

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE SOJA NA REGIÃO
SUL DO BRASIL POR MEIO DE MODELAGEM MISTA**

Gustavo Capato Herrera¹, Juliana Parisotto Poletine¹, Silene Tais Brondani¹; Marco Antônio Aparecido Barelli²; Valvenarg Pereira da Silva²

¹Universidade Estadual de Maringá – UEM, Departamento de Ciências Agrônômicas, Campus de Umuarama, Estrada da Paca s/n, CEP: 87500-000, Bairro São Cristóvão, Umuarama, PR. E-mail: gcherrera@ig.com.br; jppoletine@uem.br; silenetais@outlook.com

²Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, Faculdade de Ciências Agro-Ambientais, Av. São João, s/nº, CEP 78200-000 Cáceres, MT. E-mail: mbarelli@unemat.br; silvabiologo@hotmail.com

RESUMO: O presente trabalho teve como objetivo reunir informações sobre a utilização de metodologia alternativa na adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja do Programa de Melhoramento Genético da Empresa *Bayer Crop Science*, na geração F₈ e quatro referências comerciais em três latitudes distintas na região sul do Brasil, por meio de modelagem mista REML/BLUP. Os tratamentos foram dispostos num delineamento em blocos casualizados com 40 genótipos e três repetições no ano agrícola de 2013/2014, nos municípios de Cascavel e Ponta Grossa, estado do Paraná e Passo Fundo, Rio Grande do Sul. As seguintes características foram avaliadas: ciclo vegetativo, ciclo total, acamamento, altura de plantas (cm), altura de inserção das vagens inferiores (cm) e produtividade de grãos (kg ha⁻¹). Os dados obtidos foram submetidos à Análise de Deviance (ANADEV) e significância via teste da razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de genótipos e interações. Posteriormente realizou-se a análise de estabilidade e adaptabilidade dos genótipos utilizando-se método da média harmônica da *performance* relativa do valor genotípico (MHPRVG). O método (MHPRVG) predito foi eficiente para estimar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos estudados. As linhagens G29, G31, G14, G26, G33, G10, G30 e G12 foram indicadas como superiores devido a apresentarem os maiores valores preditivos da média de adaptabilidade e estabilidade. Após a análise dos artigos publicados em periódicos especializadas, verificou-se que o método (MHPRVG) predito foi eficiente para estimar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos estudados. Tal metodologia, por meio de modelos mistos, mostra-se uma abordagem de grande utilidade na avaliação e capitalização da interação G x A quando se trata de um conjunto de dados desbalanceados.

PALAVRAS-CHAVE: *Glycine max.* (L.) Merrill, interação genótipos x ambientes, produtividade de grãos.

**ADAPTABILITY AND STABILITY OF SOYBEAN LINEAGES IN BRAZIL
SOUTHERN REGION THROUGH MIXED MODELING**

ABSTRACT: The objective of this work was to join information relational to the use of alternative methodology over adaptability and stability of experimental lineages, from Crop Breeding Soybean Program belonging to *Bayer Crop Science*, at F₈ generation and four commercial checks in three distinct latitudes at Brazil Southern region through mixed modeling methodology Residual Maximum Likelihood (REML) - Best Linear Unbiased Prediction (BLUP). Treatments were disposed in a randomized complete block with 40 genotypes and three repetitions in 2013/2014 agricultural year, in the city of Cascavel and Ponta Grossa, in the State of Paraná, and in the city of Passo Fundo, in the state of Rio Grande do Sul State. The following characteristics were evaluated: vegetative cycle, total cycle, plants laid-down, plants height (cm), insertion height of inferior pods (cm) and grain yield (kg ha⁻¹). Data were submitted to analysis of deviance and significance by (likelihood ratio test or LRT)

for genotypes effects and interactions. Lately it was conducted analysis of stability and adaptability by using method of harmonic mean of relative performance of genotypic value (MHPRVG). MHPRVG predict method was efficient for estimating adaptability and stability of studied genotypes. G29, G31, G14, G26, G33, G10, G30 and G12 lines were indicated as superior since showed the major predict values of adaptability and stability means. After the analysis of published papers in specialized journals, it was found that MHPRVG method predicted was efficient to estimate the adaptability and stability of studied genotypes. This methodology, through mixed models, is a very useful approach in the evaluation and capitalization of G x E interaction when it comes to a set of unbalanced data.

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

INTRODUÇÃO

A espécie *Glycine max* (L) Merrill é considerada um das principais fontes de proteína e óleo vegetal do mundo, uma vez que seu cultivo comercial é utilizado para alimentação humana e animal por milênios. A proteína processada (torta ou farelo) é utilizada como suplemento proteico nas rações animais. O óleo de soja é amplamente utilizado pela população brasileira, sendo consumido diretamente ou em alimentos processados (ABIOVE, 1997).

O Brasil e os Estados Unidos são os maiores produtores e fornecedores desta matéria prima. No ano agrícola 2013/14, os Estados Unidos foram os maiores produtores e responsáveis por 88,7 milhões de toneladas, seguidos do Brasil produzindo 88 milhões de toneladas e Argentina responsável por 53,5 milhões de toneladas (FAO, 2014).

O melhoramento genético da cultura da soja é um processo contínuo de desenvolvimento de novas cultivares. Os programas de melhoramento são focados em objetivos gerais e específicos e visam à solução das limitações reais ou potenciais das cultivares frente aos fatores bióticos e abióticos que interferem na produção da soja. As hibridações são realizadas para criar variabilidade genética e as populações segregantes são conduzidas por métodos tradicionais de melhoramento de plantas autógamas, permitindo a seleção e a avaliação de genótipos com características agronômicas desejadas. A criação de novas cultivares têm sido uma das tecnologias que contribuem para aumentos de produtividade e estabilidade de produção, sem custos adicionais ao agricultor. Uma cultivar de soja deve apresentar alta produtividade, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes na região onde é recomendada (Almeida et al., 2011).

O cultivo extensivo da soja, contemplando ambientes diversificados, provoca uma resposta diferencial dos genótipos. Assim, a interação entre genótipos e ambientes (G x A)

representa aspecto relevante no contexto do melhoramento. O entendimento desse fenômeno torna-se imprescindível aos programas de melhoramento em que se buscam minimizar a inconsistência das características relacionadas à produtividade diante da variação ambiental, para recomendações mais acertadas (Duarte e Vencovsky, 1999). A interação significativa também reduz a correlação entre os valores genotípicos e fenotípicos, diminuindo os ganhos genéticos com a seleção e dificultando o trabalho dos melhoristas (Nunes, 2000).

Conforme citam Polizel et al. (2013), a expressão do potencial produtivo da cultura da soja é função dos componentes genético e ambiental e da interação entre ambos. Isso dificulta a seleção e a avaliação do potencial produtivo dos genótipos. Como consequência, é necessário realizar extensiva avaliação para a identificação de genótipos superiores em produtividade e estabilidade de produção, em certa amplitude de ambientes que representem os efeitos limitantes do clima, solo e das pragas e doenças.

A interação G x A trata-se de um componente da variação fenotípica resultante do comportamento diferencial apresentado por cada genótipo, nos caracteres quantitativos (Yan e Kang, 2002). Já as análises de adaptabilidade e estabilidade são fundamentais para identificação de cultivares com comportamento previsível, responsivas às variações ambientais em condições específicas e com amplitude (Cruz et al., 2004).

As metodologias para análise de estabilidade e adaptabilidade fenotípica destinam-se à avaliação de um grupo de genótipos testados em vários ambientes, e são de fundamental importância no caso da existência da interação genótipo com ambiente, sendo complementares às análises de variância individual e conjunta, com dados experimentais resultantes de ensaios realizados em uma série de ambientes (Lavoranti, 2003).

Diversos métodos têm sido propostos para investigar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica. A diferença entre eles baseia-se nos próprios conceitos e procedimentos biométricos para medir a interação G x A. Destacam-se os procedimentos baseados na variância da interação G x A (Wricke, 1965); regressão linear simples (Eberhart e Russel, 1966; Perkins e Jinks, 1968) e múltipla (Cruz et al., 1989; Storck e Vencovsky, 1994); regressão quadrática (Brasil e Chaves, 1994); modelos não lineares (Toler e Burrows, 1998; Silva, 1998; Rosse e Vencovsky, 2000) e não paramétricos, como a ordem de classificação genotípica (Hühn, 1996); métodos multivariados, como ACP (Crossa, 1990), análise de agrupamento (Hanson, 1994), análise fatorial de correspondências (Hill, 1974) e análise de coordenadas principais (Westcott, 1987) e métodos que integram a análise comum de

variância (método univariado) com análise de componentes principais (método multivariado), como é o caso da análise AMMI, sugerida por Gauch e Zobel (1996).

Os procedimentos de análise de interação genótipo x ambiente evoluíram da tradicional ANOVA conjunta de experimentos, passando pelos métodos de estudo da estabilidade e adaptabilidade fenotípica baseados em análise de regressão, pelos métodos não paramétricos para estabilidade e adaptabilidade e pelos modelos multiplicativos (AMMI) para os efeitos de interação. Tais procedimentos apresentam limitações para lidar com dados desbalanceados, delineamentos experimentais não ortogonais (blocos incompletos) e com a heterogeneidade de variâncias entre os vários locais de experimentação, situações que são corriqueiras na experimentação de campo. Além do mais, tais metodologias assumem que os efeitos de tratamentos genéticos são fixos, o que é desvantajoso e incoerente com a prática simultânea da estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos (herdabilidade) realizada com base nestes experimentos (Resende, 2007).

Com base no exposto, e pela escassez de informações, o objetivo deste trabalho foi compilar informações sobre o desempenho de linhagens de soja desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético vegetal da Empresa Bayer *Crop Science*, quanto à produtividade de grãos, utilizando-se o método da média harmônica da *performance* relativa do valor genotípico (MHPRVG) predito.

GENERALIDADES SOBRE A CULTURA DA SOJA

A soja apresenta como centro de origem a China e foi introduzida no Brasil em 1882, no Estado da Bahia; em 1891, em São Paulo; e, no ano de 1914, no Rio Grande do Sul, sendo considerado o marco inicial da produção comercial a década de 1940 (Verneti, 1983). Nas décadas de 60 a 80, houve um significativo aumento da área plantada. Em 1970, menos de 2% da produção nacional de soja era colhida no Centro-Oeste. Em 1980, esse percentual passou para 20%, em 1990 já era superior a 40%, com tendências a ocupar maior espaço a cada nova safra (EMBRAPA, 2000).

Atualmente, a soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma importante leguminosa que ocupa lugar de destaque no cenário mundial. Segundo dados da USDA (2014), a produção de soja no mundo, na safra 2013/2014, alcançou 283,9 milhões de toneladas, com área plantada de 113,1 milhões de hectares. Os Estados Unidos ocuparam a posição de maior produtor mundial do grão, com produção de 89,5 milhões de toneladas, área plantada de 30,7 milhões de hectares e produtividade média de 2915 kg ha⁻¹.

O Brasil, para a mesma safra 2013/2014, classificou-se como o segundo maior produtor mundial do grão, com produção de 85,7 milhões de toneladas em área plantada de 30,1 milhões de hectares, alcançando produtividade média de 2842 kg ha⁻¹ (com quebra de produção). O estado do Mato Grosso destacou-se como o maior produtor brasileiro de soja, com produção de 26,4 milhões de toneladas, numa área plantada de 8,6 milhões de hectares, resultando em produtividade média de 3069 kg ha⁻¹ (CONAB, 2014).

No estado do Paraná, a soja foi introduzida por agricultores gaúchos que emigraram para o sudoeste e, então, para o oeste do Estado. A produção no Paraná cresceu rapidamente até atingir 60.000 toneladas, na década de 60. Entre as décadas de 60 e 80, houve significativo aumento da área plantada. Atualmente, o estado do Paraná constitui-se no segundo produtor brasileiro de soja, com produção de 14,8 milhões de toneladas, área plantada de, aproximadamente, 5,0 milhões de hectares e produtividade média de 2945 kg ha⁻¹ (CONAB, 2014).

O rendimento tem aumentado significativamente nos últimos anos, não apenas por ganhos obtidos pelo melhoramento genético, mas também pela utilização de tecnologias nas áreas de práticas de manejo da cultura e pela utilização de equipamentos mais apropriados às condições brasileiras (EMBRAPA, 2000).

A soja constitui uma cultura de grande interesse socioeconômico, em função dos teores elevados de proteína (40%) e óleo (20%), e do alto rendimento de grãos. Atualmente, no Brasil, é cultivada em considerável diversidade de ambientes, desde as altas latitudes (Sudeste e Sul) até as baixas latitudes equatorial-tropicais (Centro-Oeste, Nordeste e Norte). Neste sentido, a seleção de genótipos com elevada produtividade e capacidade de adaptação a uma ampla faixa de ambientes é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético (Rocha e Vello, 1999).

A espécie é essencialmente uma espécie autógama com flores perfeitas, estando os órgãos masculinos e femininos protegidos dentro da corola. A cor da flor da soja pode ser branca ou púrpura, sendo que a tonalidade de púrpura varia de acordo com a constituição genética da cultivar. Antocianina é o pigmento responsável pela coloração púrpura das pétalas da flor, também sendo encontrada no hipocótilo e, durante o processo de maturação, nas paredes das vagens, pecíolos e haste principal, quando expostos a intensos raios solares (Beard e Knowles, 1971).

O germoplasma de soja possui grande diversidade quanto ao ciclo (número de dias da emergência à maturação). De modo geral, as variedades brasileiras variam o ciclo entre 100 a

160 dias e, para determinadas regiões, podem ser classificadas em grupos de maturação precoce, semiprecoce, médio e tardio. O ciclo total da planta pode ser dividido em duas fases, vegetativa e reprodutiva. A fase vegetativa é o período da emergência da plântula até abertura das primeiras flores, e a fase reprodutiva compreende o período da floração plena até a maturação (Borém e Miranda, 2013).

A estatura da planta é altamente dependente das condições ambientais e do genótipo da variedade. No Brasil, variedades comerciais normalmente apresentam estatura média de 60 a 120 cm. Segundo Van Schaike Probst (1958), o número de flores produzidas é maior do que aquele que a planta pode converter em vagens, sendo que a planta pode emitir 800 flores com uma taxa de fertilização de 13 a 57%, dependendo do genótipo e das condições ambientais. O período total de florescimento pode durar de três a cinco semanas (Verneti, 1983).

O hábito de crescimento também interfere no porte da planta e, com relação a esta característica, a espécie pode ser classificada em crescimento determinado, indeterminado e semi-determinado. Essa classificação é baseada no tipo de crescimento da haste principal. Genótipos de hábito de crescimento determinado caracterizam-se por apresentar plantas com caules terminando em racemos florais. Por outro lado, plantas com hábito de crescimento indeterminado não apresentam racemos terminais, a planta continua desenvolvendo nós e alongando o caule, de forma que continua seu crescimento até o final da floração. Nos tipos semi-determinados, a semelhança dos indeterminados, o florescimento e o desenvolvimento de novos nós terminam mais abruptamente (Sediyama, et al., 1999).

Nas raízes, tem lugar a simbiose da bactéria *Rhizobium japonicum* com a soja. Através do processo simbiótico, as bactérias retiram do ar e fornecem às plantas quantidade de nitrogênio correspondente a uma adubação de cerca de 100 kg ha⁻¹ de N e recebem em troca os hidratos de carbono de que necessitam para cumprirem seus ciclos biológicos. Ao completar cada fase do desenvolvimento da planta corresponde a maior penetração do sistema radicular no perfil do solo e proliferações de raízes. O peso seco das raízes está concentrado na porção superior do perfil; 90% ou mais nos primeiros 7,5 cm, quando no início do crescimento das plantas, e nos primeiros 15 cm, durante o restante do ciclo (Verneti, 1983).

A fotossíntese é um dos processos que contribui para o rendimento, sendo a soja uma das espécies cuja fotossíntese é menos eficiente. A identificação das diferenças genéticas na fotossíntese líquida é de grande significância para o melhoramento genético da soja. A taxa de assimilação do CO₂ determinada no campo é menor que a taxa verdadeira devido à fotorrespiração (oxidação de hidratos de carbono induzida pela luz, na ausência de qualquer

mecanismo acoplador de energia conhecida) e à inibição fotossintética determinada pelo oxigênio (Borém e Miranda, 2013).

Garner e Allard (1920) foram os primeiros pesquisadores a verificarem a importância do comprimento do dia como um dos fatores do ambiente a atuar no processo de indução floral da soja. Chamaram este fenômeno de fotoperiodismo e classificaram a soja como espécie de dias curtos, isto é, induzida a florescer quando o comprimento do dia é menor que determinado nível crítico, específico para cada genótipo. No início da década de 1940, os dados básicos sobre como o período de luz e escuridão que podem ser manipulados para controlar o florescimento da soja tinham sido definido.

Segundo os mesmos autores, buscou-se então, evidências sobre a existência de um hormônio do florescimento, os mesmos autores relatam que a duração do período de escuridão e não o número de luz determina a indução do florescimento. Isto porque, independente da duração do fotoperíodo, o florescimento ocorreu em plantas submetidas a períodos longos de escuridão, bem como um minuto de luz durante o período de escuridão impediu o florescimento. A soja permanece no estágio vegetativo quase indefinidamente, se os dias forem suficientemente grandes, ou florescem com cerca de 30 dias, se os dias forem curtos. A indução do florescimento se dá nas folhas, a soja pode ser induzida ao florescimento desde o aparecimento das folhas primárias.

A qualidade da luz também tem importância no controle do florescimento, todo espectro visível inibe o florescimento, mas a energia necessária para impedir esse processo é sessenta vezes maior na região do verde do que na região do vermelho. Tanto o infravermelho como o ultravioleta parecem não afetar o processo (Vernetti, 1983).

INTERAÇÃO GENÓTIPO COM AMBIENTE

O genótipo de uma planta é definido por genes hereditários e a expressão desses genes em um determinado ambiente é denominada fenótipo. A diversidade ambiental seja por latitude, altitude e demais fatores, influenciam na produtividade e outras características que são determinadas por efeitos genéticos, ambientais e da interação entre eles (Hall, 2001). Efeitos ambientais são geralmente notados em caracteres quantitativos, nos quais um grande número de genes controla a expressão, sendo assim, o fenótipo deixa de ser um bom estimador do genótipo (Yan e Kang, 2002).

A interação $G \times A$ é um componente da variação fenotípica resultante do comportamento diferencial apresentado pelos genótipos, quando submetidos a mais de um

ambiente. A avaliação desta interação torna-se de grande importância no melhoramento, pois, no caso de sua existência, há possibilidades de o melhor genótipo em um ambiente não ser em outro, influenciando o ganho de seleção e dificultando a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade (Cruz et al., 2004).

Devido à presença universal da interação genótipo x ambiente (G x A) de características quantitativas, avaliações genóticas em, pelo menos, estágios avançados de melhoramento de plantas são executados em ambientes múltiplos em experimentos planejados. Os principais objetivos destes experimentos são comparar a *performance* genotípica em duas interferências básicas – por exemplo: ampla interferência a performance geral de um genótipo (através dos ambientes), e ambiente específico ou interferência restrita, a performance de um genótipo dentro de um ambiente específico; estimar o componente de interação G x A para calibrar a herdabilidade e seu impacto da seleção, selecionar sites testes e macro ambientes, identificar genótipos especificamente adaptados para ambientes alvos, e estabelecer objetivos de melhoramento genético (Yan e Kang, 2003).

Para a adequada recomendação de genótipos, é necessário a avaliação dos mesmos em diferentes ambientes, que podem ser anos, locais, épocas de semeadura, nível tecnológico, ou qualquer outro fator que não seja genético e que afete a expressão fenotípica. Por este procedimento, pode-se quantificar a interação dos genótipos nos ambientes e, com isso, indicar as variedades mais adequadas aos variados ecossistemas (Rossmann, 2001).

Ao se avaliar a interação, pode-se chegar a três situações (Ramalho et al., 1993): ausência de interação, interação simples e interação complexa. As duas primeiras não causam problemas para a seleção e a recomendação de cultivares aos agricultores, pois não alteram a classificação das cultivares nos vários ambientes, porém, a terceira, por alterar o ordenamento das cultivares frente aos ambientes avaliados, dificulta sensivelmente esta seleção e recomendação.

Ainda segundo Ramalho et al. (1993), considerando um número maior de ambientes e de cultivares, a presença de interação complexa quase sempre indica a existência de cultivares especificamente adaptadas a ambientes particulares. Isso impede que a recomendação de cultivares possa ser feita de maneira generalizada, sendo necessárias medidas que controlem ou minimizem os efeitos da interação para proceder às recomendações mais seguras. A ocorrência de interação complexa entre as cultivares diminuirá a eficiência dos programas de melhoramento, porque não garante a seleção das melhores cultivares para cada ambiente particular.

Existem três modos de atenuar a interação genótipos x ambientes: identificar cultivares específicas para cada ambiente; realizar o zoneamento ecológico ou estratificação ambiental e identificar cultivares com maior estabilidade fenotípica. Essa última opção é a que tem sido mais utilizada, por poder ser aplicada nas mais variadas situações, requerendo estudos sobre a *performance* genotípica, com base nos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, pelos quais torna-se possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (Vencovsky e Barriga, 1992; Cruz et al., 2004).

O cultivo extensivo da soja, contemplando ambientes diversificados, provoca uma resposta diferencial dos genótipos. Neste sentido, a interação G x A (interação de genótipo e ambiente) representa aspecto relevante no contexto do melhoramento. Assim sendo, Duarte e Vencovsky (1999) afirmam que o entendimento deste fenômeno torna-se imprescindível aos programas de melhoramento que procuram minimizar a inconsistência das características relacionadas à produtividade frente à variação ambiental, para recomendações mais acertadas.

O comportamento de genótipos pode ser elucidado pelo estudo G x A com sua partição em parâmetros de adaptabilidade (responsividade ao estímulo ambiental) e estabilidade produtiva (previsibilidade de comportamento). Em particular, a estabilidade específica de genótipos a multi ambientes possibilita tirar proveito desse efeito estando, via de regra, associado às elevadas produtividades. Pela mesma razão, sob o ponto de vista de recursos genéticos, a exploração dessa interação feita por meio do zoneamento ecológico é interessante para manter a variabilidade genética da espécie, principalmente, porque a soja cultivada possui base genética estreita.

Contudo, para que seja possível tirar proveito desses efeitos positivos, de acordo com Duarte e Zimmerman (1995), é preciso dispor de métodos estatísticos adequados para se estimar e explorar a interação, permitindo assim recomendações regionalizadas.

A soja é cultivada em praticamente todas as regiões do Brasil, as quais apresentam grande diversidade ambiental. Apesar dessa diversidade, a produtividade média obtida nos vários ambientes de teste é o critério de recomendação de cultivares, em programas de melhoramento de soja que buscam selecionar genótipos de adaptação ampla de três grupos de maturação precoce, até 115 dias da emergência à maturação; semiprecoce, de 116 até 125 dias; e médio, de 126 até 137 dias. Genótipos de adaptação ampla facilitam o processo de transferência de tecnologia e a logística de produção de sementes. A indicação de uma cultivar, para todas as regiões, desconsidera opções de cultivares com adaptações específicas

a um tipo de ambiente, como por exemplo, para a região Norte/Oeste, de clima mais quente, ou para a região Sul, de altitudes maiores e clima mais ameno. A possibilidade de estratificação em sub-regiões com características ambientais semelhantes, para fins de seleção e indicação de genótipos de soja, pode ser verificada a partir de estudos de interações G x A (Allard e Bradshaw, 1964; Ramalho et al., 1993; Alliprandini et al., 1994; Carvalho et al., 2002).

METODOLOGIAS PARA ANÁLISE DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA

Estudos a respeito da interação genótipo x ambiente, apesar de serem de grande importância para o melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais (Cruz et al., 2004).

As metodologias para as análises de estabilidade e adaptabilidade fenotípica destinam-se à avaliação de um grupo de genótipos testados em vários ambientes. Tais metodologias são fundamentadas na existência da interação genótipo com ambiente. Assim, esses procedimentos são complementares ao da análise de variância individual e conjunta, com dados experimentais resultantes de ensaios realizados em uma série de ambientes (Lavoranti, 2003).

A escolha de um método de análise depende dos dados experimentais, principalmente os relacionados com o número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada. Deve-se, também, considerar que alguns métodos são alternativos, enquanto outros são complementares, podendo ser utilizados conjuntamente (Cruz et al., 2004).

A manifestação fenotípica para determinada característica é o resultado da ação do genótipo e do meio ambiente. Entretanto, quando se consideram vários ambientes, pode-se detectar um componente adicional, causado pela interação genótipo x ambiente. Sua avaliação é de grande importância no melhoramento genético, pois ela pode indicar que o melhor genótipo em um ambiente não o ser no outro (Cruz e Regazzi, 1994; Cruz e Regazzi, 2001). Esse fato torna difícil recomendar combinações genotípicas favoráveis nas diferentes regiões do país.

Segundo Cruz e Regazzi (2001), estratégias que permitem identificar as combinações genotípicas de comportamento previsível e que respondem positivamente às variações ambientais favoráveis são denominadas, respectivamente, de análises de adaptabilidade e estabilidade.

A interação $G \times A$ é um componente da variação fenotípica resultante do comportamento diferenciado dos genótipos quando repetidos a mais de um ambiente. Sua magnitude na expressão fenotípica do caráter pode reduzir a correlação entre fenótipo e genótipo, inflacionando a variância genética e, por sua vez, parâmetros dependentes desta, como herdabilidade e ganho genético com a seleção. Estudos sobre a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica permitem particularizar os efeitos da interação $G \times A$ ao nível de genótipo e ambiente, identificando a contribuição relativa de cada um para a interação total. Inúmeras técnicas estatístico-genéticas têm sido desenvolvidas com o intuito de melhor quantificar este efeito. Entretanto, as posições críticas dos estatísticos, que atuam em programas de melhoramento genético, referem-se à falta de uma análise criteriosa da estrutura da interação $G \times A$. Tradicionalmente, a análise dessa estrutura é superficial, não detalhando os efeitos da complexidade da interação (Duarte e Vencovsky, 1999).

As metodologias para as análises de estabilidade e adaptabilidade fenotípica destinam-se à avaliação de um grupo de genótipos testados em vários ambientes. Tais metodologias são fundamentadas na existência da interação genótipo com ambiente. Assim, esses procedimentos são complementares ao da análise de variância individual e conjunta, com dados experimentais resultantes de ensaios realizados em uma série de ambientes (Lavoranti, 2003).

A escolha de um método de análise depende dos dados experimentais, principalmente os relacionados ao número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada. Deve-se, também, considerar que alguns métodos são alternativos, enquanto outros são complementares, podendo ser utilizados conjuntamente (Cruz et al., 2004).

Diversos métodos têm sido propostos para investigar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica. A diferença entre eles origina-se nos próprios conceitos e procedimentos biométricos para medir a interação $G \times A$. Destacam-se os procedimentos baseados na variância da interação $G \times A$ (Shukla, 1972; Magari e Kang, 1997); regressão linear simples (Eberhart e Russell, 1966; Perkins e Jinks, 1968) e múltipla (Silva e Barreto, 1986; Cruz et al., 1989; Storck e Vencovsky, 1994); regressão quadrática (Brasil e Chaves, 1994); modelos não lineares (Silva, 1998; Rosse e Vencovsky, 2000).

Existem várias técnicas para se avaliar a interação genótipo \times ambiente. Entre as mais utilizadas, destacam-se as que procuram relacionar a produção (Y) de um genótipo em função de índices ambientais (X). Teoricamente, demonstra-se que se X e Y são binormais, o valor

esperado de Y em função dos esperados valores de X é uma reta, cujo coeficiente angular depende da correlação entre X e Y e dos respectivos desvios padrões (Hogg e Craig, 1965).

Quando um genótipo não possui um comportamento previsível em função dos ambientes ele pode eventualmente ter resposta favorável a ambientes específicos (adaptabilidade preferencial ou específica para determinados ambientes), o que sugere, para este caso, seleção regional ou para locais específicos. Por essas definições, necessariamente os desvios em relação ao modelo proposto (linear ou não) devem ser significativos. Caso contrário (desvios do modelo significativos), há falta de adaptabilidade geral aos ambientes.

O método de Eberhart e Russel (1966), baseado em regressão linear, é um dos métodos mais utilizados para estudar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos. Neste processo, um índice ambiental é calculado através da subtração entre a média do ambiente (média de todos os genótipos neste ambiente) menos a média geral (média geral de todos os genótipos em todos ambientes). Usando um índice ambiental como abscissa X e o valor observado do genótipo em determinado ambiente como ordenada Y, utiliza-se uma regressão linear para cada genótipo testado ($Y = \alpha + bX$). O valor de b (ângulo) estima a adaptabilidade do genótipo. Quando $b < 1$ pode-se afirmar que o genótipo responde pouco à melhoria ambiental, $b = 1$ corresponde a genótipos que respondem de forma mediana a melhoria ambiental e $b > 1$, corresponde a genótipos que respondem de forma acentuada à melhoria de ambiente e são mais indicados para ambientes superiores.

O método de Lin e Binns (1988) é bastante usado para estudar a interação G x A e baseia-se nas análises não paramétricas. Nesta metodologia, o desempenho dos acessos é quantificado pelo índice de estabilidade P_i , que corresponde ao quadrado médio da distância entre a média de um acesso para um dado ambiente e a resposta máxima para o mesmo ambiente, em todos os ambientes avaliados. Dessa forma, o quadrado médio menor indica uma superioridade geral do genótipo em questão, pois quanto menor o valor de P_i , menor será o desvio em torno da produtividade máxima, assim, maior estabilidade está relacionada, obrigatoriamente, com alta produtividade (Daher et al., 2003).

Lin e Binns (1988) definiram como medida para estimar a *performance* genotípica (parâmetro P_i), o quadrado médio da distância entre a média da cultivar e a resposta média máxima para todos os ambientes. Este método pondera os desvios de comportamento das cultivares nos ambientes, ou seja, considera a estabilidade de comportamento. Além disso, leva em consideração o rendimento do genótipo e a resposta relativa a um genótipo hipotético, que é uma medida de adaptabilidade.

A análise de variância (ANOVA) e análise de regressão foram, durante muito tempo, a base da análise e modelagem estatística. Entretanto, estas técnicas têm limitação para lidar com dados desbalanceados e com parentesco entre tratamentos. O método REML permite lidar com essa situação permitindo maior flexibilidade e eficiência na modelagem. Tal procedimento foi criado pelos pesquisadores ingleses Desmond Patterson e Robin Thompson, em 1971, e hoje se constitui no procedimento padrão para a análise estatística em uma grande gama de aplicações. Em experimentos agrônômicos e florestais, o REML tem substituído com vantagens o método ANOVA criado pelo cientista inglês Ronald Fisher em 1925. Na verdade, o REML é uma generalização da ANOVA para situações mais complexas. Para situações simples, os dois procedimentos são equivalentes, mas para as situações mais complexas encontradas na prática, a ANOVA é um procedimento apenas aproximado. O REML é um método eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente.

As principais vantagens práticas do REML/BLUP são: permite comparar Indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais e blocos); permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais. No caso de dados desbalanceados, a ANOVA conduz a imprecisas estimativas de componentes de variância e conseqüentemente a inaccuradas predições de valores genéticos. Um software de fácil aplicação prática, destinado à aplicação corriqueira no melhoramento genético, é o Selegen-REML/BLUP (Resende, 2002).

Na análise de modelos mistos com dados desbalanceados os efeitos do modelo, não são testados via testes F tal como se faz no método da análise de variância. Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o teste cientificamente recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT). Para os efeitos fixos, um teste F aproximado pode ser usado. Um quadro similar ao quadro da análise de variância pode ser elaborado. Tal quadro pode ser denominado de Análise de Deviance (ANADEV) e é estabelecido segundo os seguintes passos: obtenção do logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual (L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; obtenção da deviance $D = -2 \text{ Log } L$ para modelos com e sem o efeito a ser testado; diferença entre as deviances para modelos sem e

com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR) e teste, via LRT, da significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

A seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto de modelos mistos, pode ser realizada pelo método da média harmônica da *performance* relativa do valor genotípico (MHPRVG) predito, proposto por Resende (2004, 2007).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Após a confecção da presente revisão de literatura, verificou-se que o método estudado permite selecionar simultaneamente pelos três atributos mencionados e apresenta vantagens, como por exemplo, considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto fornece a estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; permite lidar com desbalanceamento; permite lidar com delineamentos não ortogonais; permite lidar com heterogeneidade de variâncias; permite considerar erros correlacionados dentro de locais; fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade.

O método pode ser aplicado com qualquer número de ambientes, permitindo considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênies; não depende da estimação e interpretação de outros parâmetros tais quais coeficientes de regressão; elimina os ruídos da interação genótipos x ambientes, pois considera a herdabilidade desses efeitos; gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado e permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente. Estes dois últimos fatores são considerados extremamente relevantes.

REFERÊNCIAS

ABIOVE - Associação Brasileira das Indústrias de Óleos Vegetais, 1997. Complexo Soja – Exportações. Disponível em: <http://www.abiove.com.br/exporta_br.html>. Acesso em: 17 fev. 2015.

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.

ALLIPRANDINI, L.F.; TOLEDO, J.F.F.; FONSECA JÚNIOR, N.; ALMEIDA, L.; KIIHL, S. Efeitos da interação genótipo x ambiente sobre a produtividade da soja no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.29, n.9, p.1433-1444, 1994.

ALMEIDA, R.D.; PELUZIO, J.M.; AFFÉRI, F.S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v.42, n.1, p.108-115, 2011.

BEARD, P.; KNOWLES, P.F. Frequency of cross-pollination of soybean after seed irradiation. **Crop Science**, Madison, v.11, p.489-492, 1971.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523p.

BRASIL, E.M.; CHAVES, L.J. Utilización de un modelo cuadrático para el estudio de la respuesta de cultivares a la variación ambiental. In: CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA, 11, 1994, Monterrey. **Memorias**. Monterrey: Asociación Latinoamericana de Genética, 61p.

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

CONAB, 2014. Disponível em <www.conab.gov.br> Acesso em 01 de Setembro de 2014.

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in Agronomy**, San Diego, v.44, p.55-85, 1990

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Universidade Federal de Viçosa: Imprensa universitária, 1994. 390p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2001. 390p.

CRUZ, C.D.; TORRES, R.A.; VENCOSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, n.2, p.56-80, 1989.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2004. 480p.

DAHER, R.F.; PEREIRA, M.G.; JUNIOR, A.T.A.; PEREIRA, A.V.; LÉDO, F.J.S.; DAROS, M. Estabilidade da produção forrageira em clones de capim-elefante. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras. v.27, n.4, p.788-797, 2003.

DUARTE, J.B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60p.

DUARTE, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. Correlation among yield stability parameters in common bean. **Crop Science**, Madison, v.35, n.3, p.905-912, 1995.

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

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa da Soja. **Recomendações Técnicas para cultura de soja na região central do Brasil –2000/01**. Londrina, 2000. 245p. (Documentos, 146).

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2014. Disponível em: <<http://www.faostat.fao.org>>. Acesso em: 2 de Junho, 2015.

GARNER, W.W.; ALLARD, H.A. Effect of relative length of day and night and other factors of the environment on growth and reproduction in plants. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v.18, p.553-606, 1920.

GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M.S.; GAUCH, H.G. (Ed.) **Genotype-by-environment interaction**. New York: CRC Press, 1996. 416p.

HALL, A.E. **Crop responses to environment**. CRC Press LLC: Boca Raton, 2001. 228p

HANSON, W.D. Distance statistics and interpretation of Southern states regional soybean tests. **Crop Science**, Madison, v.34, n.6, p.1498-1504, 1994.

HILL, M.O. Correspondence analysis: a neglected multivariate method. **Applied Statistics**, v.23, n.2, p.340-354, 1974.

HOGG, R.V.; CRAIG, A.T. **Introduction to mathematical statistics**. New York: Macmillan Co., 1965. 388p.

HÜHN, M. Nonparametric analysis of genotype x environment interactions by ranks. In: KANG, M.S.; GAUCH, H.G. (Ed.). **Genotype-by environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p.235-270.

KASTLER, M.; QUEIROZ, E.F; TERASAWA, F. Introdução e evolução da soja no Brasil. In: MYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (Ed.). **A soja no Brasil**. Campinas: Editora ITAL, 1981. p.22-24.

LAVORANTI, O.J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da Reamostragem “Bootstrap” no modelo AMMI**. 2003. 166p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2003.

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

MAGARI, R.; KANG, M. S. SAS Stable: stability analysis of balanced and unbalanced data. **Agronomy Journal**, Madison, v.89, n.5, p.929-932. 1997.

NUNES, G.H.S. **Interação genótipos x ambientes em eucalipto: implicações sobre a seleção e formas de atenuar seu efeito**. 2000. 160p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2000.

PERKINS, J.M.; JINKS, J.L. Environmental and genotype environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. **Heredity**, London, v.23, n.3, p.339-356. 1968.

POLIZEL, A.C.; ALVES, C.C.; HAMAVAKI, O.T.; LIMA, M.A.; SANTOS, A.Q. Desempenho agrônomico de genótipos de soja de ciclo semiprecoce/médio em Rondonópolis.

ENCICLOPÉDIA BIOSFERA, Centro Científico Conhecer, Goiânia, v.9, n.17, p.986-993, 2013.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

RESENDE, M.D.V. **Software Selegen–REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 67p. (Embrapa Florestas. Documentos, 77).

RESENDE, M.D.V. **Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo**. Colombo: Embrapa Florestas, Ed.1, 2004, 57 p. (Documentos, 100).

RESENDE, M.D.V. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: Embrapa Florestas. 2007. 561p.

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

ROCHA, M.M; VELLO, N.A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, Campinas, v.58, n.01, p.69-81, 1999.

ROSSE, L.N.; VENCOVSKY, R. Modelo de regressão não-linear aplicado ao estudo da estabilidade fenotípica de genótipos de feijão no Estado do Paraná. **Bragantia**, Campinas, v.59, n.1, p.99-107, 2000.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S. Melhoramento da soja. In: BOREM, A. (ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 1999. p.808.

SILVA, J.G.C. Análise da adaptabilidade por regressão segmentada com estimação da junção dos segmentos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.7, p.1013-1029, 1998.

SILVA, J.G.C.; BARRETO, J.N. An application of segmented linear regression to the study of genotypes environment interaction. **Biometrics**, Washington, v.41, n.4, p.1093, 1986.

SHUKLA, G.K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. **Heredity**, London, v.29, n.2, p.237-245, 1972.

STORCK, L.; VENCOVSKY, R. Stability analysis on a bi-segmented discontinuous model with measurement errors in the variables. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.17, n.1, p.75-81, 1994.

TOLER, J.E.; BURROWS, P.M. Genotypic performance over environmental arrays: a nonlinear grouping protocol. **Journal of Applied Statistics**, London, v.25, n.1, p.131-143, 1998.

USDA, 2014. Disponível em <www.fas.usda.gov> Acesso em 20 de junho de 2015.

VAN SCHAİK, P.H.; PROBST, A.H. Effects of some environmental factors on flower production and reproductive efficiency in soybeans. **Agronomy Journal**, v.50, p.192-197, 1958.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VERNETTI, F.J. Origem da espécie, introdução e disseminação no Brasil. In: VERNETTI JUNIOR, F.J. (Ed.). **Soja: planta, clima, pragas, moléstias e invasoras**. Campinas: Fundação Cargill, 1983. p.3-123.

WESTCOTT, B. A method of assessing the yield stability of crop genotypes. **Journal of Agricultural Sciences**, Cambridge, v.108, n.2, p.267-274, 1987.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hofer. **Pflanzenzuchturg**, Berlin, v.52, p.127-138, 1965.

YAN, W.; KANG, M.S. **GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists**. Boca Raton: CRC Press 2002. 286p.