, visando garantir o estande final de 15 plantas por metro linear. Os demais tratos culturais foram realizados conforme procedimento apresentado por Soares et al. (2015).

O delineamento experimental foi em blocos completos casualizados com quatro repetições, sendo cada parcela constituída por quatro linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas em 0,5 m entre linhas. Foram colhidas as sementes das duas linhas centrais, excetuando-se 0,5 m de cada extremidade, totalizando 4 m<sup>2</sup> de área útil.

Foram avaliados os seguintes caracteres:

- Produtividade de grãos (sc.ha<sup>-1</sup>), obtida com a colheita individual de cada parcela, pesagem e correção para 13% de umidade e extrapolação do valor obtido para o número de sacas (60 kg) colhidos em um hectare;
- Maturação absoluta, compreendendo o número de dias desde a semeadura até a maturidade das parcelas, representada por 95% de plantas com legumes maduros;
- Teores percentuais de óleo e proteína nos grãos, os quais foram determinados em grãos

íntegros pela técnica da Refletância do Infravermelho Próximo (NIR) segundo Heil (2015). Os grãos de cada linhagem foram submetidos a leituras em duplicata, com equipamento Thermo, modelo Antaris II, dotado de esfera de integração com resolução de 4 cm<sup>-1</sup>.

Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância individual por local em cada ano agrícola, seguindo o modelo:

$$\bar{Y}_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

$\bar{Y}_{ij}$ : observação fenotípica da linhagem i no bloco j;

$\mu$ : média geral;

$g_i$ : efeito da linhagem i;

$b_j$ : efeito do bloco j;

$\varepsilon_{ij}$ : erro associado à observação da linhagem i no bloco j.

Posteriormente, pelo fato dos dados apresentarem desbalanceamento e a análise ser baseada em um modelo misto, foi realizada análise de *deviance* conjunta por ano agrícola, e também uma análise de *deviance* conjunta total, seguindo o modelo:

$$\bar{Y}_{ijk} = \mu + g_i + a_k + b_{j(k)} + ga_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

$\bar{Y}_{ijk}$ : observação fenotípica da linhagem i no bloco j no ambiente k;

$\mu$ : média geral;

$g_i$ : efeito da linhagem i, de natureza fixa;

$a_k$ : efeito do ambiente k, de natureza aleatória;

$b_j$ : efeito do bloco j no ambiente k, de natureza aleatória;

$ga_{ik}$ : efeito da interação linhagem i e ambiente k, de natureza aleatória;

$\varepsilon_{ijk}$ : erro associado à observação da linhagem i no bloco j no ambiente k.

As análises de *deviance* conjuntas foram realizadas por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), com teste de significância do efeito fixo pelo valor F, e dos efeitos aleatórios pelo teste da razão de verossimilhança (LRT). As médias obtidas em todas as análises foram comparadas pelo teste de Scott & Knott (1974) a 5% de probabilidade. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software computacional R

Development Core Team (2008). A precisão experimental foi aferida por meio da estimativa do  $CV_e$  (Coeficiente de Variação) e da Acurácia (RESENDE; DUARTE, 2007), de acordo com os estimadores:

$$CV_e = \frac{\sigma}{\bar{X}} \times 100$$

em que:

$CV_e$ : coeficiente de variação expresso em porcentagem;

$\sigma$ : desvio padrão do caráter;

$\bar{X}$ : média do caráter.

$$r = \sqrt{1 - \frac{1}{F_c}} \times 100$$

em que:

$r$ : acurácia expressa em porcentagem;

$F_c$ : valor de F calculado.

O coeficiente de variação é dependente da média fenotípica e, assim, quanto menor for o valor da média, menor será a precisão. Por outro lado, a acurácia independe da magnitude da média, sendo esta a principal vantagem do emprego deste parâmetro quando se avalia a precisão experimental (RESENDE; DUARTE, 2007).

### 3.2 Estimação dos parâmetros fenotípicos e índices de seleção

De posse das médias fenotípicas ajustadas das linhagens em função do modelo misto (REML), obtidas na análise conjunta, foi estimada a associação entre os caracteres produtividade, maturação absoluta e os teores de óleo e proteína nos grãos adotando o seguinte estimador:

$$r_F = \frac{cov_F(XY)}{\sqrt{\sigma^2_{F(X)}\sigma^2_{F(Y)}}$$

em que:

$r_F$ : estimador da correlação fenotípica entre os caracteres X e Y;

$cov_{F(XY)}$ : estimador da covariância fenotípica entre os caracteres X e Y;

$\sigma^2_{F(X)}$ : variância fenotípica para o caráter X;

$\sigma^2_{F(Y)}$ : variância fenotípica para o caráter Y.

A significância das correlações obtidas foram estimadas pelo teste t com n-2 graus de liberdade, em que n corresponde ao número de genótipos avaliados.

Posteriormente, foi calculado o índice de seleção baseado na padronização das médias ajustadas obtidas nas análises individuais para todas as linhagens, através do seguinte estimador:

$$Z_{ik} = \frac{\bar{Y}_{ik} - \bar{Y}_{.k}}{\sigma_{.k}}$$

em que:

$Z_{ik}$ : média padronizada;

$\bar{Y}_{ik}$ : média da linhagem i no ambiente k;

$\bar{Y}_{.k}$ : média geral no ambiente k;

$\sigma_{.k}$ : desvio padrão no ambiente k.

Foram calculados os índices padronizados para os caracteres produtividade, maturação absoluta, teor de óleo e teor de proteína, os quais foram somados originando o índice de seleção múltipla padronizado (ISMP), de acordo com a seguinte expressão (MENDES et al., 2009):

$$Z_{SM} = Z_{PROD} - Z_{MA} + Z_{ÓLEO} + Z_{PROTEÍNA}$$

em que:

$Z_{SM}$ : índice de seleção múltipla;

$Z_{PROD}$ : média padronizada para o caráter produtividade;

$Z_{MA}$ : média padronizada para o caráter maturação absoluta;

$Z_{ÓLEO}$ : média padronizada para o caráter teor de óleo;

$Z_{PROTEÍNA}$ : média padronizada para o caráter teor de proteína.

Os valores obtidos foram somados à uma constante para eliminar valores negativos. Também foi calculada a soma de postos do ranqueamento (SPR) das linhagens por meio da

atribuição de *ranks* (postos) classificatórios às linhagens de acordo com seu desempenho médio em cada ambiente (MULAMBA; MOCK, 1978), levando em consideração os caracteres produtividade, maturação absoluta, teor de óleo e teor de proteína. Dessa forma, a linhagem mais produtiva no ambiente em questão recebeu posto um, enquanto a menos produtiva obteve o último valor de posto possível para o caráter. O posto obtido por cada linhagem para os caracteres mencionados foi somado, de acordo com a expressão:

$$SPR_{ik} = P_{PROD} + P_{MA} + P_{ÓLEO} + P_{PROTEÍNA}$$

em que:

$SPR_{ik}$ : soma de postos do ranqueamento para a linhagem *i* no ambiente *k*;

$P_{PROD}$ : posto obtido para o caráter produtividade;

$P_{MA}$ : posto obtido para o caráter maturação absoluta;

$P_{ÓLEO}$ : posto obtido para o caráter teor de óleo;

$P_{PROTEÍNA}$ : posto obtido para o caráter teor de proteína.

Foi calculada também a correlação classificatória de Spearman entre as classificações do índice de seleção múltipla padronizado (ISMP) e da soma de postos do ranqueamento (SPR), visando identificar possíveis associações entre as duas metodologias de comparação para múltiplos caracteres. Todas as análises foram obtidas por meio do software computacional R Development Core Team (2008).

### 3.3 Estudo da interação genótipos por ambientes

Para o estudo do efeito da interação GxA foi utilizado o índice de seleção múltipla padronizado (ISMP), com o objetivo de englobar os quatro principais caracteres associados ao rendimento das linhagens e qualidade dos grãos (produtividade, maturação absoluta, e os teores de óleo e proteína nos grãos), conformando portanto uma análise multivariada. Assim, de posse dos índices de seleção múltipla padronizados (ISMP) das linhagens comuns em todos os ambientes avaliados, foi realizada a decomposição dos efeitos genotípicos e da interação GxA seguindo o modelo proposto por Yan et al.(2000), de acordo com a equação:

$$\bar{Y}_{ij} - \mu - \beta_j = \lambda_1 \alpha_{i1} \gamma_{1j} + \lambda_2 \alpha_{i2} \gamma_{2j} + \varepsilon_{ij}$$

em que:

$\bar{Y}_{ij}$ : média fenotípica da linhagem i no ambiente j;  
 $\mu$ : média geral do experimento;  
 $\beta_j$ : efeito principal do ambiente j;  
 $\lambda_1$ : maior autovalor do primeiro componente principal (ACP1);  
 $\alpha_{i1}$ : autovetor da linhagem i para ACP1;  
 $\gamma_{1j}$ : autovetor do ambiente j para ACP1;  
 $\lambda_2$ : maior autovalor do segundo componente principal (ACP2);  
 $\alpha_{i2}$ : autovetor da linhagem i para ACP2;  
 $\gamma_{2j}$ : autovetor do ambiente j para ACP2;  
 $\varepsilon_{ij}$ : resíduo não explicado por ambos os efeitos.

Em seguida foi obtido o gráfico biplot para os efeitos dos dois primeiros componentes principais (ACP1 vs. ACP2), estando o primeiro componente associado à proporção do rendimento que se deve somente às características do genótipo, e o segundo componente associado à parte do rendimento devida à interação GxA (YAN; HOLLAND, 2010; YAN, 2011). Também foram obtidos os biplots com correção do eixo pelas médias (*Mean vs. Stability*), e o biplot ACP1 vs. ACP2 subdividido em macroambientes com ranqueamento das linhagens (*Which Won Where*). As análises e os gráficos foram gerados pelo pacote ‘*GGEBiplotGUI*’, utilizando o software computacional R Development Core Team (2008).

## 4 RESULTADOS

A precisão experimental associada às análises de variância individuais por ambiente, para os diferentes caracteres, variou de baixa à alta precisão de acordo com as estimativas do coeficiente de variação ambiental (C<sub>Ve</sub>) e da acurácia (TABELAS 1 a 13 do APÊNDICE).

A fonte de variação Linhagens foi altamente significativa para todos os caracteres, com exceção do caráter teor de óleo no ambiente Água Comprida – MG (ano agrícola 2015/16) (TABELA 7 do APÊNDICE).

Em relação às médias para os diferentes caracteres avaliados nos ambientes de estudo, verificou-se ampla variação. Para o caráter produtividade de grãos, por exemplo, as estimativas variaram de 43,64 sc/ha a 76,67 sc/ha em Uberaba – MG (ano agrícola 2014/15) e Sacramento – MG (ano agrícola 2015/16), respectivamente.

Considerando a análise conjunta dos locais em um mesmo ano agrícola (TABELAS 14 e 15 do APÊNDICE), a precisão experimental aferida pelo C<sub>Ve</sub>(%) variou de 2,70% a 21,64%, enquanto a acurácia variou de 77% a 98%. Considerando estes parâmetros, denota-se que a precisão experimental para os diferentes caracteres estudados foi classificada como média a alta precisão.

É possível verificar também que houve diferença entre as linhagens para todos os caracteres avaliados (TABELAS 14 e 15 do APÊNDICE). Houve efeito dos locais na expressão dos caracteres, isto é, detectou-se diferenças significativas para esta fonte de variação. Destaca-se também efeito expressivo da interação linhagens por locais.

As médias ajustadas para as análises agrupadas dos locais dentro de anos agrícolas estão apresentadas nas Tabelas 16 e 17 do Apêndice. Considerando novamente a produtividade de grãos, é possível verificar que a mesma variou de 54,39 sc/ha a 65,22 sc/ha para as safras 2014/15 e 2015/16, respectivamente. Para os demais caracteres observou-se também grande amplitude de variação (TABELAS 16 e 17 do APÊNDICE).

No presente trabalho foi realizada análise de *deviance* conjunta considerando todos os ambientes, isto é, a combinação de locais e anos agrícolas. Os resultados referentes à esta análise estão apresentados na Tabela 3.

**Tabela 3** – Resumo da análise de *deviance* conjunta total, considerando os 13 ambientes, para todas as características avaliadas.

Fonte de Variação	Produtividade		MA		Óleo		Proteína	
	Var.	p-valor	Var.	p-valor	Var.	p-valor	Var.	p-valor
L x A	22.57	<2e-16 **	16.36	<2e-16 **	0.20	3e-04 **	0.59	4e-16 **
Rep(A)	6.12	9e-12 **	0.61	2e-05 **	-	-	-	-
Ambientes (A)	97.24	<2e-16 **	57.40	<2e-16 **	0.15	5e-10 **	0.27	1e-08 **
Resíduo	56.48	-	10.35	-	0.70	-	0.67	-
Efeitos fixos:	F	Pr(>F)	F	Pr(>F)	F	Pr(>F)	F	Pr(>F)
Linhagens (L)	7.92	0.00	34.18	0.00	8.30	0.00	10.34	0.00
CVe (%)		10.97		8.27		3.80		3.42
Acurácia		0.93		0.99		0.94		0.95
Média geral		59.72		114.90		21.98		37.34

Var.: Variância; CV: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta; \*\* significativo a 1% de probabilidade; \* significativo a 5% de probabilidade; n.s. não significativo. Fonte: Do autor, 2016.

Considerando os parâmetros utilizados para se mensurar a precisão experimental, pode-se inferir que esta é considerada de média a alta precisão (TABELA 3). Houve efeito dos ambientes para todos os caracteres avaliados. Deve-se destacar também a existência da interação linhagens por ambientes significativa. Este fato permite inferir que o comportamento das linhagens não foi coincidente para todos os caracteres nos diferentes ambientes de avaliação.

As médias ajustadas das 39 linhagens estão apresentadas na Tabela 18 do Apêndice, e representadas graficamente nas Figuras 1 e 2. Para a produtividade de grãos, as médias obtidas variaram de 43,08 sc/ha a 75,26 sc/ha para as linhagens 9 e 18, respectivamente, com média geral de 59,72 sc/ha. A maturação absoluta variou de 94,64 a 134,39 dias, também para as linhagens 9 e 18. Para o caráter teor de óleo, as médias variaram de 19,26% a 23,67% para as linhagens 8 e 6, enquanto o teor de proteína variou de 34,64% a 41,12% para as linhagens 18 e 8, respectivamente.

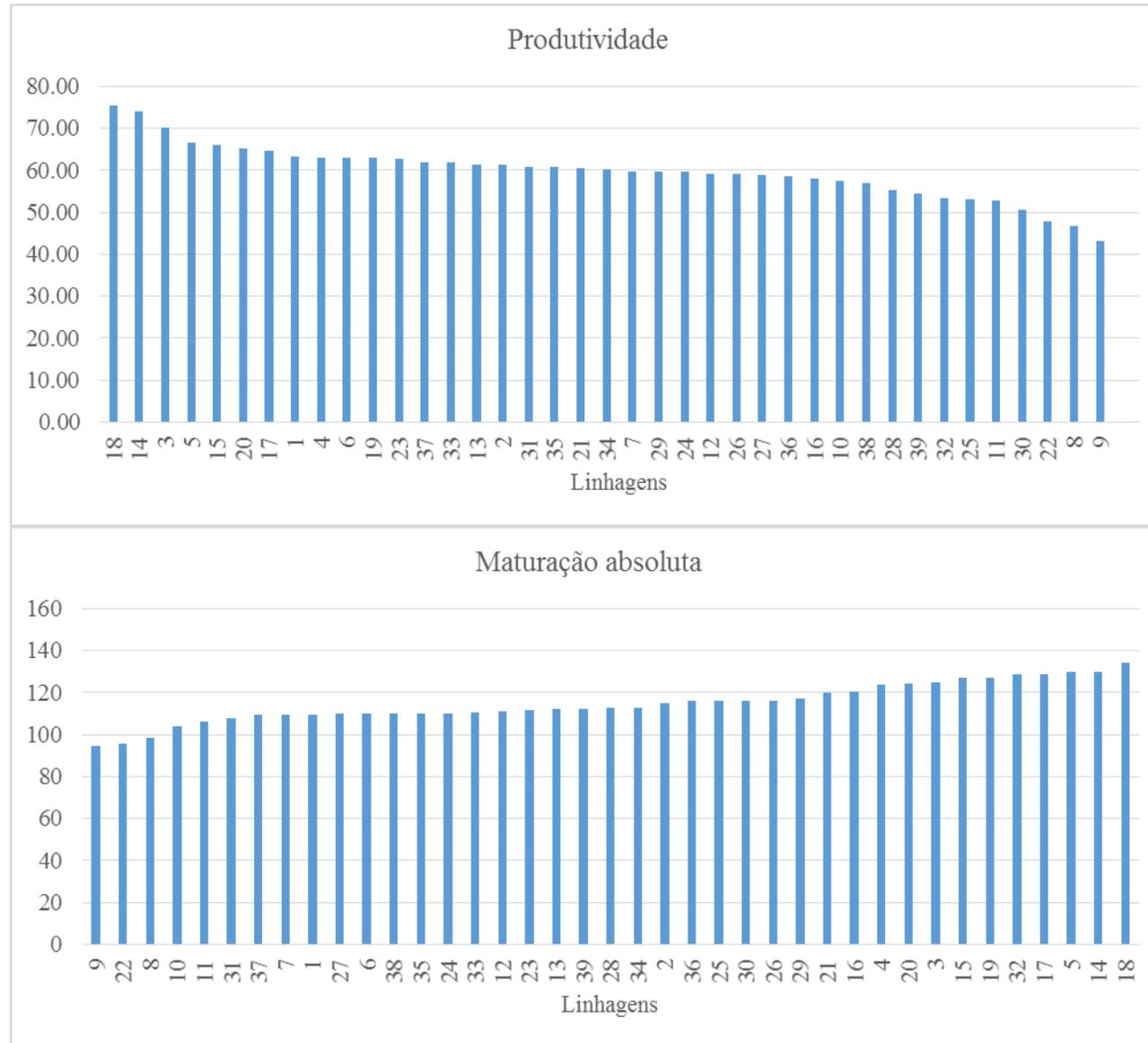


Figura 1 – Médias fenotípicas ajustadas das 39 linhagens nos 13 ambientes, para os caracteres produtividade (sc/ha) e maturação absoluta (dias).

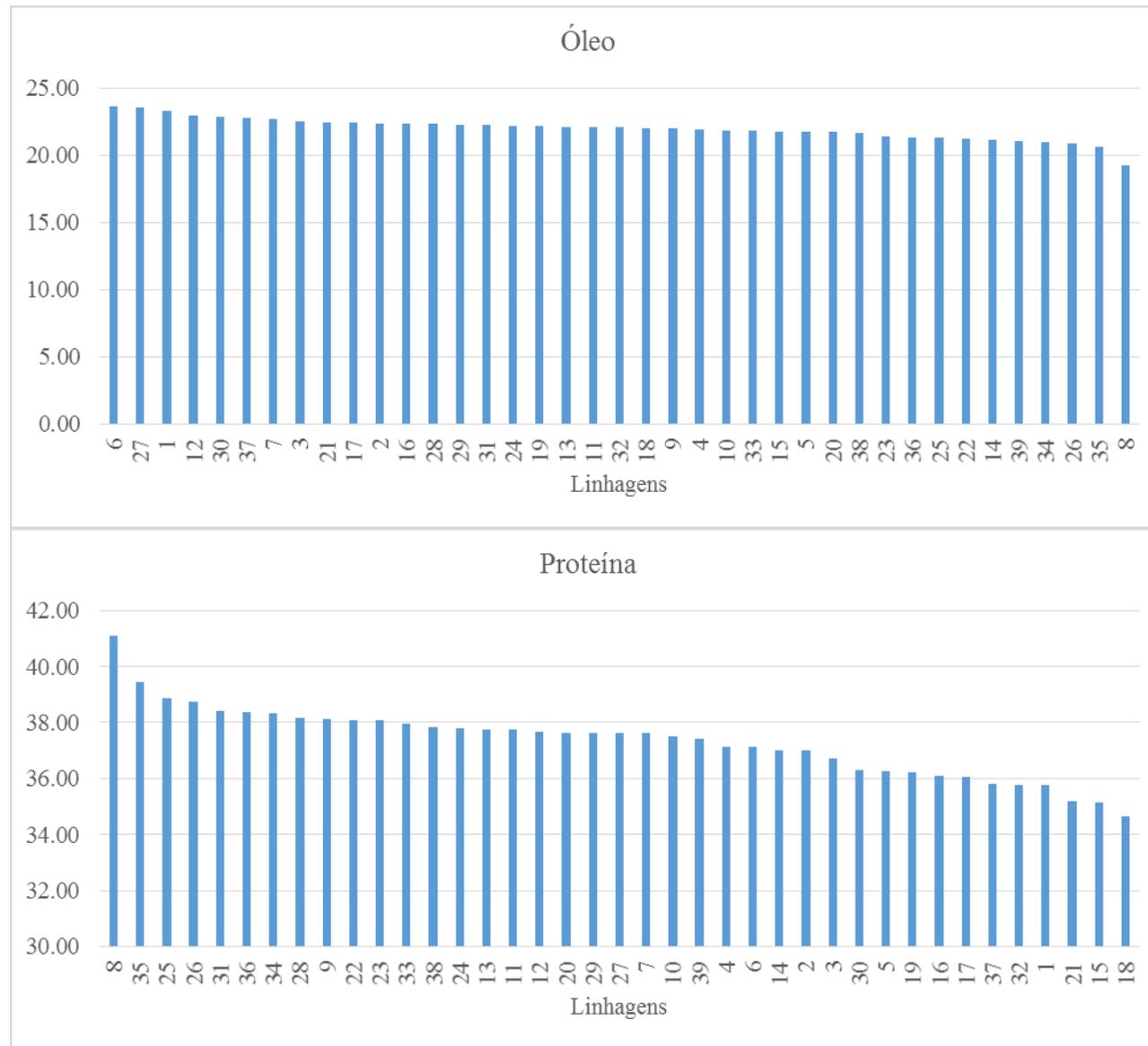


Figura 2 – Médias fenotípicas ajustadas das 39 linhagens nos 12 ambientes, para os caracteres teor de óleo (%) e teor de proteína (%).

Na Tabela 4 estão apresentadas as correlações de Pearson obtidas entre os caracteres produtividade de grãos, maturação absoluta e os teores de óleo e proteína nos grãos. A estimativa da correlação entre os caracteres produtividade e maturação absoluta foi positiva e altamente significativa. A correlação entre a produtividade de grãos e o teor de proteína foi negativa e altamente significativa, estando no mesmo sentido da correlação obtida entre os caracteres maturação absoluta e teor de proteína, o que reforça o resultado da correlação positiva entre produtividade e maturação absoluta apresentado anteriormente, e indica que quanto mais produtiva e tardia for o genótipo, menor será o teor porcentual de proteína presente nos grãos. O teor de óleo apresentou correlação significativa apenas com o teor de proteína, cujo valor é negativo e de grande magnitude, indicando que quanto maior for o teor de óleo, menor será o teor de proteína presente nos grãos.

**Tabela 4** – Correlações de Pearson estimadas entre os caracteres produtividade de grãos, maturação absoluta e os teores de óleo e proteína nos grãos, utilizando as médias fenotípicas ajustadas das linhagens na análise conjunta total.

	MA	Óleo	Proteína
Produtividade	0.7204 **	0.2181	-0.4998 **
MA		0.1151	-0.6306 **
Óleo			-0.5884 **

MA: maturação absoluta; \*\* significativo a 1% de probabilidade.

Quando se trabalha com vários caracteres, uma alternativa que se perfaz para a identificação e seleção das melhores linhagens é a adoção de índice de seleção. Neste estudo foram adotados dois índices. Os resultados referentes ao índice de seleção múltipla padronizado (ISMP) e da soma de postos do ranqueamento (SPR) estão apresentados na Tabela 5. Nota-se que a linhagem 28 apresentou maior destaque pelo ISMP, ou seja, associou ciclo precoce, boa produtividade e qualidade de grãos (teores de óleo e proteína elevados). É possível verificar também que houve associação entre o ISMP e o SPR, cuja correlação de Spearman obtida foi altamente significativa e negativa, com valor de -0,9408, indicando relação inversamente proporcional entre as duas variáveis. Esta correlação inversamente proporcional indica que a classificação para o ISMP foi feita levando em consideração que os maiores valores do índice foram associados às linhagens com melhor desempenho, enquanto a SPR associou os menores valores do índice para as mesmas linhagens. Dessa forma, o menor valor obtido para SPR está associado ao maior valor de ISMP, estando ambos relacionados à linhagem mais precoce e com melhor desempenho produtivo, associados à teores porcentuais elevados de óleo e proteína nos grãos.

**Tabela 5** – Médias gerais das linhagens para o índice de seleção múltipla padronizado (ISMP) e para a soma de postos do ranqueamento (SPR).

Tratamento	ISMP	SPR
28	9.30	58
32	9.14	43
6	9.04	47
7	8.48	57
1	8.35	56
13	8.33	61
25	8.06	66
11	8.02	79
34	7.96	66
36	7.91	71
12	7.76	75
24	7.75	70
23	7.73	82
29	7.45	72
38	7.44	60
14	7.40	66
2	7.30	76
3	7.20	71
39	7.19	84
10	7.07	71
35	7.03	84
21	6.98	83
30	6.89	83
37	6.74	87
9	6.69	81
27	6.52	92
18	6.40	86
4	6.27	86
26	6.27	93
20	6.18	93
22	5.95	93
17	5.84	101
19	5.56	100
40	5.52	109
15	5.48	100
31	5.26	95
16	4.91	102
5	4.77	98
33	2.58	123
Média Geral	6.94	80.00

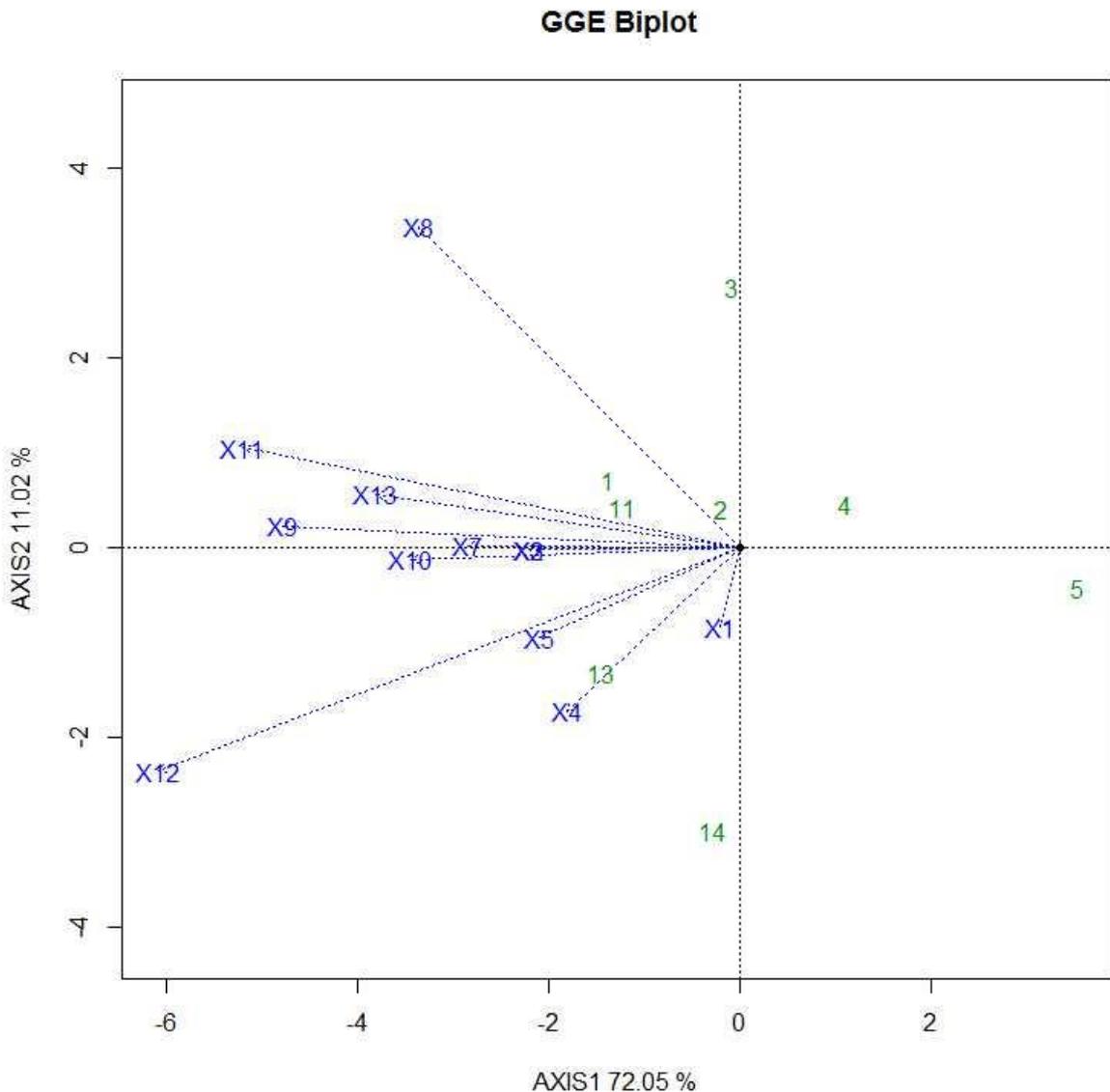
ISMP: índice de seleção múltipla padronizado; SPR: soma de postos do ranqueamento.

O estudo da interação genótipos por ambientes é importante pois permite obter informações sobre a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, principalmente quando é detectada significância no efeito da interação. A análise pelo método GGE Biplot constitui-se em uma ferramenta eficiente para esse estudo em ensaios de competição multi-local (BHAN et al., 2005). De acordo com Oliveira et al. (2003), a análise deve ser feita com o menor número de eixos (componentes principais) e maior percentual de explicação possível, pois à medida que se aumenta o número de eixos, a porcentagem de ruído também é elevada, o que reduz o poder de predição da análise.

A análise da interação genótipos por ambientes por meio do método GGE Biplot foi eficiente, sendo que os dois primeiros componentes principais explicaram grande parte (83,07%) do efeito da interação genótipos por ambientes. Este método considera o efeito do ambiente como irrelevante na seleção de cultivares, pois a capacidade adaptativa dos genótipos é mais importante que as condições ambientais (CAMARGO-BUTRAGO et al., 2011). No gráfico GGE Biplot, o primeiro componente principal do gráfico (abscissas) está associado à adaptabilidade, apresentando também alta correlação com o desempenho médio, enquanto o segundo componente principal (ordenadas) está associado à estabilidade (YAN et al., 2000). Vale mencionar que o emprego do ISMP na análise pelo GGE Biplot não indicará as linhagens com melhor desempenho para todos os caracteres contemplados, mas sim as linhagens que apresentarem médias superiores às médias gerais destes caracteres no experimento, associadas à estabilidade fenotípica.

Dessa forma, nota-se que as linhagens 5, 4, 3, 2 e 14 apresentaram boa adaptabilidade geral por possuírem os maiores valores relativos ao eixo das abscissas (FIGURA 3). Entretanto, as linhagens 3 e 14 apresentaram baixa estabilidade por estarem distantes da origem do eixo das ordenadas. Assim, as linhagens 2, 4, 11 e 5 foram as que apresentaram maior estabilidade dentre os genótipos avaliados, destacando-se as linhagens 5 e 4 por associarem boa adaptabilidade e estabilidade. A linhagem 5 destaca-se também por ser uma das mais produtivas dentre todas as linhagens avaliadas, porém associada à maturação absoluta elevada e baixos teores de óleo e proteína.

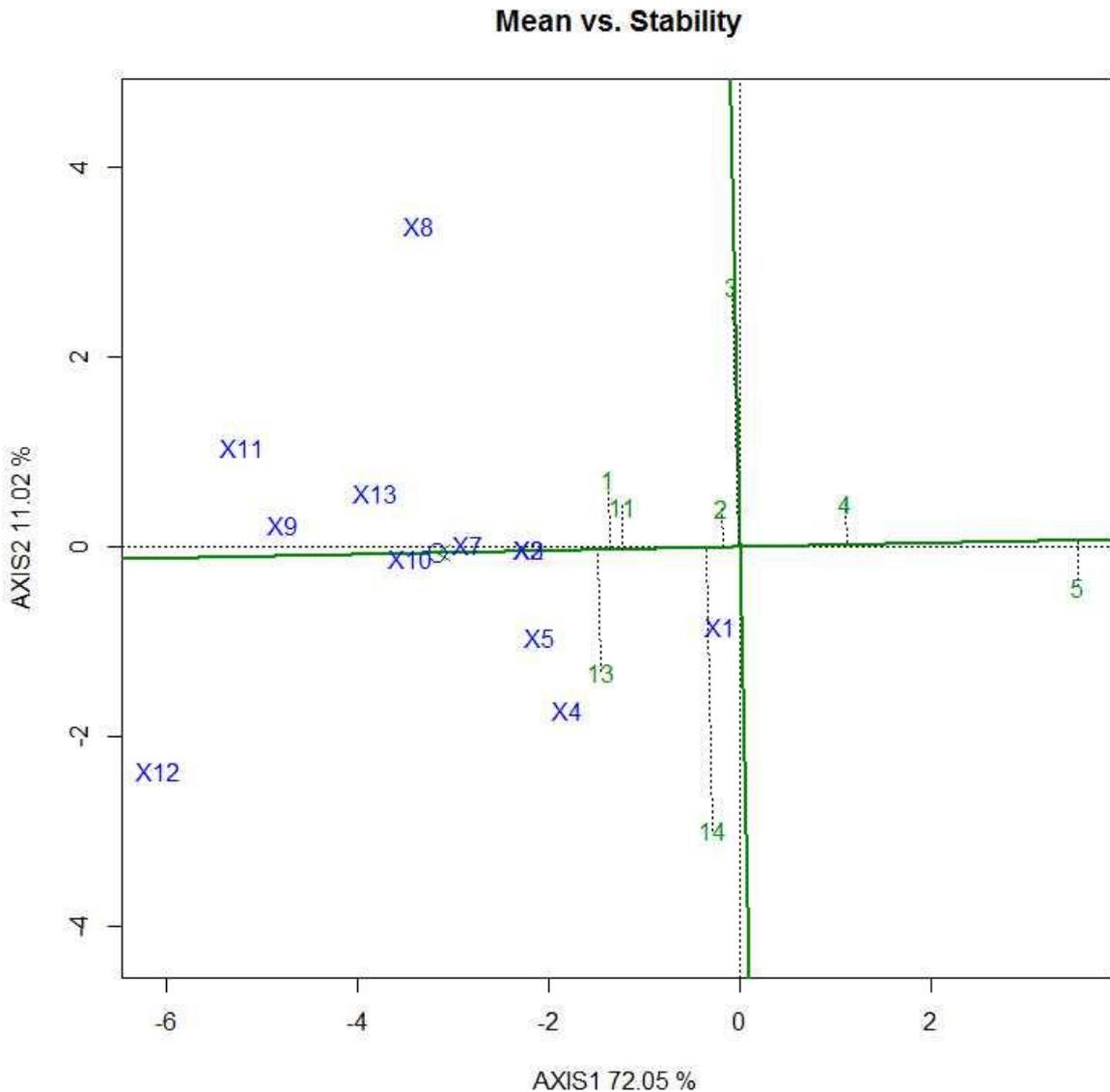
Seguindo este mesmo raciocínio, o ambiente 1 (Conceição das Alagoas – MG, ano agrícola 2014/15) foi o que proporcionou maior adaptabilidade geral, enquanto os ambientes 12 (Buritizeiro – MG, ano agrícola 2015/16) e 11 (Água Comprida – MG, ano agrícola 2015/16) foram os que proporcionaram a menor adaptabilidade.



**Figura 3** – Biplot com os efeitos dos dois primeiros componentes principais (ACP1 vs. ACP2) para o índice de seleção múltipla padronizada (ISMP) das 8 linhagens comuns, avaliadas em 12 ambientes. Linhagens: numerações 1, 2, 3, 4, 5, 11, 13 e 14 (coloração verde); Ambientes: designações alfanuméricas X1, X2, X3, X4, X5, X7, X8, X9, X10, X11, X12 e X13 (coloração azul). Fonte: Do autor, 2016.

O gráfico *Mean vs. Stability* corrige o posicionamento dos eixos com os componentes principais em função das médias das linhagens, indicando portanto qual foi o material com o melhor desempenho considerando o ISMP (maior valor no eixo das abcissas), permitindo uma avaliação simultânea de sua estabilidade pelo eixo das ordenadas. O gráfico proporciona uma análise combinada entre adaptabilidade, estabilidade e desempenho médio das linhagens, o que reforça a importância da identificação de genótipos com desempenho superior além da segurança e previsibilidade na recomendação das cultivares, buscando assim garantir o sucesso com a seleção. Sob essa perspectiva, pode-se destacar que apesar das linhagens 2 e 11

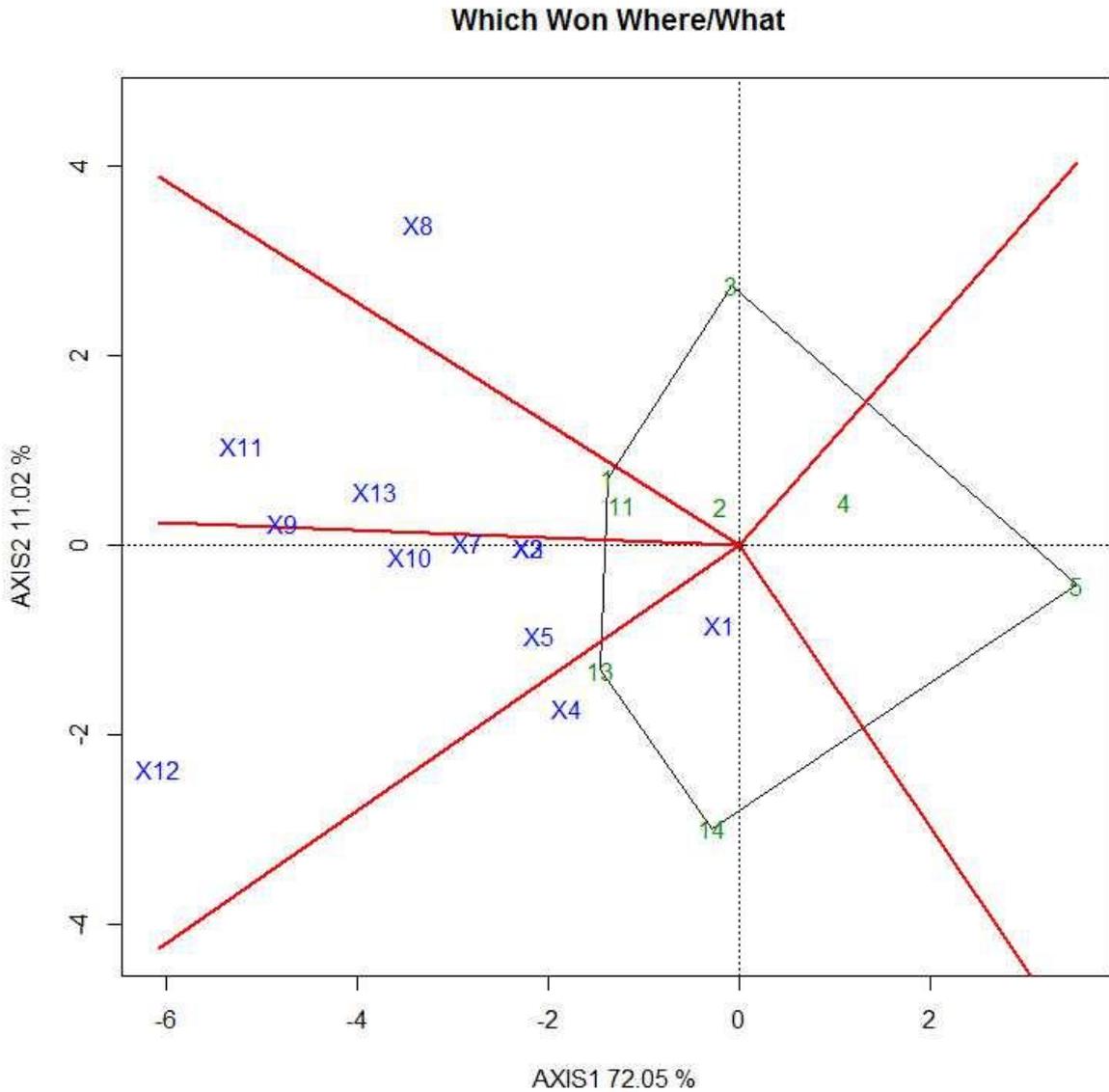
terem apresentado boa estabilidade e adaptabilidade, suas médias considerando as quatro características simultaneamente foram abaixo da média geral. Neste contexto, a linhagem ideal deve estar o mais próxima possível da origem em relação ao eixo das ordenadas, porém com o maior valor possível em relação ao eixo das abscissas. Assim, as linhagens 5 e 4 apresentaram maior média e, portanto, melhor desempenho e qualidade de grãos associados à precocidade e estabilidade (FIGURA 4), reforçando o resultado visualizado na Figura 3.



**Figura 4** – Biplot dos componentes principais ACP1 vs. ACP2 nos eixos principais, com segundo posicionamento dos eixos em relação à média dos genótipos para o índice de seleção múltipla padronizado (ISMP) das 8 linhagens comuns, avaliadas em 12 ambientes. Linhagens: numerações 1, 2, 3, 4, 5, 11, 13 e 14 (coloração verde); Ambientes: designações alfanuméricas X1, X2, X3, X4, X5, X7, X8, X9, X10, X11, X12 e X13 (coloração azul). Fonte: Do autor, 2016.

Uma das vantagens do estudo da adaptabilidade e estabilidade pelo método GGE Biplot é a que ambos os eixos (PCA1 e PCA2) estão na mesma unidade, o que permite a comparação relativa dos genótipos em cada ambiente (YAN et al., 2000). Uma boa ferramenta para comparar o desempenho relativo dos genótipos nos ambientes é o gráfico *Which Won Where*, que subdivide os genótipos e ambientes em regiões denominadas mega-ambientes, os quais são delimitados por linhas vermelhas e um polígono. Os genótipos e ambientes contidos em cada mega-ambiente apresentam adaptabilidade específica entre si, e as linhagens que formam os vértices do polígono são as que apresentaram o melhor desempenho dentro de cada região e, portanto, são as mais promissoras nos ambientes contidos na região em questão.

O gráfico obtido formou quatro mega-ambientes (FIGURA 5). Em uma perspectiva geral, no sentido anti-horário, o mega-ambiente I englobou apenas o ambiente 8. O mega-ambiente II englobou os ambientes 9, 11 e 13, enquanto o mega-ambiente III foi o mais abrangente, englobando os ambientes 2, 3, 5, 7, 10 e 12, restando apenas os ambientes 1 e 4 para compor o mega-ambiente IV. Nesse sentido, pode-se comentar que as linhagens 2 e 3 possuem boa adaptabilidade no mega-ambiente I, enquanto as linhagens 1 e 11 possuem boa adaptabilidade no mega-ambiente II. Já o mega-ambiente III não apresentou adaptabilidade específica para nenhuma linhagem, restando apenas as linhagens 13 e 14 que apresentaram boa adaptabilidade para os ambientes contidos no mega-ambiente IV. As linhagens 4 e 5 não apresentaram adaptabilidade específica para nenhum ambiente.



**Figura 5** – Biplot dos componentes principais ACP1 vs. ACP2 nos eixos principais, com subdivisão dos macroambientes e ranqueamento considerando o índice de seleção múltipla padronizado (ISMP) das 8 linhagens comuns, avaliadas nos 12 ambientes. Linhagens: numerações 1, 2, 3, 4, 5, 11, 13 e 14 (coloração verde); Ambientes: designações alfanuméricas X1, X2, X3, X4, X5, X7, X8, X9, X10, X11, X12 e X13 (coloração azul). Fonte: Do autor, 2016.

Tendo como referência esta análise, pode-se inferir que as linhagens 11 e 1 apresentaram desempenho superior em um maior número de ambientes e conseqüentemente contribuíram menos para a interação. Estas linhagens associaram adaptabilidade específica e boa estabilidade à um bom desempenho para os caracteres contemplados pelo ISMP.

## 5 DISCUSSÃO

Quando se avalia linhagens em etapas finais de um programa de melhoramento, isto é, experimentos de Valor de Cultivo e Uso (VCU), é fundamental que os mesmos sejam bem conduzidos e que se tenha alta precisão experimental. No presente estudo, como já foi comentado, adotou-se como ferramenta para inferir sobre a precisão experimental o coeficiente de variação (PIMENTEL-GOMES, 2009) e a acurácia (RESENDE; DUARTE, 2007).

A precisão foi afetada pelo caráter em questão, como também pela estratégia de análise utilizada. Nas análises individuais ficou evidente menor precisão. Quando se adotou a análise conjunta, houve incremento na precisão. Este fato pode ser justificado pois quando se realiza a análise conjunta tem-se um maior número de repetições, garantindo assim maior precisão experimental e menor erro associado às estimativas (PIMENTEL-GOMES, 2009).

Como já comentado, observou-se diferença significativa entre linhagens para os caracteres avaliados, tanto nas análises individuais por ambiente como também nas análises conjuntas por safra e total. Este fato pode ser explicado pois as linhagens testadas possuem diferenças genéticas, ou seja, *background* genético diferente.

Observou-se também efeito do ambiente na expressão dos caracteres. O efeito ambiental neste trabalho é devido à combinação de fatores previsíveis como também imprevisíveis (ALLARD; BRADSHAW, 1964). Ambos os fatores estão presentes, pois as diferentes linhagens foram testadas em locais distintos no estado de Minas Gerais, como também em dois anos agrícolas. Os fatores imprevisíveis são particularmente importantes para experimentos de VCU pois as linhagens devem ser testadas em pelo menos dois anos agrícolas para se quantificar este efeito e minimizar os erros na recomendação de cultivares (KASTER; FARIAS, 2012).

A interação genótipos por ambientes também foi significativa, o que permite inferir que as linhagens não apresentaram comportamento coincidente nos diferentes ambientes. Relatos da ocorrência da interação genótipos por ambientes para a cultura da soja no estado de Minas Gerais têm sido reportados na literatura (SOARES et al., 2015; GESTEIRA et al., 2015; SILVA et al., 2015). Existem algumas alternativas que podem ser adotadas na ocorrência da interação genótipos por ambientes para se identificar as melhores linhagens. Neste trabalho, optou-se por identificar as linhagens mais estáveis (KANG; GAUCH, 1988).

Quando se trabalha com vários caracteres em programas de melhoramento, é oportuno quantificar a existência de associação entre os mesmos. Neste estudo, obteve-se a associação

entre os caracteres produtividade de grãos, maturação absoluta e os teores de óleo e proteína presentes nos grãos. A correlação entre a produtividade de grãos e a maturação absoluta foi positiva e de alta magnitude, como já comentado. Assim, espera-se que para aumentar o potencial produtivo das cultivares, deve-se selecionar linhagens mais tardias (SEDIYAMA, 2015). Entretanto, deve-se comentar também que é possível obter cultivares precoces e altamente produtivas. Este fato é possível devido à nova estratégia adotada pelos programas de melhoramento de soja no Brasil, com o foco na seleção de cultivares de hábito de crescimento semi-determinado e indeterminado. Nestes grupos, é possível reduzir o ciclo de cultivo como também associar bom potencial produtivo (SEDIYAMA, 2015).

Vários relatos evidenciam o sucesso do emprego de cultivares precoces de soja. Gesteira et al. (2015) comentam que uma das principais vantagens da adoção dessas cultivares no estado de Minas Gerais consiste na possibilidade de realizar o cultivo da segunda safra (“safrinha”). As cultivares de ciclo reduzido permitem que o plantio da cultura em sucessão seja realizado antecipadamente, garantindo assim maior aproveitamento do período chuvoso, das áreas agrícolas e maiores rendimentos para os produtores.

Obteve-se também a associação entre os caracteres maturação absoluta e teor de proteína. Ficou evidente que quanto menor for o ciclo, maior será o teor de proteína presente nos grãos, de acordo com a correlação negativa e de alta magnitude obtida. Uma possível explicação está relacionada à associação positiva existente entre o teor de óleo e a produtividade de grãos e também à associação negativa entre os teores de óleo e proteína nos grãos (RINCKER et al., 2014; GESTEIRA et al., 2015), o que pode estar relacionado à uma menor taxa de degradação de proteínas presentes nos grãos com a diminuição do ciclo de cultivo. Assim, quanto maior for o potencial produtivo, maior será o ciclo de cultivo e maior será o teor de óleo nos grãos, e por consonância, menor será o teor de proteína (RINCKER et al., 2014), o que explica a associação negativa obtida.

A associação entre os teores de óleo e proteína nos grãos de soja tem sido reportada na literatura (CARVALHO et al., 2002; LOPES et al., 2002; CARPENTIERI-PÍPOLO; GASTALDI, PÍPOLO, 2005; PELUZIO et al., 2005; ALMEIDA; PELUZIO; AFFERI, 2010; NOGUEIRA et al., 2012; RIGON et al., 2012) e corroboram com os resultados obtidos no presente estudo. Depreende-se então que a estratégia adotada pelos programas de melhoramento de soja no Brasil tem sido na obtenção de cultivares mais produtivas. Assim, espera-se um incremento no teor percentual de óleo nos grãos e por consequência uma redução no teor percentual de proteína. Contudo, deve-se enfatizar que embora tenha-se uma redução no teor percentual de proteína nos grãos, o rendimento absoluto de proteína por área

poderá ser maior devido ao incremento na produtividade.

O emprego do índice de seleção é uma ferramenta muito útil quando se deseja identificar e selecionar linhagens que associem bons atributos para vários caracteres. Neste trabalho foram adotados dois índices de seleção, como já comentado, para quatro caracteres de interesse. O objetivo principal do índice de seleção foi identificar linhagens mais produtivas, com menor ciclo de cultivo e com elevados teores de óleo e proteína nos grãos. Como já comentado, a linhagem 28 se destacou dentre as demais.

O emprego do índice de seleção na cultura da soja tem sido reportado na literatura. Em trabalho realizado por Soares et al. (2015), os autores adotaram o índice da soma de postos do ranqueamento (SPR) e verificaram que este foi eficiente na seleção de novas cultivares de soja, corroborando os resultados obtidos neste trabalho.

No presente estudo, a correlação entre os dois índices utilizados foi alta e negativa, isto é, quanto menor o valor para a soma de postos do ranqueamento (SPR), maior será a magnitude do valor do índice de seleção múltipla padronizado (ISMP). A correlação entre estes índices de seleção foi relatada para a cultura do feijoeiro (MENDES et al., 2009) e corrobora com os resultados obtidos no presente estudo.

Quando se dispõe de dados fenotípicos em diferentes ambientes, uma alternativa para a identificação de cultivares mais estáveis é o emprego de métodos para se estudar a interação genótipos por ambientes. No presente trabalho, como já comentado, adotou-se o GGE Biplot (YAN et al., 2000), considerando o índice de seleção múltipla padronizado (ISMP).

Neste contexto, é oportuno destacar que nessa condição é possível a identificação de linhagens que sejam estáveis considerando não somente o caráter produtividade de grãos, mas também caracteres importantes como a maturação absoluta e a qualidade de grãos. Existe somente um relato na literatura de estudo da interação considerando um índice de seleção múltipla na cultura da soja, porém, envolvendo somente os caracteres produtividade e qualidade fisiológica de sementes (SILVA, 2016). Não foram encontrados relatos na literatura envolvendo os caracteres maturação absoluta, produtividade e qualidade de grãos.

Considerando os resultados obtidos, observa-se que os dois primeiros componentes principais explicaram grande parte dos efeitos de genótipo e da interação genótipos por ambientes (83,07%). Este resultado vai ao encontro dos resultados obtidos por Amira et al. (2013), os quais verificaram em ensaios com linhagens de soja precoce que os dois primeiros componentes principais explicaram 86,6% do efeito da interação. Além disso, o gráfico *Wich Won Where* apresentou 4 mega-ambientes, semelhantemente aos resultados obtidos pelos autores Amira et al. (2013) e Sousa et al. (2015), em trabalhos com a cultura da soja.

Foi possível identificar que as linhagens 4 e 5 foram as de maior destaque. Contudo, é oportuno comentar que estas são testemunhas comerciais e não linhagens experimentais. Uma explicação para a não identificação de linhagens superiores às testemunhas pode estar no fato de que somente algumas linhagens são avançadas para avaliação no segundo ano agrícola nos experimentos de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Neste contexto, a análise de estabilidade é realizada considerando somente os genótipos comuns, isto é, com estrutura balanceada. O descarte das linhagens com apenas um ano de cultivo nos experimentos de VCU é uma prática corriqueira nos programas de melhoramento de soja no Brasil, entretanto nesta situação é possível quantificar apenas a interação das linhagens com os locais. Logo, alguns genótipos que foram avançados podem não apresentar desempenho superior no segundo ano de avaliação, sobretudo pelo efeito da interação genótipos por anos agrícolas, o que pode reduzir a estimativa de seu desempenho médio.

## 6 CONCLUSÃO

As linhagens 4 e 5 e 28 apresentam estabilidade fenotípica associadas ao bom desempenho em produtividade e qualidade de grãos, considerando o índice de seleção múltipla padronizado (ISMP).

Existe associação negativa e de alta magnitude entre os caracteres maturação absoluta e teor de proteína nos grãos, indicando que é possível obter linhagens precoces e com alto teor de proteína nos grãos.

O método GGE Biplot é eficiente para quantificar a interação das linhagens vs. ambientes quando se adota o índice de seleção múltipla padronizado (ISMP), consistindo em uma importante ferramenta para a escolha e recomendação das cultivares.

## 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.; R.A.S. KIIHL. Melhoramento da soja no Brasil - desafios e Perspectivas. In: **Soja: Tecnologia da Produção**. Gil. M. S. Câmara (ed.). Piracicaba, SP, USP-ESALQ, 1998. p. 40-54.
- ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R.A. de S.; MIRANDA, M.A.C.; CAMPELO, G.J. de A. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro: melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes**. Londrina: EMBRAPA,1999.
- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFERI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.
- AMIRA, J.O.; OJO, D.K.; ARIYO, O.J.; ODUWAYE, O.A.; AYO-VAUGHAN, M.A. Relative discriminating powers of GGE and AMMI models in the selection of tropical soybean genotypes. **African Crop Science Journal**, v.21, n.1, p.67-73, 2013.
- AMORIM, F.A. **Efeito do gene CP4 EPSPS na produtividade de óleo em populações de soja**. Tese (Doutorado), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2011. 198p.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v.46, p.269-278, 1992.
- ARANTES, N. E.; KIIHL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A.; ZITO, R.K.; YORINORI, J. T.; DIAS, W. P.; SOUZA, P. I. M.; NUNES JÚNIOR, J. **Cultivar de soja BRS Valiosa RR**. Londrina: Embrapa Soja: 2005. p.394-395. (Reunião de Pesquisa de Soja da Região Central do Brasil. Resumos, Documentos, 257).
- BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T ; FIDELIS, R. R. ; CAPONE, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja por meio de métodos uni e multivariado. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, v. 3, p. 49-58, 2012.
- BERNARD, R. L. et al. **Results of the cooperative uniform soybeans tests**. Washington: USDA, 1965. 134p.
- BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. Melhoramento de plantas autógamas por hibridação. In: BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de Plantas**. Disponível em: <[www.bespa.agrarias.ufpr.br](http://www.bespa.agrarias.ufpr.br)>, p.11-17. Acesso em: 02 de janeiro de 2017.
- BHAN, M.K.; PAL, S.; RAO, B.L.; DHAR, A.K.; KANG, M.S. GGE biplot analysis of oil yield in lemon-grass (*Cymbopogon* spp.). **Journal of New Seeds**, Londres, v.7, p.127-139, 2005.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 5 Ed., Viçosa: Editora UFV, 529p., 2009.

BRIM, C.A.; SCHULTZ, W.M.; COLLINS, F.I. Maternal effect on fatty acid composition and oil content of soybeans, *Glycine max* (L.) Merrill. **Crop Science**, Madison, v.8, n.5, p.517-518, 1968.

BRUM, A. L.; HECK, C. R.; LEMES, C. L.; MÜLLER, P. K. **A economia mundial da soja: impactos na cadeia produtiva da oleaginosa no Rio Grande do Sul 1970-2000**. Anais dos Congressos. XLIII Congresso da Sober em Ribeirão Preto. São Paulo, 2005.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**, Lavras: UFLA, 2001, 282 p.

BUENO, R. D.; BORGES, L. L.; ARRUDA, K. M. A.; BEHRING, L. L.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Genetic parameters and genotype x environment interaction for productivity, oil and protein content in soybean. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8 p. 4853-4859, 2013.

BURTON, J.W.; BRIM, C.A. Recurrent selection in soybeans. III. Selections for increased percent oil in seeds. **Crop Science**, Madison, v.21, n.1, p.31-34, 1981.

CAMARGO-BUITRAGO, I.; INTIRE, E.M.; CÓRDON-MENDOZA, R. Identificación de mega-ambientes para potenciar el uso de progênies superiores de arroz en Panamá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Goiânia, v.46, n.9, p.1601-1069, 2011.

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

CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; OLIVEIRA, M. F.; VELLO, N. A. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 3, p. 311-320, 2002.

CARVALHO, C. G. P. de; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F. de; ALMEIDA, L. A. de; KIIHL, R. A. S.; OLIVEIRA, M. F. de. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 989-1000, 2002.

CARVALHO, A, D, F. **Avaliação da eficiência do teste precoce no melhoramento genético da soja**. 2008. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

CARVALHO, E. R.; REZENDE, P. M. de; OGOSHI, F. G. A.; BOTREL, É. P.; ALCANTARA, H. P.; SANTOS, J. P. Desempenho de cultivares de soja [*Glycine max* (L) Merrill] em cultivo de verão no Sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia** (UFLA), v. 34, p. 892-899, 2010.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos** – Safra 2015/16, v.3, n.12, Brasília, p.1-184, 2016.

COSTA, M. M. **Herança quali-quantitativa e marcadores moleculares para seleção assistida de genótipos de soja resistentes à ferrugem asiática**. Jaboticabal, 2008, 77 p. Tese (doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, 2008.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: biometria**. Viçosa: UFV, 2006. 382p.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4º Ed., v.1, Viçosa: UFV, 514p., 2012.

DALL'AGNOL, A.; HIRAKURI, M.H. **Realidade e perspectivas do Brasil na produção de alimentos e agroenergia, com ênfase na soja**. Embrapa Soja. Circular técnica, 2008.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil 2005. **Sistema de Produção 6**. Embrapa, Londrina, 239p., 2005.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). Disponível em: <[http://www.cnpso.embrapa.br/index.php?op\\_page=113&cod\\_pai=35](http://www.cnpso.embrapa.br/index.php?op_page=113&cod_pai=35)> Acesso em: 2 de janeiro de 2017.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). **Tecnologias de produção de soja** – Região Central do Brasil 2014. Londrina: Embrapa Soja, 265p., 2013. (Embrapa Soja. Sistemas de produção, 16).

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). **Soja na alimentação**. Disponível em: <[http://www.cnpso.embrapa.br/soja\\_alimentacao/index.php?pagina=23](http://www.cnpso.embrapa.br/soja_alimentacao/index.php?pagina=23)> Acesso em: 3 de janeiro de 2017.

FARIAS NETO, J.T. **Potencialidade de progênies F4:3 e F5:3 derivadas de cruzamentos em cadeia para produtividade de óleo em soja**. Tese (Doutorado), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – USP, Piracicaba, 1995. 153p.

FREITAS, M. C. M. A CULTURA DA SOJA NO BRASIL: O crescimento da produção brasileira e o surgimento de uma nova fronteira agrícola. **Enciclopédia Biosfera**, Centro Científico Conhecer - Goiânia, v.7, n.12; 2011.

GESTEIRA, G.S.; ZAMBIAZZI, E.V.; BRUZI, A.T.; SOARES, I.O.; REZENDE, P.M.; SILVA, K.B. Seleção fenotípica de cultivares de soja precoce para a região Sul de Minas Gerais. **Revista Agroambiental**, v.7, n.3, p.79-88, 2015.

HAMMOND, E. G.; GLATZ, B. A. Biotechnology applied to fats and oils. In: KING, R. CHEETHAM, P.S.J. (Ed.) **Developments in Food Biotechnology**, v.2, pp. 173-217. John Wiley & Sons, New York, 1989.

HARTWIG, E. E.; R.A.S. KIIHL. Identification and utilization of a delayed flowering character in soybean for short-day conditions. **Field Crops Res.** 2:145-151, 1979.

HEIL, C. **Rapid, multi-component analysis of soybeans by FT-NIR Spectroscopy.** Madison: Thermo Fisher Scientific, 2010. 3 p. (Application note: 51954). Disponível em: <<http://www.nicoletcz.cz/userfiles/file/vjecy/soybeans.pdf>> Acesso em: 22 de dezembro de 2016.

HORNER, T.W.; WEBER, C.R. Theoretical and experimental study of self-fertilized populations. *Biometrics*, **Alexandria**, v.37, p.404-414, 1956.

KANG, M. S.; GAUCH Jr., H. G. Genotype by environment interaction. New York: **CRC Press**, 1996. 416 p.

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

LIMA, W. F.; PÍPOLO, A. E.; MOREIRA, J. U. V.; CARVALHO, C. G. P.; PRETE, C. E. C.; ARIAS, C. A. A.; OLIVEIRA, M. F.; SOUZA, G. E.; TOLEDO, J. F. F. Interação genótipo-ambiente da soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no Estado do Paraná, Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, p. 729-736, 2008.

LIU, K. **Soybeans chemistry, technology and utilization.** Gaithersburg: Aspen Publisher, 1999. 532 p.

LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, v.59, n.2, p.341-348, 2002.

MARQUES, M. C.; HAMAWAKI, O. T.; SEDIYAMA, T.; BUENO, M. R.; CRUZ, C. D.; REIS, M.S.; NOGUEIRA, A.P.O. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 27, p. 59-69, 2011.

MENDES, F.F.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Selection index for choosing segregating populations in common bean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.10, p.1312-1318, 2009.

MIRANDA, M.A.C. **Seleção recorrente divergente para peso de sementes e porcentagem de óleo em soja com o uso de machoesterilidade genética.** Tese (Doutorado), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – USP, Piracicaba, 1994. 112p.

MORAES, Rita. M. A. et al. Caracterização bioquímica de linhagens de soja com alto teor de proteína. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.5, p.725-729, 2006.

MORAIS, E.; ZANATTO, A. C. S.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética, interação genótipo solo e ganhos na seleção em teste de progênies de *Corymbia citriodora* Hook em Luiz Antônio, São Paulo. **Scientia Florestalis**, v.38, p.11-18, 2010.

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the method Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v.7, p.40-51, 1978.

MUNIZ, F. R. S. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja**. Tese (Doutorado em Concentração e Melhoramento Genético de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 93p., 2007.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

OLIVEIRA, B.A.; DUARTE, J.B.; PINHEIRO, J.B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.357-364, 2003.

OLIVEIRA, R.L. **Uso dos métodos AMMI e GGE Biplot para análises de adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho e estratificação ambiental**. Dissertação (Mestrado). Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UFLA. 55p. 2009.

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

PELUZIO, J. M. et al. Análise de regressão e componentes principais para estudo da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Scientia Agrária**, v. 09, n. 04, p. 455-462, 2008.

PELUZIO, J. M.; ALMEIDA, R. D.; FIDELIS, R. R.; JÚNIOR, D. A.; BRITO, E. L.; FRANCISCO, E. R. Correlações entre caracteres de soja, em Gurupi, Tocantins. **Revista Ceres**, Viçosa, v.52, n.303, p.779-786, 2005.

PENALVO, J. L. et al. Fatty acid profile of traditional soymilk. **European Food Research Technology**, v.219, n.3, p.251-253, 2004.

PHUL, P.S.; SHARMA, S.R. Screening of soybean germplasm for high protein and high oil lines. **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, v.20, p.68-69, 1993.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15ª edição, Ed. FEALQ, 451p. 2009.

PIRES, Chistiano. V. et al. Qualidade nutricional e escore químico de aminoácidos de diferentes fontes protéicas. **Ciência Tecnologia Alimentos**, v.16, n.1, p.179-187, 2006.

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

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamias. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos e Melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. Cap.

9, p. 201-230.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. UFLA. V.1, p. 365, 2012.

R Development Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2008.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

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

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETO, J. F.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v.59, n.2, p.233-240, 2012.

RINCKER, K.; NELSON, R.; SPECHT, J.; SLEPER, D.; CARY, T.; CIANZIO, S.R.; CASTEEL, S.; CONLEY, S.; CHEN, P.; DAVIS, V.; FOX, C.; GRAEF, G. GODSEY, C.; HOLSHOUSER, D.; JIANG, G.; KANTARTZI, S.K.; KENWORTHY, W.; LEE, C.; MIAN, R.; MCHALE, L.; NAEVE, S.; ORF, J. POYSA, V.; SCHAPAUGH, W.; SHANNON, G.; UNIATOWSKI, R.; WANG, D.; DIERS, B. Genetic improvement of US soybean in maturity groups II, III, and IV. **Crop Science**, v.54, n.4, p.1419-1432, 2014.

ROCHA, M.M.; VELLO, N.A.; LOPES, A.C.A.; TREVISOLI, S.H.U.; MAIA, M.C.C. Correlações entre parâmetros de adaptabilidade e estabilidade da produtividade de óleo em soja. **Ciência Rural**, Vila Maria, v.36, n.3, p.772-777, 2006.

RODRIGUES, J.I.D.; DE MIRANDA, F.D.; FERREIRA, A.; BORGES, L.L.; FERREIRA, M.L.D.; GOOD-GOD, P.I.V.; PIOVESAN, N.D.; DE BARROS, E.G.; CRUZ, C.D.; MOREIRA, M.A. Mapping QTL for protein and oil content in soybean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.5, p.472-480, 2010.

SCABOO, A.M.; CHEN, P.; SLEPER, D.A.; CLARK, K.M. Classical Breeding and Genetics of Soybean. IN: BILYEY, K.; RATNAPARKHE, M.B.; KOLE, C. **Genetics, Genomic and Breeding of Soybean**. CRC Press, 2010. 371p.

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

SEDIYAMA, T. **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Ed. Mecenias, v.1, 2015. 352p.

SEDIYAMA, T. **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Ed. Mecenias, 2009.

SERRACCHIANI, M. M. **Estratégia de purificação por IMAC de fragmento Fab de IgG humana adicionado a extrato proteico de soja**. Dissertação de mestrado. UNICAMP, Campinas, 126p., 2013.

SILVA, L. C. **Estratégias de condução de populações segregantes no melhoramento**

**genético do feijoeiro.** 65 f. Tese (doutorado) – Universidade Federal de Viçosa (UFV). 2009.

SILVA, J.A. da. Avaliação do Programa Nacional de Produção e Uso do Biodiesel no Brasil – PNPB. **Revista de Política Agrícola**, v.22, p.18-31, 2013.

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. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n.2, 2015.

SILVA, K.B. **Plasticidade fenotípica e análise de QTL para qualidade de sementes em soja.** 108 p. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2016.

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

SOARES, I.O. **Homeostase de cultivares de soja em diferentes ambientes e densidades de semeadura.** 76 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2015.

SOARES, I.O.; REZENDE, P.M.; BRUZI, A.T.; ZAMBIAZZI, E.V.; FELISBERTO, G.; ZUFFO, A.M.; SILVA, K.B.; GWINNER, R. Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.3, p.8995-9003, 2015.

SORDI, D. **Parâmetros genéticos em populações de soja derivadas de cruzamentos simples e múltiplos, conduzidas por três diferentes métodos de avanço de gerações.** 2010. viii, 65 f. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2010.

SOUSA, L.B.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; BATISTA, R.O.; OLIVEIRA, V.M.; HAMAWAKI, R.L. Evaluation of soybean lines and environmental stratification using the AMMI, GGE biplot, and factor analysis methods. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.4, p.12660-12674, 2015.

TAJUDDIN, T. Analysis of quantitative trait loci for protein and lipids contents in soybean seeds using recombinant inbred lines. **Breeding Science**, Tokyo, v.53, n.2., p.133-140, 2003.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE (USDA). **World Agricultural Supply and Demand Estimates.** Disponível em: <<http://www.usda.gov/oce/commodity/wasde/latest.pdf>>. Acesso em: 29 de dezembro de 2016.

VASCONCELOS, E.S.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D.; SEDIYAMA, T.; SCAPIM, C. A. Adaptability and stability of semilate and late maturing soybean genotypes in Minas Gerais state. **Acta Scientiarum**. Maringá, v. 32, n. 3, p. 411-415, 2010.

VELLO, N.A. **Métodos de Melhoramento de Soja.** In: I SIMPÓSIO SOBRE CULTURA E PRODUTIVIDADE DA SOJA, 1992, Piracicaba, Anais... Piracicaba, FEALQ, 1992. p. 40-59.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hafer. **Zeitschrift Fur Pflanzenzuchtung**, v.52, p.127-138, 1965.

YAN, W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, v.40, n.3, p.597-605, 2000.

YAN, W.; HOLLAND, J.B. A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. **Euphytica**, v.171, n.3, p.355-369, 2010.

YAN, W. GGE Biplot vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis. **Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics**, v.65, n.2, p.181-193, 2011.

ZIMBACK, L.E.D. **Cruzamentos em cadeia entre genótipos adaptados e exóticos de soja com ênfase na produção de óleo**. Tese (Doutorado), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – USP, Piracicaba, 1992. 178p.

## APÊNDICE

**Tabela 1** – Resumo da análise de variância de 22 linhagens, na cidade de Conceição das Alagoas – MG, durante o ano agrícola 2014/15.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	21	0.00	0.00	0.00	0.00
Blocos	3	0.00	0.00	-	-
F		4.38	95.78	5.21	9.76
CVe (%)		18.89	3.23	2.87	2.45
Acurácia		0.88	0.99	0.90	0.95
Média Geral		48.90	114.53	22.73	36.32

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 2** – Resumo da análise de variância de 22 linhagens, na cidade de Iraí de Minas – MG, durante o ano agrícola 2014/15.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	21	0.00	0.00	0.01	0.00
Blocos	3	0.39	0.03	-	-
F		3.92	19.42	2.98	6.06
CVe (%)		21.43	5.43	2.94	2.36
Acurácia		0.86	0.97	0.81	0.91
Média Geral		52.25	123.78	22.38	36.43

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 3** – Resumo da análise de variância de 22 linhagens, na cidade de Presidente Olegário – MG, durante o ano agrícola 2014/15.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	21	0.00	0.00	0.00	0.00
Blocos	3	0.93	0.13	-	-
F		22.57	351.66	7.61	18.63
CVe (%)		8.66	0.82	3.13	1.81
Acurácia		0.98	1.00	0.93	0.97
Média Geral		60.80	119.76	21.85	36.99

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 4** – Resumo da análise de variância de 22 linhagens, na cidade de Sacramento – MG, durante o ano agrícola 2014/15.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	21	0.00	0.00	0.00	0.00
Blocos	3	0.00	0.05	-	-
F		14.05	278.67	3.40	6.76
CVe (%)		9.55	1.44	3.91	2.63
Acurácia		0.96	1.00	0.84	0.92
Média Geral		54.83	121.92	22.25	36.14

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 5** – Resumo da análise de variância de 22 linhagens, na cidade de Uberaba – MG, durante o ano agrícola 2014/15.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	21	0.00	0.00	0.00	0.00
Blocos	3	0.20	0.02	-	-
F		4.32	95.14	10.93	8.13
CVe (%)		14.10	1.91	2.46	1.87
Acurácia		0.88	0.99	0.95	0.94
Média Geral		43.64	113.64	21.47	37.29

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 6** – Resumo da análise de variância de 22 linhagens, na cidade de Muzambinho – MG, durante o ano agrícola 2014/15.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F	
		Produtividade	MA
Linhagens	21	0.00	0.00
Blocos	3	0.99	0.70
F		4.32	16.36
CVe (%)		15.83	2.73
Acurácia		0.88	0.97
Média Geral		65.89	131.60

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 7** – Resumo da análise de variância de 25 linhagens, na cidade de Água Comprida – MG, durante o ano agrícola 2015/16.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	24	0.00	0.00	0.22	0.00
Blocos	3	0.00	0.28	-	-
F		4.18	8.89	1.38	4.14
CVe (%)		11.01	5.95	4.91	2.22
Acurácia		0.87	0.94	0.52	0.87
Média Geral		54.87	109.21	21.76	38.09

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 8** – Resumo da análise de variância de 25 linhagens, na cidade de Buritizeiro – MG, durante o ano agrícola 2015/16.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	24	0.00	0.00	0.07	0.00
Blocos	3	0.07	0.05	-	-
F		8.66	15.26	1.81	3.37
CVe (%)		7.82	2.90	3.80	2.11
Acurácia		0.94	0.97	0.67	0.84
Média Geral		55.57	100.74	21.52	38.31

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 9** – Resumo da análise de variância de 25 linhagens, na cidade de Conceição das Alagoas – MG, durante o ano agrícola 2015/16.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	24	0.00	0.00	0.01	0.01
Blocos	3	0.07	0.07	-	-
F		3.52	96.07	2.70	2.91
CVe (%)		12.84	1.34	4.74	2.61
Acurácia		0.85	0.99	0.79	0.81
Média Geral		67.12	109.35	22.20	37.81

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 10** – Resumo da análise de variância de 25 linhagens, na cidade de Pedrinópolis – MG, durante o ano agrícola 2015/16.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	24	0.01	0.00	0.01	0.00
Blocos	3	0.01	0.69	-	-
F		2.22	79.22	2.72	7.69
CVe (%)		13.27	1.22	3.81	1.75
Acurácia		0.74	0.99	0.80	0.93
Média Geral		68.05	114.75	21.98	37.48

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 11** – Resumo da análise de variância de 25 linhagens, na cidade de Presidente Olegário – MG, durante o ano agrícola 2015/16.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	24	0.00	0.00	0.01	0.00
Blocos	3	0.00	0.00	-	-
F		4.41	1508.40	2.67	4.60
CVe (%)		8.69	0.36	3.58	1.97
Acurácia		0.88	1.00	0.79	0.88
Média Geral		61.91	105.94	22.57	37.35

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 12** – Resumo da análise de variância de 25 linhagens, na cidade de Sacramento – MG, durante o ano agrícola 2015/16.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	24	0.00	0.00	0.00	0.00
Blocos	3	0.00	0.00	-	-
F		4.74	577.00	4.64	8.81
CVe (%)		7.63	0.29	3.16	1.80
Acurácia		0.89	1.00	0.89	0.94
Média Geral		76.67	120.07	21.86	37.07

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 13** – Resumo da análise de variância de 25 linhagens, na cidade de Uberaba – MG, durante o ano agrícola 2015/16.

Fonte de Variação	G.L.	Pr>F			
		Produtividade	MA	Óleo	Proteína
Linhagens	24	0.02	0.00	0.03	0.00
Blocos	3	0.00	0.00	-	-
F		1.87	4.387E+28	2.12	3.84
CVe (%)		10.66	0.00	5.09	2.48
Acurácia		0.68	1.00	0.73	0.86
Média Geral		71.53	111.13	21.48	38.24

G.L.: Graus de liberdade; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 14** – Resumo da análise de deviance conjunta de 22 linhagens, avaliadas em 6 locais durante o ano agrícola 2014/15.

Fonte de Variação	Produtividade		MA		Óleo		Proteína	
	Var.	p-valor	Var.	p-valor	Var.	p-valor	Var.	p-valor
L x A	26.19	1e-10 **	26.30	<2e-16 **	0.33	2e-05 **	0.82	2e-09 **
Rep(A)	0.00	1	0.86	0.003 **	-	-	-	-
Ambientes (A)	62.79	2e-11 **	42.14	2e-12 **	0.21	1e-05 **	0.18	0.009 **
Resíduo	68.08	-	13.33	-	0.47	-	0.67	-
Efeito fixo:	F	Pr(>F)	F	Pr(>F)	F	Pr(>F)	F	Pr(>F)
Linhagens (L)	9.56	0.00	29.14	0.00	7.26	0.00	9.23	0.00
CVe (%)		15.26		9.93		4.08		3.99
Acurácia		0.95		0.98		0.93		0.94
Média geral		54.39		120.87		22.13		36.63

Var.: Variância; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta; \*\* significativo a 1% de probabilidade; \* significativo a 5% de probabilidade; n.s. não significativo. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 15** – Resumo da análise de deviance conjunta de 25 linhagens, avaliadas em 7 locais durante o ano agrícola 2015/16.

Fonte de Variação	Produtividade		MA		Óleo		Proteína	
	Var.	p-valor	Var.	p-valor	Var.	p-valor	Var.	p-valor
L x A	15.33	2e-10 **	9.50	<2e-16 **	0.09	0.2	0.22	0.001 **
Rep(A)	10.99	2e-16 **	0.40	0.004 **	-	-	-	-
Ambientes (A)	62.18	3e-07 **	37.50	<2e-16 **	0.13	3e-06 **	0.21	7e-09 **
Resíduo	47.57	-	8.05	-	0.85	-	0.67	-
Efeito fixo:	F	Pr(>F)	F	Pr(>F)	F	Pr(>F)	F	Pr(>F)
Linhagens (L)	5.06	0.00	23.50	0.00	7.87	0.00	13.21	0.00
CVe (%)		6.90		5.68		3.46		2.70
Acurácia		0.90		0.98		0.93		0.96
Média geral		65.22		110.17		21.91		37.76

Var.: Variância; CVe: Coeficiente de variação; MA: maturação absoluta; \*\* significativo a 1% de probabilidade; \* significativo a 5% de probabilidade; n.s. não significativo. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 16** – Médias obtidas das 22 linhagens para todas as características, avaliadas em 6 locais durante o ano agrícola 2014/15.

Linhagem	Produtividade	Maturação absoluta	Óleo	Proteína
18	68.79 a	139.08 a	22.07 g	34.34 l
14	67.53 b	134.54 c	21.58 i	34.64 k
5	67.16 b	135.67 b	21.88 h	36.32 g
3	59.92 c	129.58 f	22.39 e	36.60 f
15	59.59 c	131.54 e	21.83 h	34.83 j
20	58.64 d	128.88 g	21.75 h	37.34 d
17	58.01 d	133.54 d	22.48 d	35.76 h
6	56.45 e	114.50 m	23.71 a	36.82 e
19	56.43 e	131.63 e	22.20 f	35.90 h
13	56.43 e	116.00 l	21.43 j	37.66 c
4	55.93 e	127.88 h	21.76 h	36.81 e
21	53.97 f	124.79 i	22.52 d	34.89 j
2	53.44 f	120.92 j	22.72 c	36.72 e
1	53.31 f	114.32 m	23.77 a	35.19 i
7	53.23 f	113.88 n	22.73 c	37.30 d
12	52.92 f	117.04 k	22.99 b	37.38 d
16	51.63 g	125.08 i	22.39 e	35.81 h
10	48.60 h	107.33 p	21.90 h	37.21 d
11	46.39 i	110.58 o	22.30 e	37.99 b
22	41.21 j	100.29 r	21.25 k	37.79 c
8	40.32 j	102.83 q	19.30 l	40.82 a
9	36.61 k	99.33 s	22.01 g	37.83 c
Média geral	54.39	120.87	22.13	36.63

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo, de acordo com teste de Scott-Knott (1974) realizado a 5% de probabilidade. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 17** – Médias obtidas das 25 linhagens para todas as características, avaliadas em 7 locais durante o ano agrícola 2015/16.

Linhagem	Produtividade	Maturação absoluta	Óleo	Proteína
3	78.71 a	120.93 b	22.64 d	36.77 l
1	71.57 b	105.21 n	23.01 b	36.19 n
4	69.14 c	119.75 c	22.01 f	37.37 j
24	68.11 d	107.39 j	21.39 i	38.28 e
2	67.82 d	109.93 g	22.15 e	37.19 k
38	67.47 d	105.11 n	22.75 d	36.01 o
34	67.33 d	106.71 k	21.81 g	38.16 f
32	66.33 e	103.86 o	22.19 e	38.63 d
36	66.24 e	105.96 m	20.60 l	39.66 a
5	66.17 e	124.48 a	21.63 h	36.21 n
35	65.87 e	108.82 h	20.95 j	38.56 d
14	65.67 e	108.93 h	20.88 k	38.73 c
25	65.24 f	105.96 m	22.14 e	37.99 g
30	65.23 f	113.17 d	22.21 e	37.85 h
11	64.96 f	100.68 p	21.95 f	37.56 i
27	64.63 g	112.12 e	20.84 k	38.96 b
28	64.47 g	105.70 m	23.53 a	37.84 h
13	64.35 g	106.29 l	22.61 d	37.84 h
37	63.99 g	111.71 f	21.29 i	38.60 d
39	62.38 h	105.89 m	21.62 h	38.06 g
29	60.85 i	108.67 h	22.30 e	38.37 e
40	60.03 j	108.36 i	21.04 j	37.65 i
33	59.03 k	124.63 a	22.06 e	35.99 o
26	58.63 k	111.96 e	21.26 i	39.09 b
31	56.20 l	112.03 e	22.84 c	36.52 m
Média geral	64.14	109.47	21.82	37.90

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo, de acordo com teste de Scott-Knott (1974) realizado a 5% de probabilidade. Fonte: Do autor, 2016.

**Tabela 18** – Médias ajustadas das 39 linhagens nos 13 ambientes, para todas as características.

Linhagem	Produtividade	Maturação absoluta	Óleo	Proteína
18	75.26 a	134.39 a	22.02 k	34.64 r
14	74.00 b	129.85 b	21.17 q	37.02 l
3	70.04 c	124.92 e	22.54 g	36.70 m
5	66.67 d	129.64 b	21.73 n	36.25 n
15	66.06 d	126.85 d	21.78 m	35.13 q
20	65.12 e	124.19 f	21.70 n	37.64 i
17	64.48 f	128.85 c	22.43 h	36.06 o
1	63.23 g	109.42 s	23.33 c	35.77 p
4	63.05 g	123.50 g	21.90 l	37.14 k
6	62.92 g	109.81 r	23.67 a	37.12 k
19	62.90 g	126.94 d	22.15 k	36.20 n
23	62.56 g	111.41 p	21.42 o	38.06 f
37	61.92 h	109.13 t	22.79 e	35.79 p
33	61.78 h	110.73 q	21.84 m	37.94 g
13	61.41 i	112.19 o	22.12 k	37.77 h
2	61.18 i	115.00 m	22.39 h	36.99 l
31	60.79 j	107.88 u	22.22 j	38.41 e
35	60.70 j	109.98 r	20.63 t	39.45 b
21	60.44 j	120.10 i	22.47 g	35.19 q
34	60.33 j	112.84 n	20.98 r	38.35 e
7	59.70 k	109.19 t	22.69 f	37.60 i
29	59.70 k	117.19 j	22.25 j	37.64 i
24	59.70 k	109.98 r	22.17 k	37.77 h
12	59.07 l	111.25 p	22.94 d	37.68 h
26	59.06 l	116.14 k	20.88 s	38.75 d
27	58.90 l	109.73 r	23.56 b	37.62 i
36	58.45 m	115.73 l	21.32 p	38.38 e
16	58.01 m	120.39 h	22.34 i	36.11 o
10	57.41 n	103.75 w	21.86 m	37.51 j
38	56.83 n	109.91 r	21.65 n	37.85 h
28	55.23 o	112.68 n	22.34 i	38.16 f
39	54.49 p	112.38 o	21.07 r	37.44 j
32	53.44 q	128.70 c	22.10 k	35.78 p
25	53.08 q	115.98 k	21.30 p	38.87 c
11	52.86 q	105.89 v	22.10 k	37.74 h
30	50.59 r	116.01 k	22.87 d	36.30 n
22	47.67 s	95.60 y	21.20 q	38.10 f
8	46.79 t	98.14 x	19.26 u	41.12 a
9	43.08 u	94.64 z	21.96 l	38.13 f
<b>Média geral</b>	<b>59.72</b>	<b>114.90</b>	<b>21.98</b>	<b>37.34</b>

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo, de acordo com teste de Scott-Knott (1974) realizado a 5% de probabilidade. Fonte: Do autor, 2016.