

DESEMPENHO DE LINHAGENS DE SOJA VIA MODELOS MISTOS

Jean Newton Marques¹, Márcia Marise de Freitas Cação² e Juliana Parisotto Poletine¹

¹Universidade Estadual de Maringá – UEM, Departamento de Ciências Agronômicas, Campus Regional de Umuarama. Estrada da Paca s/n, CEP: 87500-000, Bairro São Cristóvão, Umuarama, PR.

E-mail: jeanmarques.n@gmail.com; jppoletine@uem.br

²APTA, APTA Regional, Unidade Regional de Pesquisa e Desenvolvimento de Assis. Rodovia SP 333 (Assis-Marília) km 397, CEP 19.805-000, Assis, SP. E-mail: marcia.rodriques@sp.gov.br

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi identificar linhagens de soja em múltiplos ambientes, assim como selecionar linhagens elites com melhor comportamento segundo critério simultâneo da produtividade, estabilidade e adaptabilidade, quanto ao rendimento de grãos, via modelos mistos podendo ser recomendada como cultivar. Os ensaios foram instalados em 10 localidades no período de dois anos agrícolas, 2017/2018 e 2018/2019, totalizando 20 ambientes. O delineamento experimental foi realizado em blocos casualizados com três repetições. As parcelas formadas por quatro fileiras de plantas com 5 m de comprimento, com fileiras espaçadas em 0,50 m. A área útil da parcela será de cinco m², onde serão colhidas as duas fileiras centrais. Os critérios avaliados são produtividade em kg ha⁻¹. Foram realizadas as ANOVA por ambiente, em seguida a análise em conjunto via modelos mistos utilizando-se o Modelo 114 do software Selegen REML/BLUP. Os resultados obtidos foram avaliados primeiramente por análise de variância, onde a média dos coeficientes de variação foi de 11,02%. Em seguida via modelos mistos, utilizando-se o Modelo 114 do software Selegen REML/BLUP, verificou-se efeito significativo para interação genótipos x locais x anos (Vgla). Pelos resultados obtidos, oriundos da modelagem mista, segundo o critério de rendimento de grãos, podem ser indicadas as linhagens G1, G3, G4 e G6 como promissoras para seleção dentro de programas de melhoramento.

PALAVRAS-CHAVE: *Glycine max*; melhoramento genético; produtividade; ambientes.

SOYBEAN LINES PERFORMANCE THROUGH VIA MIXED MODELS

ABSTRACT: The objective of this work was to identify soybean lines in multiple environments, as well as to select elite lines with better behavior according to simultaneous criterion of productivity, stability and adaptability, regarding grain yield, via mixed models and can be recommended as cultivar. The tests were installed in 10 localities in the period of two agricultural years, 2017/2018 and 2018/2019, totaling 20 environments. The experimental design was carried out in randomized blocks with three replications. The plots formed by four rows of plants with 5 m long, with rows spaced in 0.50 m. The useful area of the plot will be five m², where the two central rows will be harvested. Criteria evaluated was grain yield in kg ha⁻¹. Variance analysis was performed by environment, followed by joint analysis using mixed models using model 114 of the Software Selegen REML/BLUP. The results obtained were first evaluated by variance analysis, where of variation coefficient was 11.02%. Then, by mixed models, it was verified a significant effect for triple interaction: genotypes x sites x years (Vgla). The results obtained, derived from mixed modeling, according to grain yield

criterion, showed that G1, G3, G4 and G6 lines may be indicated as promising for selection within breeding programs.

KEY WORDS: *Glycine max*; genetic improvement; grain yield; environment.

INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill), leguminosa pertencente à família Fabaceae é uma cultura anual que se reproduz predominantemente por autopolinização. Apresenta importância socioeconômica por conta da sua alta produtividade de grãos que possui elevados teores de proteína (40%) e óleo (20%), tendo seu cultivo adaptado a diversas regiões de norte a sul do país (Rocha, 2002). Atualmente, o Brasil é o maior produtor desta leguminosa com 119,2 milhões de toneladas produzidos em uma área de aproximadamente 35 milhões de hectares (Conab, 2020).

Entre os principais entraves de se ter cultivares produtivas para diversos locais está a interação genótipo x ambiente. Para contornar este complicador, programas de melhoramento têm trabalhado exaustivamente, gerando a cada ano novas cultivares que diminuam o efeito desta interação nos ambientes recomendados (Sedyama et al., 2005; Silva, 2015).

Em culturas anuais é comum a realização de experimentação envolvendo montagem de ensaios nos mais variados locais e épocas de cultivo a fim de se observar os resultados provenientes da interação dos genótipos nesses ambientes. Para tanto, a qualidade de análise dos dados, torna o processo mais eficiente, como é o uso da metodologia via modelos mistos (REML/BLUP) (Pimentel, 2014).

O método da média harmônica da *performance* relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) via REML/BLUP, oferece previsões acuradas e permite identificar genótipos que possuam simultaneamente boa produção, adaptabilidade e estabilidade. Efeitos genotípicos ao invés de fenotípicos são utilizados para se gerar previsões a serem utilizadas para seleção (Resende, 2004).

Este trabalho foi realizado com o objetivo identificar linhagens de soja em múltiplos ambientes, assim como selecionar linhagens com melhor comportamento segundo critério simultâneo da produtividade, estabilidade e adaptabilidade, quanto ao rendimento de grãos, via modelos mistos podendo ser recomendada como cultivar.

MATERIAL E MÉTODOS

Os ensaios foram conduzidos em parceria com Programa de Melhoramento Genético de Soja desenvolvido pelo Centro Universitário Integrado de Campo Mourão/PR. Para a primeira parte do experimento, os ensaios de valor de cultivo e uso foram compostos de 32 genótipos de soja, sendo quatro cultivares comerciais. Porém para a análise conjunta dos dados foram considerados apenas oito genótipos de soja, sendo seis linhagens experimentais oriundas do programa de melhoramento e duas variedades comerciais como testemunhas, todas resistentes ao glifosato e tolerantes ao ataque de lagartas (Soja IPRO RR2), conforme a Tabela 1.

Tabela 1 - Genótipos de soja e respectivo grupo de maturação

Código	Genótipos	Grupo de maturação
G1	INT46.21	5.9
G2	INT52.16	6.0
G3	INT60.45	6.2
G4	INT61.60	6.1
G5	INT67.31	6.2
G6	INT60.23	5.4
G7	M5947 IPRO*	5.9
G8	M6210 IPRO*	6.2

*Testemunhas.

Os ensaios foram instalados em 10 localidades no decorrer de dois anos agrícolas 2017/2018 e 2018/2019, totalizando 20 ambientes avaliados nos estados do Paraná e São Paulo, conforme detalhado na Tabela 2, sendo que para Campo Mourão e Luiziana, estado do Paraná, tem-se duas épocas de semeadura, tratando como ambientes distintos.

O delineamento experimental foi realizado em blocos casualizados com três repetições. As parcelas foram formadas por quatro linhas de plantas com 5 m de comprimento, espaçadas em 0,50 m. A área útil da parcela foi de cinco m², onde foram colhidas as duas fileiras centrais. A característica avaliada foi a produtividade de grãos (PROD), correspondente à produção de grãos das plantas da área útil das parcelas. Os grãos foram pesados, corrigidos para 13% de umidade e o valor obtido foi extrapolado para kg ha⁻¹.

Tabela 2 - Ambientes avaliados com os respectivos anos agrícolas, locais, unidades federativas (UF), região edafoclimática (REC) e altitude de cada local (m)

Código	Ano agrícola	Locais	UF	REC	Altitude média (m)
A1	2017/2018	Campo Mourão I	PR	201	599,0
A2	2017/2018	Campo Mourão II	PR	201	599,0
A3	2017/2018	Floresta	PR	201	377,3
A4	2017/2018	Guarapuava	PR	103	1050,0
A5	2017/2018	Luiziana I	PR	201	751,2
A6	2017/2018	Luiziana II	PR	201	751,2
A7	2017/2018	Mandaguaçu	PR	202	580,0
A8	2017/2018	Palotina	PR	201	320,0
A9	2017/2018	Rancharia	SP	203	519,0
A10	2017/2018	Realeza	PR	102	440,0
A11	2018/2019	Campo Mourão I	PR	201	599,0
A12	2018/2019	Campo Mourão II	PR	201	599,0
A13	2018/2019	Floresta	PR	201	377,3
A14	2018/2019	Guarapuava	PR	103	1050,0
A15	2018/2019	Luiziana I	PR	201	751,2
A16	2018/2019	Luiziana II	PR	201	751,2
A17	2018/2019	Mandaguaçu	PR	202	580,0
A18	2018/2019	Palotina	PR	201	320,0
A19	2018/2019	Rancharia	SP	203	519,0
A20	2018/2019	Realeza	PR	102	440,0

Todos os ensaios foram semeados de forma mecanizada, com semeadora de parcelas, profundidade de aproximadamente 2,5 cm, distribuindo uniformemente entre 12 e 15 sementes por metro. As adubações e tratos culturais foram semelhantes às adotadas ao sistema dos produtores dos locais de condução dos ensaios, refletindo as recomendações técnicas.

1. Análise individual

A característica avaliada em todos os ambientes estudados foi submetida à análise de variância individual, adotando-se o seguinte modelo estatístico:

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

Em que,

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

μ : média geral;

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

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

E_{ij} : erro experimental médio.

Após a realização das análises de variância individuais, foi verificada a existência de homogeneidade de variância dos erros experimentais pelo teste F máximo, que consiste na relação entre o maior e menor quadrado médio do resíduo do grupo de experimentos. As análises de variância individuais foram realizadas utilizando o programa computacional Genes (Cruz, 2006).

2. Estimativa das significâncias – ANADEV

A significância dos efeitos do modelo foi estimada pela análise de *deviance*, conforme recomendações de (Resende, 2007). As *deviances* foram obtidas por meio de análises com e sem os efeitos de g, ga, gl e gla. Para elaboração do quadro de Análise de *Deviance* (ANADEV) é estabelecido: (a) obtendo o logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual (L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; (b) Obtenção da deviance $D = -2 \log L$ para modelos com e sem o efeito a ser testado; (c) Elaboração das diferenças entre as *deviances* para modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR) e (d) Testar, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, a 1% e 5% de probabilidade.

Tem-se então o seguinte modelo $y = u + g + b + gb + e$, em que g refere-se ao efeito aleatório de genótipos, b refere-se ao efeito fixo de blocos, gb refere-se ao efeito aleatório de parcela e e refere-se ao resíduo aleatório dentro de parcela (Resende, 2006)

3. Análise conjunta

As análises foram feitas via modelos mistos utilizando-se o Modelo 114 do software Selegen REML/BLUP que utiliza o seguinte modelo genético-estatístico: $y = Xf + Zg + Qa + Ti + Wt + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local-ano (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), a é vetor dos efeitos da interação de genótipos com anos (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais, t é o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos x locais x anos (assumidos como aleatórios), com e “e” sendo o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), conforme Resende (2006). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Esse modelo envolvendo a avaliação de genótipos em vários locais e anos de semeadura, é dado por, $Y_{ijkn} = \mu + g_i + b_{j/k/n} + a_k + l_n + g_{aik} + g_{lin} + a_{lkn} + g_{al_{ikn}} + g_{bal_{ij/k/n}}$, em

que μ é o efeito da média geral, g_i é o efeito do genótipo i , $b_{j/k/n}$ é o efeito do bloco j dentro do ano k dentro do local n , l_n é o efeito do local n , a_k é o efeito do ano de plantio k , g_{in} é o efeito da interação genótipos x locais, g_{aik} é o efeito da interação genótipos x anos de plantio, a_{kn} é o efeito da interação locais x anos de plantio, $g_{al_{ikn}}$ é o efeito da interação genótipos x anos x locais, e $g_{bal_{ij/k/n}}$ é o erro ou resíduo aleatório. No caso, os efeitos de anos, locais e blocos/anos/locais foram agrupados no efeito f (Resende, 2006).

4. Análises de adaptabilidade e estabilidade pela metodologia REML/BLUP

Os valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) para a avaliação da estabilidade, da *performance* relativa dos valores genotípicos (PRVG) para a adaptabilidade e da média harmônica da *performance* relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) para a estabilidade, a adaptabilidade e a produtividade, simultaneamente, para todos os genótipos foram obtidos conforme as expressões:

$$MHVG = \frac{l}{\sum_{i=1}^l \frac{1}{VG_j}}, \quad PRVG = \frac{1}{L} \left(\frac{\sum VG_j}{M_j} \right) \quad \text{e} \quad MHPRVG = \frac{l}{\sum_{l=1}^l \frac{1}{PRVG_j}},$$

Em que l : número de locais, VG : valor genotípico e j : genótipos (Resende, 2007). Para tais análises, utilizou-se o *Software* Estatístico Selegen.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

1. Análises de variância individuais

As análises de variância individuais (Tabelas 3 e 4) foram realizadas nos 10 ambientes e dois anos agrícolas, totalizando 20 ambientes. Os ensaios analisados levaram em conta 32 genótipos, posteriormente para análise conjunta (Tabela 5) foram considerados apenas 8 genótipos que se repetem em todos ambientes e safras.

Tabela 3 - Quadrados médios (QM) das análises de variâncias individuais, por ambientes, para o caráter produtividade de grãos (PROD) dos ensaios completos com 32 genótipos de soja na safra agrícola de 2017/2018

		Campo Mourão PR (A1)	Campo Mourão PR (A2)	Floresta/PR (A3)	Guarapuava/PR (A4)	Luiziana/PR (A5)
Fonte de variação	GL	QM (PROD)				
TRAT.	31	428180*	197005*	616045*	840588*	373255**
BLOCO	2	365879	1130377	111717	158313	684003
ERRO	62	184958	107632	139273	227512	198576
Média		3294	4809	4219	3589	4298
CV%		13,06	6,82	8,85	13,29	10,37

		Luiziana/PR (A6)	Mandaguacu/PR (A7)	Palotina/PR (A8)	Rancharia/SP (A9)	Realeza/PR (A10)
Fonte de variação	GL	QM (PROD)				
TRAT.	31	315027*	857476*	453121*	1549013*	524531*
BLOCO	2	100133	992476	2195069	93429	174253
ERRO	62	82568	138104	247240	128514	136487
Média		4372	3416	4420	3667	3312
CV%		6,57	10,88	11,25	9,78	11,15

** , * , ^{ns} , significativo a 1 e 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

A média de produtividade geral foi de 3512 kg ha⁻¹, sendo o ano agrícola 2017/18 de 3940 kg ha⁻¹ e 3085 kg ha⁻¹ para 2018/19 mostrando que a primeira safra teve uma média consideravelmente superior à safra posterior, esses valores ficam mais nítidos para Floresta/PR, Palotina/PR e Rancharia/SP.

Todos os ambientes apresentaram diferença significativa de 1% e 5% para os tratamentos (TRAT.) avaliados, mostrando que pelo menos um genótipo apresenta diferença entre os demais. Apenas o ambiente (A5) apresentou significância apenas à 5%.

Tabela 4 – Quadrados médios (QM) das análises de variâncias individuais, por ambientes, para o caráter de produtividade de grãos (PROD) dos ensaios completos com 32 genótipos de soja na safra agrícola de 2018/2019

Fonte de variação	G L	Campo Mourão PR (A11)	Campo Mourão PR (A12)	Floresta/PR (A13)	Guarapuava/PR (A14)	Luiziana/PR (A15)
		QM (PROD)				
TRAT.	31	564516*	1207909*	450761*	703666*	496867*
BLOCO	2	112525	159640	26883	51295	213648
ERRO	62	72228	247364	77564	202135	83097
Média		3360	3168	2284	3820	4180
CV%		8,00	15,70	12,19	11,77	6,90

Fonte de variação	GL	Luiziana/PR (A16)	Mandaguacu/PR (A17)	Palotina/PR (A18)	Rancharia/SP (A19)	Realeza/PR (A20)
		QM (PROD)				
TRAT.	31	532542*	1305349*	451215*	415897*	647669*
BLOCO	2	122553	35533	1274101	85282	352597
ERRO	62	99490	112671	62466	33476	213353
Média		4529	3394	1136	1636	3339
CV%		6,96	9,89	22,01	11,18	13,83

** , * , ^{ns} , significativo a 1 e 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Em relação ao coeficiente de variação (CV) a média de todos ambientes foi de 11,02%. De acordo Gomes (2009) os coeficientes, de forma geral, podem ser classificados de médio a baixo, por se tratar de um caráter controlado por muitos genes, altamente influenciado pelo ambiente. Esses valores indicam uma boa precisão experimental. Apenas o ambiente A18 apresentou coeficiente superior a 20%.

2. Análises conjuntas

O teste de razão de verossimilhança apresentou não significância para variação genotípica (Vg), variância da interação genótipos x anos (Vga) e variância da interação genótipos x locais (Vgl) (Tabela 5). Ou seja, o genótipo G1 no ambiente A1 é igual ao G1 no ambiente A2, o mesmo princípio é válido para os genótipos nos anos. Porém, verificou-se efeito significativo para interação genótipos x locais x anos (Vgla), onde LRT do Vgla (61.7627) é superior ao valor do χ^2 para as significâncias de 1% e 5% de probabilidade. A significância da interação Vgla pode influenciar na seleção dos melhores genótipos,

dificultando a recomendação de novas cultivares pelos melhoristas. A análise de *deviance* evidenciou, assim, a presença de interação entre os genótipos, locais e anos.

Tabela 5 - Análise de deviance (ANADEV) e significância pelo teste da razão de verossimilhança (LRT (χ^2)) para a produtividade grãos dos 8 genótipos em 20 ambientes, nas safras agrícolas 2017/2018 e 2018/2019

Efeito	<i>Deviance</i>	LRT (χ^2)
Vg	5.715,0459	0,0002 ^{ns}
Vga	5.715,0466	0,0009 ^{ns}
Vgl	5.715,0443	-0,0014 ^{ns}
Vgla	5.776,8084	61,7627*
Modelo Completo	5.715,0457	

*Qui-quadrado (χ^2) tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente. NS – não significativo.

Os resultados referentes aos componentes de variância (RELM Individual) e parâmetros genéticos para a análise conjunta, envolvendo oito genótipos em 20 ambientes em duas safras, para o caráter de produtividade de grãos estão dispostas na Tabela 6. A estimativa do coeficiente de determinação dos efeitos genotípicos (dada pela herdabilidade no sentido amplo h^2g ,) livre das interações de um dado genótipo num dado local e ano, foi de 0,00014 +- 0,0015. Esses valores baixos indicam valores altamente influenciados pelo ambiente. Isso já era esperado e está coerente com a natureza quantitativa do caráter.

Quanto aos componentes de variância, temos 38,98 de variância genotípica (Vg), 567,97 para interação genótipos x anos (Vga), 2.634,97 para interação genótipos x locais (Vgl) e 133.737,09 da interação genótipos x locais x anos (Vgla). Esse valor da Vgla foi, expressivamente, o que mais contribuiu para composição da variância fenotípica (Vf, 277.802,87).

Os valores de coeficientes de determinação dos efeitos referem-se à proporção da variabilidade fenotípica total explicada pela interação e indica o quanto a variância de cada interação contribuiu para a composição da Vf. Nesse sentido, o coeficiente de interação genótipo x locais x anos (C2gla) com 0,4814, indica que a composição da Vf é constituída por 48,14% da Vgla. Já os demais coeficientes C2ga (Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x anos) e C2gl (Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais), contribuíram significativamente menos para a composição da Vf, apresentando coeficiente de determinação dos efeitos da interação de 0,204% e 0,948%, respectivamente.

Tabela 6 - Componentes de variância e parâmetros genéticos (REML individual) para a produtividade de grãos dos 8 genótipos em 20 ambientes, nas safras agrícolas 2017/2018 e 2018/2019

Parâmetros	
Vg - Variância genotípica	38,98
Vga - Variância da interação genótipos x anos	567,97
Vgl - Variância da interação genótipos x locais	2.634,97
Vgla - Variância da interação genótipos x locais x anos	133.737,09
Ve - Variância residual	140.823,84
Vf - Variância fenotípica individual	277.802,87
H ² _g - Herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais	0,00014 +- 0,0015
C2ga - Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x anos	0,002
C2gl - Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais	0,009
C2gla - Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais x anos	0,481
Rgl - Correlação genotípica através dos locais, válida para qualquer ano	0,014
Rga - Correlação genotípica através dos anos, válida para qualquer local	0,064
Rgl _a - Correlação genotípica através dos locais, em um dado ano	0,187
Rga _l - Correlação genotípica através dos anos, em um dado local	0,824
Rgl _{ma} - Correlação genotípica dos locais, para a média de todos os anos	0,962
Rga _{ml} - Correlação genotípica dos anos, para a média de todos os locais	0,960
Rgla - Correlação genotípica através dos locais e anos	0,00029
Média geral do experimento	3.641,62

Trabalho realizado por Santos (2009), em experimentos com linhagens de arroz em terras altas, apresentou valores de coeficientes de, 4,7%, 5,1% e 1,9%, para C2ga, C2gl e C2gla, respectivamente. Observa-se que os coeficientes das interações tiveram menor influência na composição da Vf. No mesmo trabalho vemos a grande influência da Vg sobre a Vf, indicando que a variabilidade genotípica entre os genótipos testados foi mais expressiva que as variâncias das respectivas interações.

Sobre as correlações genotípicas por meio dos ambientes, as mesmas encontram-se demonstradas na Tabela 6, pelos parâmetros *Rg*. Quanto a correlação genotípica através dos locais, válida para qualquer ano (Rgl), temos valores considerados baixos (0,014), assim como o Rga (0,064) correlação genotípica através dos anos. Segundo Santos (2009) valores de magnitude baixa a mediana, indicam alteração no ordenamento de genótipos nos diferentes locais, para Rgl, e nos diferentes anos, para Rga, ou seja, alta interação genótipos x locais e alta interação entre genótipos x anos, altera o ordenamento dos genótipos através dos locais, e através dos anos. Para o caráter produção de grãos de feijão, encontraram valor de Rgl = 0,085 e, de acordo com Resende (2007), é do tipo complexa e alta (Carbonell, Chiorato et al., 2007).

Quanto a correlação genotípica através dos locais, em um dado ano (R_{gl_a}) temos valor de 0,1872, cuja magnitude indica que os genótipos tiveram comportamento diferentes nos locais, em um dado anos, o que dificulta a seleção entres os locais. De modo diferente, a correlação genotípica, através dos anos, em um dado local (R_{ga_l}), foi de 0,824, indicando que os desempenhos dos genótipos foram pouco afetados pelo efeito de ano, ou seja, entre os diferentes anos em um mesmo local os genótipos apresentaram comportamentos semelhantes.

A correlação genotípica através dos locais, para a média de todos os anos (R_{gl_ma}) e dos genótipos através dos anos, para a média de todos os locais (R_{ga_ml}), mostraram valores de magnitude alta de 0,962 e 0,960 respectivamente, o que indica que os genótipos tiveram desempenho bastante semelhante através dos locais na média dos dois anos, assim como os genótipos apresentaram comportamento semelhante através dos anos, na média dos locais.

A baixa magnitude de $rgla$ (0,00029) revela uma interação complexa alta, corroborando a premissa de que os genótipos não tiveram o mesmo comportamento entre os ambientes. Assim, uma linhagem com boa produtividade no ambiente A não necessariamente foi no ambiente B. Trabalho de Santos (2009), mostram níveis moderados do $rgla$, 0,454, o que atribui a concordância com os resultados obtidos neste trabalho. A média de produtividade de grãos dos dez locais, oito genótipos, nas duas safras foi de 3.641,62 kg ha⁻¹.

3. Seleção de Genótipos - Todos Locais

Os resultados obtidos são referentes aos efeitos (g) e valores (u + g) genotípicos preditos, livres de toda interação com ambientes. A quantidade (u + g + gem) refere-se ao valor genotípico médio nos vários ambientes e acumula uma interação média com todos os ambientes avaliados (Resende, 2006). É válido ressaltar que, pelos valores u+g, é possível indicar as cultivares para os ambientes que não participaram da rede experimental, uma vez que os desempenhos dos materiais são livres da interação ge. Por outro lado, a recomendação pelos valores u+g+gem limita-se aos ambientes da rede experimental, ou então, no caso de outros locais, só será eficaz se estes apresentarem o mesmo padrão de interação ge da rede experimental avaliada. Caso contrário, a recomendação baseada no critério dos valores u+g é mais segura (Resende, 2007).

O ordenamento da Tabela 7 infere os melhores genótipos segundo os valores u+g e u+g+gem. Por esses valores genotípicos preditos em todos ambientes avaliados, verifica as maiores valores para os genótipos G1, G4, G6 e G3, com valores de 3.644,12, 3.644,07, 3.643,38 e 3.643,21 kg ha⁻¹, respectivamente para u+g+gem, sendo que os efeitos do ganho

(g) com valores positivos, sendo superior aos valores dos cultivares comerciais G7 e G8, que obtiveram os valores 3.641,47 e 3.639,95 kg ha⁻¹.

Tabela 7 – Valores referentes aos efeitos (g) e valores (u + g) genotípicos preditos, (u + g + gem) valor genotípico médio nos vários ambientes para o caráter de produtividade de grãos em kg ha⁻¹, livres de toda interação com ambientes. Assim como valores de LIIC e LSIC e média fenotípica

Código	Genótipo	Produtividade (kg ha ⁻¹)					
		G	u + g	u+g+gem	LIIC	LSIC	Média Fenotípica
G1	INT 46.21	0,322	3.641,94	3.644,12	3.629,72	3.654,17	3.720,88
G4	INT 61.60	0,316	3.641,94	3.644,07	3.629,71	3.654,16	3.719,50
G6	INT 60.23	0,227	3.641,85	3.643,38	3.629,62	3.654,07	3.697,47
G3	INT 60.45	0,205	3.641,83	3.643,21	3.629,60	3.654,05	3.692,13
G7	M5947 IPRO	-0,019	3.641,60	3.641,47	3.629,38	3.653,83	3.636,93
G8	M6210 IPRO	-0,216	3.641,40	3.639,95	3.629,18	3.653,63	3.588,42
G2	INT 52.16	-0,412	3.641,21	3.638,42	3.628,98	3.653,43	3.540,10
G5	INT 67.31	-0,422	3.641,20	3.638,34	3.628,97	3.653,42	3.537,53

Porém essa diferença entre os genótipos para os parâmetros (g, u+g e u+g+gem), se apresenta baixa amplitude dificultando o processo de seleção entre os genótipos, indicando um comportamento semelhante nos 20 ambientes. Essa paridade dos genótipos pode ser esperado devido a fase avançada das linhagens dentro do programa de melhoramento, ou seja, linhagens nas fases finais do programa já apresentaram resultados consistentes e demonstram uniformidade (materiais genéticos aparentados). A média fenotípica mostra uma maior amplitude entre os genótipos, evidenciando a influência do ambiente.

Os valores de LIIC e LSIC referem-se aos limites inferior e superior do intervalo de confiança, respectivamente. Verificando-se a sobreposição desses intervalos de confiança pode-se inferir sobre comparações múltiplas entre genótipos baseando-se em seus valores genotípicos preditos. Com essa análise observa-se que os genótipos não diferem entre si, visto que o genótipo G5, último no ordenamento, tem valor LSIC superior ao valor u+g do genótipo G1. Porém, segundo Resende (2006), para comparações múltiplas é importante relatar que os testes estatísticos provam apenas diferenças, ou seja, não provam igualdades. Dessa forma não se pode provar que determinados efeitos genotípicos são iguais, pode-se apenas dizer que não se conseguiu provar diferenças entre eles. É válido, para tanto, a utilização de mais critérios que auxiliam na seleção dos melhores indivíduos, análise combinado com MHPRVG e análise por ambiente.

4. Estabilidade e Adaptabilidade de Valores Genéticos (MHPRVG)

Os resultados da adaptabilidade e estabilidade genóticas simultâneas (MHPRVG) para produtividade de grãos dos genótipos avaliados (Tabela 8) mostram que os quatro melhores genótipos (G4, G1, G3 e G6) com base nos critério de MHPRVG correspondem aos quatro genótipos mais qualificados pela análise conjunta (Tabela 7), porém com alternância nas posições. Esses genótipos apresentaram valor de MHPRVG superior à 1, respondendo, em média, 1,0006 vezes a média dos locais em que foi cultivada. O genótipo G4, obteve o maior valor de MHPRVG com 1,0008, mostrando maior estabilidade e adaptabilidade.

Tabela 8 - Medida simultânea da produtividade, estabilidade e adaptabilidade pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genóticos (MHPRVG) e valor genotípico penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade (MHPRVG*MG) de 8 genótipos, avaliados em 20 ambientes, nas safras agrícolas 2017/2018 e 2018/2019

Código	Genótipo	MHPRVG	MHPRVG*MG
G4	INT 61.60	1,0008	3.645
G1	INT 46.21	1,0006	3.644
G3	INT 60.45	1,0005	3.643
G6	INT 60.23	1,0004	3.643
G7	M5947 IPRO	0,9998	3.641
G8	M6210 IPRO	0,9995	3.640
G5	INT 67.31	0,9994	3.639
G2	INT 52.16	0,9990	3.638

Trabalho desenvolvido por Gonçalves (2019) sobre adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de soja por REML/BLUP e GGE Biplot com 16 genótipos, apresentaram nove genótipos com MHPRVG > 1, sendo o genótipo G16 – BRS8980 IPRO com valores mais expressivos de 1,10.

5. Seleção de Genótipos por Locais

Devido a distensibilidade dos ambientes, evidenciada pela variação da média de produtividade entre os locais na Tabela 9, e como evidenciado anteriormente o comportamento dos genótipos entre os locais serem de interação complexa, ou seja, onde a ordenação dos genótipos difere entre os ambientes, podemos buscar selecionar indivíduos em agrupamentos de ambientes homogêneos. A maioria dos ambientes apresentou média de produtividade semelhante nos diferentes anos agrícolas, sendo que Floresta/PR, Palotina/PR e

Rancharia/SP apresentaram produtividade muito inferior no ano agrícola 2018/2019, quando comparada à safra 2017/2018.

Tabela 9 – Média de produtividade de grãos fenotípica (kg ha^{-1}) por local e ano agrícola

Código	Ano agrícola	Locais	UF	Média de Produtividade (kg ha^{-1})
A1	2017/2018	Campo Mourão I	PR	3344,4
A11	2018/2019	Campo Mourão I	PR	3399,1
A2	2017/2018	Campo Mourão II	PR	4975,1
A12	2018/2019	Campo Mourão II	PR	3182,9
A3	2017/2018	Floresta	PR	4537,5
A13	2018/2019	Floresta	PR	2365,1
A4	2017/2018	Guarapuava	PR	3892,0
A14	2018/2019	Guarapuava	PR	3577,3
A5	2017/2018	Luiziana I	PR	4603,5
A15	2018/2019	Luiziana I	PR	4330,6
A6	2017/2018	Luiziana II	PR	4536,5
A16	2018/2019	Luiziana II	PR	4550,6
A7	2017/2018	Mandaguaçu	PR	3626,1
A17	2018/2019	Mandaguaçu	PR	3833,1
A8	2017/2018	Palotina	PR	4637,0
A18	2018/2019	Palotina	PR	1257,8
A9	2017/2018	Rancharia	SP	3849,9
A19	2018/2019	Rancharia	SP	1418,1
A10	2017/2018	Realeza	PR	3365,9
A20	2018/2019	Realeza	PR	3549,2

Na Tabela 10 pode ser verificada a interação ge (genótipo x ambiente), onde tem-se o ganho em kg ha^{-1} por cada local nos dois anos agrícolas e para melhor interpretação desta tabela foi elaborada a Figura 1. Observa-se amplitude do ganho de 19,74 à -16,76, quanto maior o valor, mais expressivo foi o genótipo no ambiente. O somatório do ganho de cada local sempre será zero, indicando a destruição do ganho (ge) para cada genótipo no ambiente. O somatório do ganho (ge) de cada genótipo em todos os ambientes, mostra que o genótipos G1, G3, G4 e G6 deram positivo, em contrapartida os demais deram valores negativos, corroborando com o resultado na análise em conjunta.

Tabela 10 - Interação GE (genótipo x ambiente), código representado pela junção do ambiente e genótipo, ambientes compostos pela média dos anos agrícolas 2017/2018 e 2018/2019, ganho (g) de cada ambiente

Código	Ambientes	Genótipo	ge
11	Campo Mourão-PR I (A1; A11)	G1	19,74
21	Campo Mourão-PR I (A1; A11)	G2	-8,75
31	Campo Mourão-PR I (A1; A11)	G3	-7,04
41	Campo Mourão-PR I (A1; A11)	G4	0,29
51	Campo Mourão-PR I (A1; A11)	G5	-6,98
61	Campo Mourão-PR I (A1; A11)	G6	1,88
71	Campo Mourão-PR I (A1; A11)	G7	-3,22
81	Campo Mourão-PR I (A1; A11)	G8	4,08
12	Campo Mourão-PR II (A2; A12)	G1	4,57
22	Campo Mourão-PR II (A2; A12)	G2	-0,89
32	Campo Mourão-PR II (A2; A12)	G3	-2,74
42	Campo Mourão-PR II (A2; A12)	G4	-3,44
52	Campo Mourão-PR II (A2; A12)	G5	-10,80
62	Campo Mourão-PR II (A2; A12)	G6	18,68
72	Campo Mourão-PR II (A2; A12)	G7	3,64
82	Campo Mourão-PR II (A2; A12)	G8	-9,02
13	Floresta-PR (A3; A13)	G1	5,44
23	Floresta-PR (A3; A13)	G2	4,49
33	Floresta-PR (A3; A13)	G3	-1,40
43	Floresta-PR (A3; A13)	G4	6,22
53	Floresta-PR (A3; A13)	G5	-7,00
63	Floresta-PR (A3; A13)	G6	-8,90
73	Floresta-PR (A3; A13)	G7	1,58
83	Floresta-PR (A3; A13)	G8	-0,45
14	Guarapuava-PR (A4; A14)	G1	-16,66
24	Guarapuava-PR (A4; A14)	G2	2,43
34	Guarapuava-PR (A4; A14)	G3	4,65
44	Guarapuava-PR (A4; A14)	G4	-2,94
54	Guarapuava-PR (A4; A14)	G5	-7,76
64	Guarapuava-PR (A4; A14)	G6	5,08
74	Guarapuava-PR (A4; A14)	G7	14,74
84	Guarapuava-PR (A4; A14)	G8	0,46
15	Luiziana-PR I (A5; A15)	G1	12,21
25	Luiziana-PR I (A5; A15)	G2	-5,53
35	Luiziana-PR I (A5; A15)	G3	-3,55
45	Luiziana-PR I (A5; A15)	G4	3,37
55	Luiziana-PR I (A5; A15)	G5	-16,76
65	Luiziana-PR I (A5; A15)	G6	0,07
75	Luiziana-PR I (A5; A15)	G7	0,88
85	Luiziana-PR I (A5; A15)	G8	9,32
16	Luiziana-PR II (A6; A16)	G1	-5,69
26	Luiziana-PR II (A6; A16)	G2	-7,96
36	Luiziana-PR II (A6; A16)	G3	4,83
46	Luiziana-PR II (A6; A16)	G4	6,43
56	Luiziana-PR II (A6; A16)	G5	-6,97
66	Luiziana-PR II (A6; A16)	G6	4,85

76	Luiziana-PR II (A6; A16)	G7	6,86
86	Luiziana-PR II (A6; A16)	G8	-2,35
17	Mandaguaçu (A7; A17)	G1	12,45
27	Mandaguaçu (A7; A17)	G2	-7,27
37	Mandaguaçu (A7; A17)	G3	6,86
47	Mandaguaçu (A7; A17)	G4	-5,44
57	Mandaguaçu (A7; A17)	G5	10,17
67	Mandaguaçu (A7; A17)	G6	-5,72
77	Mandaguaçu (A7; A17)	G7	-9,07
87	Mandaguaçu (A7; A17)	G8	-1,98
18	Palotina-PR (A8; A18)	G1	8,68
28	Palotina-PR (A8; A18)	G2	-2,49
38	Palotina-PR (A8; A18)	G3	5,53
48	Palotina-PR (A8; A18)	G4	-2,37
58	Palotina-PR (A8; A18)	G5	3,68
68	Palotina-PR (A8; A18)	G6	-7,61
78	Palotina-PR (A8; A18)	G7	-3,32
88	Palotina-PR (A8; A18)	G8	-2,11
19	Rancharia-SP (A9; A19)	G1	-15,85
29	Rancharia-SP (A9; A19)	G2	-15,47
39	Rancharia-SP (A9; A19)	G3	6,12
49	Rancharia-SP (A9; A19)	G4	16,68
59	Rancharia-SP (A9; A19)	G5	14,12
69	Rancharia-SP (A9; A19)	G6	3,07
79	Rancharia-SP (A9; A19)	G7	-3,92
89	Rancharia-SP (A9; A19)	G8	-4,74
110	Realeza-PR (A10; A20)	G1	-3,15
210	Realeza-PR (A10; A20)	G2	13,61
310	Realeza-PR (A10; A20)	G3	0,59
410	Realeza-PR (A10; A20)	G4	2,54
510	Realeza-PR (A10; A20)	G5	-0,24
610	Realeza-PR (A10; A20)	G6	3,90
710	Realeza-PR (A10; A20)	G7	-9,46
810	Realeza-PR (A10; A20)	G8	-7,79

Na Figura 1 observa-se a disposição dos oito genótipos avaliados nos dez locais, onde cada ambiente refere-se à médias das safras agrícolas 2017/2018 e 2018/2019 e o valor expressado no eixo y é o ganho (ge).

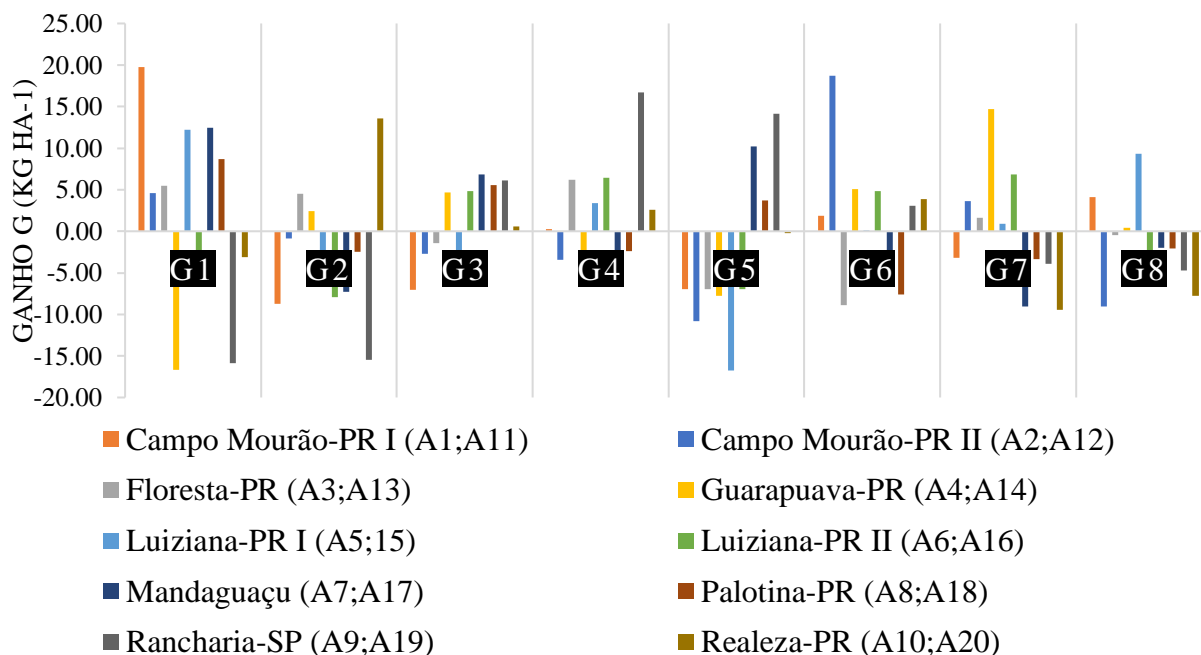


Figura 1 - Gráfico da Interação G x A (genótipo x ambiente) refletindo o resultado da Tabela 10, onde cada ambiente refere-se a médias das safras agrícolas 2017/2018 e 2018/2019, e o eixo y reflete o ge.

Alguns genótipos se destacam por terem maiores ganhos em maiores quantidades de ambientes, o que corrobora na ordenação dos genótipos na análise de todos os locais. O genótipo G1 teve ganho (ge) positivo nos ambientes Campo Mourão-PR II, Campo Mourão-PR I, Floresta-PR, Luiziana-PR I, Mandaguaçu-PR e Palotina-PR, com os respectivos valores de ganho, 19,74, 4,57, 5,44, 12,21, 12,45 e 8,68.

O genótipo G3 mostrou ganho positivo entre os dois anos, nos ambientes de Guarapuava-PR, Luiziana-PR II, Mandaguaçu-PR, Palotina-PR, Rancharia-SP e Realeza-PR, com valores de ganho (ge) respectivos de 4,65, 4,83, 6,86, 5,53, 6,12, e 0,59, observa-se que, com exceção de Luiziana-PR II e Palotina-PR, os demais ambientes não pertencem a região da REC 201.

Com relação ao genótipo G4, o mesmo mostrou apresentou menor amplitude do ganho (ge) dentre todos os ambientes, mostrando maior adaptabilidade. O genótipo G6 obteve o menor número de ambientes com ganho (ge) negativo, apenas nos locais de Floresta/PR, Mandaguaçu/PR e Palotina/PR, ambientes com baixa altitude, com média de 425,8 metros.

O genótipo G1 apresentou maiores ganhos genéticos (g) nos ambientes da REC 201. Demonstrou maior valor g, u+g e u+g+ugm, segundo a análise em conjunto e segundo na posição de MHPRGV com 1,0006. O G3 indicado para ambientes diferentes da REC 201, na

análise conjunta expressou ganhos ($g > 0$) e $MHPRGV > 1$. O G4 mostrou menor amplitude de ganho dentre todos os ambientes, mostrando maior adaptabilidade, comprovado pelo $MHPRVG (1,0008)$. Por fim, G6 apresentou $g > 0$ na análise conjunta, $MHPRGV > 1$, podendo ser indicado em regiões de maior altitude pela interação ge.

Resultados com expressiva interação com ambiente, foram obtidos, apresentando interação do tipo complexa. Nesse caso devem-se estratificar os ambientes, para selecionar cultivares em ambientes análogos.

CONCLUSÕES

Pelos resultados da modelagem mista, com relação à produtividade de grãos, indicam-se as linhagens G1, G3, G4 e G6 como promissoras para seleção dentro do programa de melhoramento. O uso dos modelos mistos mostrou-se uma ferramenta eficiente na seleção de cultivares.

REFERÊNCIAS

CARBONELL, S.A.M. et al. **Estabilidade de Cultivares e Linhagens de Feijoeiro em Diferentes Ambientes no Estado de São Paulo**. Campinas, p. 193-201. 2007.

CONAB. Companhia nacional de abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira**. 2020. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 07 nov. 2020.

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

GOMES, P.F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: FEALQ, 2009, Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

GONÇALVES, G.M.C. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de soja por REML/BLUP e GGE Biplot**. Universidade Federal do Piauí. Teresina. 2019. (CDD 633,34).

PIMENTEL, A.J.B.; GUIMARÃES, J.F.R.; SOUZA, M.A.; RESENDE, M.D.V.; MOURA, L.M.; RIBEIRO, G. Estimativa de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.49, n.11, p.882-890, 2014.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. 1. ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.

RESENDE, M.D.V. **O Software Selegen-Reml/Blup**. Instituto Nacional de Propriedade Intelectual. Campo Grande, p. 305. 2006. (Copyright N. 00052763).

RESENDE, M.D.V. **Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético**. 1. ed. [S.l.]: Embrapa, 2007.

ROCHA, M.M. **Seleção de linhagens experimentais de soja e estabilidade fenotípica.** 2002. 100p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2002.

SANTOS, V.B.D. **Avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas via metodologia de modelos mistos.** Universidade Federal de Lavras. Lavras, p. 153. 2009. (CDD-633.183).

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S. Melhoramento de Soja. In: A. BORÉM (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: UFV, 2005. p.553-604.

SILVA, K.F. **Metodologias Paramétricas e Não - Paramétricas na Inferência da Adaptabilidade e Estabilidade de Linhagens de Soja.** 2015. 76p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2015.