

INSTITUTO FEDERAL
GOIANO
Câmpus Rio Verde

BACHAREL EM AGRONOMIA

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE
GENÓTIPOS DE SOJA ESTIMADAS VIA MODELAGEM
MISTA**

MATHEUS LEÃO DO PRADO

Rio Verde, GO

2019

**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA
GOIANO - CAMPUS RIO VERDE**

FACULDADE DE AGRONOMIA

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS
DE SOJA ESTIMADAS VIA MODELAGEM MISTA**

MATHEUS LEÃO DO PRADO

Monografia apresentada ao Instituto Federal Goiano - Campus Rio Verde, como requisito parcial para a obtenção do Grau de Bacharel em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Pablo Diego Silva Cabral


Rio Verde - GO

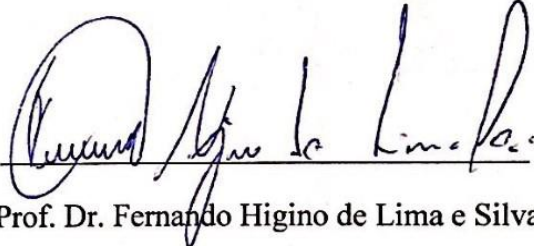
Agosto, 2019

MATHEUS LEÃO DO PRADO

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE
SOJA ESTIMADAS VIA MODELAGEM MISTA**

Trabalho de Curso DEFENDIDO e APROVADO em 06 de agosto de 2019, pela Banca Examinadora constituída pelos membros:


Prof. Dr. Pablo Diego Silva Cabral


Prof. Dr. Fernando Higino de Lima e Silva


Prof. Dr. Marconi Batista Teixeira

Sistema desenvolvido pelo ICMC/USP
Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema Integrado de Bibliotecas - Instituto Federal Goiano

P896a Prado, Matheus Leão do Prado
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE
GENÓTIPOS DE SOJA ESTIMADAS VIA MODELAGEM MISTA /
Matheus Leão do Prado Prado;orientador Pablo Diego
Silva Cabral. -- Rio Verde, 2019.
30 p.

Monografia (Graduação em Agronomia) -- Instituto
Federal Goiano, Campus Rio Verde, 2019.

1. Glycine max. 2. REML/BLUP. 3. interação G x A.
4. MHPRVG. I. Cabral, Pablo Diego Silva, orient. II.
Título.



TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR PRODUÇÕES TÉCNICO-CIENTÍFICAS NO REPOSITÓRIO INSTITUCIONAL DO IF GOIANO

Com base no disposto na Lei Federal nº 9.610/98, AUTORIZO o Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, a disponibilizar gratuitamente o documento no Repositório Institucional do IF Goiano (RIIF Goiano), sem ressarcimento de direitos autorais, conforme permissão assinada abaixo, em formato digital para fins de leitura, download e impressão, a título de divulgação da produção técnico-científica no IF Goiano.

Identificação da Produção Técnico-Científica

- | | |
|--|---|
| <input type="checkbox"/> Tese | <input type="checkbox"/> Artigo Científico |
| <input type="checkbox"/> Dissertação | <input type="checkbox"/> Capítulo de Livro |
| <input type="checkbox"/> Monografia – Especialização | <input type="checkbox"/> Livro |
| <input checked="" type="checkbox"/> TCC - Graduação | <input type="checkbox"/> Trabalho Apresentado em Evento |
| <input type="checkbox"/> Produto Técnico e Educacional - Tipo: _____ | |

Nome Completo do Autor: Matheus Leão do Prado
Matrícula: 2015102200240447

Título do Trabalho: ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE SOJA ESTIMADAS VIA MODELAGEM MISTA

Restrições de Acesso ao Documento

Documento confidencial: Não Sim, justifique: _____

Informe a data que poderá ser disponibilizado no RIIF Goiano 07/08/19

O documento está sujeito a registro de patente? Sim Não
O documento pode vir a ser publicado como livro? Sim Não

DECLARAÇÃO DE DISTRIBUIÇÃO NÃO-EXCLUSIVA

O/A referido/a autor/a declara que:

- o documento é seu trabalho original, detém os direitos autorais da produção técnico-científica e não infringe os direitos de qualquer outra pessoa ou entidade;
- obteve autorização de quaisquer materiais inclusos no documento do qual não detém os direitos de autor/a, para conceder ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano os direitos requeridos e que este material cujos direitos autorais são de terceiros, estão claramente identificados e reconhecidos no texto ou conteúdo do documento entregue;
- cumpriu quaisquer obrigações exigidas por contrato ou acordo, caso o documento entregue seja baseado em trabalho financiado ou apoiado por outra instituição que não o Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano.

Pio Verde 07.08.2019
Local Data

Matheus Leão do Prado
Assinatura do Autor e/ou Detentor dos Direitos Autorais

Ciente e de acordo:

[Assinatura]
Assinatura do(a) orientador(a)

ATA DE DEFESA DO TRABALHO DE CURSO (TC)

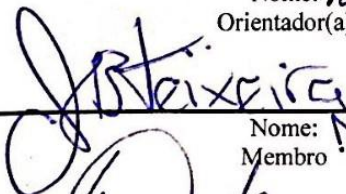
ANO	SEMESTRE
2019	L

No dia 06 do mês de agosto de 2019, às 10 horas e 30 minutos, reuniu-se a banca examinadora composta pelos docentes Pablo Diego Silva Cabral, Fernando Higino de Lima e Silva, Marconi Batista Teixeira, para examinar o Trabalho de Curso (TC) intitulado Adaptabilidade e Estabilidade Genotípica de Genótipos de Soja Estimadas via Modelagem Mista do(a) acadêmico(a) Matheus São do Prado, Matrícula nº 2015102200240447 do curso de Agronomia do IF Goiano – Câmpus Rio Verde. Após a apresentação oral do TC, houve arguição do candidato pelos membros da banca examinadora. Após tal etapa, a banca examinadora decidiu pela aprovação do(a) acadêmico(a). Ao final da sessão pública de defesa foi lavrada a presente ata, que segue datada e assinada pelos examinadores.

Rio Verde, 06 de agosto de 2019.



Nome: Pablo Diego Silva Cabral
Orientador(a)



Nome: Marconi Batista Teixeira
Membro



Nome: Fernando Higino de Lima e Silva
Membro

Observação:

() O(a) acadêmico(a) não compareceu à defesa do TC.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus por ser a base de tudo, por me abençoar e guiar até este momento tão especial.

Aos meus pais, Luiz Osvaldo Pereira do Prado e Simone Diamantino Leão do Prado, aos meus avós, irmão e a toda a minha família pelo direcionamento de todas as etapas da minha vida.

A todos os professores do Instituto Federal Goiano pelo compartilhamento de conhecimento, em especial ao professor, Pablo Diego Silva Cabral pelo apoio, amizade e orientação na realização deste trabalho.

A todos participantes do laboratório de Melhoramento Genético do Instituto Federal Goiano - Campus Rio Verde, que fizeram parte da execução desse trabalho, e a todos amigos que conheci durante a faculdade, que sempre auxiliaram e contribuíram para a minha formação de forma direta ou indireta.

Aos membros da banca examinadora, Fernando Higino de Lima e Silva e Marconi Batista Teixeira, por aceitarem o convite, pela amizade construída, e conhecimento compartilhado.

Ao Instituto Federal Goiano – Campus Rio Verde, pela grande oportunidade de aprendizagem e aprimoramento profissional e pessoal.

RESUMO

PRADO, Matheus Leão. **Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de soja estimadas via modelagem mista**. 2019. Monografia N° p. (Curso de Bacharelado de Agronomia). Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – Campus Rio Verde, GO, 2019.

Objetivou-se avaliar a interação genótipo x ambiente (G x A), adaptabilidade e estabilidade de 46 genótipos de soja em oito ambientes, a partir da metodologia de modelos mistos, e utilizando o software estatístico Selegen REML/BLUP. Os experimentos foram avaliados na época da safra 2017/18 nos municípios de Rio Verde 1-GO, Rio Verde 2-GO, Goiatuba – GO, Rondonópolis – MT, Paraúna – GO, Alto Garças – MT, Jataí – GO e Montividiu – GO. Foram avaliados os caracteres: produtividade de grãos (PROD) e massa de cem grãos (MCG). A seleção conjunta para a característica avaliada, estabilidade e adaptabilidade foi realizada pela estatística HMRPGV. A herdabilidade obtida nesse estudo é considerada média para produtividade (0,557) e baixa para massa de cem grãos (0,247). O baixo valor da correlação genotípica entre os ambientes indica a baixa previsibilidade de respostas dos genótipos. Para produtividade os locais de Rio Verde 1-GO (4521,44 kg.ha⁻¹), Paraúna-GO (4397,14 kg.ha⁻¹), Montividiu-GO (4376,43 kg.ha⁻¹), Rondonópolis-MT (4364,89 kg.ha⁻¹) e Rio Verde 2-GO (4046,97 kg.ha⁻¹) obtiveram as melhores médias. Para massa de cem grãos também se repetiu os mesmos ambientes, porém, com o ranqueamento diferente. O genótipo 46 foi o que obteve melhor rendimento para produtividade. O genótipo 35 foi o que obteve melhor rendimento para massa de cem grãos. Contudo, o genótipo 31 é o único entre os 5 melhores genótipos nas avaliações de ganho genético e estabilidade e adaptabilidade para as variáveis produtividade e massa de cem grãos.

Palavras-chave: *Glycine max*, REML/BLUP, interação G x A, MHPRVG.

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Identificação dos genótipos e grupo de maturação (GM) das cultivares de soja..... 13
- Tabela 2.** Estimativa dos parâmetros genéticos para os caracteres produtividade de grãos e Massa de cem grãos de 46 genótipos de soja em oito ambientes. 16
- Tabela 3.** Estimativas do ganho genético previsto para produtividade de grãos do desempenho médio de 46 genótipos de soja em oito ambientes.....18
- Tabela 4.** Estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG e PRVGMG) e estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG e MHPRVGMG) de valores genéticos de 46 genótipos de soja para produtividade de grãos, previstos pela análise BLUP. 19
- Tabela 5.** Estimativas do ganho genético previsto para massa de cem grãos do desempenho médio de 46 genótipos de soja em oito ambientes.....21
- Tabela 6.** Estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG e PRVGMG) e estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG e MHPRVGMG) de valores genéticos de 46 genótipos de soja para massa de cem grãos, via BLUP.....22

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	11
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	12
2.1 Soja	12
2.2 Interação genótipo x ambiente, adaptabilidade e estabilidade.....	13
2.3 Modelos Mistos: Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear não-viesada (BLUP)	14
2.3.1 Modelos Mistos.....	14
2.3.2 Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear não-viesada (BLUP).....	15
3 MATERIAL E MÉTODOS	16
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	19
5 CONCLUSÃO.....	30
6 REFERÊNCIAS	30

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine Max*) tem seus primeiros relatos de utilização como alimento há mais de 5000 anos atrás, na região nordeste da China, principalmente, ao longo do rio Yangtse. O grão foi descrito pelo imperador chinês Shen-nung, conhecido como o pai da agricultura chinesa (APROSOJA, 2019). Um indicativo da importância cultural e nutricional da soja para os chineses, desde esses tempos, está no fato de que o grão era usado como matéria-prima essencial para a produção do tofu, um leite de soja coalhado, e representado por muito tempo como a proteína vegetal, o pão e o óleo para os chineses.

No Brasil, por mais que existam relatos do começo do cultivo experimental da cultura em meados de 1882 na Bahia, os primeiros trabalhos com o grão foram iniciados no Instituto Agrônomo de Campinas no ano de 1901. Em 1914 é oficialmente iniciado o cultivo comercial da soja no Rio Grande do Sul, estado que apresentava as condições climáticas mais parecidas com as exigências das cultivares, provenientes dos EUA (APROSOJA, 2019). Contudo, devido à alta no preço e ao incentivo do governo, crescentes pesquisas visando o melhoramento genético da cultura foram realizadas a fim de que fosse possível sua implantação nas áreas mais quentes do país. Com isso áreas nas regiões sudeste, centro-oeste e norte começaram o cultivo da oleaginosa, e por volta da década de 70 e 80 o Brasil já apontava como grande produtor internacional da cultura.

A soja representa uma enorme importância na economia mundial, principalmente, pelo seu extenso cultivo e comércio no mundo. Possui gigantescas áreas de produção e muitíssimas alternativas de comercialização, como matéria prima para produção de óleos vegetais, rações para animais, indústria química, de alimentos, fonte alternativa de biocombustível e outros, fazendo com que ela esteja entre as principais commodities agrícolas do país. O Brasil é o maior exportador e o 2º maior produtor da oleaginosa, ficando atrás apenas dos EUA. Nesta safra, 18/19, houve um crescimento de 1,7% da área plantada em relação com a safra passada, correspondendo ao plantio de 35.760,4 mil hectares, uma produtividade média de 55,36 sc/ha e uma produção de 118.800 mil toneladas do grão (CONAB, 2019).

Com tudo, como já citado acima, esse desenvolvimento da soja no país só foi possível devido aos estudos e aprimoramento genético da cultura, trabalhando com o equilíbrio da adição e exclusão de características para gerar determinadas respostas fisiológicas. Visto que as

primeiras cultivares não carregavam adaptabilidade e estabilidade na produção em locais diferentes da sua origem. Assim, o presente trabalho teve como objetivo, analisar a interação genótipo x ambiente, adaptabilidade e estabilidade de 46 genótipos de soja em oito ambientes, a partir da metodologia de modelos mistos.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Soja

A soja cultivada hoje no Brasil e no mundo, pertence ao reino *Plantae*, divisão *Magnoliophyta*, classe *Magnoliopsida*, ordem *Fabales*, família *Fabaceae*, subfamília *Faboideae*, gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* e forma cultivada conhecida como *Glycine max* (L.) Merrill (SEDIYAMA, 2009). A soja é uma planta anual, herbácea, ereta, autógama e possui variação morfológica de acordo com o ambiente em que está inserida. Existem cultivares mais precoces com ciclo médio de 70 dias, mais tardias, com 200 dias e estádios fenológicos baseados, principalmente, em vegetativo e reprodutivo (BORÉM, 1999). A semeadura da cultura no estado de Goiás começa, em sua maioria, no começo de outubro, estendendo-se até os primeiros dias de novembro.

A introdução do cultivo da soja nas regiões de baixa latitude só foi possível através dos trabalhos realizados pelos programas de melhoramento genético, que adaptaram as primeiras cultivares provindas dos EUA, para o plantio nas regiões de cerrado. Esse resultado foi obtido pela adoção de técnicas que atrasam o florescimento, mesmo quando o fotoperíodo é indutor, fazendo com que as cultivares apresentem a característica de período juvenil longo (KIIHL & GARCIA, 1989). Pode-se destacar que essa foi uma das duas contribuições importantíssimas do melhoramento genético para a cultura da soja no Brasil, seguida da técnica de incremento de resistência à algumas doenças mais agressivas na cultura naquela época, como a pústula bacteriana *Xanthomonas axonopodis* pv. *glycineea*, a mancha olho-de-rã *Cercospora sojina*, o cancro-da-haste *Diaporthe phaseolorum* f. sp. *Meridionalis*, o nematóide de cisto *Heterodera glycines*, entre outras (CALVO & KIIHL, 2006).

A representatividade desta cultura é tão forte pelo fato de ser a principal oleaginosa produzida e consumida no mundo. Situa-se no cenário agrícola mundial como o quarto produto mais utilizado no consumo humano e com maior importância em produção e comercialização (FAO, 2013). A produção do grão é dominada pelos Estados Unidos, Brasil e Argentina, contudo, segundo estimativas do Departamento de Agricultura Norte-Americano, o Brasil

poderá superar os Estados Unidos nesta safra 19/20, com uma produção recorde de 123 milhões de toneladas, exportando 75 milhões de toneladas, enquanto os EUA 53 milhões (AGRICULTURE-USDA, 2019).

2.2 Interação genótipo x ambiente, adaptabilidade e estabilidade

Os caracteres quantitativos são aqueles controlados por muitos genes, em sua maioria altamente influenciados pelo ambiente e apresentam uma variação contínua. A maior parte das características agronomicamente e economicamente importantes são consideradas quantitativas ou multigênicos na natureza. Pelo fato de sempre haver uma presença da interação genótipo x ambiente de características quantitativas, estudos genotípicos em melhoramento de plantas são realizados em muitos ambientes em experimentos planejados. A interação genótipo x ambiente (GxA) refere-se ao diferencial de respostas de diferentes genótipos através de uma variação de ambientes (KANG, 2004). Essa interação ocorre quando diferentes genótipos respondem diferentemente a mudanças em seus ambientes, também chamada de diferenças na sensibilidade ambiental dos genótipos.

Para análises de tal sensibilidade ambiental, a atuação do genótipo (valor genotípico) é regredida sobre a performance média da população em cada ambiente (FALCONER E MACKAY, 1996). Os principais objetivos destes testes são para comparar a performance dos genótipos, que pode ser ampla, quando é analisado a resposta geral de um genótipo através dos ambientes, e específica quando é analisado a performance de um genótipo dentro de um ambiente específico, e também estimar os componentes de interação GxA para ajustar a herdabilidade e sua interferência na seleção, além de identificar genótipos adaptados para ambientes alvos (YAN; KANG, 2003). Há muitas maneiras de avaliar a interação genótipo x ambiente, porém os métodos mais utilizados destacam-se os que relacionam a produção de um genótipo em função de um índice ambiental (HOGG; CRAIG, 1965).

Na prática para tornar a recomendação mais segura, é importante um estudo aprofundado sobre a adaptabilidade e a estabilidade das cultivares. No contexto do melhoramento de plantas, adaptabilidade indica a capacidade potencial dos genótipos de responderem vantajosamente ao estímulo ambiental e estabilidade a capacidade de os genótipos apresentarem um comportamento constante em função da variação ambiental (MARIOTTI et al., 1976). No entanto, para Cruz et al. (2004), a estabilidade indica a capacidade de os genótipos apresentarem uma resposta altamente previsível em função do estímulo do ambiente. Para o estudo da

adaptabilidade e estabilidade, a escolha do método de análise depende das características experimentais, principalmente o número de ambientes utilizados, a precisão requerida e a informação desejada.

Dos métodos propostos para o estudo, destacam-se os procedimentos fundamentados em análise de variância (PLAISTED E PETERSON, 1959), regressão linear simples (FINLAY E WILKINSON, 1963; EBERHART E RUSSEL, 1966), regressão linear múltipla (CRUZ, et al., 1989), métodos não-paramétricos (LIN E BINNS, 1988; HUENH, 1990) e a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (RESENDE, 2004). De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), a diferença maior entre os métodos sugeridos estão nos procedimentos biométricos para quantificá-la. Contudo, neste estudo para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade utilizou-se o método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG), por apresentar vantagens quando comparado com os outros métodos.

2.3 Modelos Mistos: Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear não-viesada (BLUP)

2.3.1 Modelos Mistos

Um modelo estatístico tem como função explicar as observações de uma variável dependente por meio dos efeitos diferenciais que atribuem a uma outra série de variáveis independentes. Esses efeitos podem ser classificados em fixos ou aleatórios. Quando um fator carregar um conjunto finito de tratamentos ou níveis, tal fator é considerado de efeito fixo (SEARLE, CASELLA, & McCULLOCH, 1992). Dessa forma, as conclusões são restritas aos tratamentos estudados. Porém, quando há um fator em que se atribui um conjunto infinito de tratamentos, o mesmo é considerado como efeito aleatório, e as inferências são feitas sobre as populações das quais os tratamentos foram amostrados. Levando em conta os efeitos fixos ou aleatórios presentes em um modelo estatístico, este pode ser classificado em fixo, aleatório ou misto.

Modelos mistos são usados para descrever dados de experimentos que possuem tratamentos com efeitos fixos e aleatórios, ou melhor, modelos lineares que contêm fatores fixos e aleatórios, independente da média e do erro, respectivamente. Com isso, esses estudos envolvem duas partes, uma que descreve os efeitos aleatórios e a outra que descreve os efeitos

fixos, conseqüentemente, a análise também deve ser feita separadamente para a parte aleatória e para a parte fixa (PIERRI e IEMMA, 1999). Na área da genética e melhoramento, os genótipos avaliados devem ser considerados aleatórios, enquanto os outros fatores podem ser considerados fixos (DUARTE e VENCOVSKY, 2001). Assim, é necessário a análise por meio de um modelo misto.

Nos modelos mistos, a análise da parte aleatória consiste na predição dos efeitos aleatórios, na presença de efeitos fixos e na estimação de componentes de variância. Na parte fixa deve-se realizar a estimação e testes de hipóteses sobre funções estimáveis dos efeitos fixos. Portanto, tanto a predição dos efeitos aleatórios quanto a estimação dos efeitos fixos, ficam dependente à estimação dos componentes de variância.

O método de análise por meio de modelos mistos é uma maneira flexível de realizar a estimação de parâmetros genéticos e predição de variáveis aleatórias (RESENDE, 2002), possuindo muitas vantagens, como por exemplo a possibilidade de ser aplicado a dados desbalanceados, o uso simultâneo de muitas informações de diferentes gerações, gerando estimativas e predições mais precisas, permitir a estimação de efeitos de dominância e epistáticos, não exigir dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação e comparar indivíduos analisados ao longo do tempo e espaço (IEMMA, 2003).

Hoje em dia, alguns softwares estão disponíveis para a análise de dados experimentais utilizando modelos mistos. No o melhoramento vegetal o que mais se destaca e o Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2002).

2.3.2 Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear não-viesada (BLUP)

Utilizando os valores genéticos como variáveis aleatórias, a predição pode ser realizada por algumas formas distintas. Porém, o maior destaque tem sido atribuído aos preditores BLUP (melhores preditores lineares não-viesada) por provarem ser superiores aos demais procedimentos pelo fato de ser mais completo e conduzirem a maximização do ganho genético por ciclo de seleção (RESENDE, 1997). O método BLUP foi desenvolvido por Henderson, em 1949, no contexto de modelos mistos, com o intuito de predizer valores genéticos de animais para a produção de leite, em condições de desbalanceamento de dados (MRODE, 2005; WHITE

E HODGE, 1989), contudo, só foi apresentado oficialmente por Henderson em 1973 (RESENDE, 2002).

O conhecimento prévio dos componentes de variância e de covariância é fundamental para a predição de valores genéticos, quando se utiliza métodos de predição como o BLUP. Esses componentes são definidos como variâncias ligadas aos efeitos aleatórios de um modelo estatístico (BARBIN, 1993), de forma que seu conhecimento é muito importante na área de melhoramento genético, já que estratégias de seleção dependem de informações obtidas por eles, como por exemplo, para realizar cálculos de índices de seleção, estimação de coeficientes de herdabilidade e de correlações genética, fenotípica e ambiental, interpretação de mecanismos genéticos e outros (FREITAS, 1991).

Todavia, estes componentes na maioria das vezes não são conhecidos e podem ser estimados por algumas metodologias. Muitas vezes os componentes de variância são estimados pelo método dos quadrados mínimos ordinário (OLS), contudo, este método não apresenta resultados confiáveis em situações de dados desbalanceados, requer suposições menos realistas e não apresenta as covariâncias presentes entre os indivíduos avaliados (HENDERSON, 1984), além da possibilidade de gerar estimativas negativas de componentes de variância. Uma alternativa à essa falha dos quadrados mínimos ordinário, é o uso do método da Máxima Verossimilhança Restrita para estimar os componentes de variância.

Patterson e Thompson (1971) desenvolveram esse método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) amplamente utilizado atualmente, a partir do método Máxima Verossimilhança (ML), em que se baseia em termos da verossimilhança voltados a contrastes ortogonais da parte aleatória das observações, pelo fato de o contraste entre os efeitos fixos não fornecerem nenhuma informação a mais sobre o resíduo ou sobre os efeitos aleatórios. De acordo com Meyer (1986), o REML é o mais recomendado para dados desbalanceados, e mais adequado para estimar parâmetros genéticos, porquê além de considerar a perda de graus de liberdade resultante da estimação dos efeitos fixos, as estimativas ficam sempre dentro do espaço paramétrico. Evita erros de amostras pequenas relacionadas aos efeitos fixos e aos dados obtidos de populações submetidas à seleção. Além de seus estimadores serem não-tendenciosos e ser um método adequado para características múltiplas, permitindo a inclusão dos parentes dos indivíduos envolvidos (HENDERSON, 1984, 1985, 1986).

3 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos contaram com 46 genótipos de soja (Tabela 1) que foram avaliados na época da safra 2017/18 nos municípios de Rio Verde 1-GO (Latitude: **17° 47' 53" S**; Longitude: **50° 55' 41" W**; Altitude: **715m**), Rio Verde 2-GO (semeado 15 dias após o Rio Verde 1), Goiatuba – GO (Latitude: **18° 00' 45" S**; Longitude: **49° 21' 17" W**; Altitude: **774m**), Rondonópolis – MT (Latitude: **16° 28' 15" S**; Longitude: **54° 38' 08" W**; Altitude: **227m**), Paraúna – GO (Latitude: **16° 56' 52" S**; Longitude: **50° 26' 55" W**; Altitude: **721m**), Alto Garças – MT (Latitude: **16° 56' 38" S**; Longitude: **53° 31' 41" W**; Altitude: **754m**), Jataí – GO (Latitude: **17° 52' 53" S**; Longitude: **51° 42' 52" W**; Altitude: **696m**) e Montividiu – GO (Latitude: **17° 26' 39" S**; Longitude: **51° 10' 29" W**; Altitude: **821m**). Os ensaios foram organizados com delineamento em blocos casualizados, parcelas de 4 linhas de 4 metros, 50 cm entre linhas, três repetições e 16 plantas por metro. Realizou-se a colheita das duas linhas centrais dos experimentos.

Tabela 1. Identificação dos genótipos e grupo de maturação (GM) dos cultivares de soja

Identificação	Genótipos	GM	Identificação	Genótipos	GM
1	G1	81	24	G24	72
2	G2	73	25	G25	73
3	G3	76	26	G26	75
4	G4	80	27	G27	79
5	G5	81	28	G28	85
6	G6	69	29	G29	68
7	G7	79	30	G30	81
8	G8	80	31	G31	85
9	G9	80	32	G32	82
10	G10	82	33	G33	83
11	G11	83	34	G34	85
12	G12	66	35	G35	68
13	G13	77	36	G36	84
14	G14	83	37	G37	81
15	G15	88	38	G38	80
16	G16	84	39	G39	70
17	G17	82	40	G40	74
18	G18	72	41	CD2827IPRO	82
19	G19	73	42	AS3797IPRO	79
20	G20	68	43	DESAFIORR	74
21	G21	72	44	M7110IPRO	71
22	G22	82	45	M7739IPRO	77
23	G23	77	46	M8210IPRO	82

Foram avaliados os seguintes caracteres: (i) produtividade de grãos (PROD), obtida pela pesagem de cada parcela, ajustados a 13% de umidade e extrapolado para kg.ha⁻¹; (ii) massa de cem grãos (MCG), obtida pela média da tomada aleatória de 100 grãos repetidos três vezes em cada parcela e pesado em balança digital.

Para avaliar o efeito da interação G x A, utilizou-se o modelo estatístico 54 do software Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2007). Este modelo corresponde a $y = Xb + Zg + Wc + e$, em que y, b, g, c e e correspondem respectivamente aos efeitos fixos de vetores de dados (blocos significa por ambientes), efeitos genotípicos (aleatórios), efeitos de interação genótipo x ambiente (aleatório) e erros aleatórios; e X, Z e W = matrizes de incidência para b, g e c, respectivamente. As distribuições assumidas e estruturas médias (S) e variância (Var) foram:

$$S \begin{bmatrix} y \\ g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{Var} \begin{bmatrix} g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

O modelo ajustado foi obtido a partir das equações do modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ in } \lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1-h_g^2-c^2}{h_g^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1-h_g^2-c^2}{c_g^2}, \text{ no}$$

qual: $h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2}$ correspondo a herdabilidade individual no sentido amplo no bloco; $c_2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2}$ é o coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; $\hat{\sigma}_g^2$ é a variância genotípica; $\hat{\sigma}_c^2$ é a variância da interação genótipo por ambiente; $\hat{\sigma}_e^2$ é a variância residual entre parcelas; $r_{gloc} = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2} = \frac{h_g^2}{h_g^2 + c^2}$ é a correlação genotípica de genótipos entre os ambientes.

Os estimadores dos componentes de variância obtidos pelo procedimento REML através do algoritmo Expectation-Maximization (EM) são: $\hat{\sigma}_e^2 = \frac{|Y'Y - \hat{b}'X'y - \hat{g}'Z'y - \hat{c}W'y|}{[N-r(x)]}$; $\hat{\sigma}_g^2 = \frac{[\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{22}]}{q}$; $\hat{\sigma}_c^2 = \frac{[\hat{c}'\hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{33}]}{s}$, no qual: C^{22} e C^{33} vem de

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}, \text{ em que } C \text{ é a matriz de coeficiente das equações}$$

do modelo misto; tr é o traço da matriz do operador; r (x) é a classificação da matriz X; N, q, s

são o número total de dados, o número de genótipos e o número de combinações de genótipo x ambiente, respectivamente.

Utilizando este modelo, foram obtidos os preditores BLUP empíricos (eBLUP ou REML/BLUP) dos valores genotípicos livres de interação, dados por $\hat{\mu} + \hat{g}_i$, em que $\hat{\mu}$ é a média de todos os ambientes, e \hat{g}_i é o efeito genotípico livre da interação genótipo x ambiente. Para cada ambiente j , valores genotípicos (V_{g_j}) são preditos por $\hat{\mu} + \hat{g}_i + (\hat{g}e)_{ij}$, em que $\hat{\mu}_j$ é a média do ambiente j , \hat{g}_i é o efeito genotípico do genótipo i no ambiente j ; e $(\hat{g}e)_{ij}$ é o efeito da interação genótipo por ambiente em relação ao genótipo i .

A predição dos valores genotípicos que capitalize a interação média em diferentes ambientes é dada por $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$, e é calculada por: $\hat{\mu} + \frac{(\frac{\sigma_g^2 + \sigma_c^2}{n})}{\sigma_g^2} \hat{g}_i$, em que $\hat{\mu}$ é a média geral de todos os ambientes, n é o número de ambientes e \hat{g}_i é o efeito genotípico no genótipo i .

Os valores médios harmônicos dos valores genotípicos (HMGV) para avaliação da estabilidade foram obtidos pela equação $HMGV_i = \frac{n}{\sum_{j=1}^n \frac{1}{V_{g_{ij}}}}$, em que: n é o número de ambientes em que o

genótipo i foi avaliado; $V_{g_{ij}}$ é o valor genotípico do genótipo i no ambiente j , expressa pela razão da média neste ambiente. O valor da performance relativa do valor genotípico (RPGV)

para adaptabilidade foi obtido de acordo com a expressão: $RPGV_i = \frac{1}{n} \frac{\sum_{j=1}^n V_{g_{ij}}}{M_j}$, em que M_j é a

média da característica avaliada no ambiente j . A seleção conjunta para a característica avaliada, estabilidade e adaptabilidade pode ser dada pela estatística da média harmônica da performance

relativa dos valores genotípicos preditos (HMRPGV): $HMRPGV_i = \frac{1}{\sum_{j=1}^n \frac{1}{PRV_{g_{ij}}}}$ (RESENDE,

2007). Assim, os genótipos com maior HMRPGV são aqueles que apresentam simultaneamente maior média para a característica avaliada, adaptabilidade e estabilidade genotípica nos ambientes avaliados neste estudo.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A herdabilidade é um importante parâmetro genético que quantifica a fração da variação fenotípica que é herdável, ou seja, natureza genotípica. A herdabilidade obtida nesse estudo é considerada de médio valor para produtividade (0,557) e baixo valor para massa de 100 grãos (0,247), já que a herdabilidade máxima é 1, o que indica um bom controle genético na

produtividade de genótipos, e um baixo controle genético na massa de 100 grãos. Dessa forma, existe um potencial para seleção e recomendação de genótipos de soja produtivos, mas não apresenta o mesmo para a característica de massa de 100 grãos. Esses dados são confirmados pela herdabilidade no sentido amplo (Tabela 2), que também demonstra essa diferença entre a produtividade e a massa de 100 grãos. Em relação ao coeficiente de variação genética é possível observar uma certa variabilidade genética entre os genótipos no quesito produtividade e uma baixa variabilidade genética para massa de 100 grãos.

Tabela 2. Estimativa dos parâmetros genéticos para os caracteres Produtividade de grãos e Massa de 100 grãos de 46 genótipos de soja em oito ambientes.

Parâmetros genéticos	Produtividade	Massa de 100 Grãos
$\hat{\sigma}_g^2$	86659.97	0.432
$\hat{\sigma}_c^2$	455957.25	9.732
$\hat{\sigma}_e^2$	286181.56	2.389
$\hat{\sigma}_p^2$	828798.79	12.554
\hat{h}_g^2	0.104 +- 0.02	0.0344+-0.015
\hat{h}_{mg}^2	0.557	0.247
$\hat{r}_{g\hat{g}}$	0.746	0.497
c^2	0.550	0.775
\hat{r}_{gloc}	0.159	0.042
$CV_{gi}(\%)$	7.741	4.776
$CV_e(\%)$	14.067	11.231
Média dos Ambientes	(Kg.ha ⁻¹)	(Gramas)
Rio Verde 1-GO	4521.44	15.31
Rio Verde 2-GO	4046.97	16.52
Goiatuba-GO	2506.47	9.76
Rondonópolis-MT	4364.89	15.44
Paraúna-GO	4397.14	19.25
Alto Garças-MT	2888.12	10.44
Jataí-GO	3319.94	9.86
Montividiu-GO	4376.43	13.50
Media Geral	3802.68	13.76

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica; $\hat{\sigma}_c^2$ = variância da interação genótipo por ambiente; $\hat{\sigma}_e^2$ =variância residual entre parcela; $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica; \hat{h}_g^2 = herdabilidade no sentido amplo; \hat{h}_{mg}^2 = média da herdabilidade genotípica; $\hat{r}_{g\hat{g}}$ = acurácia na seleção de genótipos; c^2 = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo por ambiente; \hat{r}_{gloc} = correlação genotípica entre os ambientes; CV_{gi} = coeficiente de variação genética; CV_e = coeficiente de variação ambiental.

A variância fenotípica é o somatório do valor genético, do efeito ambiental e da interação do genótipo com o ambiente (G x A). Dessa forma, com base em maior ou menor grau de adaptabilidade genética/estabilidade dos indivíduos, a variância da interação G x A pode influenciar a expressão fenotípica de um genótipo (MAIA et al., 2009). Como o valor de variância da interação G x A observado nesse estudo não foi muito baixo em relação à variância

fenotípica, em ambas variáveis, (Tabela 2) acredita-se que os genótipos terão diferentes respostas perante as variações ambientais, não mantendo uma certa previsibilidade.

Essa resposta também se reflete na baixa correlação genotípica entre os ambientes, tanto para produtividade (0,159) quanto para massa de cem grãos (0,042). Assim, o estudo da estabilidade e adaptabilidade pelo método MHPRVG torna-se indispensável para confirmar estas hipóteses. Sabe-se que as respostas dos genótipos são fortemente influenciadas pelo ambiente. Assim o coeficiente de variação ambiental observado é considerado satisfatório em produtividade (14,06) e em massa de cem grãos (11,23), indicando que houve uma boa precisão experimental. A acurácia na seleção de genótipos indica uma média relação entre os valores previstos e reais para massa de cem grãos (0,497) e uma forte relação para produtividade (0,746), resultando em uma seleção de genótipos agronomicamente superiores mais garantida segundo Resende e Duarte (2007).

Ainda na Tabela 2, podemos observar as médias de produtividade e peso de cem grãos dos 46 genótipos nos oito ambientes avaliados. Para produtividade os locais de Rio Verde 1-GO (4521,44 kg.ha⁻¹), Paraúna-GO (4397,14 kg.ha⁻¹), Montividiu-GO (4376,43 kg.ha⁻¹), Rondonópolis-MT (4364,89 kg.ha⁻¹) e Rio Verde 2-GO (4046,97 kg.ha⁻¹) obtiveram as melhores médias. Para massa de 100 grãos também se repetiu os mesmos ambientes, porém, com a ordem diferente: Paraúna-GO (19,25 g), Rio Verde 2-GO (16,52 g), Rondonópolis-MT (15,44 g), Rio Verde 1-GO (15,31 g) e Montividiu-GO (13,50 g). Tal efeito pode estar relacionado com a interação G x A, haja vista que a massa de 100 grão é um dos principais componentes da produtividade de grãos.

A Tabela 3 mostra a classificação dos genótipos, considerando seu desempenho médio, sem interação G x A (u + g), com os ganhos genéticos, com os efeitos médios da interação e com o efeito genotípico, para produtividade, nos 8 ambientes avaliados. Os genótipos que apresentaram melhor desempenho, sem interação G x A (u + g), foram 46, 31, 32, 41 e 28. Os ganhos genéticos obtidos através da seleção desses genótipos, foram respectivamente 539,69; 448,33; 413,44; 388,07 e 372,60 kg.ha⁻¹. Assim, esses genótipos apresentaram bom desempenho médio nos diferentes ambientes, e podem ser consideradas para recomendação. Por outro lado, os genótipos 16, 17, 39, 38, 21, 25, 6, 24, 7, 42 mostraram um efeito genotípico predito negativo, indicando que eles apresentavam menor desempenho e, portanto, não devem ser recomendados para essas regiões.

Tabela 3. Estimativas do ganho genético previsto para Produtividade de grãos do desempenho médio de 46 genótipos de soja em oito ambientes.

Ordem	Genótipo	Componentes médios (BLUP individual)				
		g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
1	46	539,69	4342,37	539,69	4342,37	4697,32
2	31	356,96	4159,64	448,33	4251,01	4394,41
3	32	343,66	4146,34	413,44	4216,12	4372,36
4	41	311,96	4114,64	388,07	4190,75	4319,80
5	28	310,73	4113,41	372,60	4175,28	4317,77
6	22	294,13	4096,81	359,52	4162,20	4290,26
7	30	291,32	4094,00	349,78	4152,46	4285,60
8	27	283,06	4085,74	341,44	4144,12	4271,90
9	45	254,65	4057,33	331,80	4134,48	4224,81
10	37	247,94	4050,62	323,41	4126,09	4213,69
11	23	149,65	3952,33	307,61	4110,29	4050,75
12	14	140,32	3943,00	293,67	4096,35	4035,28
13	26	136,03	3938,71	281,55	4084,23	4028,17
14	36	136,03	3938,71	271,15	4073,83	4028,17
15	34	126,83	3929,51	261,53	4064,21	4012,93
16	33	120,80	3923,48	252,74	4055,41	4002,93
17	40	61,48	3864,16	241,48	4044,16	3904,59
18	18	34,95	3837,63	230,01	4032,69	3860,61
19	43	26,96	3829,64	219,32	4022,00	3847,38
20	13	18,75	3821,43	209,29	4011,97	3833,76
21	8	7,12	3809,80	199,67	4002,35	3814,48
22	1	0,81	3803,48	190,63	3993,31	3804,01
23	16	-3,79	3798,89	182,18	3984,85	3796,40
24	17	-35,84	3766,84	173,09	3975,77	3743,26
25	39	-59,52	3743,16	163,79	3966,47	3704,02
26	38	-100,09	3702,59	153,64	3956,32	3636,77
27	21	-104,29	3698,39	144,08	3946,76	3629,80
28	25	-108,05	3694,63	135,08	3937,76	3623,57
29	6	-116,08	3686,60	126,42	3929,10	3610,26
30	24	-130,79	3671,88	117,85	3920,53	3585,86
31	7	-132,70	3669,98	109,76	3912,44	3582,71
32	42	-134,49	3668,19	102,13	3904,81	3579,75
33	9	-136,13	3666,55	94,91	3897,59	3577,01
34	15	-137,20	3665,48	88,08	3890,76	3575,24
35	19	-146,07	3656,61	81,39	3884,07	3560,55
36	11	-151,75	3650,93	74,92	3877,60	3551,12
37	3	-188,26	3614,42	67,80	3870,48	3490,60
38	44	-196,97	3605,71	60,84	3863,52	3476,17
39	35	-244,11	3558,57	53,02	3855,70	3398,03
40	5	-245,31	3557,37	45,56	3848,24	3396,03
41	20	-246,66	3556,02	38,43	3841,11	3393,80
42	29	-278,64	3524,04	30,88	3833,56	3340,78
43	10	-280,17	3522,51	23,65	3826,33	3338,24
44	12	-287,65	3515,03	16,57	3819,25	3325,85
45	4	-327,82	3474,86	8,92	3811,60	3259,25
46	2	-401,44	3401,23	0,00	3802,68	3137,21

g = efeito genotípico; $\mu + g$ = valor genotípico predito sem interação; $u + g + gem$ = valor genético médio em ambientes.

Os valores genotípicos preditos para a média da cultura ($u + g + gem$), considerando o efeito médio da interação, foram parecidos com os métodos que capitalizam adaptabilidade (PRVG) e a adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG) simultaneamente (Tabela 4). Essa capitalização da interação é típica para as escolhas dos genótipos mais estáveis e mais adaptados nos locais avaliados (MAIA et al., 2009). Dessa forma, a ordem dos genótipos considerando os valores genotípicos, incluindo a interação foi o mesmo que a seleção para a média genética sem interação (Tabela 3).

Tabela 4. Estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG e PRVGMG) e estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG e MHPRVGMG) de valores genéticos de 46 genótipos de soja para produtividade de grãos, previstos pela análise BLUP.

Ordem	Gen	MHVG	Gen	PRVG	PRVGMG	Gen	MHPRVG	MHPRVGMG
1	46	4335,28	46	1,22	4656,56	46	1,21	4589,23
2	31	4230,56	31	1,17	4456,97	31	1,14	4345,46
3	32	4152,67	32	1,15	4379,84	32	1,14	4323,11
4	28	4140,65	41	1,15	4378,38	28	1,13	4308,00
5	41	4093,79	28	1,14	4337,97	30	1,11	4235,63
6	22	4060,50	30	1,13	4298,76	22	1,11	4231,87
7	30	4057,82	22	1,13	4292,27	41	1,11	4210,43
8	45	4004,58	27	1,12	4276,50	45	1,10	4172,71
9	27	3965,14	45	1,11	4230,09	27	1,09	4130,09
10	37	3946,92	37	1,11	4214,84	37	1,08	4108,10
11	26	3838,49	26	1,07	4054,11	14	1,05	4005,42
12	14	3815,72	14	1,06	4022,50	26	1,05	3987,56
13	33	3729,41	23	1,05	4001,18	33	1,04	3935,68
14	43	3709,31	33	1,05	3978,77	23	1,03	3918,73
15	34	3706,26	34	1,05	3974,16	34	1,03	3915,46
16	23	3695,66	36	1,04	3970,39	36	1,01	3846,31
17	40	3672,68	43	1,03	3916,18	40	1,00	3816,22
18	1	3672,65	40	1,03	3910,82	1	1,00	3796,89
19	18	3651,39	18	1,02	3878,64	43	1,00	3795,78
20	36	3633,62	16	1,02	3869,43	18	0,99	3783,29
21	16	3632,49	1	1,01	3837,30	8	0,98	3741,96
22	8	3533,27	13	1,00	3807,71	16	0,98	3715,18
23	13	3513,06	8	0,99	3770,55	13	0,97	3699,85
24	25	3489,68	39	0,98	3707,81	25	0,95	3622,08
25	24	3474,80	17	0,97	3685,99	39	0,95	3621,66
26	39	3473,44	38	0,97	3671,98	38	0,95	3594,40
27	38	3461,54	25	0,96	3643,47	24	0,94	3577,45
28	6	3386,78	24	0,95	3630,82	17	0,94	3566,38
29	21	3381,10	21	0,95	3617,44	9	0,93	3536,34
30	9	3368,59	6	0,95	3610,73	6	0,93	3533,55
31	17	3360,02	19	0,94	3583,17	21	0,93	3532,02
32	15	3335,64	7	0,94	3568,18	15	0,93	3521,33
33	3	3330,22	9	0,94	3563,50	42	0,92	3495,51
34	7	3321,53	42	0,94	3555,37	11	0,92	3491,08
35	19	3314,02	15	0,93	3548,88	7	0,91	3473,82
36	42	3313,94	3	0,93	3546,31	19	0,90	3420,52
37	11	3313,06	11	0,93	3523,49	3	0,90	3407,40
38	20	3257,77	20	0,90	3437,10	35	0,89	3366,82
39	35	3229,71	44	0,90	3412,99	20	0,88	3351,62
40	5	3173,18	35	0,90	3406,31	5	0,88	3338,73
41	12	3078,27	5	0,89	3379,17	44	0,87	3297,94
42	44	3069,90	12	0,87	3323,20	29	0,85	3247,42
43	29	3069,50	29	0,87	3306,54	4	0,84	3208,42
44	4	3059,06	10	0,87	3300,77	12	0,84	3201,46
45	10	3005,84	4	0,85	3250,08	10	0,84	3182,22
46	2	2950,59	2	0,82	3136,02	2	0,81	3088,82

MG = média geral em todos os ambientes. MHVG = média harmônica dos valores genéticos; PRVG = desempenho relativo dos valores genéticos; MHPRVG = média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos previstos.

A interação G x A é melhor compreendida quando se faz o estudo da adaptabilidade e estabilidade, já que é possível identificar a magnitude de resposta dos genótipos aos estímulos e a continuidade de produção perante à variação ambiental (MAIA et al.,2009). Se os genótipos mais produtivos permanecerem melhor posicionados em ordem em todos os ambientes, significa que houve pouca variação na interação G x A e conseqüentemente poucas influências ambientais.

Dessa forma, a seleção simultânea para produção, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG), proposto por Resende (2007) ao analisar REML/BLUP, dispõem de algumas vantagens em relação as tradicionais análises, como por exemplo, considerar os efeitos genotípicos aleatórios, fornecer parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica, fornecer valores genotípicos livres de fatores ambientais e gerar resultados em sua própria grandeza ou faixa de caracteres avaliada.

Estabilidade por MHVG indica a previsibilidade de genótipos em relação a diversos ambientes. Assim, os genótipos mais estáveis nos diferentes ambientes foram, respectivamente, 46, 31, 32, 28 e 41 (Tabela 4). Para os sojicultores, é fundamental uma recomendação de genótipos estáveis para cada região, já que a cultura é de certa forma sensível a questões como o fotoperíodo e altitude, por exemplo. Assim os genótipos mais estáveis irão permitir que o produtor faça uma alocação de todos os recursos, de uma maneira mais segura, afim de potencializar sua produção.

Já a predição de adaptabilidade descrita por Resende (2007) pode ser realizada usando PRVG, nos diferentes ambientes avaliados. O parâmetro de adaptabilidade pode ser entendido como a capacidade dos genótipos em responder vantajosamente aos estímulos (MARIOTTI et al., 1976). Neste estudo, os genótipos mais adaptados também foram considerados ser mais estáveis, apenas com uma inversão de ordem do 4º para o 5º genótipo: 46, 31, 32, 41 e 28.

Assim, os genótipos destacados na seleção simultânea, considerando produtividade, estabilidade e parâmetros de adaptabilidade genética (MHPRVG) foram respectivamente 46, 31, 32, 28 e 30. Portanto, em relação à ordem dos 5 melhores genótipos selecionados em ganho genético, houve apenas uma alteração a qual o genótipo 41 foi substituído pelo genótipo 30.

A Tabela 5 mostra a classificação dos genótipos, considerando seu desempenho médio, sem interação G x A ($u + g$), com os ganhos genéticos, com os efeitos médios da interação e com o efeito genotípico, para massa de cem grãos, nos 8 ambientes avaliados. Os genótipos que apresentaram melhor desempenho, sem interação G x A ($u + g$), foram 44, 35, 26, 6 e 31. Os ganhos genéticos obtidos através da seleção desses genótipos, foram respectivamente 0,78;

0,75; 0,72; 0,65 e 0,60 g. Dessa forma, esses genótipos apresentaram bom desempenho médio nos diferentes ambientes, e podem ser recomendados para seleção, se for de interesse a variável em questão. Por outro lado, os genótipos 13, 34, 29, 20, 11, 4, 46, 33 mostraram-se um efeito genotípico predito negativo, indicando que eles apresentavam menor desempenho e, portanto, não devem ser recomendados para essas regiões.

Os valores genotípicos preditos para a média da cultura ($u + g + gem$), considerando o efeito médio da interação, foram parecidos com os métodos que capitalizam adaptabilidade (PRVG) e a adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG) simultaneamente, porém com uma variação em sua ordenação (Tabela 6). Dessa forma, a ordem dos genótipos considerando os valores genotípicos, incluindo a interação foi o mesmo que a seleção para a média genética sem interação (Tabela 5).

Tabela 5. Estimativas do ganho genético previsto para Massa de cem grãos do desempenho médio de 46 genótipos de soja em oito ambientes.

Ordem	Genótipo	Componentes médios (BLUP individual)				
		g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem
1	44	0,78	14,54	0,78	14,54	16,74
2	35	0,73	14,49	0,75	14,52	16,54
3	26	0,65	14,41	0,72	14,48	16,23
4	6	0,46	14,22	0,65	14,42	15,52
5	31	0,40	14,16	0,60	14,37	15,28
6	24	0,38	14,14	0,57	14,33	15,21
7	7	0,34	14,10	0,53	14,30	15,05
8	18	0,33	14,09	0,51	14,27	15,01
9	30	0,23	14,00	0,48	14,24	14,65
10	22	0,22	13,99	0,45	14,21	14,62
11	45	0,19	13,96	0,43	14,19	14,50
12	43	0,19	13,96	0,41	14,17	14,50
13	27	0,16	13,93	0,39	14,15	14,38
14	39	0,13	13,89	0,37	14,13	14,26
15	40	0,13	13,89	0,35	14,12	14,26
16	28	0,11	13,87	0,34	14,10	14,18
17	41	0,10	13,86	0,33	14,09	14,14
18	1	0,08	13,84	0,31	14,08	14,07
19	25	0,07	13,83	0,30	14,06	14,03
20	19	0,03	13,79	0,29	14,05	13,87
21	12	0,03	13,79	0,27	14,04	13,87
22	21	0,02	13,78	0,26	14,02	13,83
23	9	0,01	13,77	0,25	14,01	13,79
24	23	0,00	13,76	0,24	14,00	13,75
25	13	-0,02	13,74	0,23	13,99	13,67
26	34	-0,03	13,73	0,22	13,98	13,63
27	29	-0,05	13,71	0,21	13,97	13,55
28	20	-0,05	13,71	0,20	13,96	13,55
29	11	-0,12	13,65	0,19	13,95	13,32
30	4	-0,14	13,63	0,18	13,94	13,24
31	46	-0,14	13,63	0,17	13,93	13,24
32	33	-0,15	13,62	0,16	13,92	13,20
33	10	-0,15	13,62	0,15	13,91	13,20
34	36	-0,19	13,57	0,14	13,90	13,04
35	32	-0,19	13,57	0,13	13,89	13,04
36	5	-0,21	13,55	0,12	13,88	12,96
37	14	-0,22	13,54	0,11	13,87	12,93
38	8	-0,29	13,47	0,10	13,86	12,65
39	2	-0,34	13,42	0,09	13,85	12,45
40	3	-0,34	13,42	0,08	13,84	12,45
41	17	-0,37	13,39	0,07	13,83	12,34
42	42	-0,44	13,33	0,05	13,82	12,10
43	37	-0,55	13,21	0,04	13,80	11,67
44	38	-0,55	13,21	0,03	13,79	11,67
45	15	-0,59	13,17	0,01	13,78	11,51
46	16	-0,61	13,15	0,00	13,76	11,43

g = efeito genotípico; $\mu + g$ = valor genotípico predito sem interação; u + g + gem = valor genético médio em ambientes.

Os genótipos mais estáveis nos diferentes ambientes para massa de cem grãos foram, respectivamente, 31, 7, 35, 30, e 26 (Tabela 6). Para adaptabilidade, os genótipos mais adaptados também se mostraram os mais estáveis, contudo, houve uma mudança na ordem e uma substituição do genótipo 30 pelo 44. Dessa forma se apresentaram na seguinte ordem: 35, 44, 31, 26 e 7.

Tabela 6. Estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG e PRVGMG) e estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG e MHPRVGMG) de valores genéticos de 46 genótipos de soja para massa de 100 grãos, previstos pela análise BLUP.

Ordem	Gen	MHVG	Gen	PRVG	PRVGMG	Gen	MHPRVG	MHPRVGMG
1	31	14,93	35	1,17	16,15	35	1,13	15,49
2	7	14,30	44	1,16	16,02	31	1,11	15,31
3	35	14,28	31	1,15	15,77	44	1,10	15,19
4	30	14,15	26	1,14	15,74	26	1,10	15,13
5	26	13,98	7	1,10	15,18	7	1,09	15,05
6	22	13,89	6	1,10	15,17	6	1,07	14,68
7	44	13,89	30	1,09	15,02	30	1,06	14,65
8	6	13,63	22	1,09	14,95	22	1,05	14,45
9	28	13,62	24	1,08	14,83	24	1,04	14,32
10	1	13,37	27	1,05	14,50	28	1,03	14,12
11	24	13,33	28	1,05	14,50	45	1,02	13,97
12	45	13,15	18	1,05	14,46	40	1,01	13,86
13	9	13,11	45	1,05	14,46	1	1,01	13,85
14	40	13,05	1	1,05	14,44	27	1,00	13,82
15	27	13,01	41	1,04	14,25	43	1,00	13,77
16	41	12,99	40	1,03	14,21	41	1,00	13,77
17	23	12,98	43	1,03	14,20	9	0,99	13,65
18	43	12,86	9	1,02	14,01	18	0,99	13,62
19	34	12,83	23	1,01	13,92	23	0,99	13,62
20	13	12,77	39	1,01	13,88	13	0,98	13,45
21	33	12,73	34	1,01	13,84	34	0,98	13,42
22	11	12,59	13	1,00	13,82	12	0,97	13,32
23	4	12,57	25	0,99	13,61	39	0,96	13,20
24	18	12,53	12	0,99	13,60	4	0,96	13,18
25	46	12,49	11	0,99	13,58	33	0,96	13,15
26	32	12,49	33	0,98	13,55	11	0,95	13,12
27	12	12,36	19	0,98	13,55	19	0,95	13,12
28	39	12,27	21	0,98	13,44	46	0,95	13,10
29	19	12,24	46	0,97	13,41	25	0,95	13,08
30	25	12,15	4	0,97	13,36	32	0,94	13,00
31	29	12,14	29	0,97	13,36	29	0,94	12,98
32	14	12,13	32	0,97	13,30	21	0,94	12,97
33	36	12,06	10	0,96	13,19	14	0,93	12,83
34	10	12,05	20	0,96	13,17	10	0,93	12,81
35	5	12,05	36	0,95	13,08	36	0,93	12,80
36	21	12,02	14	0,95	13,01	5	0,93	12,78
37	8	11,72	5	0,94	13,00	20	0,91	12,55
38	20	11,68	8	0,93	12,74	8	0,90	12,41
39	17	11,52	17	0,91	12,56	3	0,88	12,12
40	3	11,51	3	0,91	12,52	17	0,88	12,05
41	38	11,47	2	0,89	12,24	42	0,86	11,89
42	42	11,26	38	0,88	12,17	2	0,86	11,86
43	15	11,18	42	0,88	12,12	38	0,85	11,69
44	16	11,14	16	0,86	11,84	15	0,84	11,60
45	2	11,04	15	0,86	11,77	37	0,83	11,48
46	37	10,76	37	0,85	11,63	16	0,83	11,38

MG = média geral em todos os ambientes. MHVG = média harmônica dos valores genéticos; PRVG = desempenho relativo dos valores genéticos; MHPRVG = média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos previstos.

Assim, os genótipos destacados na seleção simultânea (MHPRVG) para massa de cem grãos, foram respectivamente 35, 31, 44, 26 e 7. Portanto, em relação à ordem dos 5 melhores genótipos selecionados em ganho genético, houve uma alteração na posição dos genótipos e uma substituição do genótipo 6 pelo genótipo 7. Essa variação da ordenação dos genótipos selecionados em relação aos 3 parâmetros, se deve a uma baixa correlação positiva do comportamento genotípico dos materiais testados nos diferentes ambientes (Tabela 1). Contudo, analisando os resultados obtidos para a produtividade e massa de cem grãos, é possível indicar novos genótipos para plantio nessas regiões que sejam estáveis, adaptados e produtivos em ambas variáveis, de forma que possa auxiliar na expansão e fortalecimento da produção da cultura no país.

5 CONCLUSÃO

A herdabilidade média dos genótipos apresentou boa magnitude para a variável produtividade e uma baixa magnitude para a variável massa de cem grãos, de forma que há melhores perspectivas de sucesso na seleção e atribuição de genótipos com alta precisão para produtividade do que para massa de cem grãos. A baixa correlação genotípica entre os ambientes, indica a baixa previsibilidade das respostas dos genótipos. Houve variação na ordenação dos genótipos de ganho genético e estabilidade e adaptabilidade para massa de cem grãos, porém se manteve quase todos os genótipos, substituindo somente um. O genótipo 46 foi o que obteve melhor rendimento para produtividade, e o genótipo 35 foi o que obteve melhor rendimento para massa de cem grãos. Contudo, o genótipo 31 é o único que aparece entre os 5 melhores genótipos nas avaliações de ganho genético e estabilidade e adaptabilidade para as variáveis produtividade e massa de cem grãos. Isso faz com que ele possa ser recomendado para plantio nessas regiões, assegurando e entregando os benefícios desejados pelos produtores.

6 REFERÊNCIAS

AGRICULTURE-USDA, U. S. (12 de Junho de 2019). Oilseeds: World Markets and Trade. Fonte: Foreign Agricultural Service/USDA June 2019 Office of Global Analysis: <https://downloads.usda.library.cornell.edu/usdaesmis/files/tx31qh68h/t435gp582/zs25xk513/o>

[ilseeds.pdfhttps://downloads.usda.library.cornell.edu/usdaesmis/files/tx31qh68h/t435gp582/zs25xk513/oilseeds.pdf](https://downloads.usda.library.cornell.edu/usdaesmis/files/tx31qh68h/t435gp582/zs25xk513/oilseeds.pdf)

APROSOJA. (09 de 05 de 2019). **A história da soja no mundo**. Fonte: Aprosoja Mato Grosso: <http://www.aprosoja.com.br/soja-e-milho/a-historia-da-soja>.

BARBIN, D. **Componentes de variância: teoria e aplicações**. 2. ed. revisada e ampliada, Piracicaba, 1993. 120p.: il.

BORÉM, A. (1999). **Escape Gênico. Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento** - Encarte Especial, 101-107.

CALVO, É., & KIIHL, R. (2006). **Melhoramento genético: de onde partimos e para onde vamos**. Visão Agrícola N° 5, 50-53.

CONAB. (2019). **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**. Brasília.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, 480p.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOVSKY, R. (1989) An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. **Rev. Bras. Genet.**, v.17, p. 69- 73.

DE FREITAS, M. (31 de 05 de 2011). **A cultura da soja no Brasil: O crescimento da produção brasileira e o surgimento de uma nova fronteira agrícola**. Enciclopedia Biosfera, p. 2.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimção e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agrícola**, v.58, n. 1, p. 109-117, jan/mar. 2001.

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. **Crop. Sci.**, v. 6, p. 36-40.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**, 4 th ed. Longman Group, Essex, 464 p. 1996.

FAO. (14 de Dezembro de 2013). Fonte: FOOD EN AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS-FAO: <http://www.fao.org/countryprofiles/index/en/?lang=es&iso3=PRY>

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. (1963) The analysis of adaptation in a plantbreeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 14, p. 742-754.

FREITAS, A. R. **Comparação de métodos de estimação de componentes de variâncias e parâmetros afins de múltiplos caracteres em bovinos**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1991. 170 p. Tese Doutorado

GAZZONI, D. (09 de 05 de 2019). **A soja no Brasil é movida por inovações tecnológicas**.
 Fonte: Ciência e Cultura:
http://cienciaecultura.bvs.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S000967252018000300005&lng=pt&nrm=iso&tlng=pt

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased prediction using relationship matrices derived from selected base populations. **Journal of Dairy Science**, v. 68, n. 2, p. 443-448, 1985.

HENDERSON, C. R. Between algorithms: A “Short Cut” restricted maximum likelihood procedure to estimate variance components. **Journal of Dairy Science**, v. 69, n. 7, p. 1904-1916, 1986.

HOGG, R.V.; CRAIG, A.T. **Introduction to mathematical statistics**, 2^a ed., New York, Macmillan Co., 1965. 388 p.

HUENH, M. (1990) Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: **Theory**. **Euphytica**, v. 47, n. 3, p.189-194.

IEMMA M. **Uso do melhor preditor linear não viesado (BLUP) em análises dialélicas e predição de híbridos**. Dissertação de Mestrado, ESALQ, USP, Piracicaba, 2003. 81 p.

KANG, M.S. 2004. **Breeding: Genotype by environment interaction**. In Encyclopedia of Plant and Crop Science, ed. R.M. Goodman. New York: Marcel Dekker.

KIIHL, R., & GARCIA, A. (1989). **The use of the long-juvenile trait in breeding soybean cultivars**. WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 4, 994-1000.

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

MAIA M. C. C.; RESENDE M. D. V.; PAIVA J. R.; CAVALCANNTI J. J. V. et al. (2009). **Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genótípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos.** *Pesq. Agropec. Trop.* 39: 43-50.

MARIOTTI, J. A.; OYARZABAL, E. S.; OSA, J. M.; BULACIO, A. N. R.; ALMADA, G. H. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar. I. Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Noroeste Argentino**, v. 13, n. 14, p. 105-127, 1976.

MEYER, K. Between algorithms: A “Short Cut” restricted maximum likelihood procedure to estimate variance components. *Journal of Dairy Science*, v. 69, n. 7, p. 1904-1916, 1986.

MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values.** 2 ed. 2005. 344 p.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika** 58: 545-554, 1971.

PERRI, S. H. V.; IEMMA, A. F. Procedure of software SAS for the analysis of mixed models. **Scientia agrícola**, Piracicaba, v. 56, n. 4, 1999.

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

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. (2002). **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes.** Embrapa Informação Tecnológica, Brasília.

RESENDE M. D. V. (2007). **Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético.** Embrapa Florestas, Colombo.

RESENDE M. D. V. e DUARTE J. B. (2007). **Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares.** *Pesq. Agropec. Trop.* 37: 182-194.

RESENDE, M.D.V. de. Avanços da genética biométrica florestal. In: BANDEL, G.; VELLO, N.A.; MIRANDA FILHO, J.B. (Ed.). **Encontro sobre temas de genética e melhoramento: genética biométrica vegetal.** **Anais.** Piracicaba: Esalq/Usp, 1997. p. 20-46.

SEARLE, S., CASELLA, G., & McCULLOCH, C. (1992). **Variance Components**. New Jersey: John & Wiley.

SEDIYAMA, T. (2009). **Tecnologia de produção e usos da soja**. Londrina: Mecnas.

SQUILASSI, M. G. (13 de 05 de 2019). **Interação de genótipos com ambiente**. Fonte: Embrapa Tabuleiros Costeiros: http://www.cpatc.embrapa.br/publicacoes_2003/Livro_GXE.pdf

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. (1992) *Genética Biométrica no Fitomelhoramento: Sociedade Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 496p.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. Predicting breeding values with applications in forest tree improvement. **Dordrecht: Kluwer Academic Pulishe**, 1989.

YAN, W.; KANG, M.S. 2003. GGE biplot Analysis: **A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists**. Boca Raton, FL: CRC Press.

