

ALBERTO SOUZA BOLDT

**DIVERSIDADE GENÉTICA, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE
DE GENÓTIPOS DE SOJA NO MATO GROSSO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

**VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2011**

ALBERTO SOUZA BOLDT

**DIVERSIDADE GENÉTICA, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE
DE GENÓTIPOS DE SOJA NO MATO GROSSO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 16 de fevereiro de 2011.

Dr. Rogério Oliveira de Sá

Prof. Luiz Antonio dos Santos Dias
(Coorientador)

Prof. Cosme Damião Cruz
(Coorientador)

Prof. Tuneo Sedyama
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de realização do curso de Mestrado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo apoio financeiro, que possibilitou a realização deste trabalho.

Aos meus pais, Alberto Francisco Boldt e Ana Gizelli Dias de Souza, pelo apoio, educação e incentivo constantes, e aos meus irmãos, Gustavo, Marcela e Francielli.

Ao meu orientador, professor Tuneo Sedyama, pela orientação, paciência, amizade, compreensão, incentivo e confiança.

Ao professores Cosme Damião Cruz e Luiz Antonio dos Santos Dias pela coorientação, sugestões, atenção e ensinamentos.

Ao Dr. Rogério Oliveira de Sá, pela disponibilidade, participação e sugestões na banca examinadora.

Ao Instituto Matogrossense do Algodão (IMAmt) e à Bacuri Pesquisa em Agronomia, pela cessão dos genótipos de soja e das áreas experimentais para realização do trabalho.

Ao Sr. Álvaro Ortolan Salles, diretor executivo do Instituto Matogrossense do Algodão, pelo apoio à realização do presente trabalho.

Ao Laboratório de Agroenergia do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, coordenado pelo professor Luiz Antonio dos Santos Dias, pela disponibilidade e apoio na realização das análises químicas.

Aos funcionários e estagiários do Programa de Melhoramento Genético de Soja, pela ajuda prestada.

Aos meus amigos, pelo apoio e companherismo.

BIOGRAFIA

Alberto Souza Boldt, filho de Alberto Francisco Boldt e Ana Gizelli Dias de Souza, nasceu em Dourados, Mato Grosso do Sul, em 31 de março de 1987.

Em março de 2005 iniciou o curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, onde em julho de 2009, graduou-se como Engenheiro Agrônomo.

Em agosto de 2009, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa da dissertação em 16 de fevereiro de 2011.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 Soja	3
2.1.1 Origem e evolução do cultivo	3
2.1.2 Importância econômica.....	4
2.2 Considerações sobre o melhoramento genético da soja	6
2.2.1 Melhoramento genético da soja na região Centro Oeste	7
2.2.2 Interação Genótipos x Ambientes	8
2.2.3 Adaptabilidade e estabilidade	12
2.2.3.1 Métodos não paramétricos de adaptabilidade e estabilidade.....	13
2.2.4 Diversidade genética	16
2.2.4.1 Diversidade genética da soja	18
3 MATERIAL E MÉTODOS	22
3.1 Condução dos ensaios.....	22
3.2 Caracteres avaliados	23
3.2.1 Caracteres agronômicos	24
3.2.2 Caracteres químicos.....	25
3.2.3 Caractes de qualidade de sementes.....	26
3.3 Análises estatísticas	28
3.3.1 Análise de variância	28
3.3.2 Decomposição da interação GxA	30
3.3.3 Adaptabilidade e estabilidade	31
3.3.3.1 Método Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)	33
3.3.3.2 Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA).....	35
3.3.3.3 Método centróide modificado por Nascimento <i>et al.</i> (2009)	36
3.3.4 Diversidade genética.....	39
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	41
4.1 Caracteres agronômicos	41
4.1.1 Análises individuais de variância.....	41
4.1.2 Teste comparativo entre médias	45

4.1.3 Análise conjunta de variância	61
4.1.4 Decomposição da interação genótipos x ambientes	64
4.1.5 Adaptabilidade e estabilidade	77
4.1.5.1 Método centróide modificado.....	77
4.1.5.2 Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)	87
4.1.5.3 Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA).....	91
4.1.6 Diversidade genética.....	101
4.2 Caracteres químicos	126
4.2.1 Análises individuais de variância	126
4.2.2 Teste comparativo entre médias	128
4.2.3 Análise conjunta de variância	129
4.2.4 Decomposição da interação genótipos x ambientes.....	130
4.2.5 Adaptabilidade e estabilidade	132
4.2.5.1 Método centróide modificado.....	132
4.2.5.2 Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)	135
4.2.5.3 Número ótimo de ambientes e comportamento genotípico.....	137
4.3 Caracteres de sanidade de sementes	140
4.3.1 Análise descritiva.....	140
4.3.2 Análise individual de variância e teste comparativo entre médias	147
4.3.3 Análise conjunta de variância	149
4.3.4 Decomposição da interação genótipos x ambientes.....	150
4.3.5 Adaptabilidade e estabilidade	151
4.3.5.1 Método centróide modificado.....	151
4.3.5.2 Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)	154
4.3.5.3 Número ótimo de ambientes e comportamento genotípico.....	156
4.4 Caracteres de vigor de sementes	158
4.4.1 Análise individual de variância e teste comparativo entre médias	159
4.4.2 Análise conjunta de variância	166
4.4.3 Decomposição da interação genótipos x ambientes.....	167
4.4.4 Adaptabilidade e estabilidade	169
4.4.4.1 Método centróide modificado.....	169
4.4.4.2 Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)	172
4.4.4.3 Número ótimo de ambientes e comportamento genotípico.....	174
4.4.5 Diversidade genética.....	176

5 CONCLUSÕES	188
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	189
APÊNDICES.....	200

RESUMO

BOLDT, Alberto Souza, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2011. **Diversidade genética, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja no Mato Grosso**. Orientador: Tuneo Sedyama. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Luiz Antônio dos Santos Dias.

O presente trabalho teve como objetivos avaliar a magnitude dos efeitos genotípico, ambiental e da interação genótipos x ambientes em caracteres agronômicos, químicos, de vigor e sanidade de sementes; estimar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja destinados ao estado do Mato Grosso e quantificar a diversidade genética dos genótipos com base em avaliações fenotípicas. Foram conduzidos oito ensaios em condições de campo, nos municípios de Primavera do Leste, Nova Ubiratã e Pedra Preta, localizados no estado do Mato Grosso. Os ensaios foram instalados no delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. As parcelas foram formadas por uma fileira de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,70 m entre fileiras, com densidade de semeadura de 15 sementes por metro linear. Foram avaliados 26 genótipos de soja adaptados ao estado do Mato Grosso, procedentes dos Programas de Melhoramento de Soja do Instituto Matogrossense do Algodão (IMAmt) e da Bacuri Pesquisa em Agronomia. Os caracteres agronômicos avaliados em condições de campo foram dias para floração, dias para maturação, altura de planta na maturação, altura de inserção da primeira vagem, acamamento, stand, reação à mancha alvo, reação ao míldio, haste verde e produtividade de grãos. Os caracteres químicos foram o teor de óleo e proteína avaliados nos Laboratórios de Agroenergia e Nutrição Animal da Universidade Federal de Viçosa. Os caracteres de vigor e sanidade sementes avaliados foram a porcentagem de germinação e a incidência de patógenos nas sementes. Os dados obtidos foram submetidos às análises individuais de variância, posteriormente as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Verificada a existência de variabilidade genética e homogeneidade de variâncias residuais, procedeu-se, então, a análise conjunta de variância. Para avaliar a magnitude e o efeito da interação genótipos x ambientes nos caracteres avaliados foi realizada a partição da interação em partes simples e complexa. As análises de adaptabilidade e estabilidade foram realizadas empregando-se os métodos de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998), centróide modificado por Nascimento *et al.* (2009) e dimensionamento ótimo da rede de ambientes (DORA) proposto no presente

trabalho. No estudo da diversidade genética foram utilizados os métodos de agrupamento hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA) e de otimização de Tocher, utilizando como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis. Todos os caracteres estudados apresentaram efeitos genotípicos, ambientais e de interação genótipos x ambientes significativos. Os caracteres produtividade de grãos, altura de planta na maturação, altura de inserção da primeira vagem, stand, incidência total de patógenos nas sementes e porcentagem de plântulas normais apresentaram interações do tipo complexa. Por outro lado, os caracteres dias para floração, dias para maturação, acamamento e teor de óleo apresentaram interações do tipo simples. Não houve predominância do tipo de interação para os caracteres haste verde, reação à mancha alvo e reação ao míldio. Pelo método centróide modificado, o genótipo BCR1455 178 foi classificado como de máxima adaptabilidade geral para a produtividade de grãos e reação à mancha alvo. Para reação ao míldio o genótipo BCR553G 306 foi classificado como de máxima adaptabilidade geral tanto pelo centróide quanto pelo método de Lin e Binns modificado por Carneiro (1998). Para o teor de óleo os genótipos BCR1070G 229, CD 219 RR, BCR945G 132 e BCR945G 110 apresentaram as maiores médias e máxima adaptabilidade geral. Para os caracteres de sanidade e vigor de sementes, BCR1070G 251 e BCR1346 142 foram classificados como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis e BCR553G 306 e BCR1067G 189 a ambientes desfavoráveis. O método do dimensionamento ótimo da rede de ambientes (DORA) mostrou-se adequado para avaliar a representatividade dos ensaios e útil para otimizar decisões com relação ao descarte de ambientes sem comprometer a recomendação dos genótipos. As análises de diversidade genética evidenciaram variabilidade genética entre os genótipos ao considerar todos os caracteres agrônômicos. Os genótipos DM 309, MSOY 8008 RR, BCR1455 178 e BCR651G 68 foram os mais dissimilares em relação aos demais genótipos. Os genótipos BCR1057G 162, BCR1067G 210 e BCR553G 306 permaneceram nos mesmos grupos em todos os ensaios. Para os caracteres de vigor e sanidade de sementes não foi evidenciada diversidade genética consistente nos ensaios.

ABSTRACT

BOLDT, Alberto Souza, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February 2011. **Genetic diversity, adaptability and stability of soybean genotypes in Mato Grosso**. Adviser: Tuneo Sedyama. Co-advisers: Cosme Damião Cruz and Luiz Antonio dos Santos Dias.

The objectives of this study were (i) to evaluate the magnitude of the genotypic, environmental and genotype-by-environment interaction effects in agronomic, chemical and seed quality traits; (ii) to estimate the adaptability and stability of soybean genotypes for the State of Mato Grosso; and (iii) to quantify the genetic diversity of genotypes based on phenotypic evaluations. Eight trials were carried out under field conditions in Primavera do Leste, Nova Uiratã and Pedra Preta, located in Mato Grosso. The trials were established in a randomized block design with four replications. Each plot was formed by a row of four meters in length, spaced 0,70 meters between rows, with a density of 15 seeds per meter. We evaluated 26 soybean genotypes adapted to the state of Mato Grosso, belonging to the Soybean Breeding Program of the Instituto Matogrossense do Algodão (IMAmt) and Bacuri Pesquisa em Agronomia. The agronomic traits evaluated under field conditions were: days to flowering, days to maturity, plant height at maturity, height of first pod, stand, reaction to target spot, reaction to downy mildew, green stem and grain yield. The chemical traits were the oil and protein content, evaluated in the Laboratories of Agroenergia and Nutrição Animal, Universidade Federal de Viçosa. And the traits of seed quality were the percentage of seed germination and pathogen incidence. We realized individual analysis of variance and compared the means by Tukey test at 5% probability. Verified genetic homogeneity of residual variances, then the joint analysis of variance was done. To evaluate the genotype-by-environment interaction magnitude and effect, we did the interaction partition in simple and complex parts. Analysis of adaptability and stability of genotypes were performed using the methods of Lin and Binns (1988) modified by Carneiro (1998), centroid modified by Nascimento *et al.* (2009) and optimum dimensioning of network environments (DORA) proposed in this work. In the study of genetic diversity were used the clustering methods of unweighted pair group using arithmetic averages (UPGMA) and Tocher, using as dissimilarity measure the Mahalanobis distance. All the traits showed significant genotypic, environmental and genotype-by-environment interaction effects. The grain yield, plant height at maturity, height of first pod, seed pathogen incidence and normal seed percentage showed

complex type interactions. However, the traits days to flowering, days to maturity, lodging and oil content showed simple type interactions. There was no predominant type of interaction for green stem, reaction to target spot and downy mildew. Using the modified centroid method the genotype BCR1455 178 was classified as maximum adaptability for grain yield and target spot reaction. For downy mildew reaction, BCR553 G306 genotype was classified as maximum adaptability by both Lin and Binns and centroid methods. For oil content BCR1070G 229, CD 219RR, BCR945G 132 and BCR945G 110 showed the highest means and maximum general adaptability. For the seed sanity traits, BCR1070G 251 and BCR1346 142 were classified as being of adaptability to specific favorable environments and BCR553G 306 and BCR1067G 189 adapted to harsh environments. The optimum dimensioning of network environments method (DORA) proposed in this work was adequate to assess the representativeness of trials and useful to optimize decisions regarding the disposal of environments without compromising the recommendation of genotypes. The genetic diversity analysis showed significant variability among genotypes to all agronomic traits. The genotypes DM 309, MSOY 8008, BCR1455 178 and BCR651G 68 were the most dissimilar. The genotypes BCR1057G 162, BCR1067G 210 and BCR553G 306 remained in the same groups in all trials. For the seed sanity traits, the genetic diversity was not seen consistently in the trials.

1 INTRODUÇÃO

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das principais culturas agrícolas do Brasil. Na safra 2009/10 a área cultivada com soja foi de 23,46 milhões de hectares com produção de 68,69 milhões de toneladas, caracterizando o país como o segundo maior produtor mundial. Nessa mesma safra, as exportações do complexo soja somaram aproximadamente 17,1 bilhões de dólares, o que representou 32,1% da balança comercial do agronegócio brasileiro (CONAB, 2010).

Introduzida no país em 1882, a soja se consolidou como cultura de importância econômica apenas no início da década de 1960, convertendo-se na cultura líder do agronegócio brasileiro vinte anos depois, na década de 1980. Esse fato ocorreu com a expansão do cultivo da soja para a região Centro Oeste.

Como causas da expansão do cultivo da soja na região central do Brasil pode-se destacar: incentivos fiscais para a abertura de novas áreas de produção agrícola; baixo valor de terras; topografia plana favorável à mecanização; boas condições físicas do solo da região; desenvolvimento de um bem sucedido conjunto de tecnologias para a produção em zonas tropicais, com destaque para as cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas e baixas latitudes (SEDIYAMA *et al.*, 2009a).

Desta forma, atualmente o Centro Oeste é a maior região produtora de soja do país com 31,59 milhões de toneladas, correspondendo a 46% do total produzido. Em especial, o estado do Mato Grosso destaca-se como o maior produtor nacional com 18,77 milhões de toneladas (CONAB, 2010).

O sucesso da capacidade produtiva de soja do estado do Mato Grosso pode ser creditado, em parte, às instituições de pesquisa pela disponibilização de tecnologias que contribuíram para eficiência do setor produtivo (DALL'AGNOL *et al.*, 2007). Neste contexto, os programas de melhoramento genético de soja foram imprescindíveis.

Os programas de melhoramento contribuíram com o desenvolvimento de cultivares de soja mais produtivas, adaptadas às condições edafoclimáticas do cerrado e tolerantes a fatores bióticos e abióticos adversos.

Atualmente, nos programas de melhoramento de soja priorizam-se características como produtividade, ciclo, adaptabilidade e estabilidade, tipo de crescimento, altura de planta

e inserção da primeira vagem, qualidade de sementes, resistência a doenças, teor e qualidade de óleo e proteína, tolerância a herbicidas e período juvenil para indução floral.

No início de um programa de melhoramento de soja é necessário escolher os progenitores a serem inter cruzados para obter populações segregantes que serão submetidas à seleção. Vários critérios são utilizados na escolha de progenitores, tais como o desempenho agrônômico, capacidade de combinação, comportamento *per se* e diversidade genética (BORÉM; MIRANDA, 2005).

A diversidade genética tem sido utilizada para identificar combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, de forma que, em suas gerações segregantes, haja maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores. A quantificação da diversidade também auxilia no planejamento de estratégias mais eficazes que venham a maximizar os ganhos genéticos no melhoramento.

A diversidade pode ser avaliada por meio de técnicas biométricas baseadas na quantificação da heterose ou por processos preditivos. Os métodos preditivos tem se destacado por dispensar a obtenção prévia de combinações híbridas.

Nos programas de melhoramento da soja a diversidade entre indivíduos geralmente é avaliada por meio de características morfo-agronômicas, utilizando-se de técnicas de análise multivariada, como as análises por componentes principais e por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos.

Além da diversidade genética, adaptabilidade e estabilidade também são considerados nos melhoramento. Essas análises possibilitam a identificação de genótipos de comportamento previsível e responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (CRUZ *et al.*, 2004).

Para os programas de melhoramento de soja é essencial o conhecimento do desempenho, da diversidade genética e da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, a fim de otimizar esforços, tempo e recursos financeiros para o lançamento de novas cultivares.

Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivos: avaliar a magnitude dos efeitos genotípico, ambiental e da interação genótipos x ambientes em caracteres agrônômicos, químicos, de vigor e sanidade de sementes; estimar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja destinados ao estado do Mato Grosso; e quantificar a diversidade genética dos genótipos com base em avaliações fenotípicas.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Soja

2.1.1 Origem e evolução do cultivo

Acredita-se que a soja [*Glycine max* (L.) Merrill] surgiu na região nordeste da China no século XVII a.C., sendo a Manchúria o provável centro de diversidade genética (HADLEY; HYMOWITZ, 1973). Há relatos de domesticação há cerca de 1.100 a.C. na região nordeste da China (SEDIYAMA *et al.*, 2009a). Entretanto, é mais provável que a domesticação pelo homem tenha ocorrido a 3.100 anos (HYMOWITZ; SHURTLEFF, 2005).

Com o crescimento do comércio a soja foi levada para a Coreia, Japão e sudeste da Ásia (BONETTI, 1981). Em 1712 a soja foi levada pela primeira vez à Europa, a partir do Japão. Na França a mais antiga referência data de 1739 e por volta de 1790 a Inglaterra já cultivava soja. Entretanto, apenas em 1875 teve início uma grande campanha visando o cultivo da soja na Europa. Assim, em 1910 quatro cultivares eram cultivadas na França como planta hortícola.

Na América do Norte, a soja foi citada pela primeira vez em 1804 nos Estados Unidos da América (EUA), sendo cultivada na Pensilvânia. No entanto, Hymowitz e Shurtleff (2005) relatam que apenas o termo “soja” foi citado em 1804. Segundo os autores, a soja foi introduzida nos EUA, na colônia da Georgia, em 1765 por Samuel Bowen. Em 1911 óleo e torta foram produzidos nos EUA a partir da soja importada da China e em 1915 a soja cultivada nos EUA foi esmagada para extração de óleo para consumo humano. Contudo, permaneceu importante como forrageira até 1944 quando então a área para grãos suplantou a que se destinava à forragem (PROBST; JUDD, 1973).

No Brasil a primeira referência sobre a soja data de 1882, no estado da Bahia, segundo relato de Gustavo D’Utra. As cultivares introduzidas não tiveram boa adaptação à latitude da região. Em 1891, outras cultivares foram introduzidas em Campinas, São Paulo, onde apresentaram melhor desenvolvimento do que na Bahia (SEDIYAMA *et al.*, 2009a). Mais

tarde em 1908 imigrantes japoneses introduziram novas cultivares no estado de São Paulo. No Rio Grande do Sul E. C. Craig introduziu-a em 1914. Nos estados da região Centro-Norte-Nordeste a introdução ocorreu a partir da década de 1970 (MIYASAKA; MEDINA, 1981).

O cultivo para produção comercial de grão no Brasil teve início no Rio Grande do Sul, por volta de 1935, com a finalidade de alimentar suínos (SEDIYAMA *et al.*, 2009a). A primeira exportação de soja brasileira ocorreu em 1938 para Alemanha. Em 1951 surgiu a primeira indústria para extração de óleo comestível de soja no Brasil.

As principais causas da expansão da soja no Brasil são: semelhança das condições agroecológicas da região Sul com a do Sul dos Estados Unidos, de onde a maioria das cultivares eram originadas; o estabelecimento da “Operação Tatu” no Rio Grande do Sul, que promoveu a calagem e correção da fertilidade do solo; incentivos fiscais aos produtores nos anos 50, 60 e 70; mercado internacional em alta na década de 70; substituição das gorduras animais por óleos vegetais e margarina; estabelecimento de parque industrial de processamento de soja; facilidades de mecanização total da cultura; desenvolvimento de um bem sucedido conjunto de tecnologias para a produção em zonas tropicais; ampliação da fronteira agrícola (SEDIYAMA *et al.*, 2009a).

2.1.2 Importância econômica

A soja é uma das principais culturas agrícolas do mundo, sendo cultivada em vários países. Os principais produtores são Estados Unidos, Brasil, Argentina e China.

O Brasil é segundo maior produtor mundial. Na safra 2009/10 a área cultivada com soja foi de 23,46 milhões de hectares com produção de 68,69 milhões de toneladas, aproximadamente 27 % do total produzido mundialmente (USDA, 2010). Nessa mesma safra, as exportações do complexo soja somaram 17,1 bilhões de dólares, o que representou 6,4 % das exportações do país e 32,1% da balança comercial do agronegócio brasileiro (CONAB, 2010).

A região Centro Oeste destaca-se como a maior região produtora de soja. Na safra 2009/10, a região produziu 31,59 milhões de toneladas, o que correspondeu a 46% do total produzido no país. Em especial, o estado do Mato Grosso destaca-se como o maior produtor nacional com 18,77 milhões de toneladas (CONAB, 2010).

O elevado teor de proteína faz da soja a principal matéria-prima na fabricação de rações e o óleo, de alta qualidade, representa 28% da produção mundial de óleos vegetais, equivalente à 40,82 milhões de toneladas (USDA, 2010).

No Brasil, em 2009, o complexo soja exportou aproximadamente 28,5 milhões de toneladas de grãos, 12,2 milhões de toneladas de farelo e 1,6 milhões de toneladas de óleo (CONAB, 2010). O óleo produzido atende as demandas internas e externas. A demanda interna consome 75,7% da quantidade produzida, o que corresponde a mais de 90% do consumo de óleos vegetais comestíveis no Brasil.

O principal destino da soja e seus derivados é a exportação. Em 2009, cerca de 48,8% do grão, 51,1% do farelo e 24,4% do óleo seguiram para o mercado externo. Contudo, para a safra 2010/11 estima-se que 43,5% do grão, 53,1% do farelo e 23,2% do óleo sejam exportados (ABIOVE, 2010).

Nos últimos 16 anos, a comercialização dos produtos do complexo soja brasileiro no mercado mundial tem aumentado significativamente. O crescimento da exportação de grãos foi o mais expressivo. No período de 1990 a 2005, a taxa anual média de crescimento das exportações de soja em grão foi de 14,82%, ao passo que a de óleo foi de 8,6% e do farelo, 3,16%. O grande aumento no volume de exportações se deu a partir de 1996, quando a China entrou no mercado comprando grandes quantidade de soja para as suas indústrias (DALL'AGNOL *et al.*, 2007).

As elevadas taxas de aumento da produção da soja em nível mundial deverão manter-se, segundo estimativas da Organização para a Cooperação e Desenvolvimento econômico (OECD), devido ao atual ritmo de crescimento econômico mundial, que demanda volumes crescentes de soja para suprir as necessidades de farelos protéicos utilizados na ração de animais produtores de carne.

A demanda por óleos vegetais também devará crescer, principalmente pelo consumo *per capita* dos países emergentes. A demanda por óleos vegetais será pressionada pela sua utilização como biocombustíveis (DALL'AGNOL *et al.*, 2007).

O Brasil é o único, dentre os grandes produtores mundiais de soja, que possui potencial de expansão da área cultivada, podendo em curto prazo constituir-se no maior produtor e exportador mundial de soja e derivados.

2.2 Considerações sobre o melhoramento genético da soja

O estabelecimento da soja como uma cultura de elevada importância econômica no Brasil ocorreu devido ao desenvolvimento de cultivares mais produtivas, estáveis e adaptadas (CALVO; KIIHL, 2006).

O melhoramento genético da soja, como processo contínuo e dinâmico, atualmente busca desenvolver cultivares mais produtivas, resistentes a pragas e doenças, de melhor qualidade nutricional, mais estáveis e adaptadas às diferentes regiões e sistemas de cultivo.

No melhoramento estão envolvidas várias fases, desde a escolha dos progenitores, desenvolvimento de populações, processos de avaliação e seleção, até a recomendação de cultivares.

Primeiramente são escolhidos os progenitores. A etapa de escolha de progenitores tem fundamental importância para o sucesso de um programa de melhoramento. Nessa etapa é que se pode incrementar a variabilidade genética necessária para o sucesso dos processos seletivos, atendendo aos diversos objetivos do programa de melhoramento (PÍPOLO *et al.*, 2007).

Posteriormente são desenvolvidas as populações segregantes, através das hibridações artificiais, para atender aos objetivos gerais e específicos do programas de melhoramento. Essas populações são conduzidas por várias gerações até que se obtenha homozigose. A partir de populações em gerações mais avançadas, são selecionadas plantas para o estabelecimento de testes de progênies e seleção de linhagens com características agrônomicas desejáveis.

Avalia-se, então, a produtividade e estabilidade de produção das linhagens mais promissoras. Na seleção de genótipos superiores, é obrigatório empregar ensaios de avaliação, repetidos em vários ambientes, para identificar a interação dos genótipos com os ambientes e a possível adaptação em função da produtividade e da estabilidade (ALMEIDA; KIIHL, 1998).

No Brasil, os programas de melhoramento da soja consideram as seguintes características: ciclo da cultivar, grupo de maturidade, tipo de crescimento, hábito de crescimento, período juvenil para indução floral, altura da planta e da inserção da primeira vagem, resistência ao acamamento, resistência à deiscência das vagens, qualidade da semente,

resistência a doenças, resistência a pragas, adaptabilidade e estabilidade de produção de grãos, tolerância a herbicidas e qualidade de sementes (SEDIYAMA *et al.*, 2009b).

As cultivares de soja são muito dependentes da luminosidade, do fotoperíodo, da umidade, da temperatura, da época de semeadura, da latitude, da altitude, do nível de fertilidade do solo e de outros fatores do local de cultivo. Por isso, para indicação de cultivares produtivas, estáveis e previsíveis é necessária a realização de ensaios experimentais nos locais de cultivo.

2.2.1 Melhoramento genético da soja na região Centro Oeste

O melhoramento genético desenvolvido para adaptar a soja aos cerrados tem desempenhado um papel fundamental na ocupação da região Centro Oeste.

Até a década de 1960 a área cultivada com soja nos estados do Centro Oeste não ultrapassava 10.000 hectares. Nessa época predominavam os cultivos de arroz e pastagens (MYASAKA; MEDINA, 1981). As condições de baixa fertilidade e elevados níveis de alumínio, juntamente com os períodos de déficit hídrico, limitavam a expansão agrícola nos cerrados.

O primeiro fator limitante à expansão da soja nas regiões de baixa latitude foi a resposta das cultivares ao fotoperíodo. A soja é uma planta de dias curtos, em regiões de baixa latitude tende a florescer precocemente. Por isso, havia a necessidade de cultivares de florescimento tardio para essas regiões.

Assim, os programas de melhoramento utilizaram-se de genótipos portadores de alelos para florescimento tardio em hidridações, principalmente a ‘PI 240664’ procedente das Filipinas. Esse genótipo apresenta a característica de período juvenil longo, na qual a fase juvenil é insensível ao fotoperíodo mesmo em condições de fotoperíodo curto e baixas latitudes.

As linhagens derivadas que incorporavam o florescimento tardio apresentavam limitações, como baixa produtividade, acamamento e susceptibilidade a algumas doenças, por isso foram utilizadas apenas como progenitoras em hibridações com cultivares adaptadas à região Sul do Brasil e cultivares americanas.

As hibridações e seleções eram realizadas em diferentes regiões de cultivo e intercambiadas entre os componentes do Sistema Cooperativo de Pesquisa Agropecuário – SCPA, formado por empresas estaduais de pesquisa, Universidades e Embrapa. Assim, com uma rede de experimentos nos diversos ambientes, a recomendação de cultivares passou a vincular-se às condições nas quais foram desenvolvidas.

Como fonte desse programa integrado de pesquisa surgiu em 1980 a cultivar Doko e posteriormente as cultivares Numbaíra, BR-9 (Savana), BR-15 (Mato Grosso) e BR- 40 (Itiquira). No mesmo período outras instituições e empresas privadas também desenvolveram cultivares (ARANTES; SOUZA, 1993).

O cultivo da soja sofreu, então, uma grande expansão na região após o lançamento de cultivares. Contudo, essa expansão evidenciou a presença de pragas e doenças que passaram a reduzir o rendimento das lavouras. Houve, então, a necessidade de selecionar cultivares resistentes.

A primeira doença causadora de consideráveis perdas foi a pústula bacteriana (*Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines*) e mais tarde surgiu a mancha “olho-de-rã” (*Cercospora sojina* Hara). Na década de 1990, outras doenças passaram a ter relevância, como o cancro da haste (*Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis*), o nematóide cisto (*Heterodera glycines*) e o oídio (*Microsphaera diffusa*).

O melhoramento também foi capaz de resolver o problema da baixa qualidade das sementes produzidas em grande parte do cerrado, tornando algumas áreas do Centro Oeste grandes produtoras de sementes (ARANTES; SOUZA, 1993). Outras importantes realizações do melhoramento foram a obtenção de cultivares tolerantes aos teores de alumínio do solo, tolerância a insetos pragas e adaptação aos sistemas de produção predominantes nos cerrados.

Atualmente os programas de melhoramento procuram lançar cultivares mais precoces, resistentes ao herbicida glifosato, com tolerância à ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi* Sydow) e tolerantes aos nematóides formadores de galha, cisto e lesões radiculares.

2.2.2 Interação Genótipos x Ambientes

Quando se considera uma série de ambientes, detecta-se, além dos efeitos genéticos e ambientais, um efeito adicional, proporcionado pela interação destes. Desta forma, a interação

pode ser entendida como a resposta diferencial dos genótipos em função dos ambientes (CRUZ *et al.*, 2004).

A interação genótipos x ambientes pode surgir por duas razões: (i) por diferentes respostas de igual conjunto gênico em diferentes ambientes; ou (ii) pela expressão de diferentes conjuntos gênicos em diferentes ambientes. Quando um mesmo conjunto gênico se expressa em diferentes ambientes, as diferenças nas respostas podem ser explicadas pela heterogeneidade das variâncias genéticas e experimentais ou por ambas, e quando diferentes conjuntos gênicos se expressam em ambientes distintos, as diferenças nas respostas podem ser explicadas por uma inconsistência das correlações genéticas entre os valores de um mesmo caráter em dois ambientes (FALCONER, 1989).

A interação pode ser agrupada em duas categorias: simples e complexa. A resposta diferencial de genótipos a diversos ambientes é conhecida como interação complexa, quando há mudança nas posições (ranks) dos genótipos de um ambiente para outro, ou seja, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente mas não em outro. Já interação simples representa apenas mudanças na magnitude do desempenho genotípico, sem alteração da ordem dos genótipos ao longo dos ambientes, ou seja, genótipos superiores em um ambiente mantém a superioridade nos outros.

A interação relacionada à parte simples é proporcionada pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, enquanto a interação complexa, pela falta de correlação nos desempenhos médios dos genótipos entre ambientes (CRUZ *et al.*, 2004).

No melhoramento de plantas a interação complexa proporciona mais dificuldades do que a simples pois torna mais difícil a seleção e recomendação de cultivares (BAKER, 1990).

A interação genótipos x ambientes, em geral, tem um impacto em todas as fases de um programa de melhoramento e apresenta grandes implicações na alocação de recursos. Pode-se citar, como exemplo, o efeito negativo da interação na herdabilidade, pois quanto maior o componente da interação menor a estimativa de herdabilidade e, conseqüentemente, mais limitado o progresso da seleção.

No entanto, a interação genótipos x ambientes não deve ser vista apenas como um problema. As avaliações dos genótipos em vários ambientes permitem aos melhoristas identificar cultivares com adaptação específica ou ampla, o que não seria possível com a avaliação em apenas um ambiente.

Para Vencovsky e Barriga (1992) a avaliação da magnitude da interação genótipos x locais, genótipos x anos, entre outras, é de grande importância, pois orientam o planejamento e as estratégias do melhoramento, além de ser determinante na recomendação de cultivares.

Eisemann et al. (1990) listaram três formas de lidar com a interação genótipos x ambientes em um programa de melhoramento: (i) ignorar, ou seja, usar apenas a média dos genótipos nos ambientes mesmo quando existir interação; (ii) evitar ou (iii) explorar a interação. As interações não devem ser ignoradas quando são significativas ou quando são do tipo complexa. De acordo com os autores, a segunda forma de lidar com a interação, isto é, evitando-a, envolve a minimização do impacto das interações significativas. Uma abordagem seria agrupar os ambientes similares (formando mega-ambientes) através da análise de agrupamento. Com os ambientes sendo mais ou menos homogêneos, seria esperado que os genótipos neles avaliados não apresentassem interações complexas. Entretanto, agrupar ambientes pode levar a perda de informações potencialmente úteis.

A terceira forma de lidar com a interação envolve a estabilidade de desempenho em diversos ambientes por meio da análise e interpretação de diferenças genotípicas e ambientais. Essa abordagem permite aos melhoristas selecionar genótipos com desempenho consistente, identificar as causas da interação e proporciona a oportunidade de corrigir problemas. Quando a causa da instabilidade do desempenho do genótipo é conhecida, tanto o genótipo pode ser melhorado quanto um ambiente adequado pode ser fornecido para melhorar seu desempenho.

Há também maneiras de minimizar os efeitos da interação genótipos x ambientes: (i) identificar cultivares específicos para cada ambiente; (ii) identificar cultivares com maior estabilidade fenotípica; e (iii) realizar o zoneamento agroecológico. A primeira abordagem é limitada pelo amplo espectro de ambientes encontrados principalmente em países de clima tropical, o que onera e dificulta as etapas de produção de sementes e manutenção de inúmeros genótipos. Além disso, o ambiente pode ser muito restrito e quaisquer variações imprevistas podem fazer com que o genótipo indicado não mais o seja.

A segunda alternativa tem sido mais empregada, uma vez que pode ser aplicada nas mais variadas situações, requerendo estudos sobre a performance genotípica, com base nos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, pelos quais torna-se possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições amplas ou específicas (RAMALHO *et al.*, 1993; CRUZ *et al.*, 2004).

Geralmente genótipos com baixos níveis de heterogeneidade ou heterozigose (linhas puras, por exemplo) tendem a interagir mais com o ambiente, pois a menor riqueza de alelos

de adaptação os torna mais suscetíveis às variações das condições ambientais (KANG, 2002). Isso faz com que os programas de melhoramento de plantas autógamas, como a soja, realizem diversos ensaios para a quantificação dos efeitos da interação e, assim, obtenham informações detalhadas sobre o comportamento de cultivares.

A interação genótipos x ambientes em soja tem sido estudada pelos melhoristas com diversas finalidades, tais como: estimação dos efeitos envolvendo genótipos x locais, genótipos x anos, genótipos x locais x anos, genótipos x épocas de semeadura, genótipos x anos x épocas de semeadura, genótipos x locais x épocas de semeadura, genótipos x locais x anos x épocas de semeaduras, entre outros.

Os estudos mais frequentes envolvem as interações genótipos x locais e genótipos x anos, que tem sido feitos com o objetivo de verificar a previsibilidade do comportamento dos genótipos em diferentes locais e em relação aos fatores ambientais, respectivamente. A esse respeito, Toledo *et al.* (2006) investigaram a interação de genótipos de soja com ambientes no estado do Mato Grosso, através da análise de locais, anos, épocas de semeadura e cultivares. Os autores observaram que os locais foram mais importantes do que anos na produtividade e sugeriram maior investimento no aumento do número de locais ao invés de anos, a fim de melhorar as estimativas de comportamento de cultivares. Além disso, concluíram que uma estratégia eficiente de melhoramento de soja no estado seria o desenvolvimento de genótipos com ampla adaptação.

Apesar dos estudos a respeito da interação genótipos x ambientes serem de grande importância para o melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais. Por isso, realizam-se análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais torna-se possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientes, em condições específicas ou amplas (CRUZ *et al.*, 2004).

2.2.3 Adaptabilidade e estabilidade

Os termos adaptabilidade e estabilidade tem sido definidos de diferentes formas por vários autores. Os primeiros conceitos para os dois termos remontam ao início dos anos 1930, sendo posteriormente revisados por Lerner (1954), que considerou homeostase como a propriedade inerente ao genótipo e que lhe confere a capacidade de ajustamento ao ambiente ou como o processo auto regulatório que permite aos indivíduos a estabilização frente às flutuações de natureza interna e externa. O autor sugere que a auto regulação nesse nível pode ser abordada como homeostase genética, a qual constitui a propriedade populacional de equilíbrio genético que resulta num certo grau de resistência às alterações ambientais (MAURO, 1991).

O termo adaptabilidade, de um genótipo ou população, foi definido por Simmonds (1962) que abordou o fenômeno em termos de potencial genético de variação inerente ao genótipo e que lhe confere a capacidade de originar novos genótipos ou populações adaptados a diferentes ambientes.

No contexto do melhoramento de plantas, adaptabilidade refere-se a uma condição em vez de um processo, indicando a capacidade do genótipo apresentar alto rendimento em relação a um determinado ambiente ou determinadas condições para o qual está adaptado (GALLAIS, 1992). Outros autores caracterizam adaptabilidade como a capacidade potencial dos genótipos de responderem vantajosamente ao estímulo ambiental e estabilidade a capacidade dos genótipos exibirem um desempenho constante em função da variação ambiental (MARIOTTI *et al.*, 1976). No entanto, para Cruz *et al.* (2004), a estabilidade refere-se à capacidade dos genótipos mostrarem um comportamento altamente previsível em função do estímulo ambiental.

Não existe por parte dos melhoristas concordância quanto a definição de estabilidade, embora haja concordância quanto a sua importância para o melhoramento (BECKER, 1981).

Os estudos da adaptabilidade e estabilidade fornecem informações detalhadas sobre o comportamento de cultivares em diversos ambientes, de forma a recomendar com mais segurança as cultivares mais adaptadas tanto a ambientes específicos, como a todos aqueles que ocorrem dentro de uma determinada área. Por isso, em programas de melhoramento,

recomenda-se a utilização de métodos que permitam avaliar a capacidade genética de adaptação e desempenho de genótipos diante das variações ambientais (BONATO, 1978).

Tancredi (2008) cita vários trabalhos com a cultura da soja que estudam a adaptabilidade e estabilidade de comportamento em vários ambientes como os de Bonato (1978), Arantes (1979), Sakiyama (1986), Zuffo (1987), Mauro (1991), Alliprandini *et al.* (1994), Pelúzio (1996), Galvão *et al.* (1998), Galvão (1999), Miranda (1999), Rocha e Vello (1999), Di Mauro *et al.* (2000), Lima *et al.* (2000), Yokomizo *et al.* (2000), Prado *et al.* (2001), Carvalho *et al.* (2002), Morais *et al.* (2003), Oliveira *et al.* (2004), Vicente *et al.* (2004) e Toledo *et al.* (2006).

Atualmente há vários métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade destinados à avaliação de um grupo de materiais genotípicos testados numa série de ambientes. Esses métodos são fundamentados na existência de interações e distinguem-se pelos conceitos de estabilidade e princípios estatísticos empregados. A escolha do método depende dos dados experimentais, do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada (CRUZ *et al.*, 2004)

Dentre os vários métodos existentes destacam-se os baseados na variância da interação GxE (PLAISTED; PETERSON, 1959; SHUKLA, 1972; WRICKE, 1965; WRICKE; WEBER, 1986); regressão linear simples (EBERHART; RUSSELL, 1966; FINLAY; WILKINSON, 1963; TAI, 1971); regressão linear bi-segmentada (CRUZ *et al.*, 1989; SILVA; BARRETO, 1986; VERMA *et al.*, 1978); modelos não lineares (CHAVES *et al.*, 1989); não paramétricos (ANNICHIARICO, 1992; CARNEIRO, 1998; HUENH, 1990; LIN; BINNS, 1988; ROCHA *et al.*, 2005) e multivariados (GAUCH; ZOBEL, 1996; YAN *et al.*, 2000).

2.2.3.1. Métodos não paramétricos de adaptabilidade e estabilidade

No presente trabalho foram utilizados métodos não paramétricos de análise de adaptabilidade e estabilidade devido à sua simplicidade, fácil utilização e interpretação. Além disso, os métodos não paramétricos permitem expressar, em poucas medidas, o desempenho e o comportamento de um genótipo em termos de rendimento, capacidade de resposta às variações ambientais e suas flutuações (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Esses métodos apresentam vantagens em relação aos métodos paramétricos, tais como: a) a tendenciosidade causada por pontos fora da equação de regressão ajustada é reduzida ou eliminada; b) não é necessário assumir qualquer hipótese sobre a distribuição dos valores fenotípicos; c) as medidas estimadas com base nas classificações são de fácil uso e interpretação; d) a adição ou retirada de um ou poucos genótipos não seria causa de grandes variações nas estimativas, como poderia ser para as obtidas de procedimentos paramétricos; e) o uso em outras aplicações, como, por exemplo, seleção em programas de melhoramento. (HUEHN, 1990).

Dentre os vários métodos não paramétricos disponíveis para análise foram utilizados: método proposto por Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e o método centróide proposto por Rocha *et al.* (2005) modificado por Nascimento *et al.* (2009).

No método proposto por Lin e Binns (1988) a medida para estimar a adaptabilidade e estabilidade é o quadrado médio da distância entre a média do genótipo (ou cultivar) e a resposta média máxima obtida no ambiente. Essa medida de superioridade é denominada de estatística Pi. A estatística Pi considera o rendimento *per se* do genótipo, relativa a um genótipo com coeficiente de regressão igual à unidade, que é uma medida de adaptabilidade, e a sua flutuação que é uma medida da estabilidade fenotípica.

Carneiro (1998) apresentou algumas modificações no método proposto por Lin e Binns (1988) a fim de torná-lo mais adequado à avaliação da performance genotípica e recomendação de cultivares. Para que a recomendação atendesse a grupos de ambientes favoráveis e desfavoráveis, que refletem ambientes em que há emprego de alta e baixa tecnologia, respectivamente, foi sugerida a decomposição do estimador Pi nas partes devido a ambientes favoráveis e desfavoráveis. O parâmetro Pi foi denominado MAEC (Medida de Adaptabilidade e Estabilidade de Comportamento).

A estimativa do parâmetro MAEC torna o método mais adequado aos propósitos da recomendação de cultivares, pois fornece um direcionamento da resposta aos diferentes tipos de ambientes (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Na literatura diversas fontes constataam que o método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) apresenta resultados satisfatórios e maior facilidade de interpretação, além de discriminar melhor os genótipos quanto ao desempenho, tanto em ambientes favoráveis quanto em desfavoráveis (BARROS *et al.*, 2010; BACKES *et al.*, 2005; NASCIMENTO FILHO *et al.*, 2009).

O método centróide proposto por Rocha *et al.* (2005) baseia-se na metodologia de componentes principais e caracteriza-se por associar as vantagens dessa metodologia a estudos da interação genótipo x ambiente. O método consiste na comparação de valores de distância cartesiana entre os genótipos e quatro referências ideais (ideótipos), criados com base nos dados experimentais para representar os genótipos de máxima adaptabilidade geral, máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ou desfavoráveis e os genótipos de mínima adaptabilidade. O ideótipo de máxima adaptabilidade geral é aquele que apresenta os valores máximos observados para todos os ambientes estudados (ideótipo I). Os ideótipos de máxima adaptabilidade específica são aqueles que apresentam máxima resposta em ambientes favoráveis e mínima resposta em ambientes desfavoráveis (ideótipo II) ou máxima resposta em ambientes desfavoráveis e mínima em ambientes favoráveis (ideótipo III). O ideótipo de mínima adaptabilidade é aquele que apresenta os menores valores observados em todos os ambientes estudados (ideótipo IV).

As principais vantagens do método centróide são: a) dispensa a análise de vários parâmetros, como ocorre nos métodos baseados em regressão; b) não possibilita a duplicidade de interpretação observada na metodologia de Lin e Binns (1988); c) facilidade de recomendação e ordenamento dos genótipos a grupos de adaptabilidade específicos (adaptabilidade geral, adaptabilidade específica e pouco adaptados); e d) não subjetividade de ordenamento e utilização de estimativas de probabilidade espacial que fornecem informação a respeito da confiabilidade da classificação dos genótipos.

Apesar da grande facilidade de recomendação proporcionada, o método centróide tem como pressuposto a existência de genótipos com desempenho elevado em determinado ambiente e muito baixo em outro. Esse fato não considera a possibilidade de existência de genótipos com desempenhos alto e médio ou baixo e médio.

Diante disso, Nascimento *et al.* (2009) sugeriram a inclusão de maior número de ideótipos, definidos por meio dos valores médios dos genótipos nos diversos ambientes avaliados, para fornecer ao método maior abrangência na caracterização genética, uma vez que, na natureza, o comportamento de variáveis quantitativas tende a seguir um valor médio.

A modificação proposta consistiu na adição de três novos ideótipos (centróides), também criados com base nos dados experimentais, cujos valores médios para cada ambiente seriam dados por: ideótipo V (média adaptabilidade geral), cujos valores, em cada ambiente, são representados pelas médias obtidas pelo conjunto de genótipos estudado; ideótipo VI (média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis), cujos valores nos ambientes

favoráveis são representados pelos valores máximos e, nos desfavoráveis, pelas médias obtidas pelo conjunto de genótipos estudado; ideótipo VII (média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis), cujos valores, nos ambientes favoráveis, são representados pelas médias e, nos desfavoráveis, pelos valores máximos obtidos pelo conjunto de genótipos estudado.

A alteração no método mantém a facilidade de interpretação dos resultados para a recomendação dos genótipos presente no método original e não possibilita duplicidade de interpretação (NASCIMENTO *et al.*, 2009).

2.2.4 Diversidade genética

O estudo da diversidade tem como objetivo elucidar relações genéticas, quantificar ou prever o nível de variabilidade total existente e sua distribuição entre e/ou dentro de unidades taxonômicas, quer elas sejam indivíduos, acessos de bancos de germoplasma, linhagens, cultivares, populações ou espécies. Este conhecimento tem proporcionado importantes contribuições ao melhoramento genético, ao gerenciamento de bancos de germoplasma e a conservação de recursos genéticos (PESSONI, 2007).

No melhoramento genético, a diversidade genética tem sido utilizada para identificar combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, de forma que, em suas gerações segregantes, haja maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores (CRUZ *et al.*, 2004). A quantificação da diversidade também auxilia no planejamento de estratégias mais eficazes que venham a maximizar os ganhos genéticos no melhoramento.

A diversidade pode ser avaliada por meio de técnicas biométricas baseadas na quantificação da heterose ou por processos preditivos. Atualmente, os métodos preditivos tem se destacado pois dispensam a obtenção prévia de combinações híbridas.

Os métodos preditivos consideram as diferenças morfológicas, fisiológicas, moleculares, entre outras apresentadas pelos progenitores na determinação da diversidade. Dentre as técnicas mais utilizadas estão os métodos de agrupamento e as análises de dispersão gráfica por componentes principais, variáveis canônicas ou projeção de distâncias (CRUZ *et al.*, 2004).

A análise por componentes principais é definida como um método de redução de dados utilizado para esclarecer as relações entre dois ou mais indivíduos (genótipos) e dividir a variância total dos caracteres originais em número limitado de novas variáveis não correlacionadas (WILEY, 1981). Isso permite a visualização de diferenças entre indivíduos e a identificação de possíveis grupos em gráficos de dispersão.

Essa análise consiste na transformação de um conjunto original de variáveis (por exemplo, altura, produção) em outro conjunto de dimensão equivalente, denominado componentes principais (CRUZ *et al.*, 2004).

Os componentes principais são combinações lineares das variáveis originais e independentes entre si, estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo da informação contida nos dados originais.

Espera-se que a maior parte da variação dos dados possa ser descrita por poucos componentes principais, com a menor perda possível de informação. Em geral, os primeiros componentes em estudos de diversidade genética tem sido utilizados quando envolvem pelo menos 80% da variação total. Quando esse limite não é atingido nos dois primeiros componentes, a análise é completada com a dispersão gráfica em relação ao terceiro e quarto componentes (CRUZ *et al.*, 2004).

O método dos componentes principais também possibilita a avaliação da importância de cada caráter estudado sobre a variação total disponível entre os genótipos avaliados, permitindo o descarte de caracteres que contribuem pouco para discriminação dos genótipos.

De modo semelhante ao método dos componentes principais, a análise por variáveis canônicas também tem como objetivo avaliar a similaridade entre genótipos por meio de uma dispersão gráfica. Entretanto, leva em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica dos caracteres avaliados. Por isso, a análise por variáveis canônicas apresenta-se como um procedimento alternativo aos componentes principais quando se dispõe de dados com repetições.

Segundo Cruz *et al.* (2004) as análises de agrupamento são alternativas para predição da diversidade genética. Essas técnicas tem por finalidade reunir por algum critério de classificação, os genótipos em vários grupos, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos.

De modo geral há dois tipos de métodos de agrupamento: i) métodos baseados em modelos; e ii) métodos baseados em distâncias. Os métodos baseados em distâncias são os mais utilizados e podem ser divididos em hierárquicos e não hierárquicos.

Os métodos hierárquicos são os mais utilizados para análise de diversidade no melhoramento. Esse métodos envolvem um série de processos que se repetem em vários níveis até o estabelecimento de um dendograma ou diagrama em árvore, onde genótipos são agrupados (CRUZ *et al.*, 2004; MOHAMMADI; PRASANNA, 2003)

Os métodos hierárquicos são divididos em métodos aglomerativos e divisivos. Dentre os aglomerativos, tem-se o do vizinho mais próximo (Single Linkage Method); o do vizinho mais distante (Complete Linkage Method); o da ligação média (Average Linkage), ponderado ou não; o do centróide ponderado ou não; e o proposto por Ward (1963). Entre os divisivos, o mais conhecido é o de Edwards e Cavalli-Sforza (1965).

O métodos não hierárquicos são divididos em métodos convergentes e de otimização. Os métodos convergentes são baseados em função discriminante e tem o objetivo de discriminar genótipos distribuídos em grupos previamente conhecidos. Por outro lado, nos métodos de otimização realiza-se a partição do conjunto de genótipos em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização de alguma medida preestabelecida. Um dos métodos mais empregados é o proposto por Tocher (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

2.2.4.1. Diversidade genética da soja

Nos programas de melhoramento da soja a diversidade entre indivíduos tradicionalmente é avaliada por meio de características morfológicas e agronômicas ou informações de genealogia, utilizando-se de técnicas de análise multivariada.

Carpentieri-Pípolo *et al.* (2000) utilizaram-se de caracteres agronômicos para avaliar a divergência genética entre 34 genótipos de soja, a fim de utilizá-los como progenitores em hibridações em um programa de melhoramento. Os autores empregaram a análise por variáveis canônicas e o agrupamento pelo método proposto por Tocher. Constataram o estabelecimento de quatro grupos e direcionaram as hibridações entre os genótipos divergentes e com caracteres agronômicos favoráveis, perfazendo apenas 10 combinações entre as 561 possíveis em um dialelo parcial entre os 34 genótipos.

Da mesma forma, Cui *et al.* (2001) estudaram a diversidade fenotípica de caracteres morfológicos, agronômicos e bioquímicos de cultivares modernas chinesas e norte-

americanas de soja, a fim de verificar a possibilidade de hibridações entre esses grupos de cultivares sem reduzir a variabilidade genética. Os autores observaram maior diversidade fenotípica entre as cultivares chinesas do que entre as norte-americanas. Por meio de métodos de agrupamento obtiveram grupos compostos de cultivares chinesas e norte americanas, um indicativo da origem chinesa do germoplasma norte-americano. Logo, os autores afirmaram que a introdução de cultivares chinesas em programas de melhoramento norte-americanos pode ampliar a diversidade do germoplasma. Contudo, introdução pode ser realizada de forma mais eficaz evitando cruzamentos de cultivares provenientes do mesmo grupo.

Atualmente há uma preocupação com a manutenção da variabilidade genética nos programas de melhoramento devido ao estreitamento da base genética das cultivares. Assim, diversos autores recomendam que os melhoristas façam a escolha de cultivares, como progenitores, dando ênfase no desempenho e na distância genética, de forma a obter ganho genético mantendo a variabilidade (CRUZ, 1990; DESTRO, 1991; MIRANDA, 1998; CUI *et al.*, 2001).

Mikel *et al.* (2010) estudando o desenvolvimento e a diversidade genética das cultivares norte-americanas de soja lançadas entre 1970 e 2008, verificaram que poucas cultivares foram utilizadas como progenitores. As cultivares frequentemente utilizadas foram: Williams, A3127, Essex, Amsoy, Corsoy, Wayne, Forrest, Hutcheson, MO 13404 e Bedford. Entre essas cultivares, A3127 foi a principal progenitora das cultivares desenvolvidas entre 1999 e 2008. Para comparar a diversidade genética entre o germoplasma de soja das regiões norte e sul dos EUA, os autores realizaram análise de agrupamento considerando as principais cultivares. Observaram a formação de dois grupos predominantes, representando o germoplasma das duas regiões. No grupo da região norte predominaram as cultivares Williams, Wayne, Lincoln, A3127 e Harosoy como progenitoras, enquanto no grupo sul apenas as cultivares Lee e D49-2491. Os autores afirmaram que um dos fatores impactantes na diversidade genética foi a consolidação da lei de patentes nos EUA, que restringiu o acesso dos melhoristas às cultivares de outros programas de melhoramento. No entanto, afirmam que a expansão dos programas de melhoramento nas duas regiões pode ampliar a base genética, através da utilização simultânea dos dois conjuntos gênicos.

O uso de cultivares estrangeiras como fontes de novos genes para o melhoramento de soja norte-americano também é indicado, pois apenas uma dúzia de progenitores representa mais de 80% da fonte de genes das cultivares modernas (CARTER *et al.*, 1998).

No Japão, entre 1950 e 1988, uma grande quantidade de progenitores com base genética independente foram utilizados no desenvolvimento de cultivares. E ainda há uma constante expansão da base genética com a adição sucessiva de novos progenitores no desenvolvimento de novas cultivares. Essa tendência de incluir novos progenitores é consistente com os padrões de melhoramento chinês de soja mas contrasta com a tendência norte-americana. Além disso, há relativa independência dos programas de melhoramento do Japão, China e EUA, sugerindo que cada um desses “pools” gênicos pode servir como reservatório de diversidade genética para os outros (ZHOU *et al.*, 2000).

O germoplasma europeu de soja do INRA (Institut National de la Recherche Agronomique), assim como o germoplasma japonês, apresenta mais diversidade genética que o norte-americano considerando apenas caracteres fenotípicos e marcadores microssatélites nucleares e citoplasmáticos (TAVAUD-PIRRA *et al.*, 2009). O INRA dispõe de uma coleção nuclear representativa da diversidade genética total da coleção e da variabilidade de certos caracteres quantitativos, que poderá ser útil a futuros programas de melhoramento.

No Brasil, Hiromoto e Vello (1986) determinaram a base genética do germoplasma de soja cultivada naquele ano agrícola e compararam o grau de similaridade do germoplasma brasileiro com o norte-americano. Observaram que as cultivares brasileiras da época descendiam de apenas 26 cultivares, sendo que 11 contribuíam com mais de 80% do conjunto gênico das cultivares brasileiras e que seis destas também eram frequentes em cultivares norte-americanas.

Os efeitos do melhoramento sobre a diversidade genética de cultivares de soja provenientes de diferentes programas de melhoramento e períodos de lançamento também foram estudados (PRIOLLI *et al.*, 2004; PRIOLLI *et al.*, 2010). Quando comparados entre si, os programas de melhoramento apresentaram poucas diferenças, apenas o programa do IAC (Instituto Agrônomo de Campinas) foi o mais heterogêneo. Por sua vez, as estimativas de variabilidade entre os períodos de melhoramento avaliados indicaram que somente 1,78% da variância total foi devida à diferença entre períodos.

Quando foram utilizados dados de genealogia estimou-se o coeficientes de parentesco entre as cultivares, sendo a média de 0,18. A média do coeficiente de parentesco foi similar a obtida por Vello *et al.* (1988) e Miranda *et al.* (2007), indicando a estreita base genética das cultivares brasileiras.

Em geral, o germoplasma de soja utilizado em programas de melhoramento no Brasil manteve nível constante de diversidade genética nos últimos 30 anos, mas com estreita base genética.

O aumento da base genética das variedades brasileiras de soja, segundo Vello *et al.* (1984), pode ser conseguido pela utilização de cultivares adaptadas, geneticamente divergentes em cruzamentos com genótipos exóticos.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Condução dos ensaios

Os ensaios foram conduzidos em condições de campo nos municípios de Primavera do Leste, Nova Uiratã e Pedra Preta, localizados no estado do Mato Grosso, nos anos agrícolas 2007/2008, 2008/2009 e 2009/10.

Em Primavera do Leste foram conduzidos seis ensaios nos anos agrícolas 2007/08, 2008/09 e 2009/10, no campo experimental do Instituto Matogrossense do Algodão (IMAmt). No município de Nova Uiratã foi conduzido apenas um ensaio na Fazenda Água Limpa no ano agrícola 2009/10. No mesmo ano agrícola, em Pedra Preta também foi conduzido um ensaio no campo experimental da empresa Sementes Petrovina, localizado na Fazenda Farroupilha (Tabela 1).

Todos ensaios foram instalados no delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. As parcelas foram constituídas por uma fileira de cinco metros de comprimento, com espaçamento de 70 cm entre fileiras e densidade de semeadura de 15 sementes por metro linear. A área útil da parcela foi de 2,8 m², desprezando-se 0,5 m nas extremidades.

Foram avaliados 26 genótipos de soja adaptados ao estado do Mato Grosso, procedentes dos Programas de Melhoramento de Soja do Instituto Matogrossense do Algodão e da Bacuri Pesquisa em Agronomia (Tabela 2). Entre os genótipos avaliados incluem-se seis cultivares padrões (CD 219 RR, Valiosa RR, MSOY 8008 RR, P98C81, DM 309 e UFV 18 PM).

O ensaios receberam adubação de semeadura segundo as análises de solo dos locais e antes da semeadura as sementes foram inoculadas com *Bradyrhizobium japonicum*. Durante a condução dos ensaios foi realizado o controle químico de pragas, doenças e plantas daninhas quando necessário.

A colheita foi realizada manualmente, no estágio R8 da escala de Fehr e Caviness (1977), quando as plantas se encontravam com 95% de suas vagens maduras. As sementes foram separadas das vagens em máquina trilhadora estacionária e limpas com o auxílio de peneiras.

Tabela 1. Altitude, latitude, longitude, data de semeadura e codificação (Cod.) dos ensaios conduzidos no estado do Mato Grosso

Ambientes	Cod.	Altitude	Latitude	Longitude	Data de Semeadura
Primavera do Leste	PL 1	680	15° 32' 13'' S	54° 11' 45'' W	21/11/2007
Primavera do Leste	PL 2	680	15° 32' 13'' S	54° 11' 45'' W	20/11/2008
Primavera do Leste	PL 3	680	15° 32' 13'' S	54° 11' 45'' W	05/12/2008
Primavera do Leste	PL 4	680	15° 32' 13'' S	54° 11' 45'' W	20/12/2008
Primavera do Leste	PL 5	680	15° 32' 13'' S	54° 11' 45'' W	13/10/2009
Primavera do Leste	PL 6	680	15° 32' 13'' S	54° 11' 45'' W	09/11/2009
Pedra Preta	PP	732	16° 51' 36'' S	54° 03' 36'' W	10/11/2009
Nova Ubiratã	NU	495	13° 24' 28'' S	54° 45' 14'' W	20/10/2009

Tabela 2. Genótipos de soja dos Programas de Melhoramento de Soja do Instituto Matogrossense do Algodão e da Bacuri Pesquisa em Agronomia

Genótipos		Genótipos	
1	BCR651G 68	14	BCR1070G 246
2	BCR1070G 231	15	MSOY 8008RR
3	BCR892G 132	16	BCR553G 306
4	CD 219 RR	17	BCR1057G 157
5	BCR945G 114	18	BCR1070G 228
6	BCR1070G 244	19	BCR1067G 189
7	BCR1459 189	20	BCR1455 178
8	BCR651G 75	21	BCR1067G 210
9	BCR1070G 229	22	P98C81
10	BCR945G 110	23	DM 309
11	BCR1070G 251	24	BCR1057G 162
12	Valiosa RR	25	BCR1346 142
13	BCR892G 140	26	UFV 18 PM

3.2 Caracteres avaliados

Os caracteres avaliados nos ensaios foram classificados em quatro grupos, de acordo com o momento e a forma de avaliação: caracteres agronômicos, químicos, de vigor e

sanidade de sementes. Todos os caracteres avaliados são de fundamental importância para o sucesso de um programa de melhoramento genético de soja.

3.2.1 Caracteres agronômicos

Foram considerados como caracteres agronômicos aqueles de interesse ao melhoramento e passíveis de avaliação a campo. Os caracteres avaliados nos ensaios foram:

- a) Número de dias para floração (DF): número de dias após a emergência até aproximadamente 50% das plantas da fileira apresentarem a primeira flor em qualquer um dos nós da haste principal, correspondendo ao estágio de desenvolvimento R1 da escala de Fehr e Caviness (1977);
- b) Número de dias para maturação (DM): número de dias após a emergência até aproximadamente 50% das plantas apresentarem 95% das vagens com coloração de vagem madura, correspondendo ao estágio de desenvolvimento R8 da escala de Fehr e Caviness (1977);
- c) Altura final da planta (APM): altura média das plantas da parcela medida a partir do nível do solo até a extremidade da haste principal, na época da maturação;
- d) Altura da inserção da primeira vagem (AV): altura a partir do nível do solo até a inserção da primeira vagem, na época da maturação;
- e) Acamamento (AC): foi considerada acamada a planta que apresentasse um ângulo maior que 45° de inclinação em relação à vertical. O acamamento foi avaliado visualmente na colheita, conforme a escala de notas a seguir:
 - 1. todas as plantas eretas ou nenhuma planta da área útil acamada;
 - 2. plantas ligeiramente inclinadas ou algumas plantas acamadas;
 - 3. plantas moderadamente inclinadas ou 25 a 50% de plantas acamadas;

4. plantas inclinadas ou 50 a 80% de plantas acamadas;
5. todas plantas da área útil acamadas.

- f) Stand (ST): número de plantas por metro no momento da colheita;
- g) Reação à mancha alvo (*Corynespora cassiicola*) (MA): notas visuais segundo a porcentagem da área foliar infectada (% a.f.i), conforme a escala a seguir:

Severidade (% a.f.i.)	Reação
NV = 1 a 2 (0 a 25% a.f.i.)	R = Resistente
NV = 3 (26% a 50% a.f.i.)	MR= Moderadamente resistente
NV = 4 a 5 (acima de 51% a.f.i.)	S = Suscetível

- h) Reação ao míldio (*Peronospora manshurica*) (MD): notas visuais segundo a porcentagem da área foliar infectada (% a.f.i), utilizando a mesma escala da reação à mancha alvo;
- i) Haste verde (HV): notas visuais segundo a porcentagem de retenção de folhas e pecíolos (hastes);
- j) Produtividade em kg.ha⁻¹ (PD): estimada em função da produção de grãos da parcela, com a correção para o teor de umidade de 13%.

3.2.2 Caracteres químicos

Os caracteres químicos avaliados foram os teores de óleo e proteína. Amostras das sementes produzidas nos ensaios foram enviadas ao laboratório de Agroenergia da Universidade Federal de Viçosa (UFV) para determinação do teor de óleo, por meio da técnica de ressonância magnética nuclear (RMN). O teor de proteína foi determinado pelo método Kjeldahl (INSTITUTO ADOLFO LUTZ, 2008), no Laboratório de Nutrição Animal do departamento de Zootecnia da UFV.

3.2.3 Caractes de qualidade de sementes

Para a qualidade de sementes foram considerados caracteres relacionados ao vigor e a sanidade de sementes. Amostras de sementes produzidas nos ensaios foram enviadas ao Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Viçosa e submetidas aos seguintes testes:

a) Teste Padrão de germinação

O teste foi realizado com 400 sementes (quatro repetições de 100 sementes) de cada genótipo. As sementes foram colocadas para germinar em folha de papel toalha tipo “Germitest”, previamente umedecida com água destilada. Após esse procedimento foi colocada outra folha de papel toalha umedecida sobre as sementes, confeccionando rolos que foram colocados em pé em um germinador regulado para manter a temperatura estável no decorrer do teste. Na avaliação da germinação, foram observados os critérios estabelecidos nas Regras para Análise de Sementes (BRASIL, 2009). De acordo com essas regras, a primeira contagem foi realizada cinco dias após o início do teste, contando-se e eliminando-se do teste as plântulas com sinais de infecção. Na ocasião da última contagem, oito dias após o início do teste, todas as plântulas restantes foram avaliadas com normais e anormais.

Assim, a porcentagem final de germinação representou o somatório dos percentuais de plântulas normais com e sem patógenos.

b) Teste de sanidade

Para identificação dos patógenos internos de sementes foi realizado o teste de sanidade, utilizando-se o método de incubação em substrato de papel ou método do papel de filtro (“blotter test”).

As sementes foram dispostas individualmente sobre uma camada de papel de filtro umedecido, mantendo-se distanciadas 2 cm uma das outras no interior de caixas tipo “gerbox”. Os gerboxes foram previamente lavados com detergente e desinfetados com hipoclorito de sódio a 1%. Em condições assépticas foram plaqueadas 400 sementes de cada genótipo (quatro repetições de 100 sementes). Estas sementes foram desinfestadas em solução

de álcool a 70% e em hipoclorito de sódio a 2%, durante dois minutos. Após o plaqueamento, os gerboxes com as sementes foram dispostos sob lâmpadas de luz fluorescente branca, a distancia de 30-40 cm, em câmaras com fotoperíodo de 12 horas pelo período de 7-8 dias a temperatura de $20 \pm 2^{\circ}\text{C}$. Após o crescimento e esporulação dos fungos sobre as sementes realizou-se a identificação dos mesmos ao estereomicroscópio. Os resultados foram expressos em percentual de ocorrência dos fungos.

3.3 Análises estatísticas

Os dados obtidos foram submetidos às análises estatísticas apropriadas conforme os objetivos propostos, utilizando o programa estatístico Genes (CRUZ, 2006).

3.3.1 Análise de variância

Antes de realizar as análises de variância procedeu-se a verificação da existência de homogeneidade de variâncias e normalidade dos dados pelos testes de Bartlett e Lilliefors. Quando necessário os dados foram transformados para atender as hipóteses básicas da análise.

O modelo estatístico utilizado nas análises individuais, considerando os ensaios em blocos ao acaso, é dado por:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B_k + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

Y_{ij} : observação referente ao i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo considerado fixo;

B_k : efeito do k-ésimo bloco considerado aleatório;

ε_{ijk} : erro aleatório.

Verificada a existência de variabilidade genética e homogeneidade de variâncias residuais nas análises individuais, procedeu-se, então, a análise conjunta de variância.

Na análise conjunta os efeitos dos genótipos foram considerados fixos e os efeitos ambientais e da interação genótipos x ambientes, aleatórios. Os ambientes foram obtidos pela combinação de locais e datas (épocas) de semeadura, de modo a constituir oito ambientes distintos.

O modelo estatístico adotado foi:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + \frac{B}{A_{jk}} + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado do i-ésimo genótipo, no j-ésimo ambiente e no k-ésimo bloco;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo considerado fixo;

A_j : efeito do j-ésimo ambiente considerado aleatório;

GA_{ij} : efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente;

B

A_{jk} : efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente;

ϵ_{ijk} : erro aleatório associado à observação Y_{ijk} .

O esquema da análise de variância conjunta e respectivas esperanças de quadrados médios encontram-se abaixo:

FV	GL	E(QM)	F
Blocos/Ambientes	a(r-1)	$\sigma^2 + g\sigma_g^2$	
Ambientes (A)	a-1	$\sigma^2 + g\sigma_g^2 + gr\sigma_a^2$	QMA/QMB
Genótipos (G)	g-1	$\sigma^2 + r\alpha\sigma_{ga}^2 + ar\phi_g$	QMG/QMGA
GxA	(g-1)(a-1)	$\sigma^2 + r\alpha\sigma_{ga}^2$	QMGA/QMR
Resíduo	a(g-1)(r-1)	σ^2	

$\alpha = \frac{a}{(g-1)}$

A partir da análise de variância foram obtidos os componentes de variância a seguir:

ϕ_g : componente quadrático genotípico;

σ_a^2 : componente de variância ambiental;

σ_{ga}^2 : componente de variância da interação genótipos x ambientes.

Estimados por meio das expressões:

$$\hat{\phi}_g = \frac{QMG - QMGA}{ar}$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = \frac{QMA - QMB}{gr}$$

$$\sigma_{ga}^2 = \frac{(QMGA - QMR)g - 1}{r \cdot g}$$

em que:

a: número de ambientes;

g: número de genótipos;

r: número de repetições;

QMG: quadrado médio do genótipo;

QMA: quadrado médio do ambiente;

QMB: quadrado médio de bloco dentro de cada ambiente;

QMGA: quadrado médio da interação genótipos x ambientes;

QMR: quadrado médio do resíduo.

O coeficiente de determinação genotípico (H^2) também foi obtido da seguinte forma:

$$H^2 = \frac{\bar{\phi}_g}{QMG}$$

Os componentes de variância tem sido de grande interesse no melhoramento genético pois permitem, por intermédio dos delineamentos experimentais, estimar a variância genotípica a partir de dados fenotípicos (CRUZ *et al.*, 2004).

Posteriormente, foi realizada a comparação entre as médias dos genótipos, utilizando-se o teste de Tukey a 5% de probabilidade.

3.3.2 Decomposição da interação GxA

Para avaliar a magnitude e o efeito da interação genótipos x ambientes no caracteres avaliados foi realizada a partição da interação em partes simples e complexa. Desse modo, utilizou-se a expressão da partição do quadrado médio da interação genótipos x pares de ambientes proposta por Robertson (1959), apresentada a seguir:

$$QMGA = S + C$$

sendo:

$$s = \frac{1}{2} (\sqrt{Q_1} - \sqrt{Q_2})^2 \quad c = (1 - r)\sqrt{Q_1 Q_2}$$

em que:

S e C: partes simples e complexa da interação, respectivamente;

r: correlação entre médias de genótipos nos dois ambientes;

Q₁ e Q₂: quadrados médios entre genótipos nos ambientes 1 e 2, respectivamente.

No entanto, a parte complexa utilizada foi a quantificada a partir da proposta de Cruz e Castoldi (1991):

$$c = \sqrt{(1 - r)^2 Q_1 Q_2}$$

Essa decomposição pondera de maneira mais eficiente a contribuição da correlação e da diferença de variabilidade genotípica nos ambientes (CRUZ *et al.*, 2004).

Foram estimados os coeficientes de correlação genotípica (r_g) e fenotípica (r_f) entre pares de ambientes por meio das expressões:

$$r_g = \frac{\hat{\Phi}_{g(jj')}}{\hat{\Phi}_{g(jj')} + \hat{\sigma}_{ga(jj')}^2}$$

$$r_f = \frac{\text{Cov}(Y_{ij}, Y_{ij'})}{\sqrt{V(Y_{ij})V(Y_{ij'})}}$$

em que $\hat{\Phi}_{g(jj')}$ e $\hat{\sigma}_{ga(jj')}^2$ são os estimadores dos componentes de variância genética e da interação genótipos x ambientes, obtidos pela análise conjunta envolvendo os ambientes j e j'.

3.3.3 Adaptabilidade e estabilidade

As análises de adaptabilidade e estabilidade foram realizadas empregando-se os métodos de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998), centróide proposto por Rocha *et al.* (2005) modificado por Nascimento *et al.* (2009) e número ótimo de ambientes proposto no presente trabalho.

3.3.3.1. Método Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)

No método proposto por Lin e Binns (1988) a medida para estimar a adaptabilidade e estabilidade é o quadrado médio da distância entre a média do genótipo (ou cultivar) e a resposta média máxima obtida no ambiente. Essa medida de superioridade, denominada de estatística P_i , é dada por:

$$P_i = \frac{\sum_{j=1}^n (X_{ij} - M_j)^2}{2n}$$

em que:

P_i : estimativa da estabilidade e adaptabilidade do cultivar i ;

X_{ij} : produtividade do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente;

M_j : resposta máxima observada entre todos genótipos no ambiente j ;

n : número de ambientes.

A estatística P_i considera o rendimento *per se* do genótipo, relativa a um genótipo com coeficiente de regressão igual à unidade, que é uma medida de adaptabilidade, e a sua flutuação que é uma medida da estabilidade fenotípica.

Carneiro (1998) apresentou algumas modificações no método proposto por Lin e Binns (1988) a fim de torná-lo mais adequado à avaliação da performance genotípica e recomendação de cultivares. Para que a recomendação atendesse a grupos de ambientes favoráveis e desfavoráveis, que refletem ambientes em que há emprego de alta e baixa tecnologia, respectivamente, foi sugerida a decomposição do estimador P_i na partes devido a ambientes favoráveis e desfavoráveis. O novo parâmetro P_i foi denominado MAEC (Medida de Adaptabilidade e Estabilidade de Comportamento).

A classificação dos ambientes foi feita com base nos índices ambientais, proposto por Eberhart e Russel (1966), definidos como a diferença entre a média dos genótipos avaliados em cada ambiente e a média geral, dado a seguir:

$$I_j = \frac{1}{g} \sum_i Y_{ij} - \frac{1}{ag} Y_{..}$$

em que:

I_j : índice ambiental codificado;

Y_{ij} : média do genótipo i no ambiente j ;

$Y_{.j}$: total das observações;

g : número de genótipos;

a : número de ambientes.

Valores negativos de I_j identificam os ambientes desfavoráveis e valores positivos identificam ambientes favoráveis.

Para ambientes desfavoráveis o parâmetro MAEC foi estimado como:

$$P_{i\bar{a}} = \frac{\sum_{j=1}^{\bar{a}} (X_{ij} - M_i)^2}{2\bar{a}}$$

em que:

\bar{a} : número de ambientes desfavoráveis;

X_{ij} e M_i : já definidos.

Da mesma forma para os ambientes favoráveis tem se:

$$P_{if} = \frac{\sum_{j=1}^f (X_{ij} - M_i)^2}{2f}$$

em que f é o número de ambientes favoráveis.

A estimativa do parâmetro MAEC torna o método mais adequado aos propósitos da recomendação de cultivares, pois fornece um direcionamento da resposta aos diferentes tipos de ambientes (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

3.3.3.2. Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA)

No presente trabalho é proposto um novo método, denominado **Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA)** que se propõe a responder as seguintes questões:

- a) A rede de ambientes utilizada pode ter um novo dimensionamento, com possibilidade de redução do número de ambientes e diminuição do tempo, custo e mão de obra da experimentação agrícola?
- b) Em caso afirmativo, quantos ambientes poderiam ser adotados? Quais ambientes poderiam ser excluídos? Qual ambiente deve ser mantido tendo em vista suas particularidades?
- c) A recomendação de genótipos é comprometida com a alteração do número de ambientes?

A utilização desse método consiste da comparação das estimativas de adaptabilidade e estabilidade obtidas na análise com todos os ambientes, em relação às estimativas obtidas em análises com diferentes combinações dos ambientes.

Inicialmente, realiza-se todas as combinações possíveis entre os ambientes e estima-se os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos pelo método de Lin e Binns (1988).

Posteriormente, as estimativas de Pi obtidas nas combinações dos ambientes são comparadas com as estimativas de Pi obtidas ao considerar todos os ambientes, denominadas Pi original, utilizando o coeficiente de correlação de Pearson (r_{xy}), dado por:

$$r_{xy} = \frac{\text{Cov}(X, Y)}{\sqrt{\sigma_X \sigma_Y}}$$

onde:

X: estimativas dos parâmetros Pi em todos ambientes (Pi original);

Y: estimativas dos parâmetros Pi nas possíveis combinações dos ambientes.

Os coeficientes de correlação são, então, plotados em gráficos para melhor visualização de suas magnitudes. Assim, as combinações de ambientes que apresentarem as maiores correlações serão mais confiáveis e adequadas para classificar os genótipos quanto a adaptabilidade e estabilidade.

Da mesma forma que os coeficientes de correlação, as estimativas P_i de cada genótipo nas diferentes combinações de ambientes também podem ser visualizadas em gráficos, permitindo avaliar o comportamento dos genótipos nas diferentes situações.

Portanto, o método do **Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA)** pode ser utilizado para avaliar a representatividade de ensaios de recomendação de cultivares, otimizar decisões com relação ao descarte de ambientes quando existirem problemas técnicos ou escassez de recursos e observar a consistência da recomendação dos genótipos.

3.3.3.3. Método centróide modificado por Nascimento *et al.* (2009)

O método centróide proposto por Rocha *et al.* (2005) modificado por Nascimento *et al.* (2009) consiste na comparação de valores de distância cartesiana entre os genótipos e sete referências ideais (ideótipos), criados com base nos dados experimentais.

Para utilização desse método, os ambientes foram classificados em favoráveis e desfavoráveis utilizando o índice ambiental proposto por Eberhart e Russel (1966).

Após a classificação dos ambientes e criação dos pontos referenciais (os ideótipos), utilizou-se a análise de componentes principais considerando, na matriz de médias de dimensão $g \times a$, sete linhas adicionais correspondentes aos ideótipos estabelecidos. A partir desses genótipos ($g+7$) é feita a análise de componentes principais de maneira usual, obtendo-se escores utilizados na representação gráfica.

A posição dos genótipos em relação aos centróides (ideótipos) no gráfico de dispersão e os valores de distância cartesiana entre os pontos (genótipos) e cada um dos sete centróides possibilitam a sua classificação quanto à adaptabilidade e à estabilidade.

Uma medida de probabilidade espacial pode ser calculada utilizando o inverso da distância entre um genótipo e os sete ideótipos:

$$P_{d(i,j)} = \frac{\left(\frac{1}{d_{ij}}\right)}{\sum_{i=1}^n \frac{1}{d_{ij}}}$$

em que:

$P_{d(i,j)}$: probabilidade de apresentar padrão de estabilidade semelhante ao j-ésimo centróide;

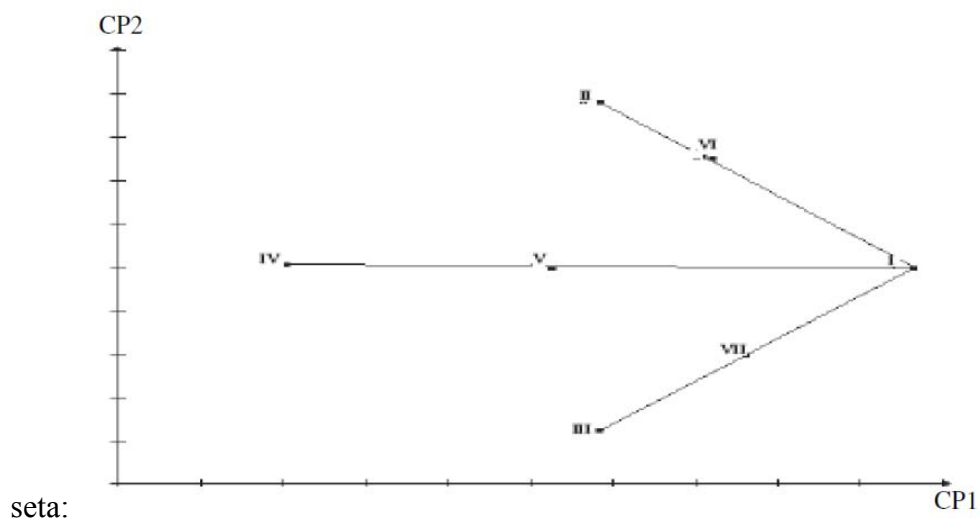
d_{ij} : distância do i-ésimo ponto ao j-ésimo centróide no plano gerado a partir da análise de componentes principais.

Os sete ideótipos são caracterizados da seguinte forma:

- 1- Ideótipo de máxima adaptabilidade geral (ideótipo I) é aquele que apresenta os valores máximos observados para todos os ambientes estudados;
- 2- Ideótipo de máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (ideótipo II) é aquele que apresenta máxima resposta em ambientes favoráveis e mínima resposta em ambientes desfavoráveis;
- 3- Ideótipo de máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (ideótipo III) é aquele que apresenta máxima resposta em ambientes desfavoráveis e mínima em ambientes favoráveis.
- 4- Ideótipo de mínima adaptabilidade (ideótipo IV) é aquele que apresenta os menores valores observados em todos os ambientes estudados.
- 5- Ideótipo de média adaptabilidade geral (ideótipo V) é aquele que apresenta respostas médias em cada ambiente;
- 6- Ideótipo de média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (ideótipo VI) é aquele cujos valores nos ambientes favoráveis são representados pelos valores máximos e, nos desfavoráveis, pelas médias obtidas pelo conjunto de genótipos estudado;

7- Ideótipo de média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (ideótipo VII) é aquele cujos valores, nos ambientes favoráveis, são representados pelas médias e, nos desfavoráveis, pelos valores máximos obtidos pelo conjunto de genótipos estudado.

A configuração dos sete ideótipos na dispersão gráfica apresenta um formato de



3.3.4 Diversidade genética

Os estudos de diversidade genética foram realizados por análises de agrupamento. As análises de agrupamento envolvem duas etapas. A primeira relaciona-se com a estimação de uma medida de dissimilaridade entre os genótipos e a segunda, com a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação de grupos.

A medida de dissimilaridade adotada foi a Distância Generalizada de Mahalanobis, denominada D^2 e estimada por:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta$$

em que:

$D_{ii'}^2$: Distância Generalizada de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

$$\delta = [d_1 d_2 \dots d_n]$$

$d_n = X_{in} - X_{i'n}$ sendo X_{in} a observação no i -ésimo genótipo em relação ao n -ésimo caráter;

ψ : matriz de variância e covariâncias residuais

As medidas de dissimilaridade foram obtidas individualmente em cada ambiente e sua associação verificada através da correlação entre matrizes, cujas significâncias foram testadas através do teste Z de Mantel (MANLY, 1998).

A significância de Z é testada comparando-se o valor obtido a partir dos dados observados com uma distribuição nula, construída a partir do cálculo de Z de diversas correlações entre uma das matrizes na forma original com outra aleatorizada a cada cálculo do novo coeficiente de correlação. A significância de Z foi avaliada com base em 10.000 permutações aleatórias.

Para o agrupamento foram utilizados os métodos hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA) e de otimização de Tocher.

No método UPGMA o dendograma foi estabelecido pelos genótipos com maior similaridade, e a distância entre um indivíduo k e um grupo formado pelos indivíduos i e j é dada por:

$$d_{(ij)k} = \text{m\u00e9dia } [d_{ik}; d_{jk}] = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

em que $d_{(ij)k}$ \u00e9 dada pela m\u00e9dia do conjunto das dist\u00e2ncias dos pares de indiv\u00edduos (i e k) e (j e k).

Para a realiza\u00e7\u00e3o do m\u00e9todo de otimiza\u00e7\u00e3o de Tocher \u00e9 necess\u00e1ria a matriz de dissimilaridade, sobre a qual \u00e9 identificado o par de indiv\u00edduos (gen\u00f3tipos) mais similares. Esses indiv\u00edduos formar\u00e3o o grupo inicial, a partir do qual \u00e9 avaliado a possibilidade de inclus\u00e3o de novos indiv\u00edduos, adotando-se o crit\u00e9rio de que a dist\u00e2ncia m\u00e9dia intragrupo deve ser menor que a dist\u00e2ncia m\u00e9dia intergrupo. A inclus\u00e3o, ou n\u00e3o, de um indiv\u00edduo k no grupo foi feita considerando:

se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$, inclui-se o indiv\u00edduo k no grupo;

se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} > \theta$, o indiv\u00edduo k n\u00e3o \u00e9 incluído no grupo.

sendo n o n\u00famero de indiv\u00edduos que constitui o grupo original e θ o valor m\u00e1ximo da medida de dissimilaridade observado no conjunto das menores dist\u00e2ncias envolvendo cada indiv\u00edduo. A dist\u00e2ncia entre o indiv\u00edduo k e o grupo formado pelos indiv\u00edduos ij \u00e9 dado por:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Caracteres agronômicos

4.1.1 Análises individuais de variância

Os resumos das análises individuais de variância nos oito ensaios (ambientes), as médias, coeficientes de variação experimental e os coeficientes de determinação genotípico (H^2) encontram-se na Tabela 3.

As análises evidenciaram diferenças significativas ($P < 0,05$) entre os genótipos para a maioria dos caracteres, indicando existência de variabilidade genética entre os genótipos. No entanto, observou-se que em determinados ensaios os efeitos dos genótipos não foram significativos.

Considerando os caracteres relacionados à resistência a doenças, ou seja, reação à mancha alvo (MA) e ao míldio (MD), observou-se efeitos significativos de genótipos na maioria dos ambientes. No ensaio conduzido em Primavera do Leste na safra 2007/08 (PL1) não houve diferença significativa entre os genótipos para os dois caracteres. Da mesma forma, todos ensaios conduzidos na safra 2008/09 em Primavera do Leste (PL 2, PL 3 e PL4) não evidenciaram diferenças entre os genótipos para a reação ao míldio.

Os coeficientes de variação experimental variaram de 12,92 a 35,47% para reação à mancha alvo (MA) e de 5,73 a 24,70% para reação ao míldio (MD), níveis aceitáveis em avaliações de doenças. Quanto às médias, houve maior variação entre os ensaios para reação à mancha alvo do que para o míldio, o que pode ser explicado, em parte, pela uniformidade de incidência do míldio nos diferentes locais e safras.

As estimativas dos coeficientes de determinação genotípico foram predominantemente elevadas para os dois caracteres, indicativo de que as diferenças entre os genótipos foram de natureza genotípica. Essas estimativas variaram de 66,11% a 85,98% para reação à mancha alvo e de 58,12% a 92,55% para reação ao míldio.

Tabela 3. Quadrados médios genotípicos, médias, coeficientes de variação (CV) e coeficientes de determinação genotípico (H^2) referentes aos caracteres reação à mancha alvo (MA), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV), acamamento (AC), haste verde (HV), stand (ST), produtividade de grãos (PD), dias para floração (DF), dias para maturação (DM) e reação ao míldio (MD), avaliados em 8 ambientes no estado do Mato Grosso

Ensaio	MA				APM			
	QM	Média	CV (%)	H^2	QM	Média	CV (%)	H^2
PL 1	2,3651 **	2,52	35,47	66,11	334,0688 **	76,36	10,19	81,86
PL 2	0,2112 ns	1,81	21,51	-	252,1296 **	77,01	9,99	76,53
PL 3	0,4104 **	1,68	20,08	72,29	263,0554 **	66,83	12,69	72,67
PL 4	0,1766 **	1,41	14,94	74,85	456,0446 **	76,63	14,01	74,71
PL 5	0,8880 **	3,51	12,92	76,82	301,0200 **	71,00	13,01	71,66
PL 6	1,6423 **	2,74	17,53	85,98	320,1385 **	70,27	11,86	78,32
PP					336,7585 **	72,98	11,40	79,45
NU					191,3862 **	57,69	9,67	83,75

Ensaio	AV				AC			
	QM	Média	CV (%)	H^2	QM	Média	CV (%)	H^2
PL 1	44,7938 **	12,04	25,07	79,67	0,7309 **	1,37	28,10	79,76
PL 2	4,4635 **	10,89	13,48	51,68	0,5896 **	1,38	30,52	69,71
PL 3	6,9785 ns	10,02	21,53	-	0,1246 **	1,16	19,09	60,75
PL 4	10,3215 *	11,10	21,16	46,57	0,0888 **	1,08	18,01	57,12
PL 5	6,8665 **	11,97	14,61	55,43	0,6178 **	1,32	30,21	74,41
PL 6	31,2850 *	11,88	36,02	41,51	0,0259 ns	1,05	12,00	-
PP	26,6985 *	14,02	25,93	50,51	0,6916 **	1,36	30,88	74,48
NU	10,7188 **	11,66	17,53	60,99	0,1954 ns	1,08	33,31	-

Ensaio	HV				ST			
	QM	Média	CV (%)	H^2	QM	Média	CV (%)	H^2
PL 1	6,0035 **	2,14	32,30	92,01	3,8815 **	6,90	19,22	54,64
PL 2	0,0509 *	1,05	15,83	45,37	7,5912 ns	11,43	28,11	-
PL 3	0,6280 **	1,32	20,36	88,54	12,6985 *	12,52	22,01	40,21
PL 4	0,0438 ns	1,09	22,64	-	18,9312 **	9,93	28,59	57,41
PL 5	0,4900 **	1,22	31,14	70,39	5,7352 **	6,99	15,65	79,09
PL 6	0,1444 **	1,11	23,31	53,68	3,8257 *	6,87	21,37	43,61
PP	0,5800 **	1,50	34,19	54,64				
NU	1,9004 **	1,45	41,20	81,17	13,1204 **	12,55	14,97	73,10

** e * significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo

Continua ...

Tabela 3. Cont., Quadrados médios genotípicos, médias, coeficientes de variação (CV) e coeficientes de determinação genotípico (H^2) referentes aos caracteres reação à mancha alvo (MA), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV), acamamento (AC), haste verde (HV), stand (ST), produtividade de grãos (PD), dias para floração (DF), dias para maturação (DM) e reação ao mildio (MD), avaliados em 8 ambientes no estado do Mato Grosso

Ensaio	PD				DF			
	QM	Média	CV (%)	H^2	QM	Média	CV (%)	H^2
PL 1	626185,8862 **	2342,94	18,00	71,58	22,0065 **	45,47	1,80	96,95
PL 2	1453169,9314 **	4829,32	14,28	67,29	11,2815 **	44,40	2,79	86,39
PL 3	2398534,4538 **	4339,04	12,05	88,60	11,1738 **	45,71	3,32	79,42
PL 4	1912528,9065 **	3444,28	20,00	75,15	10,3450 **	44,63	2,97	83,06
PL 5	511604,8523 **	4111,73	12,16	51,10	9,3696 **	43,01	3,36	77,75
PL 6	678444,1080 **	3601,78	13,42	65,56				
PP	290277,9196 **	1915,64	17,95	59,26	43,4215 **	43,10	3,28	95,40
NU	2512747,6415 **	3075,85	18,62	86,95	39,0538 **	45,46	6,01	80,85

Ensaio	DM				MD			
	QM	Média	CV (%)	H^2	QM	Média	CV (%)	H^2
PL 1	165,6138 **	119,71	1,44	98,20				
PL 2	104,4138 **	117,96	2,35	92,64	0,1462 ns	1,68	22,74	-
PL 3	67,2588 **	117,34	1,40	95,98	0,1396 ns	1,26	24,70	-
PL 4	20,8262 **	109,44	1,65	84,39	0,1288 ns	2,04	18,91	-
PL 5	148,2465 **	119,47	1,70	97,21	0,0542 **	1,11	5,73	92,55
PL 6	163,3415 **	118,90	2,30	95,44	0,0363 **	1,15	5,74	87,97
PP	114,5815 **	107,65	3,09	90,33	0,0537 **	1,07	14,01	58,12
NU	23,0388 **	118,41	0,54	98,25	1,7354 **	1,58	22,89	92,49

** e * significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo

Os caracteres dias para floração (DF) e dias para maturação (DM) evidenciaram diferenças significativas entre os genótipos ($P < 0,01$) em todos os ensaios, com coeficientes de variação de baixa magnitude, inferiores a 6% para dias para floração e 3% para dias para maturação. Dos caracteres estudados, DF e DM apresentaram as maiores estimativas dos coeficientes de determinação genotípica, superiores a 77%. Estimativas mais elevadas eram esperadas para esses caracteres pois são determinados por poucos genes (SAKIYAMA, 1989; VIEIRA, 2003).

Para os caracteres altura de planta na maturação (APM) e altura de inserção da primeira vagem (AV), observou-se efeitos significativos de genótipos em todos ambientes.

Apenas no ensaio conduzido em Primavera do Leste na segunda época de semeadura da safra 2008/09 (PL3) não houve diferença significativa para altura de inserção da primeira vagem. Em relação aos coeficientes de variação, observou-se que variaram de 9,67 a 14,01% para altura de planta na maturação e de 13,48 a 36,02% para a altura de inserção da primeira vagem, níveis considerados aceitáveis para esses caracteres.

A altura de planta é de relevada importância para produtividade de grãos e tende a apresentar menor influência ambiental, fato comprovado pelas estimativas dos coeficientes de determinação genotípico. As estimativas dos coeficientes foram elevadas, superiores a 71% e concordantes com resultados encontrados por outros autores (CAMPOS, 1979; MAURO *et al.*, 1995; YOKOMIZO; VELLO, 2000). Da mesma forma, a altura de inserção da primeira vagem apresentou estimativas concordantes com a literatura (AZEVEDO, 2000; VIEIRA, 2003), apesar de apresentar baixa magnitude, 41,51% , no ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL6).

Quanto ao acamamento (AC), houve diferenças significativas entre os genótipos, exceto nos ensaios conduzidos em Nova Ubitatã (NU) e na segunda época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL6). As médias apresentaram baixos valores e variaram pouco entre os ensaios. Esse comportamento é considerado desejável pois a resistência ao acamamento está relacionada a altura de planta e de inserção da primeira vagem, com efeitos significativos sobre a produtividade. Além disso, os coeficientes de variação apresentaram média magnitude, no entanto, dentro dos limites aceitáveis da experimentação (GOMES, 1985). Os coeficientes de determinação genotípico foram elevados, variando de 57,12 a 79,76%, semelhantes ao obtidos por Rossmann (2001).

Para os caracteres stand (ST) e haste verde (HV) observou-se efeitos significativos de genótipos na maioria dos ambientes. Apenas nos ensaios conduzidos em Primavera do Leste na terceira época de semeadura da safra 2008/09 (PL4) e na safra 2007/08 (PL1) não houve diferença significativa entre os genótipos para haste verde e stand, respectivamente.

Os baixos valores das médias de haste verde dos ensaios indicaram menor sensibilidade dos genótipos à retenção foliar. Segundo Mundstock e Thomas (2005) é necessário obter cultivares com menor tendência a retenção foliar (haste verde) para facilitar os procedimentos de colheita, armazenamento e comercialização de grãos.

Considerando a produtividade de grãos (PD), observou-se que em todos os ensaios houve diferença significativa ($P < 0,01$) entre os genótipos, com coeficientes de variação experimental inferiores a 20%. A produtividade média dos ensaios variaram de 1915 a 4829

kg.ha⁻¹. Dos oito ensaios, apenas os ensaios conduzidos em Pedra Preta na safra 2009/10 (PP) e Primavera do Leste na safra 2007/08 (PL1) apresentaram produtividades médias inferiores à média do estado do Mato Grosso, principalmente devido à ocorrência de condições climáticas desfavoráveis. Os demais ensaios apresentaram médias superiores a média nacional e do estado (CONAB, 2010), indicando o elevado potencial genético produtivo dos genótipos avaliados.

As estimativas dos coeficientes de determinação genotípico da produtividade de grãos foram elevadas nos oito ensaios, superiores a 51,10%, mesmo sendo um caráter muito influenciado pelas condições ambientais. Resultados semelhantes foram obtidos por Shimoya (1987) e Vieira (2003) em condições de campo. Porém, diferentes magnitudes foram relatadas por diversos autores, com coeficientes menores que 40% (CAMPOS, 1979; JOHNSON; BERNARD, 1963; KWON; TORRIE, 1964; MAURO *et al.*, 2000; SHIMOYA, 1987) até maiores que 95% (ROSSMANN, 2001; TAWARE *et al.*, 1995).

De fato, o coeficiente de determinação genotípico não é apenas propriedade do caráter, mas também dos genótipos avaliados e das condições ambientais a que foram submetidos. Por isso suas estimativas não são fixas, podendo ser maiores ou menores conforme a variabilidade dos genótipos ou precisão de condução dos ensaios (RAMALHO *et al.*, 2003).

4.1.2 Teste comparativo entre médias

Nas tabelas 4 a 13 são apresentadas as médias dos genótipos para os caracteres avaliados nos oito ensaios (ambientes). Foi efetuado o teste de Tukey a 5% de probabilidade, no entanto apenas a diferença mínima significativa (DMS) é apresentada.

Na tabela 4 estão apresentadas as médias de produtividade de grãos (PD) em kg.ha⁻¹ dos 26 genótipos. Em todos os ensaios houve diferenças significativas entre os genótipos, com médias variando de 1182,95 a 6157 kg.ha⁻¹.

Os ensaios conduzidos em Pedra Preta na safra 2009/10 (PP) e Primavera do Leste na safra 2007/08 (PL1) apresentaram as menores produtividades médias, 1915,6 9 kg.ha⁻¹ e 2342,9 kg.ha⁻¹, respectivamente. Essas médias foram consideradas baixas se comparadas à produtividade média do estado do Mato Grosso (CONAB, 2010). No ensaio de Primavera do Leste tal fato pode ser explicado, em parte, pela falta de chuvas na fase de enchimento de grãos, que causou o abortamento de vagens e a redução do número e peso de grãos. Por outro lado, a causa da baixa média do ensaio de Pedra Preta foi a alta incidência de ferrugem

asiática (*Phakopsora pachyrhizi* Sydow) durante a fase de florescimento.

Tabela 4. Médias do caráter produtividade de grãos (PD) em kg.ha⁻¹ avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em oito ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	PL 1	PL 2	PL 3	PL 4	PL 5	PL 6	PP	NU
20 BCR1455 178	1260,0	5817,0	5891,7	4949,0	4253,2	4044,2	1970,7	4815,2
23 DM 309	1950,2	6157,8	5706,0	3928,0	4048,9	4193,5	1443,5	3921,0
26 UFV 18 PM	1657,7	5497,1	4787,2	3622,2	4489,6	4041,4	1877,1	4512,0
22 P98C81	2171,7	5172,7	5401,7	3797,0	4184,0	4541,2	1579,7	3466,0
7 BCR1459 189	1984,0	4778,0	5018,7	3688,5	4409,4	3989,4	1746,3	3794,5
11 BCR1070G 251	2748,2	5168,0	4796,5	3762,0	4282,7	3680,4	1895,3	3049,0
12 Valiosa RR	2610,2	5040,8	4178,0	3299,5	4732,9	3717,3	2500,6	3056,2
15 MSOY 8008RR	2709,7	4477,1	5327,7	4275,0	4601,2	3597,7	2029,8	2035,2
25 BCR1346 142	1915,7	5104,0	4331,2	3592,0	4115,0	4263,5	2003,2	3672,7
3 BCR892G 132	2645,7	4627,3	4118,7	4397,7	4096,0	3559,6	2095,4	3335,5
13 BCR892G 140	2248,5	4624,0	4735,0	4106,2	4092,9	3608,4	1915,1	3503,7
4 CD 219 RR	2966,7	4970,3	4035,0	2579,7	4876,1	3595,4	2449,5	3061,0
6 BCR1070G 244	2909,5	4425,4	4589,5	3181,2	4549,1	3604,0	2110,3	2697,2
5 BCR945G 114	2420,7	4995,1	4932,7	3898,2	3894,8	3506,6	1773,0	2523,0
8 BCR651G 75	1984,2	4671,4	4107,2	3585,5	4115,5	3530,1	1610,4	3977,0
9 BCR1070G 229	2712,2	4350,7	4329,2	3117,7	4068,4	3389,1	1990,2	2648,2
18 BCR1070G 228	2491,2	4696,3	4080,5	2945,0	3700,7	3574,1	1874,7	2868,0
2 BCR1070G 231	2694,7	4488,2	3981,0	2886,2	4311,4	3816,5	1925,7	1913,5
1 BCR651G 68	2199,0	4958,3	3349,2	3353,7	3736,2	3166,9	1182,9	3921,0
10 BCR945G 110	2324,7	5193,1	4486,7	3164,0	3871,3	3348,4	1892,5	1532,0
16 BCR553G 306	2395,5	5147,6	3342,0	2673,7	3787,6	3427,5	2011,6	2502,0
14 BCR1070G 246	2619,7	4457,4	4101,5	1668,2	3739,5	3525,5	2118,0	3028,0
19 BCR1067G 189	2421,0	3404,4	3054,2	4133,7	4110,0	2979,7	2020,6	2783,2
24 BCR1057G 162	2111,2	5267,0	3139,5	3282,2	3795,0	2909,7	1988,6	2393,2
21 BCR1067G 210	2469,7	4694,0	3193,2	3194,7	3458,6	2837,6	1872,8	2388,2
17 BCR1057G 157	2294,0	3378,1	3800,5	2469,7	3583,6	3197,6	1928,2	2575,0
Média	2342,9	4829,3	4339,0	3444,2	4111,7	3601,7	1915,6	3075,8
DMS - Tukey (5%)	1139,2	1862,2	1412,3	1860,8	1350,9	1305,6	928,8	1546,7

Tabela 5. Médias das notas do caráter reação à mancha alvo (MA) avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em seis ambientes no estado do Mato Grosso¹

Genótipos	PL 1	PL 2	PL 3	PL 4	PL 5	PL 6
20 BCR1455 178	1,63	1,50	1,00	1,00	2,83	1,58
22 P98C81	1,50	1,88	1,38	1,13	2,63	1,48
23 DM 309	1,38	1,75	1,38	1,13	2,83	1,68
26 UFV 18 PM	1,88	1,88	1,38	1,00	2,75	2,33
25 BCR1346 142	2,38	1,75	1,50	1,38	2,95	1,90
12 Valiosa RR	1,63	2,50	1,38	1,25	3,45	1,88
10 BCR945G 110	1,88	2,00	1,50	1,25	2,95	2,53
15 MSOY 8008RR	2,13	1,63	1,38	1,25	3,20	2,53
5 BCR945G 114	1,88	1,50	1,50	1,50	3,40	2,83
7 BCR1459 189	1,75	2,00	1,63	1,50	3,58	2,48
6 BCR1070G 244	1,88	1,50	1,50	1,50	4,20	2,53
11 BCR1070G 251	2,25	1,88	1,75	1,50	3,58	2,50
9 BCR1070G 229	2,25	1,63	1,88	1,50	3,85	2,78
8 BCR651G 75	2,88	1,63	1,63	1,38	3,70	3,15
4 CD 219 RR	2,63	1,88	1,50	1,50	3,83	3,15
3 BCR892G 132	2,63	1,88	1,50	1,63	3,58	3,58
1 BCR651G 68	3,50	1,88	1,63	1,50	3,50	2,83
19 BCR1067G 189	3,38	1,88	2,00	1,13	3,45	3,08
13 BCR892G 140	2,63	2,13	2,00	1,68	3,95	2,78
14 BCR1070G 246	2,75	1,50	1,68	1,50	4,25	3,58
2 BCR1070G 231	3,38	1,63	2,00	1,38	3,95	3,00
18 BCR1070G 228	2,88	1,75	2,25	1,50	4,08	3,30
17 BCR1057G 157	3,50	2,00	1,88	1,63	3,63	3,25
21 BCR1067G 210	3,63	1,88	2,25	1,63	3,25	3,58
16 BCR553G 306	3,38	1,63	2,13	1,75	4,00	3,45
24 BCR1057G 162	4,13	2,00	2,13	1,63	3,95	3,50
Média	2,52	1,81	1,68	1,41	3,51	2,74
DMS - Tukey (5%)	2,42	1,05	0,91	0,57	1,23	1,30

¹Nota 1,0 – 0% da área foliar infectada; Nota 5,0 – acima de 51% da área foliar infectada.

Tabela 6. Médias do caráter altura de planta na maturação (APM), em cm, avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em oito ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	PL 1	PL 2	PL 3	PL 4	PL 5	PL 6	PP	NU
20 BCR1455 178	90,00	93,50	76,75	98,75	84,75	86,00	91,25	64,75
23 DM 309	93,50	90,00	72,00	88,50	83,25	87,50	79,00	67,50
11 BCR1070G 251	78,75	82,00	78,00	87,00	82,50	81,75	81,75	59,50
9 BCR1070G 229	80,25	85,25	79,75	81,25	78,00	79,50	79,25	66,75
25 BCR1346 142	89,75	82,75	75,00	81,50	77,50	76,25	79,25	59,75
14 BCR1070G 246	83,25	83,25	75,00	75,25	83,75	76,00	81,25	66,00
4 CD 219 RR	77,00	85,25	75,50	74,50	78,75	76,75	75,50	57,50
22 P98C81	84,50	78,50	65,50	88,75	71,00	72,75	88,00	72,75
26 UFV 18 PM	83,25	83,00	58,50	73,25	83,25	79,50	85,25	69,25
18 BCR1070G 228	75,25	80,75	76,50	75,50	76,25	72,50	75,00	60,25
10 BCR945G 110	77,75	82,50	68,50	74,75	68,50	75,50	78,25	58,25
5 BCR945G 114	82,75	81,00	72,75	78,00	63,75	69,00	67,25	53,75
13 BCR892G 140	84,50	78,50	72,00	89,25	62,25	58,75	69,75	54,00
12 Valiosa RR	73,50	78,25	61,75	74,75	72,50	75,75	70,00	61,00
7 BCR1459 189	78,25	73,75	67,25	77,50	73,00	65,25	67,50	54,00
2 BCR1070G 231	70,50	69,75	61,00	76,00	69,00	68,50	71,50	50,75
3 BCR892G 132	68,50	76,50	61,75	75,75	64,75	66,25	68,50	57,75
6 BCR1070G 244	67,50	65,75	66,00	73,25	74,00	66,00	74,25	52,00
8 BCR651G 75	80,75	71,50	69,00	62,50	65,00	63,00	66,00	54,25
1 BCR651G 68	80,00	76,75	55,00	69,25	61,75	63,25	70,25	56,75
15 MSOY 8008RR	64,50	66,50	66,25	82,25	68,50	56,00	73,75	56,50
19 BCR1067G 189	63,50	66,75	53,75	94,25	60,25	61,75	51,75	45,75
16 BCR553G 306	62,75	69,50	61,75	58,75	64,75	71,25	72,25	52,00
17 BCR1057G 157	69,75	65,00	57,25	56,75	65,75	61,25	59,25	51,50
21 BCR1067G 210	65,25	68,75	58,00	59,75	55,75	63,00	61,50	50,75
24 BCR1057G 162	60,25	67,25	53,00	65,50	57,50	54,00	60,25	47,00
Média	76,37	77,01	66,83	76,63	71,00	70,27	72,98	57,69
DMS - Tukey (5%)	21,02	20,78	22,90	29,01	24,95	22,50	22,47	15,06

Tabela 7. Médias do caráter altura de inserção da primeira vagem (AV), em cm, avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em oito ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	PL 1	PL 2	PL 3	PL 4	PL 5	PL 6	PP	NU
25 BCR1346 142	19,25	12,25	12,00	14,25	13,25	18,25	20,75	14,00
12 Valiosa RR	17,25	11,75	11,00	12,50	13,00	16,50	15,75	14,75
4 CD 219 RR	17,75	12,00	10,00	10,75	16,00	14,75	14,25	14,00
9 BCR1070G 229	16,50	12,25	9,50	14,25	12,00	11,00	18,25	12,75
23 DM 309	9,75	10,75	11,50	13,00	12,50	17,75	14,75	14,00
26 UFV 18 PM	12,00	11,75	10,50	11,75	12,25	12,00	15,50	14,25
11 BCR1070G 251	16,50	10,75	11,75	12,25	12,25	10,25	15,25	10,75
20 BCR1455 178	7,00	9,00	9,00	14,00	12,75	16,25	18,00	11,75
15 MSOY 8008RR	14,25	11,25	12,00	10,25	13,00	8,75	14,25	11,75
16 BCR553G 306	11,00	9,25	11,25	11,00	11,75	13,25	14,75	12,25
3 BCR892G 132	12,75	11,75	10,00	10,25	12,00	11,25	10,50	13,50
6 BCR1070G 244	11,00	10,75	12,50	10,00	12,00	9,50	15,00	10,25
17 BCR1057G 157	12,25	10,75	8,75	10,00	12,50	12,25	12,00	12,00
10 BCR945G 110	6,75	12,50	10,50	11,00	13,00	9,50	15,00	11,50
22 P98C81	14,25	12,25	8,25	10,50	11,25	11,00	11,75	10,50
14 BCR1070G 246	11,00	9,25	8,75	12,25	10,00	9,50	15,00	12,50
2 BCR1070G 231	10,75	11,00	9,00	9,25	10,00	13,25	15,00	9,50
8 BCR651G 75	8,25	12,00	10,00	11,25	12,50	11,25	11,00	11,00
1 BCR651G 68	10,25	9,75	8,50	10,25	12,25	10,00	15,00	10,50
24 BCR1057G 162	12,00	10,25	8,00	11,25	12,25	11,25	10,25	11,00
21 BCR1067G 210	12,25	10,25	10,75	7,50	11,25	12,50	10,25	11,25
18 BCR1070G 228	12,50	10,50	9,25	10,25	9,25	11,50	13,25	9,50
13 BCR892G 140	8,75	11,25	10,00	10,25	11,00	8,75	12,75	10,00
19 BCR1067G 189	11,75	10,75	9,75	9,25	11,50	7,75	11,00	10,25
5 BCR945G 114	9,75	9,25	7,75	10,00	10,50	10,75	13,25	10,75
7 BCR1459 189	7,50	10,00	10,25	11,25	11,25	10,00	12,00	9,00
Média	12,04	10,89	10,02	11,10	11,97	11,88	14,02	11,66
DMS - Tukey (5%)	8,15	3,97	5,83	6,34	4,73	11,55	9,82	5,52

Tabela 8. Médias do caráter acamamento (AC) avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em oito ambientes no estado do Mato Grosso¹

Genótipos	PL 1	PL 2	PL 3	PL 4	PL 5	PL 6	PP	NU
17 BCR1057G 157	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
19 BCR1067G 189	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
21 BCR1067G 210	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
16 BCR553G 306	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
24 BCR1057G 162	1,00	1,00	1,00	1,13	1,00	1,05	1,00	1,00
12 Valiosa RR	1,00	1,13	1,00	1,00	1,00	1,08	1,00	1,00
10 BCR945G 110	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,08	1,25	1,00
8 BCR651G 75	1,00	1,00	1,00	1,00	1,05	1,05	1,25	1,00
5 BCR945G 114	1,00	1,25	1,00	1,13	1,00	1,00	1,00	1,00
1 BCR651G 68	1,13	1,00	1,00	1,00	1,00	1,03	1,25	1,00
13 BCR892G 140	1,25	1,25	1,18	1,00	1,25	1,00	1,00	1,00
6 BCR1070G 244	1,25	1,38	1,25	1,00	1,45	1,00	1,00	1,00
15 MSOY 8008RR	1,13	1,38	1,13	1,25	1,25	1,00	1,25	1,00
3 BCR892G 132	1,25	1,50	1,00	1,13	1,00	1,13	1,50	1,00
7 BCR1459 189	1,75	1,13	1,25	1,00	1,13	1,08	1,25	1,00
4 CD 219 RR	1,25	1,13	1,13	1,00	1,25	1,33	1,50	1,00
2 BCR1070G 231	2,13	1,38	1,50	1,00	1,13	1,00	1,25	1,00
18 BCR1070G 228	1,25	1,88	1,38	1,25	1,25	1,00	1,50	1,00
25 BCR1346 142	1,63	1,88	1,25	1,00	1,58	1,00	1,25	1,00
22 P98C81	1,50	1,75	1,38	1,13	1,75	1,00	1,25	1,00
9 BCR1070G 229	1,38	1,50	1,38	1,25	1,75	1,25	1,50	1,00
11 BCR1070G 251	1,50	1,50	1,38	1,13	1,50	1,08	2,00	1,25
26 UFV 18 PM	1,63	1,75	1,00	1,00	1,78	1,00	2,25	1,25
23 DM 309	2,50	2,00	1,13	1,00	2,45	1,00	1,63	1,00
20 BCR1455 178	2,25	2,13	1,33	1,13	1,55	1,00	2,00	2,00
14 BCR1070G 246	1,83	2,13	1,50	1,68	2,13	1,08	2,50	1,50
Média	1,37	1,38	1,16	1,08	1,32	1,05	1,36	1,08
DMS - Tukey (5%)	1,04	1,14	0,60	0,53	1,07	0,34	1,13	0,97

¹Nota 1,0 – todas as plantas eretas; Nota 5,0 – todas as plantas da área útil acamadas.

Tabela 9. Médias do caráter haste verde (HV) avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em oito ambientes no estado do Mato Grosso¹

Genótipos	PL 1	PL 2	PL 3	PL 4	PL 5	PL 6	PP	NU
11 BCR1070G 251	1,13	1,00	1,00	1,00	1,00	1,05	1,00	1,00
4 CD 219 RR	1,13	1,00	1,00	1,13	1,05	1,20	1,25	1,00
3 BCR892G 132	1,13	1,00	1,38	1,00	1,05	1,00	1,25	1,00
9 BCR1070G 229	1,00	1,00	1,25	1,13	1,00	1,00	1,25	1,25
21 BCR1067G 210	1,00	1,13	1,63	1,00	1,00	1,00	1,50	1,00
12 Valiosa RR	1,25	1,00	1,63	1,00	1,00	1,18	1,25	1,00
19 BCR1067G 189	1,00	1,00	2,00	1,00	1,00	1,05	1,50	1,00
14 BCR1070G 246	2,00	1,13	1,18	1,00	1,00	1,05	1,00	1,25
24 BCR1057G 162	1,00	1,00	1,88	1,00	1,00	1,05	2,00	1,00
26 UFV 18 PM	1,50	1,00	1,00	1,13	1,13	1,00	1,25	2,00
16 BCR553G 306	1,00	1,00	2,13	1,25	1,00	1,00	1,75	1,00
17 BCR1057G 157	1,00	1,00	2,00	1,25	1,00	1,15	1,75	1,00
25 BCR1346 142	2,00	1,00	1,00	1,00	1,10	1,00	1,75	1,50
23 DM 309	2,75	1,00	1,00	1,13	1,10	1,00	1,00	1,50
20 BCR1455 178	1,88	1,13	1,00	1,13	1,50	1,00	1,25	1,75
22 P98C81	1,88	1,13	1,00	1,25	1,68	1,05	1,75	1,00
18 BCR1070G 228	2,13	1,13	1,25	1,00	1,10	1,20	1,75	1,25
10 BCR945G 110	3,88	1,00	1,00	1,00	1,05	1,33	1,00	1,00
15 MSOY 8008RR	2,25	1,50	1,75	1,13	1,00	1,75	1,00	1,25
6 BCR1070G 244	2,38	1,25	1,88	1,00	1,13	1,05	2,00	1,00
2 BCR1070G 231	2,50	1,00	1,00	1,13	1,33	1,63	2,00	1,25
7 BCR1459 189	2,75	1,00	1,00	1,13	1,45	1,00	1,50	2,00
13 BCR892G 140	3,00	1,00	1,33	1,00	1,38	1,00	2,00	2,50
5 BCR945G 114	4,75	1,00	1,00	1,13	1,45	1,00	1,75	1,50
1 BCR651G 68	4,50	1,00	1,00	1,38	1,83	1,08	1,25	3,25
8 BCR651G 75	5,00	1,00	1,00	1,00	2,50	1,05	2,25	3,50
Média	2,14	1,05	1,32	1,09	1,22	1,11	1,50	1,45
DMS - Tukey (5%)	1,87	0,45	0,72	0,66	1,03	0,70	1,39	1,62

¹Nota 1,0 – 0 a 10% de plantas com sintomas de retenção foliar; Nota 5,0 – acima de 60 % de plantas com sintomas de retenção foliar.

Tabela 10. Médias do caráter stand (ST), em plantas.m¹, avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em sete ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	PL 1	PL 2	PL 3	PL 4	PL 5	PL 6	NU
16 BCR553G 306	7,25	12,75	13,25	12,75	9,65	8,13	15,50
17 BCR1057G 157	10,00	12,50	12,75	11,50	7,75	9,75	14,75
15 MSOY 8008RR	6,50	10,50	15,25	11,25	9,70	6,88	16,00
13 BCR892G 140	7,25	11,00	15,75	14,25	6,15	6,50	13,25
18 BCR1070G 228	5,75	13,50	13,75	11,00	8,32	7,00	13,25
10 BCR945G 110	7,00	13,25	12,75	10,75	7,10	7,00	14,00
21 BCR1067G 210	6,75	9,25	13,25	10,25	9,47	7,50	14,75
9 BCR1070G 229	6,25	13,25	14,25	10,50	7,97	7,00	11,50
7 BCR1459 189	7,50	12,00	14,00	11,75	6,02	6,50	12,25
24 BCR1057G 162	7,00	12,00	12,50	12,00	6,35	7,63	12,00
22 P98C81	7,75	9,25	13,00	11,25	7,32	7,50	13,00
19 BCR1067G 189	6,00	11,25	12,25	11,25	6,60	7,20	14,25
5 BCR945G 114	7,75	10,50	15,25	10,75	6,32	6,08	11,00
11 BCR1070G 251	6,75	13,25	12,50	8,75	6,50	6,50	12,75
3 BCR892G 132	5,75	10,25	10,75	11,25	7,15	8,95	12,00
23 DM 309	8,50	10,25	12,00	9,75	6,77	6,20	12,50
6 BCR1070G 244	7,25	9,50	14,50	10,25	6,70	6,25	10,25
26 UFV 18 PM	5,25	11,75	11,50	5,75	7,20	7,33	15,75
12 Valiosa RR	6,50	11,75	11,50	9,75	6,02	6,50	12,00
20 BCR1455 178	6,50	11,75	9,75	10,25	6,77	6,20	12,00
14 BCR1070G 246	7,00	13,75	11,00	6,00	6,95	6,38	10,75
25 BCR1346 142	7,50	12,00	11,50	7,75	6,12	5,63	11,25
4 CD 219 RR	7,25	11,25	13,50	6,00	5,77	5,88	10,75
8 BCR651G 75	6,50	11,25	9,75	9,25	5,70	6,75	10,25
2 BCR1070G 231	6,50	9,75	9,75	7,75	5,45	5,50	9,50
1 BCR651G 68	5,50	9,75	9,50	6,50	5,77	5,95	11,00
Média	6,90	11,43	12,52	9,93	6,98	6,87	12,55
DMS - Tukey (5%)	3,58	8,68	7,44	7,67	2,95	3,96	5,07

Tabela 11. Médias do caráter dias para floração (DF) avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em sete ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	PL 1	PL 2	PL 3	PL 4	PL 5	PP	NU
15 MSOY 8008RR	41,25	40,25	42,25	44,75	39,25	38,00	32,50
6 BCR1070G 244	43,00	41,75	41,50	40,75	41,75	39,75	44,50
2 BCR1070G 231	44,75	43,75	43,75	42,25	41,50	40,00	45,00
16 BCR553G 306	43,50	42,50	45,50	44,00	42,00	42,25	43,50
3 BCR892G 132	44,00	43,00	45,75	42,50	40,25	40,25	48,75
13 BCR892G 140	44,75	43,50	43,50	43,75	42,50	41,25	47,25
8 BCR651G 75	43,25	43,25	45,25	43,75	43,25	43,25	45,00
7 BCR1459 189	45,50	44,75	45,50	43,00	41,75	41,00	45,50
17 BCR1057G 157	43,25	44,50	46,25	43,25	43,00	42,50	44,50
5 BCR945G 114	43,25	45,00	45,50	44,50	41,75	40,75	47,00
9 BCR1070G 229	45,00	44,25	44,50	44,50	42,50	42,00	46,25
19 BCR1067G 189	43,50	43,50	45,75	46,75	43,25	41,50	45,00
10 BCR945G 110	44,50	45,50	46,00	45,25	42,25	42,50	43,50
24 BCR1057G 162	44,75	44,25	46,25	44,00	42,75	43,00	45,50
12 Valiosa RR	45,75	44,75	45,50	44,25	43,50	40,00	47,00
14 BCR1070G 246	46,50	44,50	46,75	44,75	43,00	43,00	43,00
21 BCR1067G 210	44,25	44,50	46,25	45,25	42,75	43,50	45,50
18 BCR1070G 228	46,50	43,50	46,00	44,50	44,50	42,25	47,75
26 UFV 18 PM	47,25	44,00	45,00	46,25	43,00	43,75	45,75
1 BCR651G 68	46,00	43,75	45,75	44,25	44,25	43,50	47,75
11 BCR1070G 251	46,50	46,00	47,00	45,75	44,50	43,50	45,50
4 CD 219 RR	45,75	46,00	46,75	44,50	44,50	43,75	48,50
22 P98C81	49,75	45,75	47,00	46,00	44,75	48,00	49,50
23 DM 309	50,00	47,00	48,25	47,75	44,50	50,50	45,00
25 BCR1346 142	50,25	46,75	48,00	47,25	45,50	49,50	47,50
20 BCR1455 178	49,50	48,25	49,00	46,75	45,75	51,25	45,50
Média	45,47	44,40	45,71	44,63	43,01	43,10	45,46
DMS - Tukey (5%)	2,21	3,35	4,10	3,58	3,90	3,82	7,39

Tabela 12. Médias do caráter dias para maturação (DM) avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em sete ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	PL 1	PL 2	PL 3	PL 4	PL 5	PL 6	PP	NU
15 MSOY 8008RR	111,25	110,50	112,75	112,25	112,75	110,25	101,00	114,00
16 BCR553G 306	112,75	111,50	113,50	108,00	113,25	113,25	102,50	117,00
19 BCR1067G 189	113,00	111,25	113,50	109,25	114,00	111,00	104,00	116,25
21 BCR1067G 210	113,00	112,50	113,50	108,00	113,75	111,75	102,50	118,00
17 BCR1057G 157	113,25	111,50	112,75	108,00	114,25	112,50	104,00	117,00
24 BCR1057G 162	114,75	115,00	113,50	107,00	114,00	112,75	104,00	118,00
6 BCR1070G 244	114,25	110,50	113,25	106,75	113,75	119,00	102,50	119,00
12 Valiosa RR	115,75	115,50	114,25	107,00	114,50	111,75	105,50	117,00
9 BCR1070G 229	114,50	113,25	115,50	107,25	115,00	114,00	104,00	119,00
18 BCR1070G 228	115,75	117,75	114,75	107,00	115,00	114,00	102,50	117,00
2 BCR1070G 231	118,25	118,75	118,50	108,00	115,25	114,00	101,00	114,00
11 BCR1070G 251	113,75	116,00	115,50	108,75	116,25	115,50	107,00	117,00
4 CD 219 RR	117,00	115,75	115,50	111,00	115,00	116,00	105,50	117,00
14 BCR1070G 246	115,50	116,25	117,00	108,00	116,75	115,50	107,25	119,00
10 BCR945G 110	123,25	115,75	115,50	107,50	118,50	119,00	107,00	117,00
3 BCR892G 132	118,75	120,25	116,50	108,00	121,00	124,50	107,00	116,25
25 BCR1346 142	122,25	123,00	118,00	111,25	122,50	121,00	107,00	119,50
5 BCR945G 114	126,75	122,50	120,50	107,25	120,75	127,25	109,00	119,00
7 BCR1459 189	131,00	122,50	119,00	111,25	124,50	122,00	109,00	121,00
20 BCR1455 178	123,75	125,25	118,25	110,00	127,50	122,50	115,00	119,00
26 UFV 18 PM	124,50	122,00	120,25	113,00	123,50	124,75	115,00	119,50
22 P98C81	124,75	123,00	121,00	111,00	127,00	126,75	116,25	119,00
13 BCR892G 140	125,00	122,50	120,25	111,00	129,50	127,75	112,25	121,00
8 BCR651G 75	129,50	124,75	127,00	111,00	129,00	129,25	114,25	122,50
23 DM 309	128,50	123,50	124,00	114,00	130,00	127,00	121,00	121,00
1 BCR651G 68	131,75	126,00	126,75	114,00	129,00	128,50	113,00	124,75
Média	119,71	117,96	117,34	109,44	119,47	118,90	107,65	118,41
DMS - Tukey (5%)	4,66	7,49	4,44	4,87	5,49	7,37	8,99	1,72

Tabela 13. Médias do caráter reação ao míldio (MD) avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em sete ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	PL 2	PL 3	PL 4	PL 5	PL 6	PP	NU
16 BCR553G 306	1,63	1,00	1,75	1,00	1,00	1,00	1,00
24 BCR1057G 162	1,38	1,13	2,13	1,08	1,03	1,00	1,00
11 BCR1070G 251	1,38	1,25	2,13	1,00	1,15	1,00	1,00
25 BCR1346 142	1,75	1,13	2,00	1,03	1,18	1,00	1,00
23 DM 309	1,63	1,00	1,75	1,13	1,35	1,25	1,00
8 BCR651G 75	1,63	1,25	2,13	1,03	1,13	1,00	1,00
20 BCR1455 178	1,50	1,38	2,00	1,08	1,20	1,13	1,00
13 BCR892G 140	1,50	1,50	2,00	1,15	1,15	1,00	1,00
3 BCR892G 132	1,88	1,25	1,75	1,20	1,15	1,13	1,00
1 BCR651G 68	1,88	1,38	2,00	1,00	1,13	1,00	1,00
15 MSOY 8008RR	1,38	1,25	2,00	1,30	1,30	1,30	1,00
7 BCR1459 189	1,88	1,13	2,38	1,13	1,18	1,00	1,00
22 P98C81	1,75	1,38	1,88	1,15	1,30	1,25	1,00
19 BCR1067G 189	1,50	1,00	2,00	1,00	1,03	1,00	2,25
21 BCR1067G 210	1,63	1,00	2,00	1,08	1,00	1,00	2,25
17 BCR1057G 157	1,63	1,13	2,00	1,05	1,00	1,00	2,25
12 Valiosa RR	1,63	1,38	2,25	1,13	1,13	1,00	1,75
4 CD 219 RR	1,50	1,00	2,25	1,00	1,03	1,00	2,50
5 BCR945G 114	2,00	1,63	1,88	1,43	1,20	1,38	1,00
6 BCR1070G 244	1,75	1,25	1,88	1,03	1,15	1,00	2,50
2 BCR1070G 231	1,63	1,50	2,13	1,05	1,25	1,05	2,00
9 BCR1070G 229	1,75	1,13	2,25	1,08	1,20	1,13	2,25
26 UFV 18 PM	2,00	1,50	1,88	1,25	1,18	1,00	2,00
18 BCR1070G 228	1,75	1,38	2,25	1,10	1,15	1,00	2,25
14 BCR1070G 246	1,88	1,38	2,38	1,03	1,18	1,00	2,25
10 BCR945G 110	2,00	1,50	2,00	1,38	1,23	1,25	2,75
Média	1,68	1,26	2,04	1,11	1,15	1,07	1,58
DMS - Tukey (5%)	1,03	0,84	1,04	0,17	0,18	0,41	0,97

¹Nota 1,0 – 0% da área foliar infectada; Nota 5,0 – acima de 51% da área foliar infectada.

Os ensaios conduzidos em Primavera do Leste nas primeiras épocas de semeadura nas safras 2008/09 e 2009/10 apresentaram as maiores produtividades, 4829,3 kg.ha⁻¹ e 4111,7 kg.ha⁻¹ respectivamente. Nesta época maiores médias eram esperadas pois resultados experimentais e dados de lavouras, obtidos nas regiões sul, sudeste e centro-oeste do Brasil, têm mostrado maiores rendimentos de grãos, nas semeaduras de segunda quinzena de outubro e do mês de novembro (EMBRAPA, 2010). Nessa época há maior disponibilidade hídrica durante os períodos vegetativos e reprodutivos, as plantas apresentam maior porte e tendem a produzir mais.

Entre os genótipos avaliados, determinadas linhagens apresentaram produtividade semelhante ou superiores às melhores cultivares testemunhas. BCR1455 178 foi a mais produtiva entre as linhagens, nos ensaios conduzidos na segunda e terceira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL3 e PL4). Em Nova Ubiratã na safra 2009/10 (NU) apresentou-se também como o genótipo mais produtivo. Outras, como BCR1459 189 e BCR 1455 178 mostraram-se tão produtivos quanto as cultivares padrões.

Considerando a reação à mancha alvo (MA), observou-se diferentes reações dos genótipos no oito ensaios (Tabela 5) com notas médias variando de 1,00 a 4,25. No ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL5) as médias foram elevadas devido a maior incidência do patógeno.

De modo geral, os genótipos apresentaram-se resistentes a moderadamente resistentes. Os genótipos BCR 1455 178, P98C81, DM 309 e UFV 18PM foram os mais resistentes na maior parte dos ambientes.

Na Tabela 6 são apresentadas as médias do caráter altura de planta na maturação (APM). As médias variaram de 45,75 a 98,75 cm, intervalo considerado aceitável para cultivares de soja pois a altura pode variar em razão do genótipo, da época de semeadura, do espaçamento entre e dentro de fileiras, do suprimento de umidade, da fertilidade do solo e das demais condições do meio (CARTER; HARTWIG, 1962).

A altura ideal de planta varia de 50 a 80 cm, nesse intervalo são reduzias as perdas na colheita ou por acamamento. Plantas altas, com mais de 90 cm, geralmente não apresentam boa resistência ao acamamento.

Os genótipos BCR 1455 178 e DM 309 foram os mais altos em todos ensaios, exceto no ensaio conduzido em Nova Ubiratã (NU). Nesse ensaio os genótipos apresentaram as menores alturas.

As médias dos caracteres altura de inserção da primeira vagem (AV) e acamamento (AC) encontram-se nas Tabelas 7 e 8. As médias da altura de inserção da primeira vagem estão dentro do intervalo satisfatório de altura, 10 a 20cm, que evita maiores perdas na colheita.

Todos os genótipos apresentaram notas médias de acamamento menores que 2,50. O ideal são médias menores que 2,0, no entanto é possível obter altas produtividades de grãos com graus de acamamento até 2,5 sem perdas consideráveis (BONETTI, 1983; SEDIYAMA, 2009b).

Para o caráter haste verde (HV) houve diferenças significativas entre os genótipos, exceto no ensaio conduzido na terceira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL4). De modo geral, os genótipos apresentaram-se tolerantes a haste verde, com destaque para o genótipo BCR1070G 251 que apresentou maior tolerância (Tabela 9). Por outro lado, genótipo BCR651G 75 apresentou-se mais sensível. Em geral, linhagens em fase final de seleção que apresentam haste verde são eliminadas. Todavia, nem sempre as condições ambientais permitem a expressão da tolerância ou sensibilidade pois varias são as causas da haste verde. Entre as principais estão distúrbios fisiológicos causados por percevejos, estresse hídrico (falta ou excesso) ou desequilíbrio nutricional.

Na Tabela 10 são apresentadas as médias do stand (ST). No ensaio conduzido em Pedra Preta na safra 2009/10 (PP) esse caráter não foi avaliado. Nos outros ensaios houve diferenças significativas entre os genótipos, exceto no ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2008/09. As médias variaram de 5,25 a 16 plantas.m⁻¹. No entanto, essas diferenças de magnitude não ocasionaram diferenças significativas na produção de grão (PD).

Considerando as médias dos caracteres número de dias para floração (DF) e maturação (DM) apresentadas nas Tabelas 11 e 12, verificou-se diferenças significativas em todos os ensaios. Apenas no ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL6) não foi avaliado o caráter dias para floração.

De acordo com o número de dias para maturação, os genótipos avaliados foram classificados, considerando o ciclo no estado do Mato Grosso, em precoces, médios e semi-tardios. Os genótipos MSOY 8008 RR, BCR553G 306, BCR1067G 189, BCR1067G 210, BCR1057G 162, BCR1070G 244, Valiosa RR, BCR1070G 229, BCR1070G 228, BCR1070G 231, BCR1070G 251, CD 219 RR e BCR1070G 246 foram classificados como precoces por apresentar ciclo de 100 a 115 dias. No ciclo médio foram classificadas os genótipos

BCR945G 110, BCR892G 132, BCR1346 142, BCR945G 114, BCR1459 189, BCR1455 178 e UFV 18 PM, com ciclo de 116 a 120 dias. Por fim, apresentaram ciclo semi-tardio os genótipos P98C81, BCR892G 140, BCR651G 75, DM 309 e BCR651G 68, com ciclo de 121 a 130 dias.

Deve-se ressaltar que a duração do período do ciclo pode variar conforme o ano, a temperatura, a época de semeadura, a latitude, a altitude, a incidência de doenças, a distribuição e o volume de chuvas.

As médias da reação dos genótipos ao míldio (MD) são apresentadas na Tabela 13. Houve diferença significativa entre as médias apenas nos ensaios conduzidos na safra 2009/10 em Primavera do Leste, Pedra Preta e Nova Ubiratã. De modo geral as médias foram menores que 2,75, caracterizando tolerância de todos os genótipos, apesar de pequenas diferenças em magnitude. O genótipo BCR553G 306 foi o mais tolerante e BCR945G 110 o mais sensível.

As médias de todos os caracteres avaliados indicaram um comportamento diferencial dos genótipos nos oito ensaios, assim como a existência de variabilidade genética entre os genótipos, justificando o estudo da interação genótipos ambientes.

4.1.3 Análise conjunta de variância

O resumo da análise conjunta de variância dos ensaios está apresentada na Tabelas 14. As análises foram realizadas separadamente para cada caráter, pois os caracteres reação à mancha alvo (MA), stand (ST), dias para floração (DF) e reação ao míldio (MD) não foram avaliados em todos ensaios.

Para os caracteres produtividade de grãos (PD), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV) e acamamento (AC), avaliados em todos ensaios, a relação entre o maior quadrado médio do resíduo da análise individual e o menor não ultrapassou 7:1. Dessa forma, os ensaios puderam ser avaliados de maneira conjunta (CRUZ *et al.*, 2004).

No entanto, foi constatado que, para os caracteres reação à mancha alvo (MA), haste verde (HV), stand (ST), dias para floração (DF), dias para maturação (DM) e reação ao míldio (MD), as variâncias residuais dos ensaios não foram homogêneas. Diante disso, procedeu-se o ajuste dos graus de liberdade do erro médio e da interação genótipos x ambientes (GxA), conforme o método de Cochran (1954).

Tabela 14. Resumo da análise de variância conjunta dos caracteres produtividade de grãos (PD), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV), acamamento (AC), reação à mancha alvo (MA), haste verde (HV), stand (ST), dias para floração (DF), dias para maturação (DM) e reação ao míldio (MD) avaliados em 26 genótipos de soja em oito ensaios no estado do Mato Grosso

F.V.	PD		APM		AV		AC		MA	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Blocos/Amb.	24	272525,959	24	101,351	24	12,965	24	0,245	18	0,516
Genótipos (G)	25	2887431,963 **	25	1647,028 **	25	56,404 **	25	1,579 **	25	2,960 **
Ambientes (A)	7	102116581,953 **	7	4390,919 **	7	140,217 **	7	2,244 **	5	64,945 **
G x A	175	1070875,470 **	175	115,384 **	175	12,246 **	175	0,212 **	71 ¹	0,962 **
Resíduo	600	291423,993	600	70,257	600	7,523	600	0,112	231 ¹	0,502
Média		3457,57		71,10		11,69		1,22		2,27
CV(%)		15,61		11,79		23,44		27,28		31,10

F.V.	HV		ST		DF		DM		MD	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Blocos/Amb.	24	0,306	21	17,924	21	7,431	24	14,592	21	0,066
Genótipos (G)	25	2,168 ns	25	24,080 **	25	89,615 **	25	616,735 **	25	0,422 ns
Ambientes (A)	7	13,304 **	6	699,056 **	6	130,716 **	7	2351,546 **	6	13,736 **
G x A	109 ¹	1,760 **	92 ¹	9,477 **	97 ¹	14,7 **	128 ¹	37,224 **	99 ¹	0,473 **
Resíduo	352 ¹	0,314	300 ¹	7,237	316 ¹	4,228	420 ¹	7,087	326 ¹	0,127
Média		1,36		9,65		44,53		116,11		1,41
CV(%)		41,16		27,87		4,62		2,29		25,24

¹ Valores ajustados pelo método de Cochran (1954), em razão da heterogeneidade de QM's residuais.

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

Verificou-se efeitos genotípicos significativos ($P < 0,01$) para todos caracteres, exceto para haste verde (HV) e reação ao míldio (MD). O efeito significativo de genótipos na presença de interação GxA, também significativa, evidencia elevada variabilidade entre os genótipos para os caracteres avaliados no ensaios.

No entanto, a falta de significância dos efeitos genotípicos não é indicativo de ausência de variabilidade. A variância genética que se detecta na análise conjunta corresponde à média das variâncias genéticas nos vários ambientes, subtraída a interação. Por esta razão, verifica-se, em certos casos, que, apesar de existir variabilidade genética nos ambientes, na análise conjunta esta variabilidade é nula.

Na Tabela 14 verificou-se também efeitos significativos ($P < 0,01$) para ambientes e interação genótipos x ambientes em todos os caracteres. A significância da interação GxA indica que os genótipos apresentaram comportamento diferencial nos ambientes. A interação genótipos x ambientes na soja cultivada no estado do Mato Grosso também foi evidenciada por outros autores (BARROS *et al.*, 2010; TOLDEDO *et al.*, 2006).

4.1.4 Decomposição da interação genótipos x ambientes

Para determinar as causas da interação genótipo x ambientes foi realizada sua decomposição nas partes simples e complexa. Além disso, foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica para avaliar a similaridade dos ensaios quanto à sua capacidade de discriminar os genótipos.

As frações simples e complexas da interação e as estimativas das correlações entre os pares de ambientes, considerando todos caracteres avaliados, são apresentadas nas Tabelas 15 a 24.

Na Tabela 15 são apresentadas as estimativas relativas ao caráter produtividade de grãos (PD). Verificou-se predominância de interação do tipo complexa, com estimativas acima de 50%. Resultados semelhantes foram obtidos por Barros *et al.* (2010) em outros ambientes no estado do Mato Grosso.

Tabela 15. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (C%) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter produtividade de grãos (PD) avaliado em 26 genótipos de soja em oito ensaios no estado do Mato Grosso

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação			
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C		
PL1	PL2	1494453,90	326651,41	4,58	**	-0,48 ⁺	0,18	-14,54	114,54
PL1	PL3	1920850,28	225692,01	8,51	**	-0,33	0,34	1,77	98,23
PL1	PL4	1754599,96	326292,49	5,38	**	-0,44 ⁺⁺	0,24	-8,16	108,16
PL1	PL5	479606,35	214065,66	2,24	**	0,16	0,63	8,78	91,22
PL1	PL6	887020,00	205784,21	4,31	**	-0,36	0,24	-16,56	116,56
PL1	PP	266756,26	148108,78	1,80	*	0,45 ⁺	0,81	34,66	65,34
PL1	NU	2432019,74	252933,19	9,62	**	-0,69 ⁺⁺	0,17	-13,08	113,08
PL2	PL3	997304,12	374399,50	2,66	**	0,50 ⁺⁺	0,80	33,29	66,71
PL2	PL4	1202985,43	474999,98	2,53	**	0,29	0,70	16,72	83,28
PL2	PL5	844500,39	362773,14	2,33	**	0,16	0,61	21,39	78,61
PL2	PL6	556494,26	354491,70	1,57	ns	0,51 ⁺⁺	0,86		
PL2	PP	1020759,23	296816,26	3,44	**	-0,23	0,37	13,27	86,73
PL2	NU	1160570,77	401640,68	2,89	**	0,43 ⁺	0,76	29,21	70,79
PL3	PL4	1070316,35	374040,58	2,86	**	0,51 ⁺⁺	0,80	30,67	69,33
PL3	PL5	977165,95	261813,74	3,73	**	0,43 ⁺	0,70	51,40	48,60
PL3	PL6	550239,02	253532,30	2,17	**	0,77 ⁺⁺	0,88	75,21	24,79
PL3	PP	1473006,67	195856,86	7,52	**	-0,15	0,44	29,77	70,23
PL3	NU	1481177,50	300681,28	4,93	**	0,40 ⁺	0,73	22,38	77,62
PL4	PL5	945398,45	362414,22	2,61	**	0,27	0,66	34,68	65,32
PL4	PL6	961735,98	354132,78	2,72	**	0,29	0,68	29,59	70,41
PL4	PP	1270329,84	296457,34	4,29	**	-0,23	0,40	20,31	79,69
PL4	NU	1304428,22	401281,76	3,25	**	0,41 ⁺	0,75	24,67	75,33
PL5	PL6	309715,21	241905,94	1,28	ns	0,48 ⁺	0,90		
PL5	PP	229410,12	184230,51	1,25	ns	0,45 ⁺	0,90		
PL5	NU	1280585,84	289054,92	4,43	**	0,20	0,59	37,15	62,85
PL6	PP	534492,28	175949,06	3,04	**	-0,11	0,42	2,51	97,49
PL6	NU	911255,97	280773,48	3,25	**	0,52 ⁺⁺	0,76	52,97	47,03
PP	NU	1667335,06	223098,04	7,47	**	-0,31	0,39	23,09	76,91

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

⁺ e ⁺⁺: significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente.

Tabela 16. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (C%) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter dias para floração (DF) avaliado em 26 genótipos de soja em sete épocas de semeadura no estado do Mato Grosso

AMB	QMG	QMR	F	Correlações		Interação	
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C
PL1 PL2	4,27	1,10	3,87 **	0,79 ++	0,90	63,33	36,67
PL1 PL3	5,27	1,49	3,55 **	0,72 ++	0,87	56,33	43,67
PL1 PL4	6,45	1,21	5,33 **	0,64 ++	0,82	50,43	49,57
PL1 PL5	4,31	1,38	3,13 **	0,79 ++	0,90	68,51	31,49
PL1 PP	5,95	1,33	4,46 **	0,87 ++	0,93	74,45	25,55
PL1 NU	16,89	4,07	4,15 **	0,47 +	0,76	32,12	67,88
PL2 PL3	1,61	1,92	0,84 ns	0,86 ++	1,02		
PL2 PL4	4,26	1,64	2,59 **	0,61 ++	0,86	37,40	62,60
PL2 PL5	2,46	1,81	1,36 ns	0,76 ++	0,96		
PL2 PP	9,58	1,77	5,43 **	0,80 ++	0,85	79,78	20,22
PL2 NU	14,86	4,51	3,30 **	0,49 +	0,75	48,70	51,30
PL3 PL4	3,40	2,03	1,68 *	0,68 ++	0,92	43,97	56,03
PL3 PL5	2,65	2,19	1,21 ns	0,74 ++	0,97		
PL3 PP	9,47	2,15	4,41 **	0,81 ++	0,85	80,63	19,37
PL3 NU	16,48	4,89	3,37 **	0,41 +	0,71	43,04	56,96
PL4 PL5	3,92	1,92	2,04 **	0,60 ++	0,87	37,17	62,83
PL4 PP	11,60	1,87	6,19 **	0,72 ++	0,81	73,07	26,93
PL4 NU	24,27	4,61	5,26 **	0,02	0,51	19,82	80,18
PL5 PP	10,23	2,04	5,01 **	0,80 ++	0,83	82,56	17,44
PL5 NU	13,87	4,78	2,90 **	0,54 ++	0,77	57,06	42,94
PP NU	27,80	4,74	5,87 **	0,33	0,68	18,09	81,91

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

+ e ++: significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente.

Tabela 17. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (C%) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter dias para maturação (DM) avaliado em 26 genótipos de soja em oito ensaios no estado do Mato Grosso

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação	
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C
PL1 PL2	16,31	5,33	3,06 **	0,90 ++	0,96	75,52	24,48
PL1 PL3	21,92	2,84	7,72 **	0,90 ++	0,92	83,74	16,26
PL1 PL4	57,72	3,11	18,53 **	0,60 ++	0,70	74,69	25,31
PL1 PL5	14,71	3,56	4,14 **	0,91 ++	0,96	70,10	29,90
PL1 PL6	17,47	5,22	3,35 **	0,89 ++	0,96	67,42	32,58
PL1 PP	29,64	7,03	4,22 **	0,80 ++	0,92	59,00	41,00
PL1 NU	47,41	1,69	28,04 **	0,76 ++	0,75	84,64	15,36
PL2 PL3	12,42	5,19	2,39 **	0,88 ++	0,96	70,56	29,44
PL2 PL4	36,31	5,47	6,64 **	0,56 ++	0,73	63,05	36,95
PL2 PL5	12,71	5,91	2,15 **	0,91 ++	0,97	74,98	25,02
PL2 PL6	20,96	7,57	2,77 **	0,86 ++	0,95	68,97	31,03
PL2 PP	21,25	9,38	2,27 **	0,81 ++	0,94	56,29	43,71
PL2 NU	31,46	4,04	7,78 **	0,66 ++	0,77	68,80	31,20
PL3 PL4	19,64	2,98	6,60 **	0,65 ++	0,80	60,88	39,12
PL3 PL5	19,12	3,42	5,59 **	0,89 ++	0,92	80,32	19,68
PL3 PL6	24,15	5,08	4,75 **	0,87 ++	0,91	79,58	20,42
PL3 PP	19,89	6,89	2,89 **	0,81 ++	0,92	63,20	36,80
PL3 NU	14,90	1,55	9,59 **	0,77 ++	0,85	70,57	29,43
PL4 PL5	46,50	3,69	12,59 **	0,68 ++	0,74	78,82	21,18
PL4 PL6	60,39	5,35	11,28 **	0,54 ++	0,68	70,21	29,79
PL4 PP	34,93	7,16	4,87 **	0,67 ++	0,77	73,60	26,40
PL4 NU	10,82	1,83	5,92 **	0,51 ++	0,78	29,98	70,02
PL5 PL6	12,77	5,80	2,20 **	0,92 ++	0,98	71,97	28,03
PL5 PP	12,11	7,61	1,59 *	0,92 ++	0,98	73,52	26,48
PL5 NU	41,05	2,27	18,08 **	0,76 ++	0,77	83,57	16,43
PL6 PP	24,67	9,27	2,66 **	0,84 ++	0,94	62,98	37,02
PL6 NU	47,82	3,93	12,17 **	0,74 ++	0,75	82,95	17,05
PP NU	33,27	5,74	5,80 **	0,69 ++	0,78	73,56	26,44

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F.

++ significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 1%.

Tabela 18. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (C%) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter altura de planta na maturação (APM) avaliado em 26 genótipos de soja em oito ensaios no estado do Mato Grosso

AMB	QMG	QMR	F	Correlações		Interação	
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C
PL1 PL2	51,58	59,88	0,86 ns	0,83	++	1,02	
PL1 PL3	111,89	66,24	1,69 *	0,63	++	0,90	40,31 59,69
PL1 PL4	203,95	87,96	2,32 **	0,49	+	0,81	30,22 69,78
PL1 PL5	119,53	72,95	1,64 *	0,62	++	0,90	38,94 61,06
PL1 PL6	111,36	64,99	1,71 *	0,66	++	0,91	41,71 58,29
PL1 PP	115,20	64,89	1,78 *	0,66	++	0,91	41,40 58,60
PL1 NU	82,84	45,84	1,81 *	0,71	++	0,91	52,70 47,30
PL2 PL3	77,41	65,54	1,18 ns	0,70	++	0,97	
PL2 PL4	175,36	87,26	2,01 **	0,53	++	0,83	37,11 62,89
PL2 PL5	78,49	72,25	1,09 ns	0,72	++	0,98	
PL2 PL6	46,28	64,30	0,72 ns	0,84	++	1,04	
PL2 PP	80,17	64,19	1,25 ns	0,74	++	0,97	
PL2 NU	55,96	45,14	1,24 ns	0,75	++	0,97	
PL3 PL4	205,03	93,63	2,19 **	0,45	+	0,79	30,36 69,64
PL3 PL5	93,96	78,61	1,20 ns	0,67	++	0,96	
PL3 PL6	117,28	70,66	1,66 *	0,60	++	0,89	37,56 62,44
PL3 PP	117,87	70,56	1,67 *	0,61	++	0,90	38,88 61,12
PL3 NU	116,43	51,51	2,26 **	0,49	+	0,82	30,59 69,41
PL4 PL5	217,79	100,34	2,17 **	0,43	+	0,79	27,53 72,47
PL4 PL6	235,26	92,38	2,55 **	0,40	+	0,76	24,51 75,49
PL4 PP	226,65	92,28	2,46 **	0,43	+	0,78	26,21 73,79
PL4 NU	206,39	73,23	2,82 **	0,40	+	0,73	32,99 67,01
PL5 PL6	49,87	77,37	0,64 ns	0,84	++	1,06	
PL5 PP	64,60	77,26	0,84 ns	0,80	++	1,03	
PL5 NU	69,12	58,21	1,19 ns	0,74	++	0,97	
PL6 PP	79,20	69,31	1,14 ns	0,76	++	0,98	
PL6 NU	73,15	50,26	1,46 ns	0,74	++	0,94	
PP NU	48,12	50,16	0,96 ns	0,85	++	1,00	

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

+ e ++: significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente.

Tabela 19. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (C%) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter altura de inserção da primeira vagem (AV) avaliado em 26 genótipos de soja em oito ensaios no estado do Mato Grosso

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação				
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C			
PL1	PL2	18,33	5,63	3,26	**	0,45	+	0,67	68,14	31,86
PL1	PL3	21,12	6,88	3,07	**	0,27		0,63	47,74	52,26
PL1	PL4	22,42	7,31	3,07	**	0,24		0,63	36,31	63,69
PL1	PL5	19,43	6,08	3,19	**	0,37		0,66	54,34	45,66
PL1	PL6	26,33	13,70	1,92	**	0,31		0,74	19,01	80,99
PL1	PP	24,64	11,16	2,21	**	0,32		0,73	21,50	78,50
PL1	NU	16,97	6,64	2,55	**	0,49	+	0,76	53,27	46,73
PL2	PL3	4,13	3,41	1,21	ns	0,28		0,84		
PL2	PL4	6,48	3,84	1,69	*	0,13		0,63	15,65	84,35
PL2	PL5	3,34	2,61	1,28	ns	0,42	+	0,88		
PL2	PL6	16,94	10,23	1,66	*	0,08		0,56	38,35	61,65
PL2	PP	14,49	7,68	1,89	*	0,10		0,57	35,66	64,34
PL2	NU	5,24	3,17	1,65	*	0,34		0,77	29,22	70,78
PL3	PL4	7,29	5,08	1,43	ns	0,16		0,69		
PL3	PL5	4,46	3,86	1,16	ns	0,36		0,90		
PL3	PL6	16,19	11,48	1,41	ns	0,20		0,69		
PL3	PP	12,44	8,93	1,39	ns	0,32		0,78		
PL3	NU	6,21	4,42	1,41	ns	0,30		0,80		
PL4	PL5	6,01	4,29	1,40	ns	0,31		0,80		
PL4	PL6	11,79	11,91	0,99	ns	0,50	++	1,01		
PL4	PP	6,32	9,36	0,67	ns	0,73	++	1,17		
PL4	NU	5,16	4,85	1,06	ns	0,51	++	0,97		
PL5	PL6	13,50	10,68	1,26	ns	0,38		0,83		
PL5	PP	13,41	8,14	1,65	*	0,25		0,70	34,30	65,70
PL5	NU	3,72	3,62	1,03	ns	0,59	++	0,99		
PL6	PP	15,03	15,76	0,95	ns	0,48	+	1,03		
PL6	NU	9,68	11,24	0,86	ns	0,62	++	1,08		
PP	NU	11,81	8,70	1,36	ns	0,41	+	0,84		

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

+ e ++: significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente.

Tabela 20. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (C%) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter stand (ST) avaliado em 26 genótipos de soja em sete ensaios no estado do Mato Grosso

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação	
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C
PL1 PL2	5,70	6,04	0,94 ns	0,01	0,45		
PL1 PL3	6,15	4,68	1,32 ns	0,30	0,80		
PL1 PL4	8,94	4,91	1,82 *	0,29	0,69	42,33	57,67
PL1 PL5	4,37	1,52	2,87 **	0,01	0,53	3,38	96,62
PL1 PL6	3,03	1,97	1,54 ns	0,22	0,72		
PL1 NU	8,29	2,65	3,13 **	0,03	0,52	17,69	82,31
PL2 PL3	9,77	8,96	1,09 ns	0,04	0,66		
PL2 PL4	13,39	9,19	1,46 ns	-0,01	0,48		
PL2 PL5	5,37	5,80	0,92 ns	0,17	0,35		
PL2 PL6	4,72	6,26	0,75 ns	0,19	-0,52		
PL2 NU	8,83	6,93	1,28 ns	0,15	0,72		
PL3 PL4	7,42	7,83	0,95 ns	0,54	1,03		
PL3 PL5	6,11	4,43	1,38 ns	0,35	0,81		
PL3 PL6	7,80	4,88	1,59 *	0,07	0,57	19,14	80,86
PL3 NU	8,51	5,56	1,53 ns	0,34	0,80		
PL4 PL5	8,81	4,67	1,88 *	0,33	0,72	37,71	62,29
PL4 PL6	7,56	5,12	1,47 ns	0,45	0,80		
PL4 NU	10,16	5,80	1,75 *	0,37	0,79	22,83	77,17
PL5 PL6	2,11	1,74	1,21 ns	0,55	0,94		
PL5 NU	3,08	2,41	1,27 ns	0,73	0,81		
PL6 NU	4,46	2,85	1,56 ns	0,57	0,86		

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

+ e ++: significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente.

Tabela 21. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (C%) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter acamamento (AC) avaliado em 26 genótipos de soja em oito ensaios no estado do Mato Grosso

AMB	QMGGA	QMR	F	Correlações		Interação	
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C
PL1 PL2	0,17	0,16	1,03 ns	0,75	++	1,00	
PL1 PL3	0,24	0,10	2,46 **	0,61	++	0,78	70,08 29,92
PL1 PL4	0,37	0,09	3,96 **	0,16		0,56	46,88 53,12
PL1 PL5	0,18	0,15	1,19 ns	0,73	++	0,97	
PL1 PL6	0,39	0,08	4,77 **	-0,09		0,48	59,92 40,08
PL1 PP	0,29	0,16	1,79 *	0,59	++	0,88	36,18 63,82
PL1 NU	0,27	0,14	1,95 **	0,51	++	0,80	52,15 47,85
PL2 PL3	0,18	0,11	1,61 *	0,64	++	0,86	68,35 31,65
PL2 PL4	0,22	0,11	2,02 **	0,53	++	0,76	65,84 34,16
PL2 PL5	0,11	0,17	0,66 ns	0,82	++	1,07	
PL2 PL6	0,32	0,10	3,32 **	-0,12		0,46	54,59 45,41
PL2 PP	0,18	0,18	1,00 ns	0,73	++	1,00	
PL2 NU	0,20	0,15	1,27 ns	0,58	++	0,91	
PL3 PL4	0,05	0,04	1,18 ns	0,53	++	0,94	
PL3 PL5	0,22	0,10	2,17 **	0,53	++	0,77	60,06 39,94
PL3 PL6	0,07	0,03	2,19 **	0,08		0,55	29,09 70,91
PL3 PP	0,27	0,11	2,41 **	0,47	+	0,73	57,72 42,28
PL3 NU	0,10	0,09	1,17 ns	0,36		0,90	
PL4 PL5	0,26	0,10	2,61 **	0,42	+	0,69	59,15 40,85
PL4 PL6	0,05	0,03	1,87 *	0,15		0,62	24,84 75,16
PL4 PP	0,25	0,11	2,32 **	0,57	++	0,75	72,01 27,99
PL4 NU	0,09	0,08	1,08 ns	0,40	+	0,95	
PL5 PL6	0,32	0,09	3,66 **	0,03		0,51	61,96 38,04
PL5 PP	0,22	0,17	1,29 ns	0,67	++	0,95	
PL5 NU	0,28	0,14	1,94 **	0,37		0,74	37,36 62,64
PL6 PP	0,33	0,10	3,46 **	0,19		0,55	70,84 29,16
PL6 NU	0,12	0,07	1,61 *	-0,08		0,42	31,31 68,69
PP NU	0,19	0,15	1,24 ns	0,69	++	0,94	

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

+ e ++: significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente.

Tabela 22. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (C%) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter haste verde (HV) avaliado em 26 genótipos de soja em oito ensaios no estado do Mato Grosso

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação		
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C	
PL1 PL2	3,05	0,25	12,01	**	-0,03	0,50	80,91	19,09
PL1 PL3	4,27	0,28	15,50	**	-0,49	⁺ 0,34	17,08	82,92
PL1 PL4	2,96	0,27	10,96	**	0,12	0,51	85,77	14,23
PL1 PL5	2,00	0,31	6,41	**	0,72	⁺⁺ 0,71	87,64	12,36
PL1 PL6	3,00	0,27	10,97	**	0,08	0,51	72,66	27,34
PL1 PP	2,93	0,37	7,88	**	0,20	0,56	54,00	46,00
PL1 NU	1,58	0,42	3,78	**	0,70	⁺⁺ 0,84	65,17	34,83
PL2 PL3	0,29	0,05	5,88	**	0,26	0,58	61,09	38,91
PL2 PL4	0,05	0,04	1,11	ns	-0,03	0,26		
PL2 PL5	0,29	0,09	3,34	**	-0,12	0,45	35,46	64,54
PL2 PL6	0,05	0,05	1,14	ns	0,51	⁺⁺ 0,94		
PL2 PP	0,34	0,15	2,34	**	-0,15	0,43	38,15	61,85
PL2 NU	1,03	0,19	5,34	**	-0,18	0,47	61,56	38,44
PL3 PL4	0,35	0,07	5,21	**	-0,06	0,48	47,87	52,13
PL3 PL5	0,81	0,11	7,46	**	-0,45	⁺ 0,22	-19,84	119,84
PL3 PL6	0,37	0,07	5,30	**	0,06	0,53	25,48	74,52
PL3 PP	0,47	0,17	2,79	**	0,23	0,66	12,17	87,83
PL3 NU	1,73	0,21	8,03	**	-0,42	⁺ 0,28	-7,40	107,40
PL4 PL5	0,23	0,10	2,24	**	0,25	0,61	58,50	41,50
PL4 PL6	0,09	0,06	1,41	ns	0,06	0,57		
PL4 PP	0,32	0,16	1,99	**	-0,06	0,47	45,74	54,26
PL4 NU	0,91	0,21	4,35	**	0,22	0,54	77,98	22,02
PL5 PL6	0,35	0,11	3,31	**	-0,13	0,42	9,37	90,63
PL5 PP	0,31	0,20	1,52	ns	0,42	⁺ 0,84		
PL5 NU	0,41	0,25	1,62	*	0,82	⁺⁺ 0,92	81,46	18,54
PL6 PP	0,39	0,16	2,39	**	-0,11	0,42	14,08	85,92
PL6 NU	1,12	0,21	5,26	**	-0,18	0,44	39,89	60,11
PP NU	1,00	0,31	3,22	**	0,23	0,63	28,88	71,12

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

⁺ e ⁺⁺: significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente.

Tabela 23. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (C%) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter reação à mancha alvo (MA) avaliado em 26 genótipos de soja em seis ensaios no estado do Mato Grosso

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação	
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C
PL1 PL2	1,27	0,48	2,66 **	0,03	0,51	46,57	53,43
PL1 PL3	0,62	0,46	1,36 ns	0,78 ++	0,91		
PL1 PL4	0,90	0,42	2,12 **	0,58 ++	0,72	80,16	19,84
PL1 PL5	0,88	0,50	1,75 *	0,52 ++	0,83	44,39	55,61
PL1 PL6	0,44	0,52	0,85 ns	0,80 ++	1,02		
PL2 PL3	0,28	0,13	2,14 **	0,09	0,58	10,27	89,73
PL2 PL4	0,19	0,10	1,91 **	0,04	0,54	2,23	97,77
PL2 PL5	0,61	0,18	3,40 **	-0,13	0,42	14,01	85,99
PL2 PL6	0,99	0,19	5,19 **	-0,11	0,46	30,66	69,34
PL3 PL4	0,12	0,08	1,52 ns	0,64 ++	0,90		
PL3 PL5	0,29	0,16	1,82 *	0,59 ++	0,87	46,34	53,66
PL3 PL6	0,44	0,17	2,55 **	0,72 ++	0,84	71,63	28,37
PL4 PL5	0,24	0,13	1,94 **	0,73 ++	0,85	77,03	22,97
PL4 PL6	0,52	0,14	3,79 **	0,72 ++	0,75	84,80	15,20
PL5 PL6	0,41	0,22	1,90 **	0,71 ++	0,91	53,25	46,75

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

+ e ++: significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente.

Tabela 24. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (C%) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter reação ao mildio (MD) avaliado em 26 genótipos de soja em sete ensaios no estado do Mato Grosso

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação	
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C
PL2 PL3	0,08	0,12	0,66 ns	0,44 ⁺	1,97		
PL2 PL4	0,15	0,15	1,03 ns	-0,10	1,21		
PL2 PL5	0,06	0,08	0,81 ns	0,44 ⁺	1,28		
PL2 PL6	0,07	0,08	0,98 ns	0,24	1,05		
PL2 PP	0,08	0,08	0,97 ns	0,21	1,09		
PL2 NU	0,84	0,14	6,07 **	0,20	0,56	57,20	42,80
PL3 PL4	0,13	0,12	1,09 ns	0,01	0,54		
PL3 PL5	0,05	0,05	0,96 ns	0,56 ⁺⁺	1,02		
PL3 PL6	0,06	0,05	1,11 ns	0,45 ⁺	0,93		
PL3 PP	0,07	0,06	1,17 ns	0,31	0,86		
PL3 NU	0,96	0,11	8,42 **	-0,04	0,49	45,63	54,37
PL4 PL5	0,11	0,08	1,51 ns	-0,28	-0,27		
PL4 PL6	0,09	0,08	1,19 ns	-0,13	-0,21		
PL4 PP	0,12	0,09	1,45 ns	-0,40 ⁺	-2,36		
PL4 NU	0,79	0,14	5,66 **	0,30	0,59	65,06	34,94
PL5 PL6	0,02	0,00	5,80 **	0,47 ⁺	0,75	29,98	70,02
PL5 PP	0,01	0,01	0,97 ns	0,76 ⁺⁺	1,01		
PL5 NU	0,92	0,07	13,65 **	-0,07	0,49	62,93	37,07
PL6 PP	0,02	0,01	1,14 ns	0,67 ⁺⁺	0,97		
PL6 NU	0,95	0,07	14,12 **	-0,26	0,46	62,82	37,18
PP NU	0,96	0,08	12,60 **	-0,22	0,46	57,14	42,86

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

⁺ e ⁺⁺ : significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente.

A presença de interação complexa indica a inconsistência da superioridade dos genótipos com a variação ambiental, com genótipos de desempenho superior em um ambiente mas não em outros (CRUZ *et al.*, 2004). A predominância da interação complexa para produtividade pode ser explicada, em parte, pela natureza quantitativa do caráter, sendo controlado por vários genes e muito influenciado pelo ambiente.

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica foram baixas e variaram conforme os pares de ambientes envolvidos. Deve-se destacar o par envolvendo os ensaios conduzidos na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2007/08 (PL1) e em Nova Ubiratã (NU), pois nesse a correlação foi significativa, negativa e de elevada magnitude. Além disso, a interação foi do tipo complexa, com valor superior a 100% devido a correlação negativa (113,08%). Tal comportamento contraditório entre os ambientes traz sérias implicações para recomendação de genótipos, principalmente porque os melhores genótipos em um ambiente são os piores no outro. Uma das alternativas para lidar com esse problema seria a recomendação de genótipos para cada ambiente separadamente.

Somente os ensaios conduzidos em Primavera do Leste na segunda época de semeadura das safras 2008/09 e 2009/10 (PL3 e PL6) apresentaram estimativas de correlação significativas acima de 0,7, além de apresentarem interação do tipo simples.

Para os caracteres dias para floração (DF) e dias para maturação (DM) verificou-se predominância da interação do tipo simples e estimativas dos coeficientes de correlação altas e significativas para a maioria dos pares de ambientes (Tabelas 16 e 17).

A interação simples representa apenas mudanças na magnitude do comportamento genotípico, sem alteração da ordem dos genótipos ao longo dos ambientes. Tal fato permite determinar de maneira mais confiável o ciclo dos genótipos.

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica do caráter dias para floração variaram de 0,02 a 0,79. As estimativas mais altas de correlação predominaram, exceto para os pares de ambientes que envolveram o ensaio conduzido em Nova Ubiratã (NU). Esses pares de ambientes também apresentaram interações do tipo complexa. Isso pode ser explicado pela localização do ensaio de Nova Ubiratã, em uma região de baixa latitude (13° 24' 28'' S), onde os genótipos não adaptados tendem a florescer mais precocemente.

Considerando os caracteres altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV) e stand (ST), observou-se predominância das interações do tipo

complexa (Tabelas 18, 19 e 20). Nos pares de ambientes que não apresentaram interação genótipos x ambientes significativa não foi realizada sua decomposição.

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre pares de ambientes foram significativas e mais altas para altura de planta do que para stand e altura de inserção da primeira vagem.

Na tabela 21 são apresentadas as estimativas relativas ao caráter acamamento (AC). Verificou-se predominância de interação do tipo simples. No entanto, para os caráter haste verde (HV), reação à mancha alvo (MA) e reação ao míldio (MD) não houve predominância de nenhum tipo de interação (Tabelas 22, 23 e 24). Além disso, as estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica variaram conforme os pares de ambientes.

4.1.5 Adaptabilidade e estabilidade

As análises de adaptabilidade e estabilidade foram realizadas para os caracteres produtividade de grãos (PD), reação à mancha alvo (MA) e reação ao míldio (MD), empregando-se os métodos centróide proposto por Rocha *et al.* (2005) modificado por Nascimento *et al.* (2009), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA) proposto no presente trabalho.

Para avaliar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos para os caracteres reação à mancha alvo (MA) e ao míldio (MD), as notas visuais de infecção tiveram sua escala invertida. Assim, os génotipos com as maiores notas são considerados como mais resistentes e os genótipo com menor nota, mais sensíveis.

4.1.5.1. Método centróide modificado

Nas tabelas 25 a 27 são apresentadas as classificações dos genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade pelo método centróide modificado para os caracteres produtividade de grãos (PD), reação à mancha alvo (MA) e reação ao míldio (MD).

O percentual de variância explicada pelos dois primeiros componentes principais foi de 70,21 % para produtividade de grãos, 81,54 % para reação à mancha alvo e 72,05 % para reação ao míldio. Esses valores são suficientes para interpretação dos dados e classificação dos genótipos (BARROS *et al.*, 2010; JOHNSON; BERNARD, 1999; NASCIMENTO *et al.*, 2009).

A classificação dos genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade para produtividade de grãos (PD) está apresentada na Tabela 25. Observou-se que 23 genótipos foram classificados como de média adaptabilidade geral (classe V). Os genótipos com maior probabilidade de pertencer a esta classe foram BCR1070G 228, BCR1070G 229, BCR1070G 251, BCR1070G 244, Valiosa RR, BCR945G 114, BCR892G 140, BCR651G 75, BCR1346 142 e BCR892G 132, todos com probabilidade maior que 30%.

A linhagem BCR1455 178 foi a mais produtiva (4125,13 kg.ha⁻¹) e classificada como de máxima adaptabilidade geral (classe I). A probabilidade associada à classificação do genótipo foi de 23,2%, valor que representa boa confiabilidade de recomendação. As cultivares P98C81 e DM 309 foram classificadas como de média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (classe VI), com probabilidades de 24,1% e 26%, respectivamente.

Tabela 25. Classificação dos 26 genótipos de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade de comportamento pelo método centróide modificado¹ para caráter produtividade de grãos (PD) avaliado em oito ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	Média	Classif.	Prob (I)	Prob (II)	Prob (III)	Prob (IV)	Prob (V)	Prob (VI)	Prob (VII)
20 BCR1455 178	4125,13	I	0,232	0,096	0,105	0,074	0,145	0,171	0,177
23 DM 309	3918,69	VI	0,174	0,110	0,084	0,072	0,166	0,260	0,135
26 UFV 18 PM	3810,59	V	0,158	0,099	0,104	0,080	0,206	0,180	0,174
22 P98C81	3789,31	VI	0,139	0,106	0,085	0,076	0,219	0,241	0,135
7 BCR1459 189	3676,06	V	0,125	0,093	0,097	0,080	0,282	0,171	0,153
11 BCR1070G 251	3672,78	V	0,103	0,083	0,083	0,072	0,374	0,157	0,128
12 Valiosa RR	3641,91	V	0,101	0,091	0,095	0,086	0,351	0,145	0,132
15 MSOY 8008RR	3631,75	V	0,122	0,116	0,106	0,102	0,240	0,176	0,138
25 BCR1346 142	3624,66	V	0,112	0,090	0,097	0,082	0,319	0,152	0,148
3 BCR892G 132	3609,59	V	0,105	0,073	0,130	0,080	0,302	0,115	0,195
13 BCR892G 140	3604,28	V	0,107	0,076	0,105	0,076	0,341	0,129	0,166
4 CD 219 RR	3566,72	V	0,107	0,111	0,106	0,110	0,280	0,152	0,133
6 BCR1070G 244	3508,34	V	0,095	0,097	0,097	0,099	0,351	0,140	0,122
5 BCR945G 114	3493,03	V	0,100	0,098	0,091	0,089	0,344	0,154	0,123
8 BCR651G 75	3447,78	V	0,102	0,082	0,121	0,091	0,321	0,121	0,163
9 BCR1070G 229	3325,75	V	0,083	0,089	0,097	0,108	0,394	0,116	0,113
18 BCR1070G 228	3278,84	V	0,079	0,087	0,092	0,106	0,418	0,111	0,107
2 BCR1070G 231	3252,25	V	0,092	0,123	0,101	0,147	0,286	0,138	0,114
1 BCR651G 68	3233,47	V	0,103	0,093	0,145	0,120	0,261	0,120	0,159
10 BCR945G 110	3226,63	V	0,096	0,142	0,095	0,139	0,261	0,155	0,111
16 BCR553G 306	3160,97	V	0,092	0,113	0,110	0,153	0,286	0,128	0,120
14 BCR1070G 246	3157,22	V	0,097	0,126	0,112	0,166	0,243	0,135	0,121
19 BCR1067G 189	3113,41	V	0,095	0,088	0,195	0,147	0,217	0,107	0,152
24 BCR1057G 162	3110,81	V	0,095	0,108	0,122	0,153	0,268	0,125	0,129
21 BCR1067G 210	3013,66	V	0,091	0,101	0,132	0,171	0,261	0,115	0,129
17 BCR1057G 157	2903,38	V	0,087	0,105	0,128	0,226	0,226	0,111	0,118
Média	3457,58								

¹Class.: classificação; Prob.: probabilidade; Classe I: Máxima adaptabilidade geral; Classe II: Máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe III: Máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; Classe IV: Mínima adaptabilidade; Classe V: Média adaptabilidade geral; Classe VI: Média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe VII: Média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis.

Na Figura 1 é apresentada a dispersão gráfica dos 26 genótipos (codificados por números) no plano formado pelos dois primeiros componentes principais. Observa-se a distribuição da maioria dos genótipos nas proximidades do ideótipo V (média adaptabilidade geral). Os genótipos BCR1455 178 (20), DM 309 (23), UFV 18 PM (26) e P98C81 (22), pela inspeção visual são classificados como genótipos de média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (classe VI). No entanto, apenas DM 309 e P98C81 apresentam maior probabilidade de serem classificados desta forma.

Houve uma distorção na representação gráfica pois os dois primeiros componentes explicaram 70,21 % da variação existente nos dados. Por isso a melhor classificação do genótipos se dá pelo cálculo das probabilidades, uma vez que não há interferência da distorção gráfica.

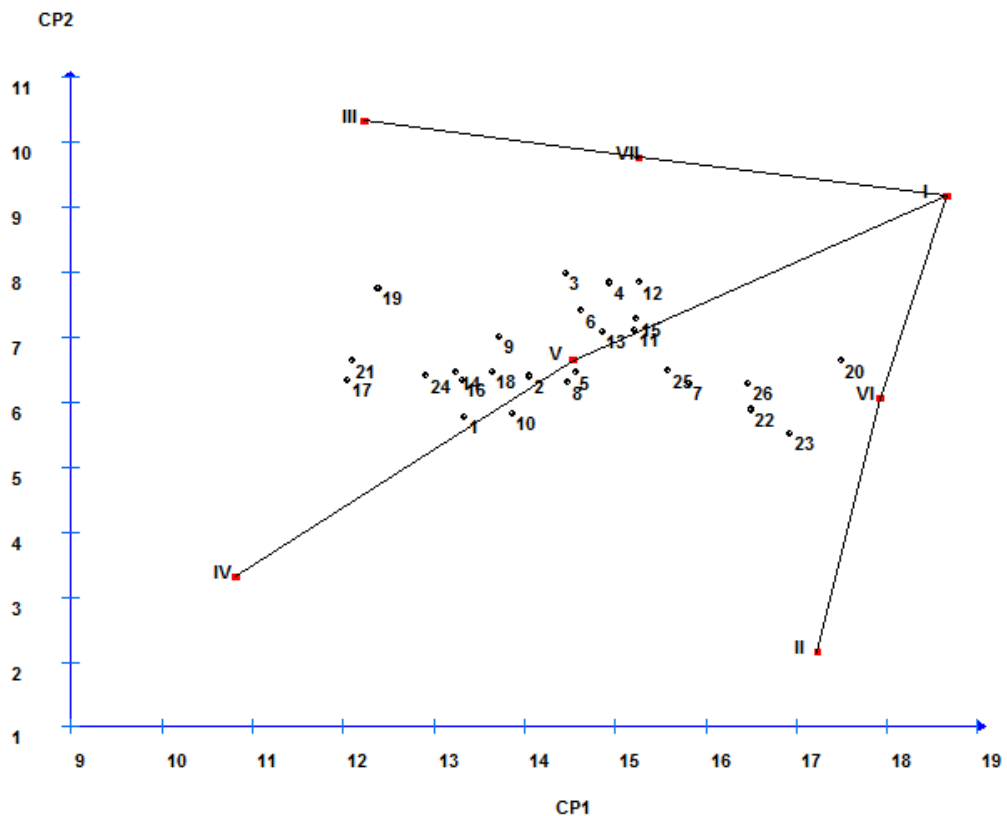


Figura 1. Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais dos 26 genótipos de soja, para o caráter produtividade de grãos (PD) avaliado em oito ambientes no estado do Mato Grosso. Os sete pontos numerados com algarismos romanos representam os ideótipos. I: máxima adaptabilidade geral; II: máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; III: máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; IV: mínima adaptabilidade; V: média adaptabilidade geral; VI: média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; VII: média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis. CP1: componente principal 1; CP2: componente principal 2.

Na Tabela 26 é apresentada a classificação dos genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade para reação à mancha alvo (MA). Observou-se que 17 genótipos foram classificados como de média adaptabilidade geral (classe V). Os genótipos com maior probabilidade de pertencer a esta classe foram BCR1070G 251, BCR1070G 229, CD 219 RR e BCR651G 75, todos com probabilidade maior que 30%.

As linhagens BCR1057G 157, BCR1067G 210, BCR553G 306 e BCR1057G 162 foram classificados como de mínima adaptabilidade (classe IV). Esses genótipos receberam esta classificação pois foram os mais sensíveis em todos ambientes onde reação à mancha alvo foi avaliada. Além disso, apresentaram as menores médias de produtividade de grãos, resultado que inviabilizaria sua recomendação apesar de serem classificados como média adaptabilidade geral.

Os genótipos DM 309, P98C81, UFV18 PM e Valiosa RR foram classificados como de média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (classe VII). A linhagem BCR1455 178 foi classificada novamente como de máxima adaptabilidade geral (classe I).

Os genótipos considerados de ampla adaptabilidade e adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis podem ser considerados resistentes à mancha alvo pois apresentam tolerância mesmo em ambientes com maior concentração do patógeno (ambientes desfavoráveis).

A linhagem BCR1455 178 merece destaque pois foi a mais resistente à mancha alvo, além de apresentar ampla adaptabilidade e elevada média para produtividade de grãos.

Na Figura 2 é apresentada a dispersão gráfica dos 26 genótipos (codificados por números) para reação à mancha alvo (MA). Observa-se a distribuição da maioria dos genótipos nas proximidades do ideótipo V (média adaptabilidade geral). Os genótipos DM 309 (23), UFV 18 PM (26), Valiosa RR (12) e P98C81 (22), pela inspeção visual são classificados como genótipos de média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (classe VI).

Mesmo com a distorção na representação gráfica, é possível verificar que a classificação dos genótipos pela proximidade aos ideótipos é concordante com a classificação pelo cálculo das probabilidades. Isso foi possível pois os dois primeiros componentes explicaram 81,54 % da variação existente nos dados.

Tabela 26. Classificação dos 26 genótipos de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade de comportamento pelo método centróide modificado¹ para caráter reação à mancha alvo (MA) avaliado em sete ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	Média ²	Classif.	Prob (I)	Prob (II)	Prob (III)	Prob (IV)	Prob (V)	Prob (VI)	Prob (VII)
20 BCR1455 178	4,41	I	0,471	0,045	0,088	0,040	0,086	0,097	0,173
22 P98C81	4,34	VII	0,279	0,041	0,125	0,040	0,082	0,081	0,353
23 DM 309	4,31	VII	0,295	0,044	0,120	0,042	0,092	0,091	0,317
26 UFV 18 PM	4,13	VII	0,189	0,071	0,130	0,066	0,178	0,177	0,190
25 BCR1346 142	4,03	V	0,160	0,075	0,132	0,071	0,204	0,173	0,184
12 Valiosa RR	3,99	VII	0,167	0,073	0,175	0,074	0,166	0,146	0,198
10 BCR945G 110	3,98	V	0,148	0,073	0,133	0,071	0,225	0,182	0,169
15 MSOY 8008RR	3,98	V	0,122	0,072	0,094	0,065	0,271	0,253	0,124
5 BCR945G 114	3,90	V	0,119	0,081	0,102	0,075	0,279	0,218	0,126
7 BCR1459 189	3,85	V	0,128	0,077	0,132	0,078	0,258	0,175	0,152
6 BCR1070G 244	3,82	V	0,122	0,098	0,108	0,091	0,244	0,211	0,127
11 BCR1070G 251	3,76	V	0,087	0,068	0,090	0,069	0,426	0,160	0,101
9 BCR1070G 229	3,69	V	0,088	0,085	0,089	0,086	0,377	0,178	0,098
8 BCR651G 75	3,61	V	0,076	0,123	0,073	0,109	0,328	0,212	0,079
4 CD 219 RR	3,59	V	0,078	0,109	0,076	0,104	0,347	0,206	0,082
3 BCR892G 132	3,54	V	0,088	0,131	0,087	0,128	0,274	0,200	0,093
1 BCR651G 68	3,53	V	0,086	0,158	0,085	0,156	0,243	0,182	0,090
19 BCR1067G 189	3,52	V	0,086	0,153	0,087	0,164	0,244	0,175	0,091
13 BCR892G 140	3,48	V	0,087	0,103	0,099	0,127	0,328	0,158	0,099
14 BCR1070G 246	3,46	V	0,087	0,168	0,084	0,150	0,229	0,192	0,090
2 BCR1070G 231	3,45	V	0,082	0,169	0,082	0,177	0,234	0,169	0,086
18 BCR1070G 228	3,38	V	0,085	0,140	0,092	0,174	0,252	0,163	0,093
17 BCR1057G 157	3,35	IV	0,079	0,165	0,083	0,220	0,215	0,154	0,084
21 BCR1067G 210	3,30	IV	0,085	0,162	0,092	0,230	0,193	0,146	0,092
16 BCR553G 306	3,28	IV	0,080	0,173	0,084	0,228	0,202	0,149	0,085
24 BCR1057G 162	3,11	IV	0,062	0,173	0,066	0,398	0,128	0,107	0,066
Média	3,72								

¹Class.: classificação; Prob.: probabilidade; Classe I: Máxima adaptabilidade geral; Classe II: Máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe III: Máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; Classe IV: Mínima adaptabilidade; Classe V: Média adaptabilidade geral; Classe VI: Média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe VII: Média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis.

²Nota 1,0 – acima de 51% da área foliar infectada; Nota 5,0 – 0% da área foliar infectada.

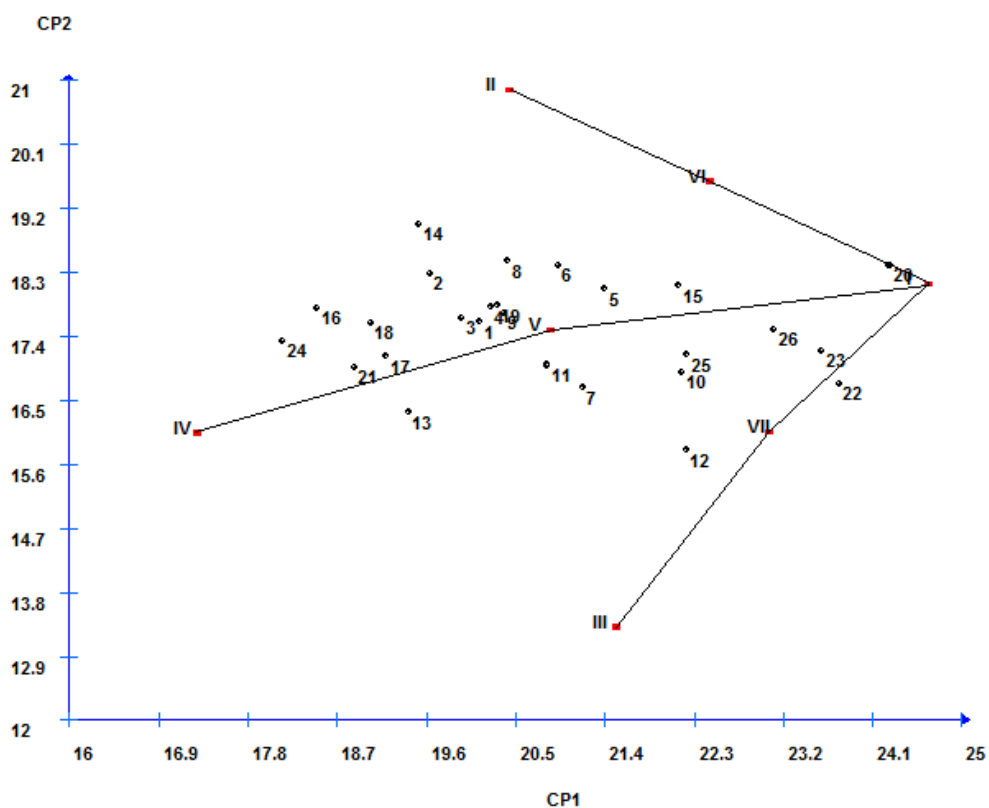


Figura 2. Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais dos 26 genótipos de soja, para o caráter reação à mancha alvo (MA) avaliado em sete ambientes no estado do Mato Grosso. Os sete pontos numerados com algarismos romanos representam os ideótipos. I: máxima adaptabilidade geral; II: máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; III: máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; IV: mínima adaptabilidade; V: média adaptabilidade geral; VI: média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; VII: média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis. CP1: componente principal 1; CP2: componente principal 2.

Na Tabela 27 é apresentada a classificação dos genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade para reação ao míldio (MD). Observou-se que 10 genótipos foram classificados como de média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (classe VII). As linhagens BCR553G 306 e BCR1057G 162 foram classificadas de máxima adaptabilidade geral (classe I).

Os genótipos considerados de ampla adaptabilidade (classe I) e adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (classe VII) podem ser considerados resistentes ao míldio pois apresentaram tolerância mesmo em ambientes com maior concentração do patógeno (ambientes desfavoráveis).

Embora as linhagens BCR553G 306 e BCR1057G 162 tenham sido as mais resistentes ao míldio, apresentaram as baixas médias de produtividade de grãos (PD) e suscetibilidade à mancha alvo (MA).

As linhagens BCR1459 189, Valiosa RR, BCR1070G 231 e UFV 18 PM foram classificados como de média adaptabilidade geral (classe V). Os genótipos mais suscetíveis pertenceram às classes VI, II e IV.

Na Figura 3 é apresentada a dispersão gráfica dos 26 genótipos (codificados por números) para reação ao míldio (MD). Observa-se a maior distribuição dos genótipos no plano formado pelos dois primeiros componentes principais. Os genótipos localizados acima do segmento de reta que une os ideótipos IV e V são mais adaptáveis a ambientes desfavoráveis, ou seja, genótipos mais tolerantes ao míldio.

Houve uma distorção na representação gráfica pois os dois primeiros componentes explicaram 72,05 % da variação existente nos dados. Por isso a melhor classificação do genótipos se dá pelo cálculo das probabilidades, uma vez que não há interferência da distorção gráfica.

Tabela 27. Classificação dos 26 genótipos de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade de comportamento pelo método centróide modificado¹ para caráter reação ao mildio (MD) avaliado em sete ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	Média ²	Classif.	Prob (I)	Prob (II)	Prob (III)	Prob (IV)	Prob (V)	Prob (VI)	Prob (VII)
16 BCR553G 306	4,80	I	0,351	0,046	0,093	0,042	0,121	0,135	0,213
24 BCR1057G 162	4,75	I	0,250	0,054	0,116	0,050	0,146	0,149	0,237
11 BCR1070G 251	4,73	VII	0,215	0,054	0,128	0,051	0,152	0,142	0,258
25 BCR1346 142	4,70	VII	0,210	0,058	0,119	0,054	0,173	0,169	0,217
23 DM 309	4,70	VII	0,214	0,056	0,147	0,054	0,147	0,139	0,244
8 BCR651G 75	4,69	VII	0,198	0,058	0,126	0,054	0,176	0,162	0,226
20 BCR1455 178	4,68	VII	0,176	0,049	0,158	0,048	0,149	0,123	0,297
13 BCR892G 140	4,67	VII	0,168	0,053	0,173	0,053	0,156	0,126	0,271
3 BCR892G 132	4,66	VII	0,184	0,060	0,156	0,059	0,168	0,149	0,224
1 BCR651G 68	4,66	VII	0,175	0,065	0,139	0,063	0,189	0,165	0,205
15 MSOY 8008RR	4,64	VII	0,165	0,053	0,218	0,054	0,142	0,119	0,250
7 BCR1459 189	4,62	V	0,166	0,078	0,129	0,073	0,195	0,188	0,170
22 P98C81	4,61	VII	0,159	0,057	0,196	0,058	0,166	0,133	0,231
19 BCR1067G 189	4,60	VI	0,112	0,179	0,091	0,119	0,187	0,205	0,109
21 BCR1067G 210	4,58	VI	0,107	0,189	0,088	0,121	0,186	0,204	0,104
17 BCR1057G 157	4,56	VI	0,105	0,185	0,090	0,126	0,192	0,199	0,104
12 Valiosa RR	4,54	V	0,099	0,088	0,092	0,083	0,326	0,204	0,108
4 CD 219 RR	4,53	II	0,097	0,269	0,084	0,144	0,152	0,160	0,095
5 BCR945G 114	4,50	III	0,139	0,074	0,228	0,082	0,168	0,136	0,174
6 BCR1070G 244	4,49	II	0,098	0,227	0,091	0,167	0,163	0,157	0,099
2 BCR1070G 231	4,49	V	0,104	0,123	0,105	0,126	0,250	0,180	0,113
9 BCR1070G 229	4,46	II	0,094	0,211	0,087	0,152	0,185	0,176	0,096
26 UFV 18 PM	4,46	V	0,106	0,131	0,110	0,138	0,225	0,174	0,115
18 BCR1070G 228	4,45	II	0,094	0,194	0,090	0,167	0,190	0,167	0,098
14 BCR1070G 246	4,42	II	0,092	0,214	0,088	0,174	0,178	0,160	0,095
10 BCR945G 110	4,27	IV	0,076	0,189	0,081	0,349	0,119	0,108	0,079
Média	4,59								

¹Class.: classificação; Prob.: probabilidade; Classe I: Máxima adaptabilidade geral; Classe II: Máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe III: Máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; Classe IV: Mínima adaptabilidade; Classe V: Média adaptabilidade geral; Classe VI: Média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe VII: Média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis.

²Nota 1,0 – acima de 51% da área foliar infectada; Nota 5,0 – 0% da área foliar infectada.

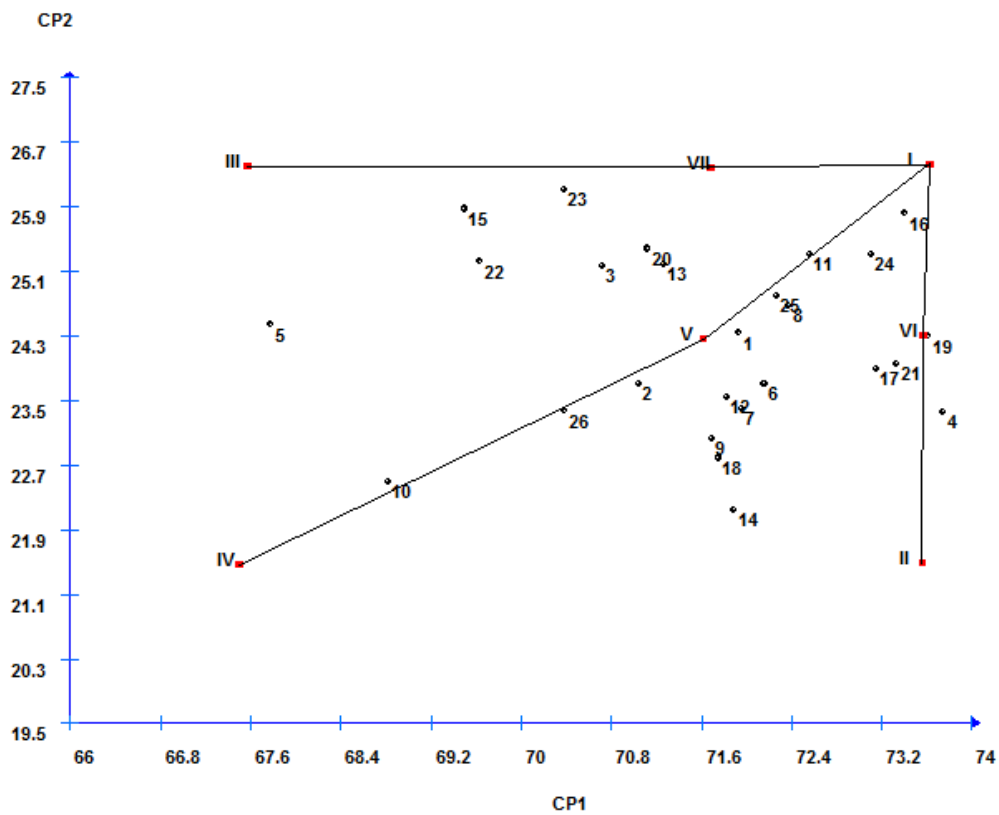


Figura 3. Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais dos 26 genótipos de soja, para o caráter reação ao míldio (MD) avaliado em sete ambientes no estado do Mato Grosso. Os sete pontos numerados com algarismos romanos representam os ideótipos. I: máxima adaptabilidade geral; II: máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; III: máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; IV: mínima adaptabilidade; V: média adaptabilidade geral; VI: média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; VII: média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis. CP1: componente principal 1; CP2: componente principal 2.

4.1.5.2. Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)

Na tabela 28 são apresentadas as estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade obtidas pelo método de Lin e Binns modificado por Carneiro (1998) para a produtividade de grãos (PD).

Observou-se que os genótipos BCR1455 178, DM 309, UFV 18 PM e BCR1459 189 apresentaram adaptabilidade geral, com posições relativas semelhantes nas duas condições ambientais, favoráveis e desfavoráveis.

A linhagem BCR1455 178 merece destaque pois apresentou adaptabilidade geral para a produtividade de grãos (PD) tanto pelo método de Lin e Binns modificado por Carneiro (1998) como pelo método centróide modificado. Portanto, poderia ser indicado para o cultivo em todo o estado do Mato Grosso.

As cultivares DM 309 e P98C81 embora tenham apresentado adaptabilidade geral, tiveram melhores classificações em ambientes favoráveis. Tal resultado foi concordante com a classificação pelo método centróide, no qual as cultivares foram classificadas como de média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (classe VI).

As linhagens BCR1459 189 e BCR1070G 251 apresentaram-se melhor classificadas em relação aos ambientes favoráveis do que aos desfavoráveis. Já as linhagens BCR892G 132 e BCR892G 140 mostraram ser de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis.

Considerando os caracteres reação à mancha alvo (MA) e reação ao míldio (MD), observou-se que os genótipos BCR1455 178, DM 309, P98C81, UFV 18 PM, BCR1346 142, BCR945G 110, Valiosa RR e MSOY 8008 RR apresentaram adaptabilidade geral (Tabelas 29 e 30).

Analisando a classificação dos genótipos, para os dois caracteres, nos ambientes desfavoráveis (P_{id}), observou-se que a ordem de classificação foi semelhante a ordem obtida ao considerar todos os ambientes (P_i geral). Esse resultado era esperado pois a contribuição dos ambientes desfavoráveis, com maior concentração do patógeno, é mais expressiva na classificação dos genótipos quando se utiliza todos os ambientes (P_i geral). Dessa forma, a recomendação de genótipos será mais eficiente quando se considerar a classificação pelos ambientes desfavoráveis.

Tabela 28. Estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de 26 genótipos de soja avaliados em oito ambientes para produtividade de grãos (PD), com base no método proposta por Lin e Binns modificado por Carneiro (1998)¹

Genótipos	Média	Pi geral	Genótipos	Pi _f	Genótipos	Pi _d
20 BCR1455 178	4125,13	246562	20	93920	3	345075
23 DM 309	3918,69	301967	23	104920	20	399204
26 UFV 18 PM	3810,59	375619	22	211167	13	411119
22 P98C81	3789,31	394795	26	256931	26	494307
7 BCR1459 189	3676,06	459696	7	398659	23	499015
11 BCR1070G 251	3672,78	513449	11	409064	7	520732
13 BCR892G 140	3604,28	528931	15	513675	8	539845
25 BCR1346 142	3624,66	543850	25	525341	25	562358
3 BCR892G 132	3609,59	613620	5	538100	22	578423
12 Valiosa RR	3641,91	676690	12	610628	11	617835
8 BCR651G 75	3447,78	707039	13	646743	19	665207
5 BCR945G 114	3493,03	718189	10	667190	1	708719
15 MSOY 8008RR	3631,75	786218	6	710268	12	742753
6 BCR1070G 244	3508,34	840536	4	719030	5	898278
4 CD 219 RR	3566,72	902850	8	874233	6	970805
9 BCR1070G 229	3325,75	1003862	3	882164	9	1046811
18 BCR1070G 228	3278,84	1009928	2	910324	18	1053183
1 BCR651G 68	3233,47	1047523	9	960912	15	1058762
10 BCR945G 110	3226,63	1255312	18	966674	4	1086671
2 BCR1070G 231	3252,25	1272607	14	1052616	21	1201100
16 BCR553G 306	3160,97	1315010	16	1243383	24	1204738
24 BCR1057G 162	3110,81	1364871	1	1386327	16	1386636
14 BCR1070G 246	3157,22	1415327	24	1525003	17	1493183
21 BCR1067G 210	3013,66	1496530	21	1791961	2	1634891
19 BCR1067G 189	3113,41	1498779	17	1947079	14	1778037
17 BCR1057G 157	2903,38	1720131	19	2332350	10	1843435
Média	3457,58					

¹ Pi_f – Pi para ambientes favoráveis; Pi_d – Pi para ambientes desfavoráveis

Tabela 29. Estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de 26 genótipos de soja avaliados em seis ambientes para reação à mancha alvo (MA), com base no método proposto por Lin e Binns modificado por Carneiro (1998)¹

Genótipos	Média ²	Pi geral	Genótipos	Pi _f	Genótipos	Pi _d
20 BCR1455 178	4,41	0,0094	20	0,0000	22	0,0026
23 DM 309	4,31	0,0249	15	0,0365	23	0,0133
22 P98C81	4,34	0,0260	23	0,0365	20	0,0188
26 UFV 18 PM	4,13	0,1058	26	0,0469	12	0,1505
25 BCR1346 142	4,03	0,1449	22	0,0495	26	0,1647
10 BCR945G 110	3,98	0,1684	25	0,0755	25	0,2144
12 Valiosa RR	3,99	0,1755	5	0,0833	10	0,2430
15 MSOY 8008RR	3,98	0,1845	6	0,0833	15	0,3326
7 BCR1459 189	3,85	0,2445	8	0,0911	7	0,3405
5 BCR945G 114	3,90	0,2644	10	0,0938	5	0,4455
11 BCR1070G 251	3,76	0,3060	4	0,1068	11	0,4531
6 BCR1070G 244	3,82	0,3611	14	0,1176	6	0,6389
9 BCR1070G 229	3,69	0,4156	1	0,1302	9	0,6594
4 CD 219 RR	3,59	0,5374	3	0,1302	13	0,8347
8 BCR651G 75	3,61	0,5632	7	0,1484	4	0,9680
13 BCR892G 140	3,48	0,5712	11	0,1589	8	1,0352
3 BCR892G 132	3,54	0,6380	9	0,1719	3	1,1458
1 BCR651G 68	3,53	0,6571	2	0,1927	1	1,1840
19 BCR1067G 189	3,52	0,6997	19	0,1927	19	1,2068
2 BCR1070G 231	3,45	0,7698	12	0,2005	18	1,2805
18 BCR1070G 228	3,38	0,7965	17	0,2344	2	1,3469
14 BCR1070G 246	3,46	0,8039	16	0,3073	17	1,4444
17 BCR1057G 157	3,35	0,8394	13	0,3077	14	1,4902
16 BCR553G 306	3,28	0,9696	18	0,3125	16	1,6319
21 BCR1067G 210	3,30	0,9964	24	0,3177	21	1,6439
24 BCR1057G 162	3,11	1,2771	21	0,3490	24	2,2365
Média	3,72					

¹ Pi_f – Pi para ambientes favoráveis; Pi_d – Pi para ambientes desfavoráveis

²Nota 1,0 – acima de 51% da área foliar infectada; Nota 5,0 – 0% da área foliar infectada.

Tabela 30. Estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de 26 genótipos de soja avaliados em sete ambientes para reação ao mildio (MD), com base no método proposto por Lin e Binns modificada por Carneiro (1998)¹

Genótipos	Média ²	Pi geral	Genótipos	Pi _f	Genótipos	Pi _d
16 BCR553G 306	4,80	0,0045	16	0,0000	15	0,0104
24 BCR1057G 162	4,75	0,0116	4	0,0001	16	0,0104
11 BCR1070G 251	4,73	0,0161	19	0,0001	23	0,0104
25 BCR1346 142	4,70	0,0179	21	0,0007	13	0,0130
23 DM 309	4,70	0,0188	17	0,0023	20	0,0130
8 BCR651G 75	4,69	0,0201	24	0,0027	11	0,0234
20 BCR1455 178	4,68	0,0200	25	0,0059	24	0,0234
13 BCR892G 140	4,67	0,0267	7	0,0077	22	0,0260
3 BCR892G 132	4,66	0,0279	9	0,0096	8	0,0339
1 BCR651G 68	4,66	0,0335	8	0,0098	25	0,0339
15 MSOY 8008RR	4,64	0,0282	11	0,0106	3	0,0417
7 BCR1459 189	4,62	0,0502	6	0,0107	1	0,0521
22 P98C81	4,61	0,0337	3	0,0176	5	0,0677
19 BCR1067G 189	4,60	0,1172	1	0,0195	7	0,1068
21 BCR1067G 210	4,58	0,1209	14	0,0215	12	0,1458
17 BCR1057G 157	4,56	0,1218	12	0,0215	2	0,2005
12 Valiosa RR	4,54	0,0748	18	0,0216	26	0,2344
4 CD 219 RR	4,53	0,1797	23	0,0251	19	0,2734
5 BCR945G 114	4,50	0,0827	20	0,0252	17	0,2813
6 BCR1070G 244	4,49	0,1780	13	0,0369	21	0,2813
2 BCR1070G 231	4,49	0,1086	22	0,0395	9	0,3255
9 BCR1070G 229	4,46	0,1450	2	0,0397	18	0,3255
26 UFV 18 PM	4,46	0,1250	15	0,0416	14	0,3672
18 BCR1070G 228	4,45	0,1519	26	0,0429	6	0,4010
14 BCR1070G 246	4,42	0,1696	10	0,0630	4	0,4193
10 BCR945G 110	4,27	0,2871	5	0,0940	10	0,5859
Média	4,59					

¹ Pi_f – Pi para ambientes favoráveis; Pi_d – Pi para ambientes desfavoráveis

² Nota 1,0 – acima de 51% da área foliar infectada; Nota 5,0 – 0% da área foliar infectada.

4.1.5.3. Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA)

O método do **Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA)** foi empregado nos caracteres produtividade de grãos (PD), reação à mancha alvo (MA) e reação ao míldio (MD).

Para o caráter produtividade de grãos (PD), as combinações entre os oito ensaios foram iniciadas ao pares, sendo realizadas 28 combinações. Para cada combinação foi estimado o parâmetro Pi de adaptabilidade e estabilidade de Lin e Binns (1988), esse foi então comparado com o Pi obtido considerando todos os ambientes, aqui denominado “Pi original”.

As correlações entre as estimativas de Pi são apresentadas na Tabela 31. Observou-se que, ao considerar pares de ambientes, a menor correlação entre as estimativas de Pi foi de -0,477 para os ambientes 1 (PL1) e 7 (PP). Por outro lado, a máxima correlação foi obtida na combinação dos ambientes 3 (PL3) e 8 (NU). A correlação média dos pares de ambientes foi de 0,63. Considerando as 56 combinações possíveis com três ambientes, observou-se que o Pi obtido nos ambientes 1 (PL1), 5 (PL5) e 7 (PP) apresentou a menor correlação (-0,041) com o Pi original. Já os ambientes 3 (PL3), 4 (PL4) e 8 (NU) obtiveram a maior correlação (0,949).

Na Tabela 31 observa-se, ainda, um aumento mais acentuado na magnitude das estimativas de correlação mínimas em comparação com as máximas a medida que mais ambientes foram considerados nas combinações. Na combinação envolvendo os ambientes 1 (PL1) e 7 (PP), quando a esta foi adicionado o ambiente 5 (PL5) a estimativa de correlação permaneceu negativa (-0,041), mas foi superior à anterior de -0,477. O mesmo comportamento ocorreu quando o ambiente 6 (PL6) foi adicionado à combinação 1 (PL1), 5 (PL5) e 7 (PP). Por outro lado, nas correlações máximas os ambientes 5 (PL5) e 6 (PL6) pouco adicionaram ao aumento das estimativas pois estas já eram de elevada magnitude devido aos ambientes 3 (PL3) e 8 (NU).

De modo geral, a medida que mais ambientes foram combinados, maiores estimativas de correlação foram obtidas. No entanto, mesmo combinações de vários ambientes, como 1 (PL1), 2 (PL2), 5 (PL5), 6 (PL6) e 7 (PP) tiveram correlações menores que a obtida no par 3 (PL3) e 8 (NU). Tal fato é um indicativo de que determinados ambientes podem ser insuficientes e menos confiáveis para classificar os genótipos quanto a adaptabilidade e estabilidade. A esse respeito, é necessário destacar que os ambientes 1 (PL1) e 7 (PP)

estiveram envolvidos nas combinações com menor correlação e pouco acrescentaram ao aumento das estimativas dos coeficientes de correlação quando combinados com os outros ambientes.

Tabela 31. Estimativas dos coeficientes de correlação máximos e mínimos entre os parâmetros Pi nas combinações de ambientes, para o caráter produtividade de grãos (PD) avaliado em 26 genótipos de soja em oito ambientes no estado do Mato Grosso¹

Combinações	Quantidade	Média	Ambientes	Mínimo	Ambientes	Máximo
2	28	0,630	1 7	-0,477	3 8	0,893
3	56	0,753	1 5 7	-0,041	3 4 8	0,949
4	70	0,837	1 5 6 7	0,435	2 3 4 8	0,982
5	56	0,896	1 2 5 6 7	0,711	2 3 4 5 8	0,990
6	28	0,939	1 2 3 5 6 7	0,830	2 3 4 5 6 8	0,995
7	8	0,973	1 2 3 4 5 6 7	0,925	1 2 3 4 5 6 8	0,999
8	1	1,000	Todos	1,000	Todos	1,000
Total	247					

¹ Ambientes: 1: PL1; 2: PL2; 3: PL3; 4: PL4; 5: PL5; 6: PL6; 7: PP; 8: NU.

Na Figura 4 é apresentada a dispersão gráfica das estimativas dos coeficientes de correlação entre o Pi original e os parâmetros Pi obtidos nas possíveis combinações dos ambientes. No eixo das abscissas são apresentados os números de ambientes nas combinações e nas ordenadas as magnitudes das correlações.

Observou-se que diferentes estimativas de correlação foram obtidas nas diversas combinações, havendo uma tendência de aumento das magnitudes nas combinações que envolveram mais ambientes. Porém, a estabilização dos coeficientes de correlação em patamares superiores a 0,900 ocorreu apenas nas combinações que envolveram sete ambientes.

Ao considerar uma faixa de correlação entre 0,8 e 0,9 como critério para redução da quantidade de ambientes, é possível selecionar a combinação desejada entre os diferentes tipos de combinações possíveis, desde aqueles envolvendo dois ambientes até aqueles com seis ambientes. No entanto, determinados ambientes não devem ser desconsiderados devido às suas particularidades. O ambiente 8 (NU), por exemplo, deve permanecer na rede de ensaios pois é representativo da região norte do Estado do Mato Grosso.

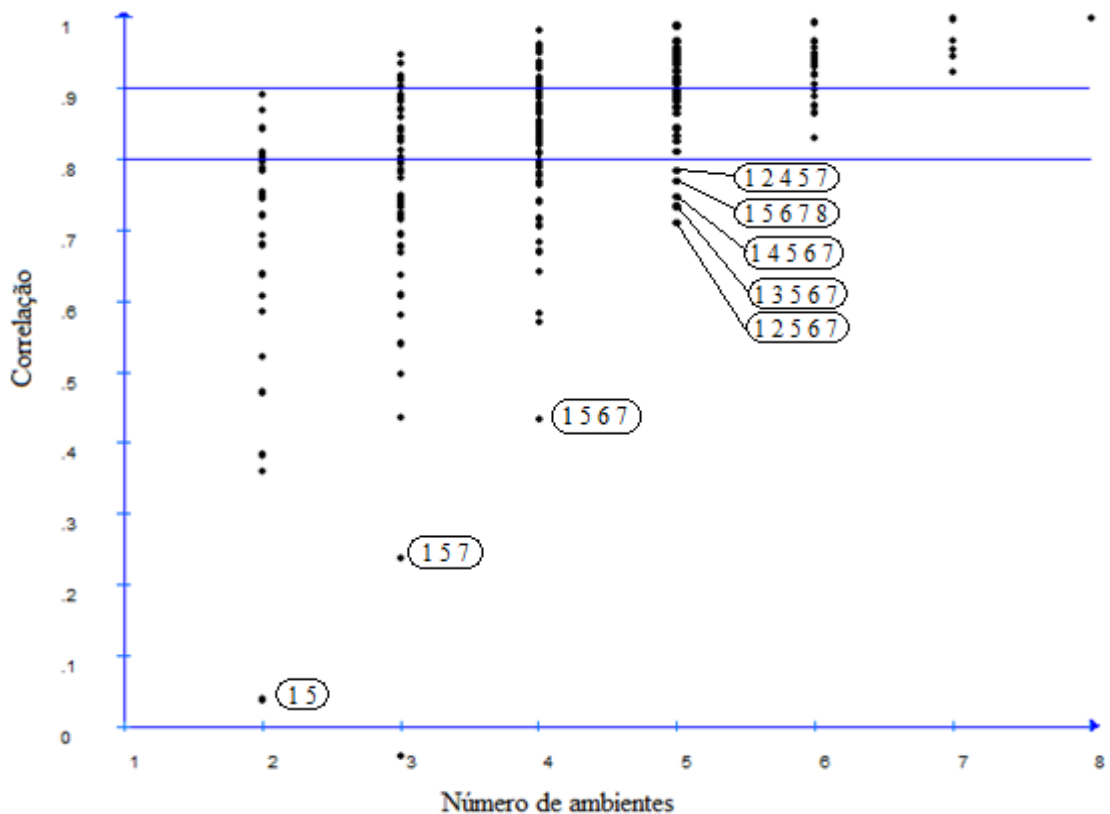


Figura 4. Dispersão gráfica das estimativas dos coeficientes de correlação entre os parâmetros P_i dos 26 genótipos de soja, em sete tipos de combinações, para o caráter produtividade de grãos (PD) avaliado em oito ambientes, no estado do Mato Grosso.

Da mesma forma que os coeficientes de correlação, as estimativas P_i de cada genótipo nas diferentes combinações de ambientes também podem ser visualizadas em gráficos. Esse procedimento permite verificar possíveis alterações na recomendação (P_i) dos genótipos.

Na Figura 5 são apresentadas as estimativas dos parâmetros P_i dos genótipos BCR1455 178 e BCR1057G 157 nas diferentes combinações dos ambientes. Esses genótipos foram escolhidos para demonstrar a variação do comportamento de P_i pois apresentaram as menores e maiores estimativas do parâmetro, respectivamente, ao considerar todos os ambientes.

Na figura são delimitados quadrantes relativos aos tipos de combinação dos ambientes, separados por linhas verticais que partem do eixo das abscissas. Em cada “n” quadrante estão representadas as estimativas de P_i do(s) genótipo(s) nas combinações envolvendo “n+1” ambientes. Assim, por exemplo, no primeiro quadrante ($n=1$) estão as estimativas de P_i considerando pares de ambientes e no segundo quadrante ($n=2$) são apresentadas as estimativas de P_i nas combinações envolvendo três ambientes.

No eixo das ordenadas estão representadas as classificações de Pi de modo decrescente, ou seja, na parte superior do eixo estão as menores estimativas ($< P_i$) e na inferior, as maiores ($> P_i$).

Na Figura 5, observou-se que o genótipo BCR1455 178, representado pelos pontos ligados por linhas vermelhas, obteve as menores estimativas de Pi ao considerar os diferentes tipos de combinação de ambientes. Porém, em determinadas combinações o genótipo não apresentou a menor estimativa de Pi, a exemplo de combinações que envolveram apenas dois ambientes (primeiro quadrante).

De fato, nas combinações que envolveram menor quantidade de ambientes o genótipo BCR1455 178 obteve estimativas de Pi não representativas da estimativa verdadeira (Pi original). Comportamento semelhante também foi observado no genótipo BCR1057G 157 (pontos ligados pelas linhas verdes). Este genótipo apresentou variações na classificações de Pi, sendo classificado como o genótipo de menor Pi, classificação 1, em apenas combinações que envolveram dois ambientes.

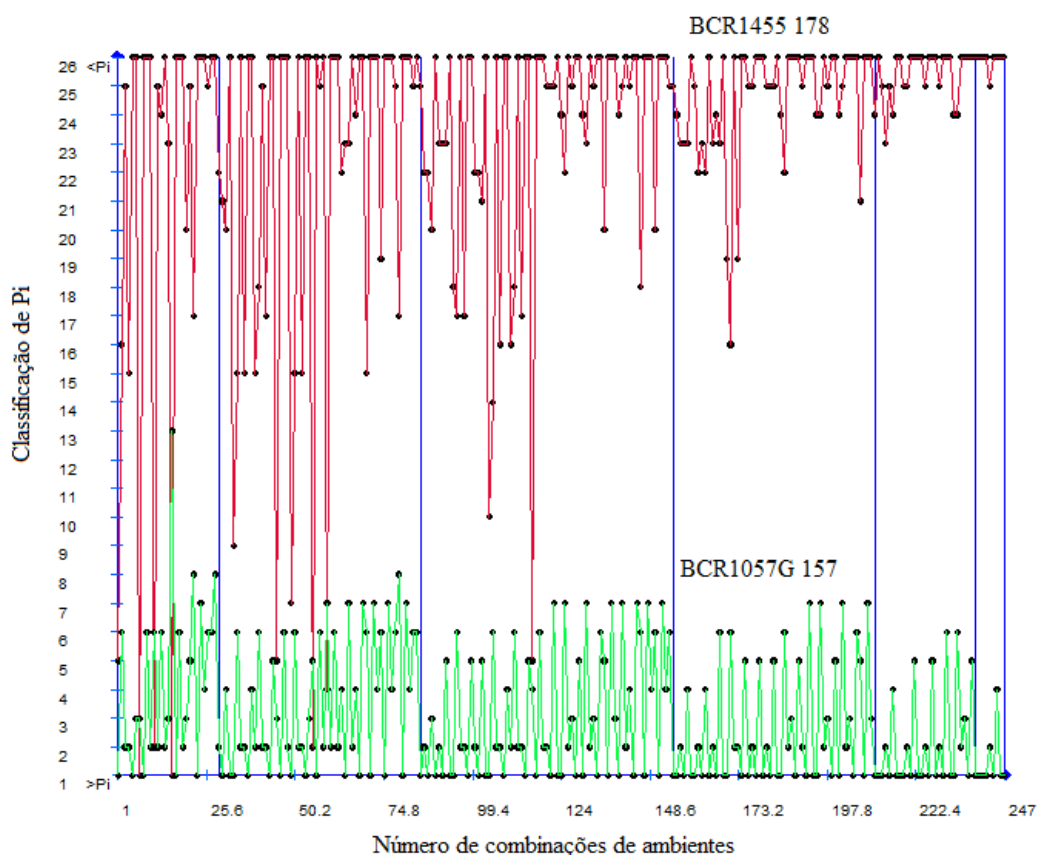


Figura 5. Estimativas das classificações de Pi dos genótipos BCR1455 178 (linhas vermelhas) e BCR1057G 157 (linhas verde) nas combinações de ambientes para o caráter produtividade de grãos (PD).

Considerando a o caráter reação à mancha alvo (MA), foram realizadas as combinações dos seis ambientes (ensaios) onde esse caráter foi avaliado (Tabela 32). Nas 15 combinações de pares de ambientes a estimativa média do coeficiente de correlação foi de 0,829. A maior correlação foi de 0,976 obtida nos ambientes 1 (PL1) e 6 (PL6), e a menor nos ambientes 2 (PL2) e 4 (PL4).

Para as 20 combinações possíveis com três ambientes, observou-se que a maior correlação foi obtida pelos ambientes 1 (PL1), 5 (PL5) e 6 (PL6), e a menor por 2 (PL2), 4 (PL4) e 5 (PL5). Novamente os ambientes 2 (PL2) e 4 (PL4) estiveram envolvidos na combinação de menor correlação e, mesmo com a adição do ambiente 5 (PL5) a correlação foi menor que a média (0,913).

Nas combinações envolvendo quatro e cinco ambientes as correlações médias foram de 0,956 e 0,983 respectivamente. De modo geral, as correlações tenderam à aumentar a medida que mais ambientes foram combinados.

Tabela 32. Estimativas dos coeficientes de correlação máximos e mínimos entre os parâmetros Pi nas combinações de ambientes, para o caráter reação à mancha alvo (MA) avaliado em 26 genótipos de soja em seis ambientes no estado do Mato Grosso¹

Combinações	Quantidade	Média	Ambientes	Mínimo	Ambientes	Máximo
2	15	0,829	2 4	0,385	1 6	0,976
3	20	0,913	2 4 5	0,665	1 5 6	0,995
4	15	0,956	2 3 4 5	0,812	1 3 5 6	0,998
5	6	0,983	2 3 4 5 6	0,938	1 2 3 5 6	1,000
6	1	1,000	Todos	1,000	Todos	1,000
Total	57					

¹ Ambientes: 1: PL1; 2: PL2; 3: PL3; 4: PL4; 5: PL5; 6: PL6; 7: PP; 8: NU.

Na Figura 6 é apresentada a dispersão gráfica das estimativas dos coeficientes de correlação entre os parâmetros Pi. De todas as 57 combinações possíveis apenas 12 apresentaram correlação abaixo de 0,900 e envolveram com mais frequência o ambiente 2 (PL2). Isso pode ser explicado pelo fato desse ambiente não ter apresentado efeito genotípico significativo na análise individual de variância para o caráter reação à mancha alvo (MA).

Em comparação ao caráter produtividade de grãos (PD), a estabilização das correlações em patamares superiores a 0,900 ocorreu em combinações envolvendo menos

ambientes pois a reação de resistência ou susceptibilidade à mancha (MA) é determinada por poucos genes e sofre menos influência do ambiente.

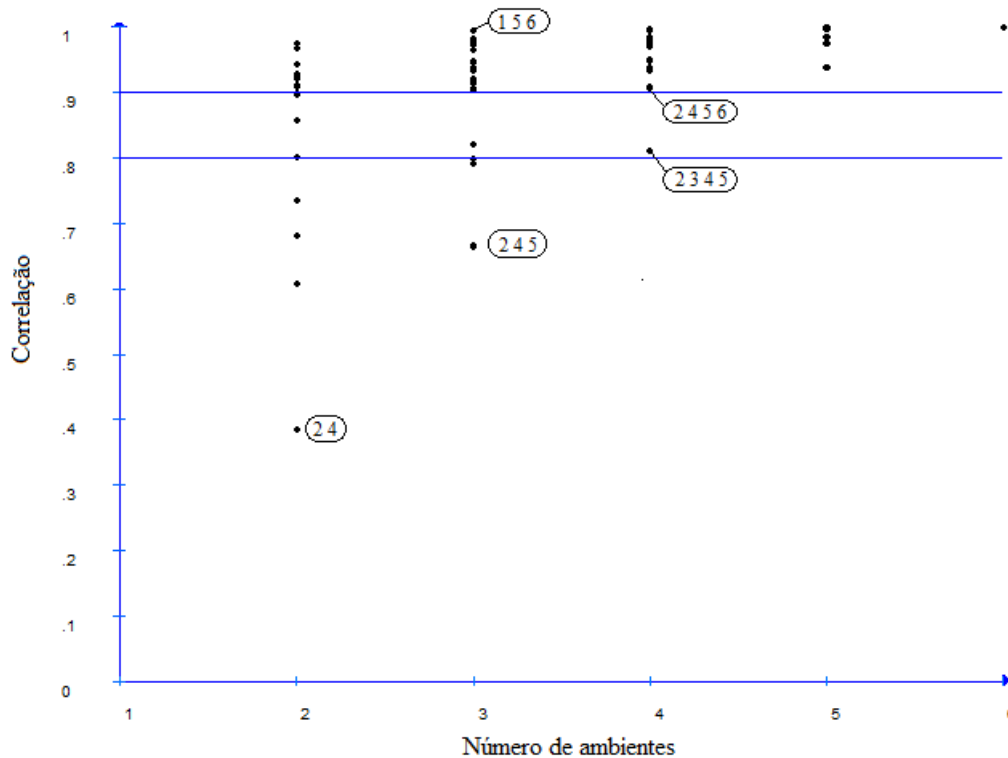


Figura 6. Dispersão gráfica das estimativas dos coeficientes de correlação entre os parâmetros Pi dos 26 genótipos de soja, em cinco tipos de combinações, para o caráter reação à mancha alva (MA) avaliado em cinco ambientes, no estado do Mato Grosso.

Na Figura 7 é apresentado o comportamento dos genótipos BCR1455 178 e BCR1057G 162 quanto às estimativas Pi para reação à mancha alva (MA). Considerando todos os ambientes, os genótipos obtiveram as menores e maiores estimativas Pi, respectivamente. Porém, em determinadas combinações de ambientes não apresentaram essas estimativas. Em oito combinações de ambientes o genótipo BCR1455 178 apresentou a terceira menor estimativa Pi e em duas combinações, a segunda menor estimativa. No entanto, essas estimativas ainda continuaram baixas e mantiveram a classificação de adaptabilidade geral do genótipo.

O comportamento do genótipo BCR1057G 162, representado pelos pontos ligados pelas linhas roxas, também apresentou diferentes magnitudes das estimativas Pi em algumas

combinações de ambientes. A estabilização da classificação Pi do genótipo ocorreu apenas quando as combinações envolveram cinco ambientes.

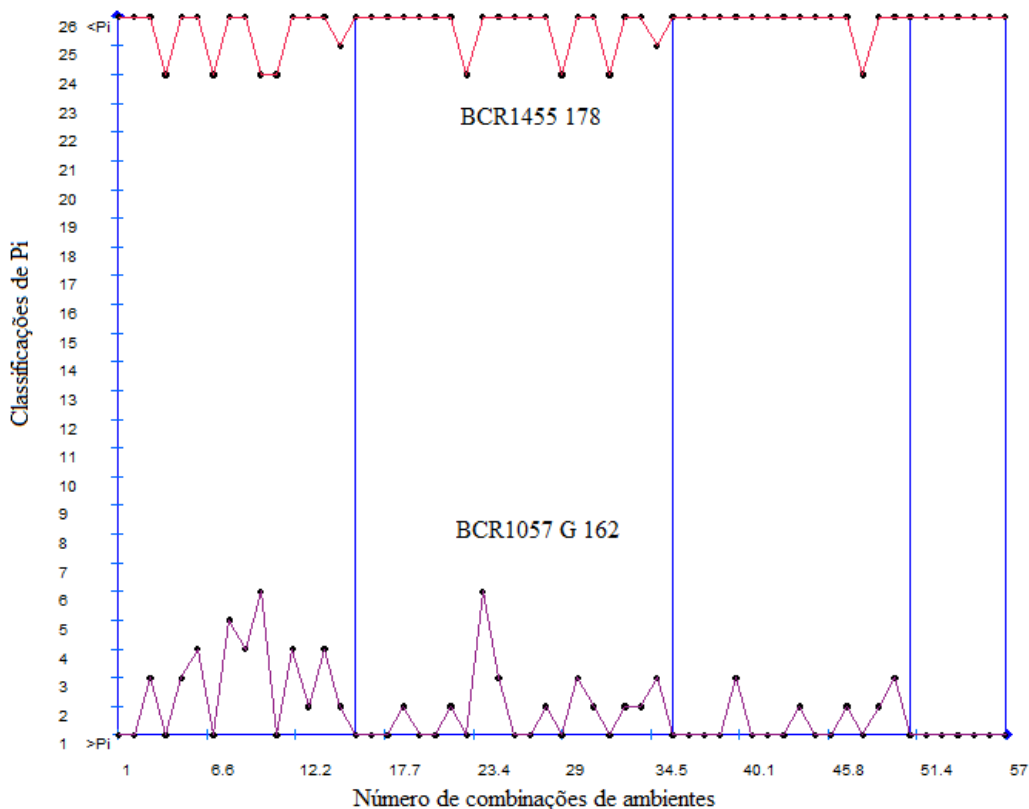


Figura 7. Estimativas das classificações de Pi dos genótipos BCR1455 178 e BCR1057G 162 nas combinações de ambientes para o caráter reação à mancha alvo (MA).

Para o caráter reação ao míldio (MD) foram realizadas as combinações dos sete ensaios onde esse caráter foi avaliado (Tabela 33). Nas 21 combinações de pares de ambientes a estimativa média do coeficiente de correlação foi de 0,463. A maior correlação foi de 0,984 obtida nos ambientes 2 (PL1) e 8 (NU), e a menor (- 0,068) nos ambientes 6 (PL6) e 7 (PP).

Nas 35 combinações possíveis com três ambientes, observou-se que a maior correlação foi obtida pelos ambientes 2 (PL2), 3 (PL3) e 8 (NU), e a menor por 5 (PL5), 6 (PL6) e 7 (PP). A estimativa média do coeficiente de correlação (0,602) foi menor que a obtida no caráter reação à mancha alvo (MA) nas combinações envolvendo dois ambientes.

A medida que mais ambientes foram combinados, maiores estimativas de correlação foram obtidas. No entanto, mesmo combinações de vários ambientes, como 2 (PL2), 3 (PL3), 4 (PL4), 5 (PL5), 6 (PL6) e 7 (PP) tiveram correlações menores que a obtida no par 2 (PL2) e 8 (NU).

Tabela 33. Estimativas dos coeficientes de correlação máximos e mínimos entre os parâmetros Pi nas combinações de ambientes, para o caráter reação ao mildio (MD) avaliado em 26 genótipos de soja em sete ambientes no estado do Mato Grosso¹

Combinações	Quantidade	Média	Ambientes	Mínimo	Ambientes	Máximo
2	21	0,463	6 7	-0,068	2 8	0,984
3	35	0,602	5 6 7	0,076	2 3 8	0,993
4	35	0,717	3 5 6 7	0,167	2 3 4 8	0,995
5	21	0,818	2 3 5 6 7	0,295	2 3 4 5 8	0,998
6	7	0,911	2 3 4 5 6 7	0,398	2 3 4 5 7 8	1,000
7	1	1,000	Todos	1,000	Todos	1,000
Total	120					

¹ Ambientes: 1: PL1; 2: PL2; 3: PL3; 4: PL4; 5: PL5; 6: PL6; 7: PP; 8: NU.

Na Figura 8 é apresentada a dispersão gráfica das estimativas dos coeficientes de correlação entre os parâmetros Pi. De todas as combinações possíveis, houve uma grande quantidade que apresentou correlação abaixo de 0,50, compostas principalmente pelos ambientes 4 (PL3), 5 (PL5) e 6 (NU).

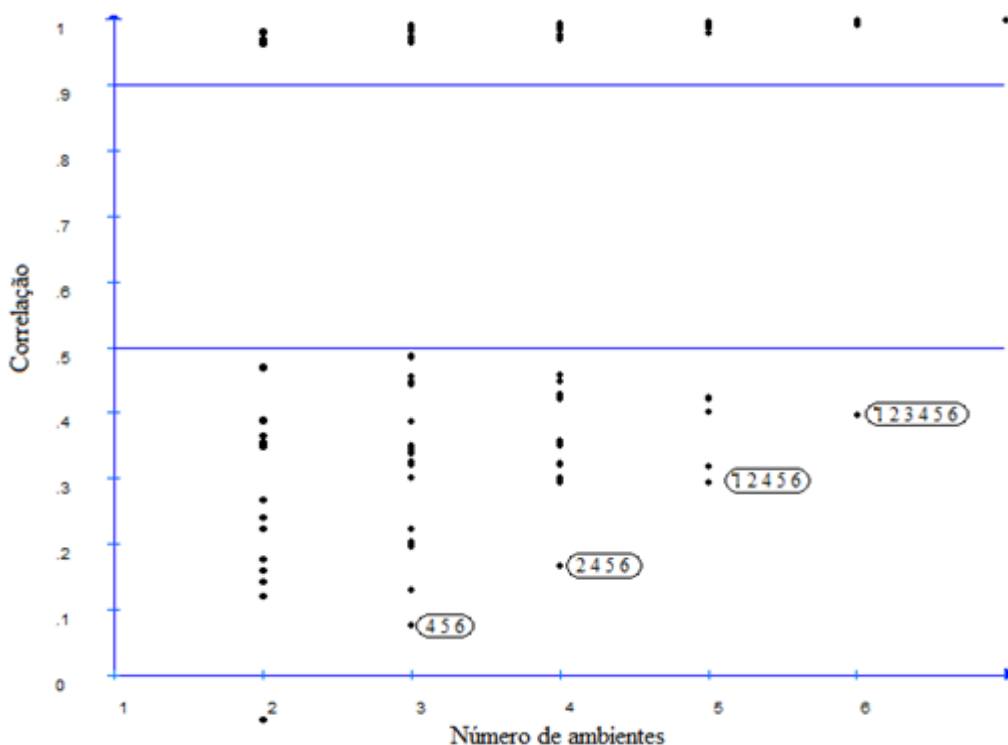


Figura 8. Dispersão gráfica das estimativas dos coeficientes de correlação entre os parâmetros Pi dos 26 genótipos de soja, em sete tipos de combinações, para o caráter reação ao mildio (MD) avaliado em seis ambientes, no estado do Mato Grosso.

Todas combinações envolvendo o ambiente 8 (NU) apresentaram correlação acima de 0,960. Esses resultados ilustram a importância deste ambiente para a classificação dos genótipos quanto a adaptabilidade e estabilidade.

Na Figura 9 é apresentado o comportamento dos genótipo BCR553G 306 e BCR945G 110 quanto às estimativas Pi para reação ao míldio (MD). Considerando todos os ambientes, o genótipo BCR553G 306 obteve a menor estimava Pi, no entanto em determinadas combinações de ambientes não apresentou a menor estimativa. Mesmo em combinações que envolviam mais de quatro ambientes a classificação Pi foi diferente do Pi original.

Por outro lado, o genótipo BCR945G 110 apresentou estimativas de Pi condizentes com o seu Pi original em combinações que envolveram poucos ambientes. No entanto, a estabilização da classificação Pi do genótipo ocorreu nas combinações que envolveram mais de cinco ambientes.

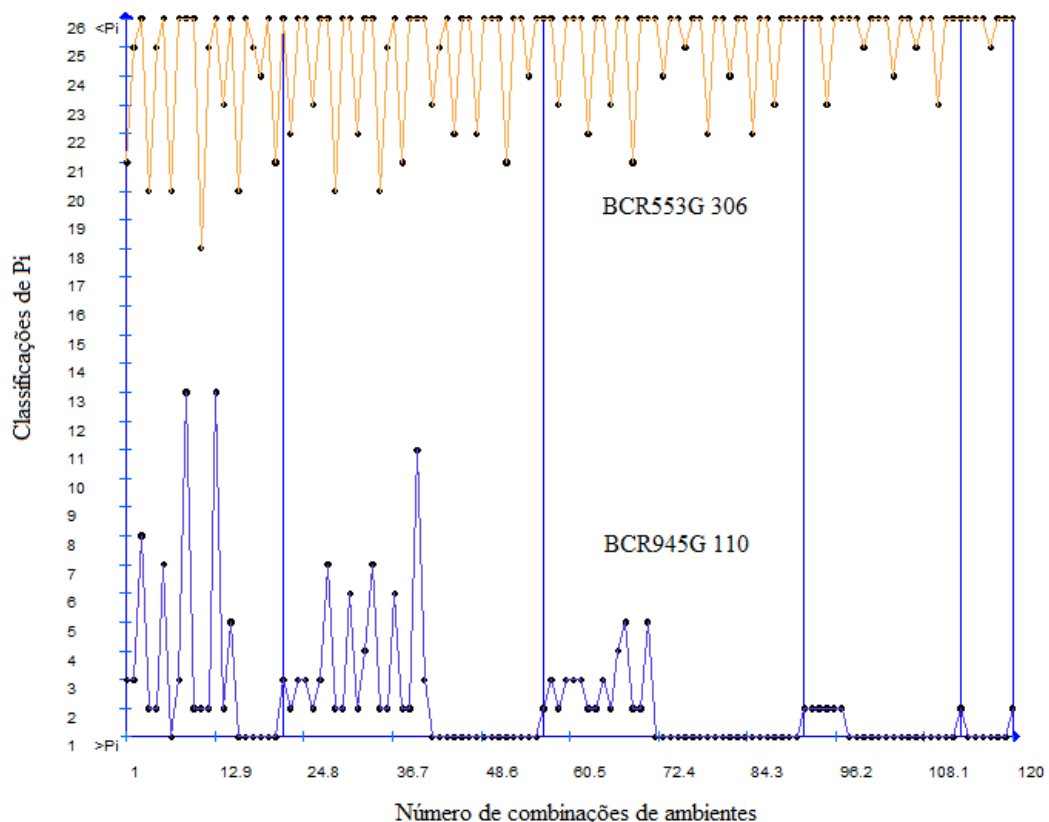


Figura 9. Estimativas de classificação de Pi dos genótipos BCR553G 306 e BCR945G 110 nas combinações de ambientes para o caráter reação ao míldio (MD).

De modo geral, o método do número ótimo de ambientes permitiu a identificação dos ambientes mais e menos representativos para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, considerando os caracteres produtividade de grãos (PD), reação a mancha alvo (MA) e reação ao míldio (MD).

O método também mostrou-se útil para otimizar decisões com relação a descarte de ambientes quando existirem problemas técnicos ou escassez de recursos. Além de permitir a avaliação da consistência do comportamento dos genótipos quanto às estimativas de adaptabilidade e estabilidade em diferentes situações.

4.1.6 Diversidade genética

As matrizes de distâncias de Mahalanobis (D^2) entre todos os pares de genótipos foram obtidas em cada ambiente, considerando todos os caracteres agronômicos. A associação entre essas medidas de dissimilaridade foi verificada através da correlação entre matrizes, cuja significância foi testada através do teste Z de Mantel (Tabela 34).

As correlações entre as medidas de distâncias variaram de -0,001 a 0,764. O par de matrizes de distâncias que apresentou a maior correlação foi constituído pelos ensaios conduzidos em Primavera do Leste nas safras 2007/08 (PL1) e 2009/10 (PL5), na primeira época de semeadura.

Na Figura 10 é apresentada a relação entre as matrizes de distâncias dos ensaios PL1 e PL5. Observou-se que a dispersão gráfica dos pontos apresenta uma relação linear, indicativo da congruência entre as matrizes.

Todos os coeficientes de correlação foram significativos pelo teste de Mantel ($P < 0,01$), exceto o coeficiente entre as matrizes obtidas nos ensaios conduzidos em Primavera do Leste na terceira época de semeadura da safra 2008/09 (PL4) e em Nova Ubiratã na safra 2009/10 (NU). Nesse par de ensaios a estimativa do coeficiente de correlação foi baixa e negativa, como pode ser observado na Figura 11.

Observando a tabela 34 foi possível verificar que as menores correlações envolveram a matriz de dissimilaridade do ensaio conduzido em Primavera do Leste na terceira época de semeadura da safra 2008/09 (PL4). As distâncias entre os genótipos nesse ensaio diferiram das distâncias obtidas nos outros em consequência do comportamento diferencial dos genótipos nessa época de cultivo.

Além disso, baixas correlações entre distâncias também foram observadas em ensaios conduzidos no mesmo local em épocas diferentes, a exemplo dos ensaios conduzidos em Primavera do Leste na safra 2008/09 que apresentaram coeficiente de correlação menor que 0,5. Da mesma forma, ensaios conduzidos em locais diferentes também podem apresentar baixa correlação, haja vista o par Nova Ubiratã (NU) e Pedra Preta (PP) com correlação de 0,281.

A esse respeito, Bainswal e Jatarsa (1980) enfatizam a necessidade de conduzir estudos de diversidade em condições ambientais múltiplas pois o efeito de ambiente pode modificar a expressão dos caracteres e comprometer as análises de diversidade.

Tabela 34. Coeficientes de correlação e intervalos de confiança do teste de Mantel entre as matrizes de dissimilaridades de 26 genótipos avaliados em oito ambientes no estado do Mato Grosso

Matrizes	Coeficientes de Correlação	Teste de Mantel - Níveis críticos			
		5%		1%	
PL1 x PL5	0,764	0,166	0,341	0,128	0,380
PL1 x PL6	0,692	0,074	0,238	0,043	0,279
PL5 x PL6	0,678	0,076	0,252	0,045	0,292
PL1 x PL3	0,675	0,173	0,346	0,130	0,376
PL1 x PL2	0,674	0,087	0,280	0,048	0,330
PL3 x PL6	0,655	0,086	0,259	0,057	0,300
PL2 x PP	0,648	0,077	0,253	0,041	0,290
PL1 x PP	0,647	0,084	0,259	0,046	0,290
PL2 x PL5	0,621	0,102	0,288	0,068	0,319
PL3 x PL5	0,616	0,113	0,293	0,080	0,323
PL5 x PP	0,591	0,063	0,250	0,018	0,288
PL2 x PL6	0,560	0,022	0,195	-0,008	0,250
PL6 x PP	0,558	0,038	0,210	-0,005	0,246
PL3 x NU	0,524	0,179	0,359	0,145	0,389
PL5 x NU	0,500	0,122	0,318	0,070	0,351
PL2 x PL3	0,492	0,120	0,272	0,082	0,301
PL1 x NU	0,480	0,129	0,305	0,089	0,343
PL4 x PP	0,416	0,125	0,308	0,091	0,355
PL2 x NU	0,375	0,047	0,240	0,012	0,275
PL2 x PL4	0,359	0,024	0,214	-0,005	0,244
PL3 x PP	0,334	0,004	0,175	-0,036	0,213
PL6 x NU	0,317	0,101	0,285	0,057	0,317
PL4 x PL6	0,311	-0,035	0,132	-0,073	0,162
PP x NU	0,281	0,044	0,203	0,013	0,228
PL4 x PL5	0,269	-0,009	0,180	-0,040	0,209
PL1 x PL4	0,268	-0,015	0,140	-0,048	0,171
PL3 x PL4	0,205	-0,058	0,099	-0,088	0,135
PL4 x NU	-0,001	-0,033	0,127	-0,069	0,162

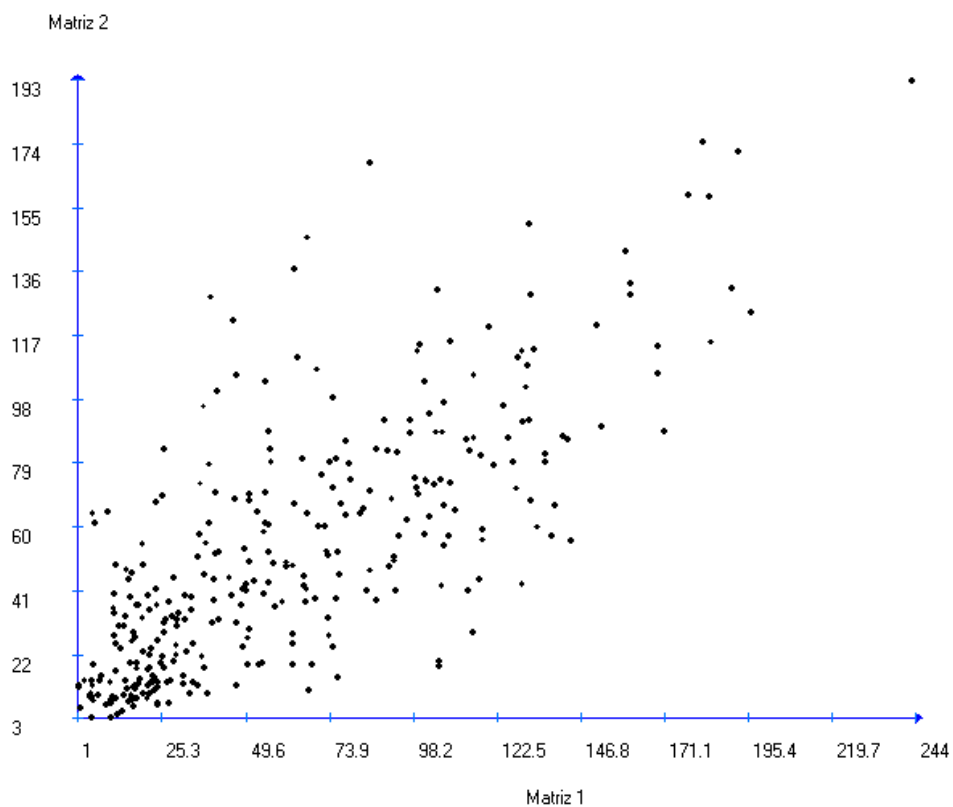


Figura 10. Dispersão gráfica dos valores de distâncias entre 26 genótipos de soja estimadas a partir dos ensaios PL1 (matriz 1) e PL5 (matriz 2) de

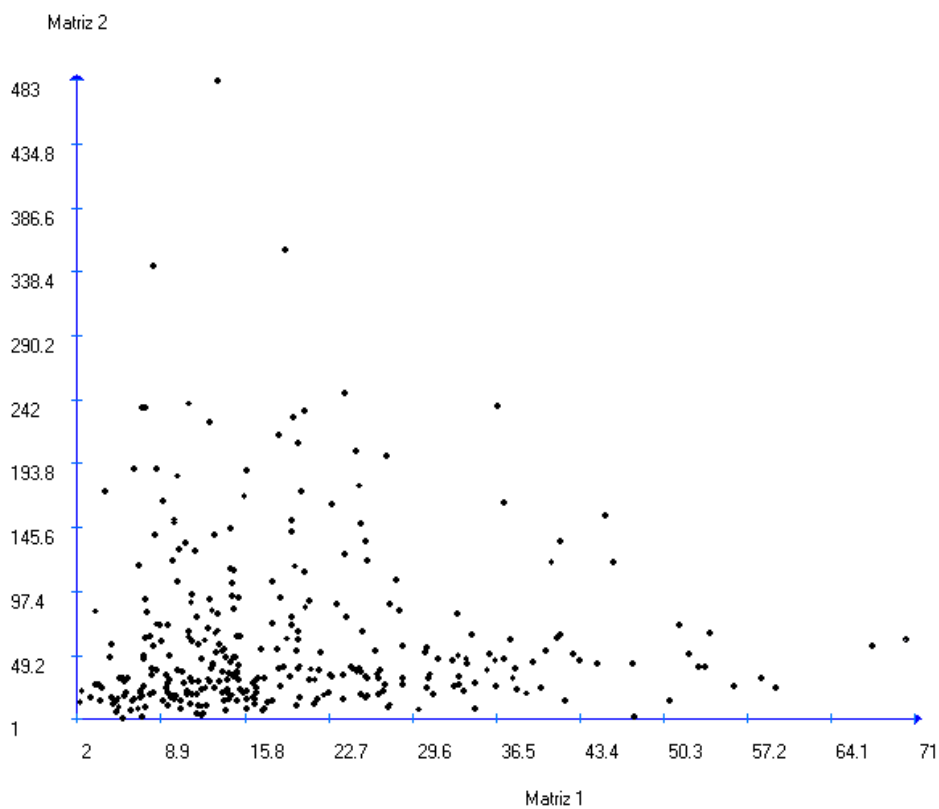


Figura 11. Dispersão gráfica dos valores de distâncias entre 26 genótipos de soja estimadas a partir dos ensaios PL4 (matriz 1) e NU (matriz 2)

É desejável que a expressão da divergência genética entre genótipos se mantenha estável ou consistente nos ambientes avaliados para que possa ser utilizada no melhoramento genético vegetal (JAIN *et al.*, 1981).

Para analisar a consistência das distâncias entre os genótipos são apresentadas as 20 maiores e menores distâncias de Mahalanobis (D^2) obtidas nos ensaios (Tabelas 35 a 38). Observou-se que não houve concordância na ordem de classificação dos pares de genótipos quanto às distâncias. Entretanto, os seguintes pares apresentaram as menores distâncias mais frequentemente nos ensaios: BCR553G 306 (16) x BCR1057G 157 (17), BCR553G 306 (16) x BCR1067G 210 (21), BCR1057G 157 (17) x BCR1067G 189(19), BCR1067G 210 (21) x BCR1057 162 (24) e BCR1067G 189(19) x BCR1057 162 (24).

Em relação às maiores distâncias, os pares de genótipos BCR651G 68 (1) x MSOY 8008RR (15), MSOY 8008RR (15) x BCR1455 178 (20), MSOY 8008RR (15) x DM 309 (23), BCR553G 306 (16) x DM 309 (23), BCR1057G 157 (17) x DM 309 (23) e BCR1067G 189 (19) x DM 309 (23) estiveram envolvidos mais frequentemente. Os genótipos DM 309 (23), MSOY 8008 RR (15), BCR1455 178 (20) e BCR651G 68 (1) predominaram na classificação de maior dissimilaridade.

A identificação dos genótipos mais distantes ou divergentes é útil para orientar a escolha de progenitores para hibridações. No entanto, o número de estimativas de medidas de distância é relativamente grande, o que torna impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual. Por isso, faz-se necessário o uso dos métodos de agrupamento.

Os métodos de agrupamento utilizados foram os métodos de otimização de Tocher e hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA). No método de otimização realizou-se a partição do conjunto de genótipos em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos, nos quais a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo foi menor que as distâncias médias entre os grupos. Dessa forma, genótipos de menor dissimilaridade estão no mesmo grupo e os de maior dissimilaridade em grupos distintos.

No método hierárquico UPGMA os genótipos também foram agrupados com base nas médias aritméticas das medidas de dissimilaridade. No entanto, as distâncias foram representadas na forma de dendograma para permitir a visualização da magnitude das distâncias e aproximação dos genótipos.

Nas tabelas 39 a 46 são apresentadas os grupos estabelecidos pelo método de otimização de Tocher em todos os oito ensaios.

Tabela 35. Pares de genótipos com as maiores e menores distâncias de Mahalanobis (D^2) nos ensaios conduzidos na primeira época de semeadura nas safras 2007/08 (PL1) e 2008/09 (PL2) em Primavera do Leste, Mato Grosso¹

PL1						PL2					
Ordem	Menores distâncias		Maiores distâncias			Ordem	Menores distâncias		Maiores distâncias		
	Genótipos	D^2	Genótipos	D^2	Genótipos		D^2	Genótipos	D^2		
1	16 x 19	1,139	17 x 22	139,388	1	17 x 19	1,505	8 x 15	63,950		
2	19 x 21	1,222	7 x 16	141,473	2	2 x 3	2,545	7 x 15	65,006		
3	16 x 21	1,344	17 x 20	142,958	3	4 x 10	2,767	15 x 26	67,376		
4	21 x 24	2,638	7 x 17	144,151	4	14 x 18	2,951	10 x 15	68,988		
5	9 x 11	4,233	1 x 21	151,270	5	3 x 13	3,042	4 x 15	69,023		
6	4 x 12	4,294	1 x 19	152,879	6	4 x 11	3,228	6 x 25	69,273		
7	9 x 12	4,527	6 x 23	159,977	7	21 x 24	3,459	20 x 21	70,006		
8	16 x 24	4,582	23 x 24	161,162	8	22 x 25	3,649	15 x 22	71,656		
9	19 x 24	4,593	1 x 16	161,278	9	22 x 26	3,815	1 x 15	77,633		
10	11 x 12	4,886	7 x 15	169,144	10	7 x 13	4,331	5 x 15	78,110		
11	14 x 18	4,982	15 x 25	169,230	11	20 x 23	4,576	17 x 23	80,110		
12	10 x 13	4,993	1 x 17	170,962	12	5 x 7	4,677	19 x 23	81,603		
13	4 x 9	5,318	21 x 23	178,181	13	1 x 7	4,757	16 x 20	82,676		
14	16 x 17	5,386	1 x 15	182,264	14	8 x 13	4,845	6 x 23	87,797		
15	5 x 8	5,712	15 x 20	184,078	15	16 x 21	5,002	15 x 25	96,075		
16	11 x 14	6,425	15 x 22	184,429	16	2 x 18	5,216	17 x 20	99,130		
17	4 x 11	6,594	19 x 23	190,796	17	3 x 26	5,249	19 x 20	102,443		
18	11 x 18	7,016	16 x 23	192,748	18	5 x 26	5,252	6 x 20	110,772		
19	12 x 18	7,294	17 x 23	196,348	19	1 x 5	5,284	15 x 23	116,742		
20	22 x 25	7,381	15 x 23	243,043	20	3 x 18	5,289	15 x 20	140,426		

¹Genótipos codificados de acordo com a Tabela 2.

Tabela 36. Pares de genótipos com as maiores e menores distâncias de Mahalanobis (D^2) nos ensaios conduzidos na segunda e terceira época de semeadura nas safras 2008/09 (PL3 e PL4) em Primavera do Leste, Mato Grosso¹

PL3					PL4				
Ordem	Menores distâncias		Maiores distâncias		Ordem	Menores distâncias		Maiores distâncias	
	Genótipos	D^2	Genótipos	D^2		Genótipos	D^2	Genótipos	D^2
1	19 x 24	1,720	21 x 23	87,293	1	16 x 17	2,206	3 x 23	41,788
2	16 x 19	1,973	16 x 23	88,298	2	10 x 12	2,335	14 x 26	42,218
3	19 x 21	2,944	8 x 12	91,527	3	7 x 8	3,029	21 x 23	42,836
4	17 x 19	3,144	17 x 23	94,160	4	18 x 24	3,427	23 x 24	43,415
5	17 x 24	3,192	19 x 23	95,438	5	2 x 6	3,520	20 x 24	44,862
6	6 x 15	3,203	1 x 6	98,798	6	5 x 18	3,765	2 x 23	45,484
7	3 x 12	3,557	6 x 8	99,239	7	9 x 18	3,831	1 x 20	46,141
8	21 x 24	3,879	23 x 24	99,905	8	3 x 5	3,972	13 x 14	47,730
9	11 x 25	3,958	1 x 21	100,804	9	15 x 22	4,289	17 x 19	47,869
10	16 x 17	4,276	1 x 19	106,343	10	5 x 10	4,657	16 x 19	50,756
11	16 x 21	4,418	1 x 24	107,731	11	5 x 11	4,790	16 x 23	51,551
12	7 x 26	4,522	1 x 16	107,758	12	19 x 22	4,803	20 x 21	52,388
13	3 x 10	4,544	8 x 15	113,649	13	10 x 18	4,870	14 x 19	53,220
14	10 x 11	4,752	8 x 21	116,183	14	21 x 24	5,184	6 x 20	53,778
15	16 x 24	5,434	1 x 15	116,211	15	5 x 24	5,192	17 x 23	54,091
16	4 x 10	5,777	8 x 16	119,081	16	9 x 12	5,376	14 x 20	56,130
17	9 x 14	5,863	1 x 17	119,401	17	12 x 18	5,387	6 x 23	58,391
18	14 x 18	6,283	8 x 19	123,454	18	10 x 11	5,409	14 x 23	59,599
19	7 x 22	6,357	8 x 24	128,166	19	7 x 13	5,661	17 x 20	67,471
20	1 x 8	6,442	8 x 17	133,959	20	9 x 11	5,733	16 x 20	70,274

¹Genótipos codificados de acordo com a Tabela 2.

Tabela 37. Pares de genótipos com as maiores e menores distâncias de Mahalanobis (D^2) nos ensaios conduzidos na primeira e segunda época de semeadura nas safras 2009/10 (PL5 e PL6) em Primavera do Leste, Mato Grosso¹

PL5					PL6				
Ordem	Menores distâncias		Maiores distâncias		Ordem	Menores distâncias		Maiores distâncias	
	Genótipos	D^2	Genótipos	D^2		Genótipos	D^2	Genótipos	D^2
1	17 x 19	3,396	20 x 21	119,737	1	1 x 8	1,638	15 x 20	67,814
2	19 x 24	3,498	1 x 21	120,309	2	21 x 24	1,923	15 x 22	67,837
3	17 x 24	4,268	6 x 13	121,344	3	5 x 13	2,137	19 x 20	70,622
4	6 x 9	5,346	17 x 23	123,936	4	14 x 18	2,201	1 x 15	72,804
5	16 x 21	6,184	4 x 13	128,459	5	1 x 13	2,349	4 x 23	73,186
6	1 x 8	6,800	16 x 20	129,134	6	8 x 13	2,649	17 x 20	75,975
7	9 x 17	7,173	1 x 16	129,239	7	6 x 7	2,764	8 x 15	79,112
8	17 x 21	7,351	4 x 23	130,606	8	1 x 5	2,818	20 x 21	81,595
9	9 x 18	7,474	19 x 23	130,996	9	17 x 21	3,352	20 x 24	84,567
10	2 x 19	7,879	23 x 24	132,432	10	16 x 17	3,427	16 x 22	88,064
11	2 x 24	7,883	13 x 21	136,721	11	19 x 21	3,428	15 x 23	88,852
12	2 x 6	8,148	6 x 23	142,152	12	16 x 21	3,571	19 x 22	93,547
13	16 x 17	8,380	13 x 16	146,173	13	19 x 24	3,905	17 x 22	99,571
14	22 x 26	8,600	8 x 15	150,291	14	5 x 8	4,029	16 x 23	100,886
15	6 x 19	8,616	15 x 20	158,287	15	9 x 11	4,098	22 x 24	105,387
16	12 x 19	9,008	21 x 23	158,651	16	20 x 25	4,287	21 x 22	109,885
17	20 x 22	9,010	13 x 15	168,335	17	17 x 24	4,444	19 x 23	112,692
18	5 x 10	9,025	16 x 23	171,547	18	6 x 10	4,834	17 x 23	118,694
19	6 x 24	9,075	1 x 15	174,736	19	6 x 11	5,093	23 x 24	125,063
20	12 x 24	9,103	15 x 23	192,678	20	17 x 19	5,148	21 x 23	125,158

¹Genótipos codificados de acordo com a Tabela 2.

Tabela 38. Pares de genótipos com as maiores e menores distâncias de Mahalanobis (D^2) nos ensaios conduzidos na safra 2009/10 em Pedra Preta (PP) e Nova Ubiratã (NU), Mato Grosso¹

PP					NU				
Ordem	Menores distâncias		Maiores distâncias		Ordem	Menores distâncias		Maiores distâncias	
	Genótipos	D^2	Genótipos	D^2		Genótipos	D^2	Genótipos	D^2
1	17 x 24	0,705	18 x 23	78,828	1	7 x 13	1,876	6 x 15	177,309
2	2 x 6	1,462	12 x 22	79,965	2	17 x 19	2,838	15 x 25	184,608
3	17 x 21	1,542	17 x 23	80,741	3	17 x 21	3,209	15 x 20	188,427
4	21 x 24	1,800	9 x 23	81,993	4	9 x 14	4,696	1 x 4	189,857
5	16 x 18	2,069	16 x 23	83,593	5	3 x 11	5,609	15 x 26	190,306
6	11 x 14	2,144	5 x 20	84,096	6	4 x 12	6,104	1 x 12	199,319
7	17 x 19	2,293	3 x 20	92,937	7	5 x 24	6,439	1 x 18	203,700
8	9 x 10	3,232	3 x 23	94,940	8	3 x 12	7,966	1 x 11	209,547
9	6 x 16	3,361	2 x 20	95,753	9	23 x 25	8,197	1 x 17	215,210
10	16 x 17	3,379	6 x 20	96,550	10	6 x 9	8,355	15 x 23	225,219
11	16 x 21	3,464	19 x 20	98,973	11	19 x 21	8,591	1 x 3	228,372
12	2 x 16	3,783	15 x 25	99,067	12	10 x 17	8,829	1 x 16	233,764
13	7 x 13	3,827	19 x 23	101,414	13	6 x 14	9,155	7 x 15	235,900
14	6 x 12	3,960	12 x 20	101,766	14	5 x 25	9,193	13 x 15	236,132
15	16 x 24	4,140	6 x 23	108,628	15	4 x 18	9,516	1 x 19	237,487
16	2 x 18	4,148	2 x 23	108,955	16	11 x 12	9,573	2 x 8	239,177
17	9 x 18	4,160	12 x 23	113,128	17	11 x 16	10,221	1 x 10	247,536
18	4 x 16	4,234	15 x 22	113,704	18	12 x 18	10,778	8 x 15	342,651
19	19 x 24	4,268	15 x 20	140,423	19	16 x 24	10,912	1 x 2	355,546
20	9 x 16	4,361	15 x 23	152,907	20	11 x 24	11,065	1 x 15	482,401

¹Genótipos codificados de acordo com a Tabela 2.

No ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2007/08 (PL1) verificou-se a formação de oito grupos, sendo que em apenas um grupo foram incluídos 12 genótipos. Quatro grupos foram constituídos de dois genótipos e dois grupos apresentaram apenas um genótipo. Esses últimos foram DM 309 (23) e MSOY 8008 RR (15) (Tabela 39).

No dendograma obtido pelo método UPGMA foram distinguidos sete grupos, quando considerada a dissimilaridade de 21% no critério de delimitação dos grupos (Figura 12). Esses grupos foram concordantes com aqueles formados no agrupamento de Tocher. Observou-se também a separação dos genótipos em dois grupos distintos a 100% de dissimilaridade. A diferença entre esses grupos deve-se, principalmente, ao caráter dias para maturação (DM), pois genótipos mais tardios foram agrupados em um grupo e os precoces em outro.

Considerando o ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL2), observou-se a formação de 11 grupos pelo método de Tocher (Tabela 40). Os grupos formados diferiram dos grupos do ensaio PL1, no entanto, alguns genótipos permaneceram agrupados nos dois ensaios, a exemplo de P98C81(22) e BCR1346 142 (25), e BCR1057G 157 (17) e BCR1067G 189 (19). O dendograma evidenciou a formação de nove grupos a 21% de dissimilaridade (Figura 13). Dentre esses, o grupo formado por BCR1455 178 (20) e DM 309 (23) apresentou-se mais distante em relação aos demais.

Na tabela 41 são apresentados os oito grupos formados pelo método de otimização de Tocher no ensaio da segunda época de semeadura em Primavera do Leste, safra 2008/09 (PL3). Os genótipos BCR1070G 231 (2), DM 309 (23) e BCR1455 178 (20) foram alocados, individualmente, em grupos diferentes. Nos grupos 4 e 5 foram alocados os genótipos mais tardios, com mais de 120 dias para maturação (DM). Novamente os genótipos BCR1057G 157 (17) e BCR1067G 189 (19) foram agrupados no mesmo grupo (Grupo 1).

O dendograma obtido foi concordante com agrupamento de Tocher (Figura 14) e evidenciou os genótipos BCR651G 68 (1), BCR651G 75 (8) e DM 309 (23) como mais distintos em relação aos demais (100% de dissimilaridade).

No ensaio conduzido na terceira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL4) verificou-se a formação de sete grupos (Tabela 42). Apesar dos grupos formados terem sido diferentes dos grupos dos ensaios anteriores, determinados genótipos permaneceram juntos. No grupo 1, por exemplo, dos 10 genótipos alocados, apenas BCR553G 306 (16), BCR1067G 210 (21) e BCR1057G 162 (24) estiveram juntos nos ensaios

anteriores. Da mesma forma, os genótipos P98C81 (22) e BCR1346 142 (25) também foram agrupados em grupos similares nos ensaios PL1 e PL2.

No dendograma obtido pelo método UPGMA foram distinguidos dois grandes grupos a 73 % de dissimilaridade (Figura 15). Esses grupos incluíram todos os genótipos, exceto o genótipo BCR1070G 246 (14), que apresentou-se como mais distinto em relação aos demais (100% de dissimilaridade). No entanto, oito grupos foram formados quando se considerou a dissimilaridade de 30% no critério de delimitação dos grupos. Esses grupos foram parcialmente concordantes com o agrupamento de Tocher.

Considerando o ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL5), observou-se a formação de seis grupos pelo método de Tocher (Tabela 43). Os grupos formados diferiram dos grupos do ensaio PL1, apesar dos dois ensaios apresentarem alta e significativa correlação entre as matrizes de distâncias. No entanto, nos dois ensaios permaneceram agrupados os seguintes genótipos: BCR553G 306 (16), BCR1067G 210 (21), BCR1057G 162 (24), BCR1057G 157 (17) e BCR1067G 189 (19). Nos grupos 4 e 5 foram agrupados os apenas os genótipos MSOY 8008 RR (15) e DM 309 (23), respectivamente.

O dendograma obtido pelo método UPGMA evidenciou a formação de dois grandes grupos a 100% de dissimilaridade (Figura 16). Assim como no ensaio PL1, esses dois grupos distinguiram-se principalmente pelo caráter dias para maturação (DM), com genótipos mais tardios em um grupo e os precoces em outro. O genótipo BCR892G 132 (3) foi agrupado com os genótipos mais tardios, porém, no ensaio PL1 foi agrupado com os mais precoces.

Na tabela 44 são apresentados os sete grupos formados pelo método de otimização de Tocher no ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste, safra 2009/10 (PL6). No grupo 1 foram agrupados as linhagens BCR651G 68 (1) e BCR651G 75 (8), ambas apresentam parentais em comum (linhagens “irmãs”). Outros grupos também agruparam linhagens irmãs, a exemplo de BCR1057G 162 (24) e BCR1057G 157 (17) no grupo 2, e BCR1070G 229 (9), BCR1070G 251 (11) e BCR1070G 246 (14) no grupo 3.

O dendograma evidenciou a formação de oito grupos a 30% de dissimilaridade (Figura 17). Os grupos foram parcialmente concordantes com o agrupamento de Tocher, no qual os genótipos Valiosa RR (12) e CD 219 RR (4) também permaneceram em grupos individuais e separados.

No ensaio conduzido em Pedra Preta na safra 2009/10 (PP) verificou-se a formação de seis grupos pelo método de otimização de Tocher (Tabela 45). No grupo 1 foram alocados 15

genótipos, entre esses, BCR1057G 162 (24), BCR1067G 210 (21) e BCR553G 306 (16), os quais também agrupados nos ensaios anteriores. Os grupos 2 e 3 apresentaram pares de linhagens irmãs BCR1070G 251 (11) e BCR1070G 246 (14), e BCR651G 75 (8) e BCR651G 68 (1). O grupo 6 apresentou apenas o genótipo MSOY 8008 RR (15), o mais precoce em relação ao demais genótipos.

No dendograma obtido pelo método UPGMA foram distinguidos dois grandes grupos a 100 % de dissimilaridade (Figura 18). Em um grupo foram incluídos os genótipos P98C81 (22), DM 309 (23), BCR1455 178 (20) e BCR1346 142 (25), caracterizados por apresentarem mais de 48 dias para floração (DF). No outro grupo foram agrupados os genótipos restantes. Quando se considerou a dissimilaridade de 23% no critério de delimitação dos grupos, seis grupos foram formados.

Para o ensaio conduzido em Nova Ubiratã (NU) o método de otimização de Tocher possibilitou a formação de quatro grupos (Tabela 46). No grupo 1 foram agrupados 84% dos genótipos (22 genótipos). No grupo 2 foram alocadas as linhagens irmãs BCR651G 75 (8) e BCR651G 68 (1), com mais de 120 dias para maturação (DM). Os grupos 3 e 4 apresentaram apenas um genótipo, respectivamente BCR1070G 231 (2) e MSOY 8008 RR (15). Esses últimos genótipos se comportaram como mais precoces no ensaio, com 114 dias para maturação.

Obsevando o dendograma obtido pelo método UPGMA (Figura 19), verificou-se que os genótipos BCR651G 75 (8) e BCR651G 68 (1) foram mais dissimilares em relação aos outros genótipos (100% de dissimilaridade). Por outro lado, a 31% de dissimilaridade o dendograma evidenciou a formação de quatro grupos concordantes com os grupos obtidos pelo método de Tocher.

A contribuição relativa dos caracteres para a diversidade genética dos 26 genótipos nos oito ensaios é apresentada na Tabela 47. Observou-se que os caracteres apresentaram diferentes estimativas e ordens de classificação, variando conforme o ensaio. Tal fato pode ser explicado, em parte, pela expressão diferencial dos genes nos diferentes ambientes.

O caráter dias para maturação (DM) obteve as maiores estimativas de contribuição relativa em todos os ensaios, exceto no ensaio conduzido em Pedra Preta (PP). No ensaio conduzido na terceira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL4) a contribuição relativa do caráter apresentou menor magnitude em comparação aos outros ensaios.

Os caracteres stand (ST), acamamento (AC) e altura de inserção da primeira vagem (AV) contribuíram em menor intensidade para diversidade devido à uniformidade dos genótipos. Ainda assim, esses caracteres devem permanecer nas análises de diversidade genética pela relevada importância ao melhoramento genético da soja.

De modo geral, a expressão da diversidade entre os genótipos manteve-se, de certa forma, consistente nos ensaios. Os grupos formados foram parcialmente concordantes, com os genótipos BCR1057G 162 (24), BCR1067G 210 (21) e BCR553G 306 (16) agrupados em todos os ensaios.

Os genótipos DM 309 (23) e MSOY 8008 RR (15) que mantiveram-se distantes dos outros genótipos com mais frequência nos ensaios podem ter expressado sua real divergência genética, podendo ser considerados como promissores nas hibridações artificiais, com a finalidade de incrementar a variabilidade genética para os caracteres agronômicos.

Tabela 39. Agrupamento dos 26 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, com base nos caracteres agrônômicos avaliados no ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2007/08 (PL1), no estado do Mato Grosso

Grupo	Genótipos			
1	BCR553G 306 (16)	BCR1067G 189 (19)	BCR1067G 210 (21)	BCR1057G 162 (24)
	BCR1070G 229 (9)	BCR892G 132 (3)	Valiosa RR (12)	CD 219 RR (4)
2	BCR1057G 157 (17)	BCR1070G 244 (6)	BCR1070G 251 (11)	BCR1070G 228 (18)
3	BCR945G 110 (10)	BCR892G 140 (13)	BCR945G 114 (5)	BCR651G 75 (8)
4	P98C81(22)	BCR1346 142 (25)		
5	BCR1070G 231 (2)	BCR1070G 246 (14)		
6	BCR1455 178 (20)	UFV 18 PM (26)		
7	BCR651G 68 (1)	BCR1459 189 (7)		
8	DM 309 (23)			
9	MSOY 8008 RR (15)			

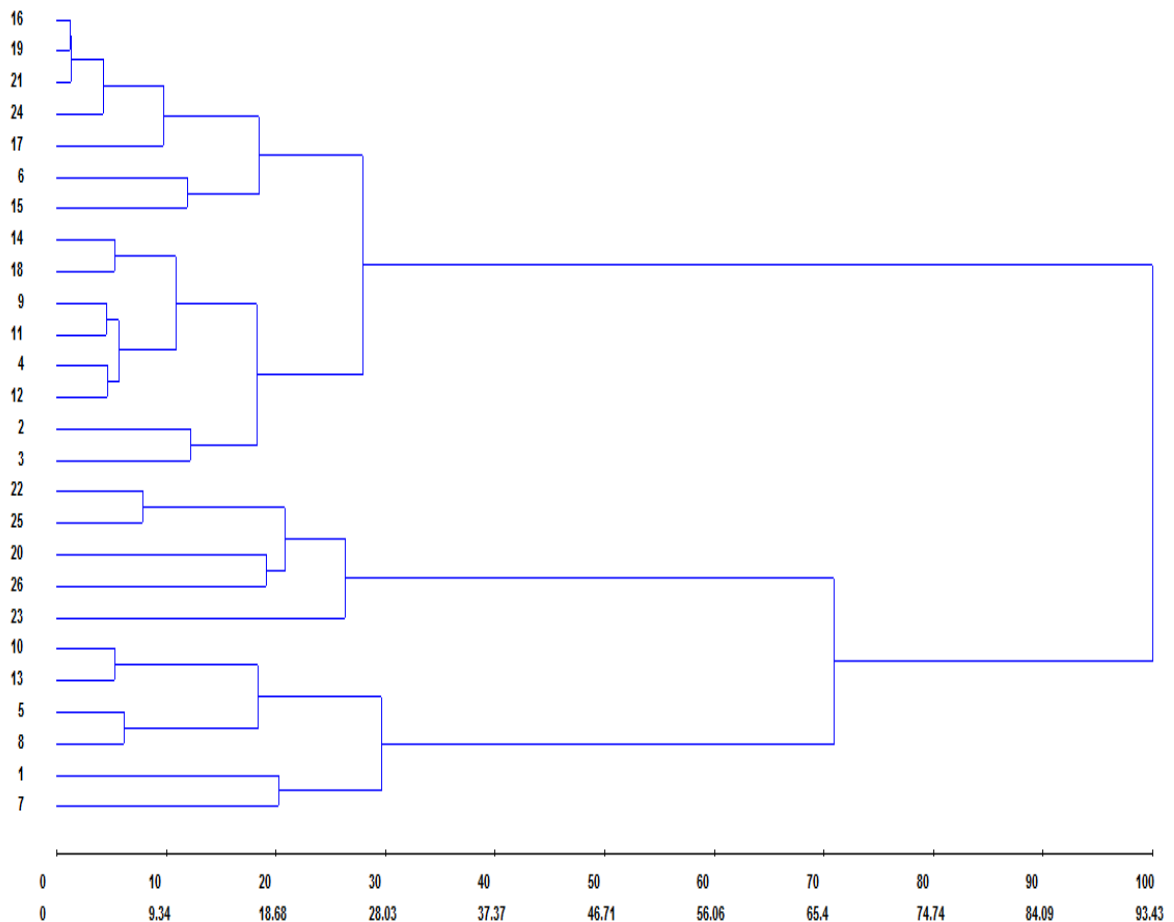


Figura 12. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, no ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste, safra 2007/08 (PL1)

Tabela 40. Agrupamento dos 26 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, com base nos caracteres agrônômicos avaliados no ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL2), no estado do Mato Grosso

Grupo	Genótipos
1	BCR1057G 157 (17) BCR1067G 189 (19)
2	BCR1070G 231 (2) BCR892G 132 (3) BCR892G 140 (13) BCR1459 189 (7) UFV 18 PM (26)
3	CD 219 RR (4) BCR945G 110 (10) BCR1070G 251 (11) Valiosa RR (12)
4	BCR1070G 246 (14) BCR1070G 228 (18)
5	BCR1067G 210 (21) BCR1057G 162 (24) BCR553G 306 (16)
6	P98C81(22) BCR1346 142 (25)
7	BCR1455 178 (20) DM 309 (23)
8	BCR651G 68 (1) BCR945G 114 (5)
9	BCR1070G 244 (6) MSOY 8008 RR (15)
10	BCR1070G 229 (9)
11	BCR651G 75 (8)

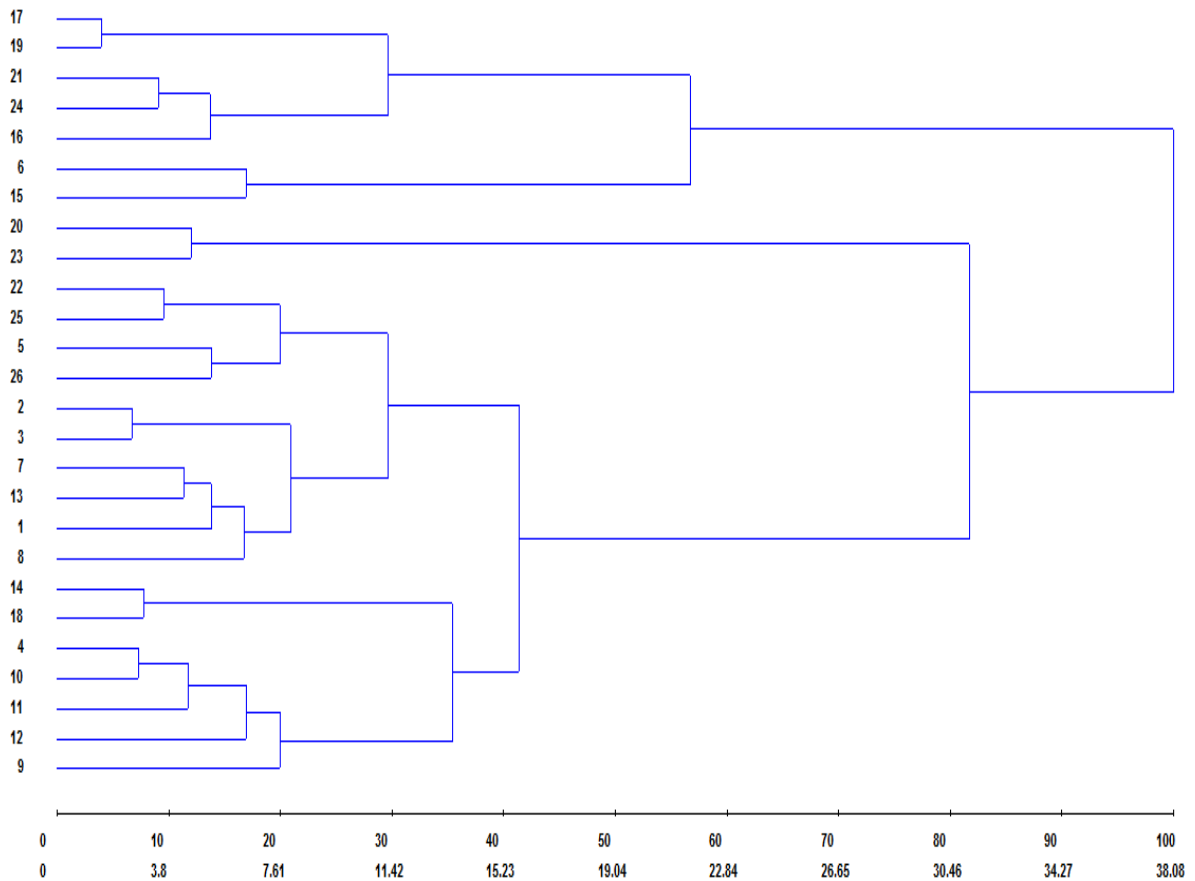


Figura 13. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, no ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste, safra 2008/09 (PL2)

Tabela 41. Agrupamento dos 26 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, com base nos caracteres agronômicos avaliados no ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL3), no estado do Mato Grosso

Grupo	Genótipos			
1	BCR1067G 189 (19)	BCR1057G 162 (24)	BCR1057G 157 (17)	
	BCR553G 306 (16)	BCR1067G 210 (21)	Valiosa RR (12)	
2	BCR1070G 244 (6)	MSOY 8008 RR (15)		
	BCR1070G 251 (11)	BCR1346 142 (25)	BCR945G 110 (10)	
3	BCR892G 132 (3)	CD 219 RR (4)		BCR1070G 229 (9)
	BCR1070G 246 (14)	BCR1070G 228 (18)	BCR1459 189 (7)	
4	BCR651G 68 (1)		BCR651G 75 (8)	
5	BCR945G 114 (5)	BCR892G 140 (13)	UFV 18 PM (26)	P98C81(22)
6	BCR1070G 231 (2)			
7	DM 309 (23)			
8	BCR1455 178 (20)			

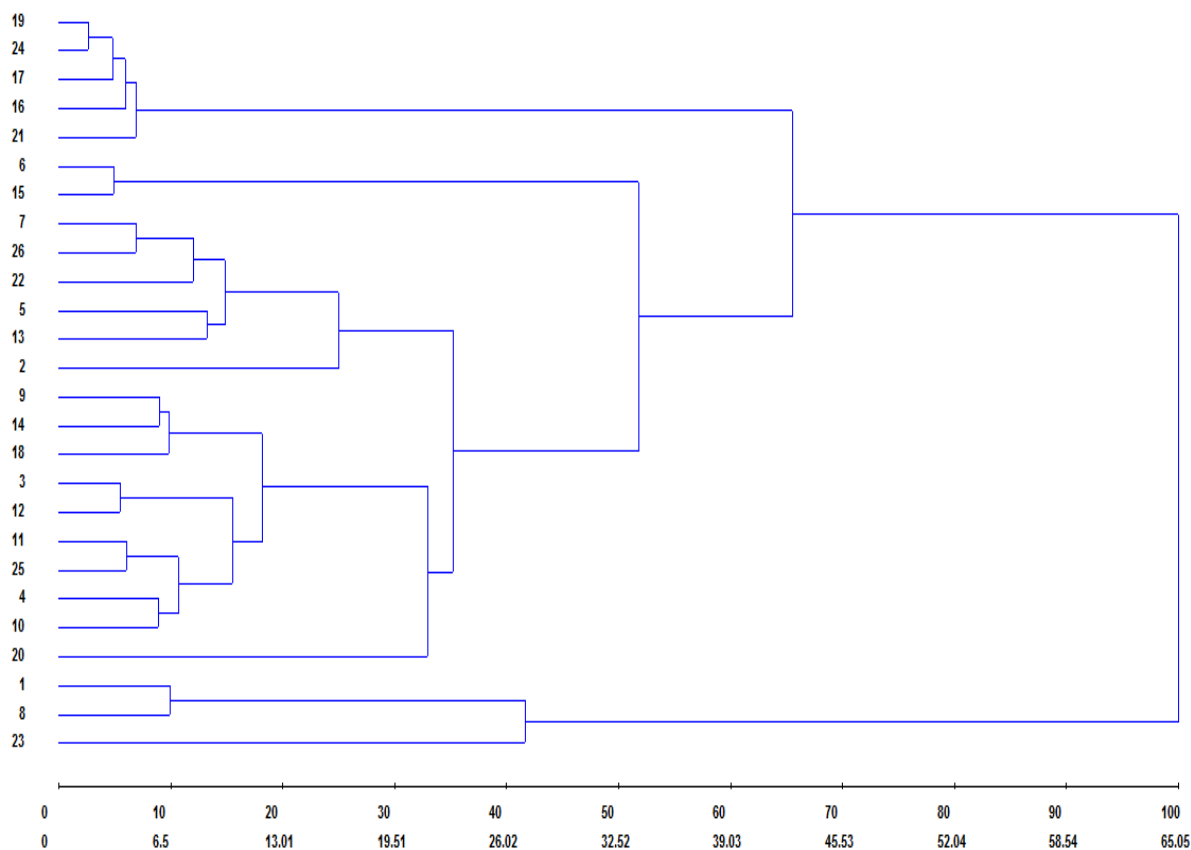


Figura 14. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, no ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste, safra 2008/09 (PL3)

Tabela 42. Agrupamento dos 26 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, com base nos caracteres agronômicos avaliados no ensaio conduzido na terceira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL4), no estado do Mato Grosso

Grupo	Genótipos			
1	BCR553G 306 (16)	BCR1057G 157 (17)	BCR1057G 162 (24)	BCR945G 110 (10)
	BCR1067G 210 (21)	BCR1070G 228 (18)	BCR945G 114 (5)	
	BCR892G 132 (3)	BCR651G 75 (8)	BCR1459 189 (7)	
2	BCR1070G 231 (2)	BCR1070G 244 (6)	Valiosa RR (12)	
	CD 219 RR (4)	BCR1070G 229 (9)	BCR1070G 251 (11)	
3	MSOY 8008 RR (15)	P98C81(22)	UFV 18 PM (26)	
	BCR1346 142 (25)	DM 309 (23)	BCR1067G 189 (19)	
4	BCR1455 178 (20)			
5	BCR892G 140 (13)			
6	BCR651G 68 (1)			
7	BCR1070G 246 (14)			

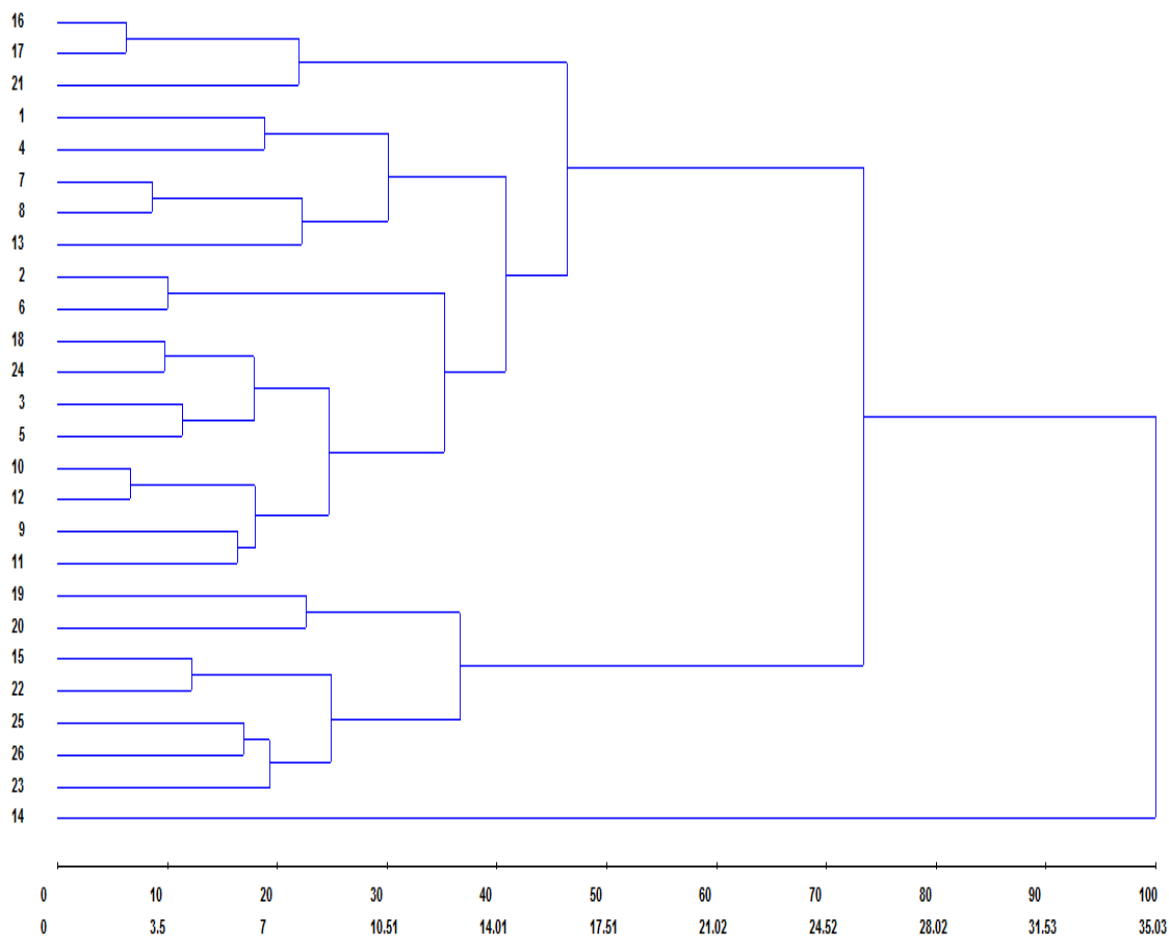


Figura 15. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, no ensaio conduzido na terceira época de emeadura em Primavera do Leste, safra 2008/09 (PL4)

Tabela 43. Agrupamento dos 26 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, com base nos caracteres agrônômicos avaliados no ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL5), no estado do Mato Grosso

Grupo	Genótipos		
1	BCR1057G 157 (17)	BCR1067G 189 (19)	BCR1057G 162 (24)
	BCR1070G 229 (9)	BCR1070G 244 (6)	BCR1070G 231 (2)
	Valiosa RR (12)	BCR1070G 228 (18)	BCR1070G 251 (11)
	BCR1070G 246 (14)	BCR553G 306 (16)	BCR1067G 210 (21)
2	BCR651G 68 (1)	BCR651G 75 (8)	BCR1459 189 (7)
	BCR892G 140 (13)	P98C81(22)	BCR1455 178 (20)
	BCR1346 142 (25)	UFV 18 PM (26)	
3	BCR945G 114 (5)	BCR945G 110 (10)	BCR892G 132 (3)
4	MSOY 8008 RR (15)		
5	DM 309 (23)		
6	CD 219 RR (4)		

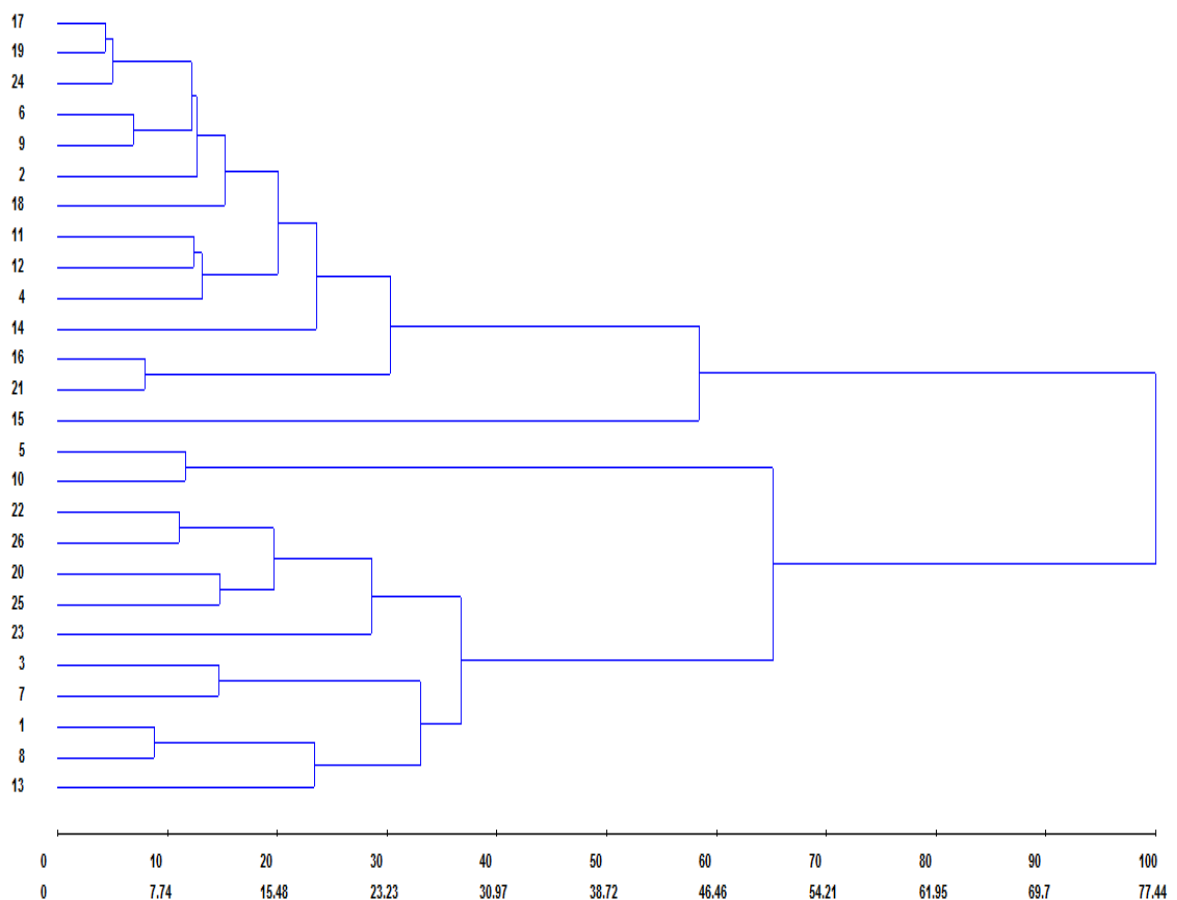


Figura 16. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, no ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste, safra 2009/10 (PL5)

Tabela 44. Agrupamento dos 26 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, com base nos caracteres agrônômicos avaliados no ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL6), no estado do Mato Grosso

Grupo	Genótipos			
1	BCR651G 68 (1)	BCR651G 75 (8)	BCR892G 140 (13)	BCR945G 114 (5)
	BCR1459 189 (7)	UFV 18 PM (26)	BCR892G 132 (3)	BCR1070G 244 (6)
2	BCR1067G 210 (21)	BCR1057G 162 (24)	BCR1067G 189 (19)	
	BCR553G 306 (16)	BCR1070G 228 (18)	BCR1057G 157 (17)	
3	BCR1070G 229 (9)	BCR1070G 251 (11)	BCR1070G 246 (14)	BCR945G 110 (10)
4	BCR1455 178 (20)	BCR1346 142 (25)	DM 309 (23)	P98C81(22)
5	BCR1070G 231 (2)	MSOY 8008 RR (15)		
6	Valiosa RR (12)			
7	CD 219 RR (4)			

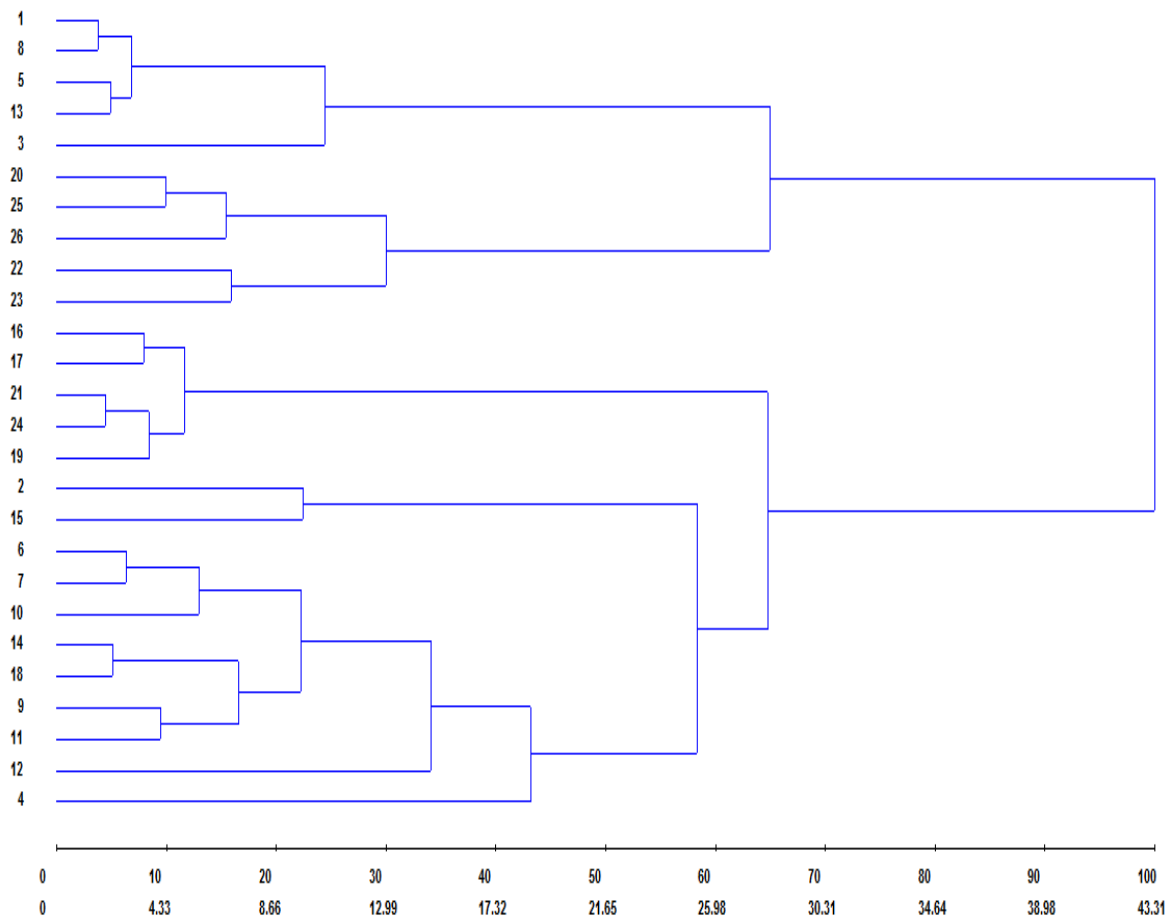


Figura 17. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, no ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste, safra 2009/10 (PL6)

Tabela 45. Agrupamento dos 26 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, com base nos caracteres agrônômicos avaliados no ensaio conduzido em Pedra Preta na safra 2009/10 (PP), no estado do Mato Grosso

Grupo	Genótipos			
1	BCR1057G 157 (17)	BCR1057G 162 (24)	BCR1067G 210 (21)	BCR553G 306 (16)
	BCR1070G 228 (18)	CD 219 RR (4)	BCR1070G 231 (2)	BCR1070G 244 (6)
	BCR1070G 229 (9)	BCR892G 132 (3)	Valiosa RR (12)	BCR1067G 189 (19)
	BCR945G 110 (10)	BCR1459 189 (7)	BCR945G 114 (5)	
2	BCR1070G 251 (11)	BCR1070G 246 (14)	UFV 18 PM (26)	
3	BCR651G 75 (8)	BCR892G 140 (13)	BCR651G 68 (1)	
4	P98C81(22)	DM 309 (23)		
5	BCR1455 178 (20)	BCR1346 142 (25)		
6	MSOY 8008 RR (15)			

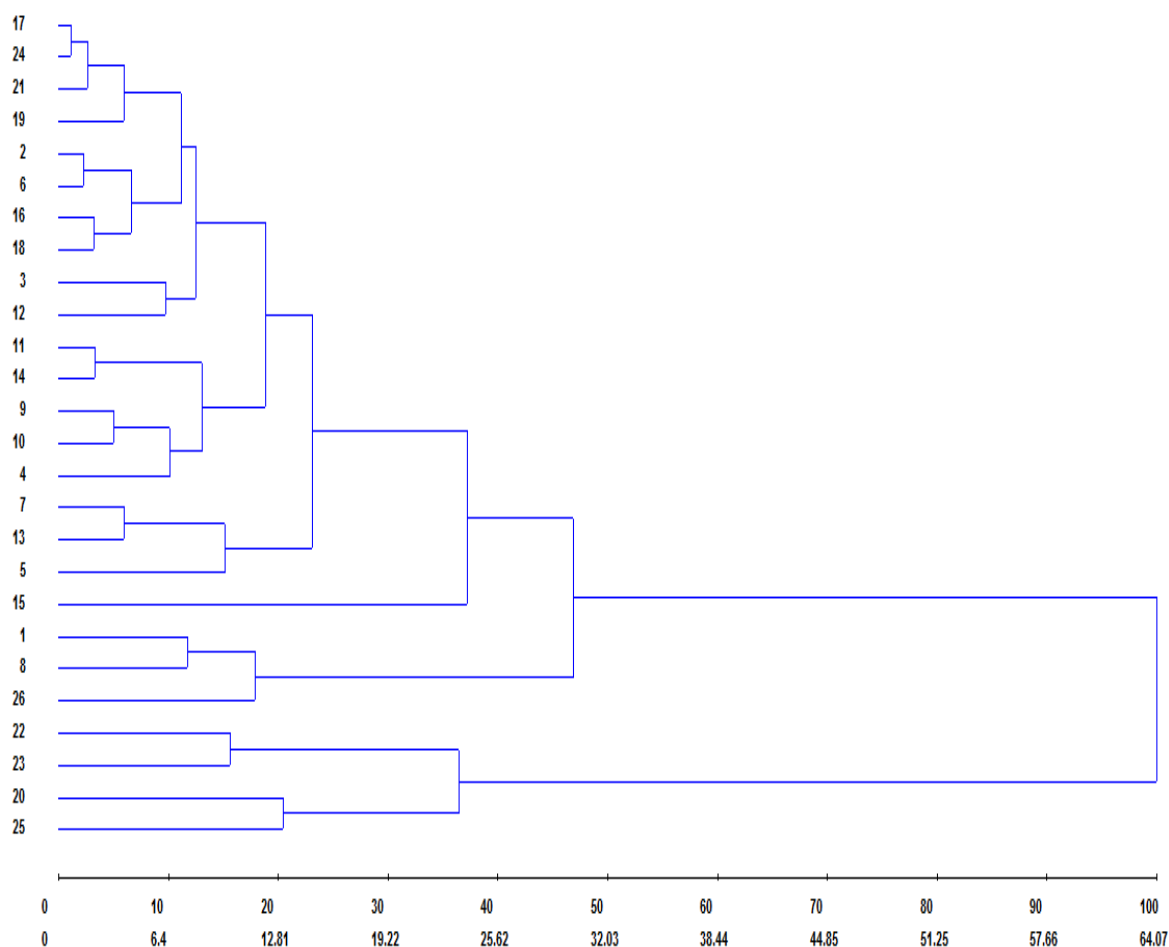


Figura 18. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, no ensaio conduzido em Pedra Preta, safra 2009/10 (PP)

Tabela 46. Agrupamento dos 26 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, com base nos caracteres agrônômicos avaliados no ensaio conduzido em Nova Ubiratã na safra 2009/10 (NU), no estado do Mato Grosso

Grupo	Genótipos			
1	BCR1459 189 (7)	BCR892G 140 (13)	DM 309 (23)	BCR1346 142 (25)
	BCR945G 114 (5)	BCR1455 178 (20)	UFV 18 PM (26)	BCR1070G 246 (14)
	BCR1070G 229 (9)	BCR1070G 244 (6)	P98C81(22)	Valiosa RR (12)
	BCR1067G 210 (21)	BCR1057G 162 (24)	CD 219 RR (4)	BCR1070G 228 (18)
	BCR1070G 251 (11)	BCR1057G 157 (17)	BCR892G 132 (3)	BCR1067G 189 (19)
	BCR553G 306 (16)	BCR945G 110 (10)		
2	BCR651G 68 (1)	BCR651G 75 (8)		
3	BCR1070G 231 (2)			
4	MSOY 8008 RR (15)			

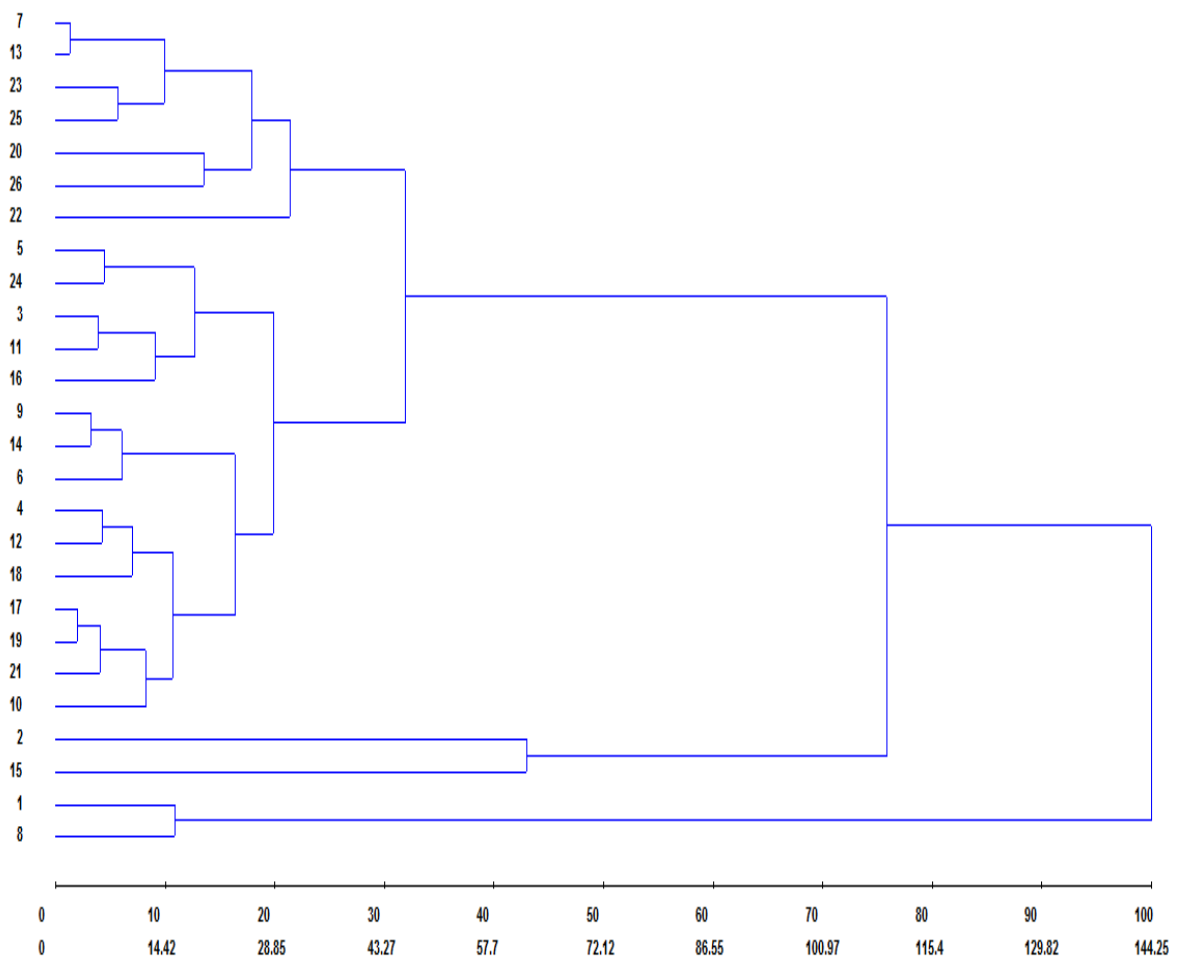


Figura 19. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, no ensaio conduzido em Nova Ubiratã, safra 2009/10 (NU)

Tabela 47. Contribuição relativa (%) dos 10 caracteres agrônômicos avaliados para diversidade genética em 26 genótipos de soja avaliados em oito ensaios conduzidos no estado do Mato Grosso

Caracteres	PL1	PL2	PL3	PL4	PL5	PL6	PP	NU
Dias para maturação (DM)	44,85	33,84	45,59	16,91	57,98	41,52	26,23	55,68
Dias para floração (DF)	28,36	21,40	6,71	16,84	3,77	-	40,50	6,68
Altura de planta na maturação (APM)	2,46	14,46	6,41	14,74	4,67	9,98	8,75	4,91
Reação à mancha alvo (MA)	3,99	2,71	6,16	15,72	4,84	16,06	-	-
Produtividade de grãos (PD)	2,31	8,92	10,38	10,30	1,96	5,29	7,98	9,48
Reação ao míldio (MD)	-	2,17	2,72	2,91	12,46	15,27	3,59	9,72
Haste verde (HV)	10,20	4,96	12,47	2,16	2,02	2,74	3,57	4,87
Stand (ST)	1,92	1,84	2,50	6,47	7,96	3,80	-	5,13
Acamamento (AC)	3,39	4,93	4,52	7,70	1,80	2,90	5,64	1,54
Altura de inserção da primeira vagem (AV)	2,52	4,78	2,54	6,25	2,54	2,44	3,73	1,99

4.2 Caracteres químicos

Os caracteres químicos avaliados, teor de óleo e proteína, foram expressos em porcentagem de matéria seca dos grãos (%).

4.2.1 Análises individuais de variância

Os teores de óleo e proteína, determinados pelos métodos de extração Soxhlet e Kjeldahl, foram obtidos apenas para os ensaios conduzidos em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL2, PL3 e PL4).

Os métodos de Soxhlet e Kjeldahl são considerados padrões na determinação dos teores de óleo e proteína em soja (FEHR *et al.*, 1968). Entretanto, a ocorrência de falhas durante os processos de extração comprometem as determinações, como exemplo pode-se citar: erros na manipulação de amostras de sementes, uso inadequado de dessecadores, erro na determinação de massas, reutilização de cartuchos de outras extrações, entre outras.

Assim, tais falhas provavelmente foram a razão da não significância dos efeitos genotípicos para os teores de óleo e proteína nos três ensaios (Tabela 48). Para assegurar a análise dos caracteres químicos e comprovar a diferença entre os genótipos, procedeu-se as determinações por meio da técnica de ressonância magnética nuclear (RMN).

A ressonância magnética nuclear (RMN) é a técnica mais utilizada para determinar o teor de óleo nas sementes (FEHR *et al.*, 1968). Por ser uma técnica rápida, acurada e não destrutiva tem sido comumente adotada por melhoristas de plantas. Ao contrário do método de extração Soxhlet, as sementes não são destruídas e podem ser utilizadas para o plantio.

Determinou-se apenas o teor de óleo pela ressonância magnética nuclear para os ensaios conduzidos em Primavera do Leste nas safras 2008/09 (PL2, PL3 e PL4) e 2009/10 (PL5 e PL6) e em Pedra Preta (PP). Os resumos das análises individuais de variância estão apresentados na Tabela 49. Verificou-se diferenças significativas ($P < 0,05$) entre os genótipos em todos os ensaios, indicando a existência de variabilidade genética.

As variâncias residuais e os coeficientes de variação experimental foram menores que os obtidos nas análises realizadas pelo método Soxhlet. Dessa forma, a técnica da ressonância magnética nuclear mostrou-se mais precisa e confiável para estimar os parâmetros genéticos

Tabela 48. Resumo das análises individuais de variância dos caracteres teor de óleo e proteína avaliados em 26 genótipos de soja em três ensaios conduzidos no estado do Mato Grosso

F.V.	GL	Quadrados Médios					
		PL2		PL3		PL4	
		Óleo	Proteína	Óleo	Proteína	Óleo	Proteína
Blocos	1	7,126	8,129	92,960	1,627	0,021	3,057
Genótipos	25	3,387 ns	2,794 ns	3,267 ns	3,347 ns	3,267 ns	1,571 ns
Resíduo	25	3,689	2,153	3,438	2,082	2,619	2,022
Média		23,05	43,12	23,53	43,19	22,45	43,13
CV(%)		8,33	3,40	7,88	3,34	7,21	3,30

ns – não significativo

Tabela 49. Resumo das análises individuais de variância do caráter teor de óleo avaliados em 26 genótipos de soja em seis ensaios conduzidos no estado do Mato Grosso

F.V.	GL	Quadrados Médios					
		PL2	PL3	PL4	PL5	PL6	PP
Blocos	1	0,000	0,002	0,055	0,396	0,005	0,014
Genótipos	25	1,328 **	0,987 **	1,435 **	1,350 *	1,494 **	1,699 **
Resíduo	25	0,132	0,039	0,139	0,584	0,144	0,205
Média		21,01	21,00	20,68	21,14	20,75	19,51
CV(%)		1,73	0,94	1,81	3,61	1,83	2,32
H ²		90,08	96,04	90,30	56,79	90,34	87,91

** e * significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F

As estimativas dos coeficientes de determinação genotípico (H²) foram elevadas em todos os ensaios, com exceção do ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL5), cuja estimativa foi de 56,79%. Tais resultados são concordantes com relatos de outros autores que observaram influência moderada a forte do ambiente nos teores do óleo e proteína (HOWELL; CARTER, 1953; PÍPOLO, 2002).

Os teores médios de óleo nos ensaios variaram de 19,51% a 21,14%, valores comumente encontrados em genótipos de soja. As cultivares de soja destinadas à produção de óleo e farelo apresentam teor médio de óleo de 20%, podendo variar de 13 a 28%.

4.2.2 Teste comparativo entre médias

Na Tabela 50 são apresentadas as médias do teor de óleo dos 26 genótipos avaliados nos seis ensaios. Foi efetuado o teste de Tukey a 5% de probabilidade, porém apenas as diferenças mínimas significativas (DMS) são apresentadas.

Em todos os ensaios houve diferenças significativas entre os genótipos, com médias variando de 17,81% a 22,49%. O ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL2) apresentou o maior teor médio de óleo (21,01%), destacando-se o genótipo BCR1070G 229 com o maior teor (22,37%).

Nos outros ensaios conduzidos em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL3 e PL4) observou-se uma pequena redução do teor médio de óleo. Esse comportamento era esperado pois o plantio mais tardio induz ao florescimento, além de acelerar a maturação e reduzir o período de acúmulo de reservas, fazendo com que as sementes não apresentem padrão normal de desenvolvimento e composição química.

Nos ensaios conduzidos em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL5 e PL6) os genótipos BCR1070G 229 e CD 219 RR apresentaram os maiores teores de óleo. No entanto, no ensaios PL5 não houve diferença significativa entre os genótipos pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Os genótipos apresentaram as menores médias no ensaio conduzido em Pedra Preta (PP). O teor médio de óleo do ensaio foi de 19,51%, valor abaixo da média das cultivares comerciais de soja. A baixa média apresentada tem como causas a localização do ensaio e as condições ambientais. Como o local de condução do ensaio tem 732 m de altitude, apresenta temperaturas amenas e umidade relativa alta durante todo o ciclo da cultura. Nessas condições a soja tende a apresentar menor teor de óleo.

Estudos de época de semeadura tem mostrado que o teor de óleo é mais baixo quando as sementes amadurecem em temperaturas baixas, sendo a interação entre cultivar e época de semeadura sobre o teor de óleo uma função da temperatura durante o desenvolvimento dos grãos.

Posteriormente, para verificar o efeito do ambiente e da interação de genótipos e ambientes no teor de óleo foi realizada a análise conjunta de variância.

Tabela 50. Médias do caráter teor de óleo (%) avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em seis ensaios conduzidos no estado do Mato Grosso

Genótipos	PL 2	PL 3	PL 4	PL 5	PL 6	PP
9 BCR1070G 229	22,37	22,22	21,26	22,08	22,49	20,34
4 CD 219 RR	22,12	21,95	21,36	22,32	21,72	21,11
3 BCR892G 132	21,72	21,94	21,91	21,87	21,42	20,61
11 BCR1070G 251	21,99	21,82	21,58	22,06	21,72	20,04
10 BCR945G 110	21,45	21,74	21,50	20,89	22,32	20,97
5 BCR945G 114	21,96	21,39	20,93	21,35	21,37	21,04
26 UFV 18 PM	21,33	21,64	21,16	21,59	21,19	20,46
20 BCR1455 178	21,88	21,32	21,19	22,15	21,29	19,41
23 DM 309	21,47	21,02	21,13	21,65	21,20	19,75
18 BCR1070G 228	21,72	21,63	20,89	22,04	20,75	19,04
6 BCR1070G 244	20,99	21,27	21,06	21,73	20,77	19,98
7 BCR1459 189	21,46	21,20	20,97	21,43	21,23	19,33
14 BCR1070G 246	21,42	20,69	21,22	21,28	20,69	19,81
8 BCR651G 75	20,91	20,80	21,07	21,57	20,94	19,76
12 Valiosa RR	20,77	21,16	20,76	21,65	20,93	19,69
13 BCR892G 140	21,11	21,43	20,74	21,27	20,76	19,35
1 BCR651G 68	20,57	21,08	21,29	20,77	20,66	20,06
2 BCR1070G 231	20,77	20,80	20,31	21,26	20,28	18,83
19 BCR1067G 189	20,16	20,05	21,00	20,14	19,72	18,38
15 MSOY 8008RR	19,63	20,13	20,24	20,95	19,52	18,68
25 BCR1346 142	19,96	20,03	20,01	19,79	19,48	18,98
16 BCR553G 306	20,14	20,37	19,11	20,03	20,07	18,38
22 P98C81	20,35	20,11	19,81	19,47	19,59	18,57
17 BCR1057G 157	20,19	20,12	18,71	20,31	20,07	18,22
24 BCR1057G 162	20,43	19,84	19,18	20,09	19,17	18,71
21 BCR1067G 210	19,35	20,40	19,25	20,09	20,24	17,81
Média	21,01	21,00	20,68	21,14	20,75	19,51
DMS - Tukey (5%)	1,49	0,81	1,53	3,14	1,56	1,86

4.2.3 Análise conjunta de variância

O resumo da análise conjunta de variância dos ensaios está apresentada na Tabela 51. As variâncias residuais dos ensaios não foram homogêneas, por isso procedeu-se ao ajuste dos graus de liberdade do erro médio e da interação genótipos x ambientes (GxA), conforme o método de Cochran (1954).

Verificou-se efeitos genotípicos significativos ($P < 0,01$). O efeito significativo de genótipos na presença de interação GxA, também significativa, evidencia a variabilidade entre os genótipos.

Da mesma forma, os efeitos dos ambientes e da interação genótipos x ambientes também foram significativos. A significância da interação GxA indica que os genótipos apresentaram comportamento diferencial nos ambientes.

Interações genótipos x ambientes significativas para teor de óleo também foram evidenciadas por outro autores nos estados de Minas Gerais e Paraná (LÉLIS *et al.*, 2010; ALBRECHT *et al.*, 2008).

Tabela 51. Resumo da análise conjunta de variância do caráter teor de óleo avaliados em 26 genótipos de soja em seis ensaios conduzidos no estado do Mato Grosso

F.V.	GL	QM
Blocos/Amb.	6	0,079
Genótipos (G)	25	6,805 **
Ambientes (A)	5	18,717 **
G x A	125 ¹	0,297 *
Resíduo	150	0,207
Média		20,68
CV(%)		2,21

** e * significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F

¹ ajuste pelo método de Cochran (1954)

4.2.4 Decomposição da interação genótipos x ambientes

Para determinar as causas da interação genótipos x ambientes foi realizada sua decomposição nas partes simples e complexa. Também foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica para avaliar a similaridade entre os ensaios.

As frações simples e complexas da interação e as estimativas de correlação entre os pares de ambientes são apresentados na Tabela 52. Verificou-se a predominância de interação do tipo simples, com estimativas acima de 50%. A interação simples representa apenas mudança na magnitude do comportamento genotípico, sem alteração da ordem dos genótipos ao longo dos ambientes.

No entanto, nos ensaios conduzidos na primeira e terceira época de semeadura em Primavera do Leste (PL2 e PL4) a interação foi do tipo complexa devido ao comportamento diferencial dos genótipos em condições de fotoperíodos distintos. No par de ensaios PL4 e PL6 também foi observado comportamento semelhante.

Tabela 52. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples(% S) e complexa (% C) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter teor de óleo avaliado em 26 genótipos de soja em seis épocas de semeadura no estado do Mato Grosso

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação		
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C	
PL2 PL3	0,17	0,08	1,96 *	0,86	++	0,96	65,99	34,01
PL2 PL4	0,36	0,13	2,64 **	0,74	++	0,91	49,34	50,66
PL2 PL5	0,24	0,35	0,66 ns	0,82	++	1,06	-	-
PL2 PL6	0,22	0,13	1,61 ns	0,84	++	0,96	-	-
PL2 PP	0,33	0,16	1,97 *	0,79	++	0,94	55,44	44,56
PL3 PL4	0,29	0,08	3,30 **	0,77	++	0,90	55,51	44,49
PL3 PL5	0,20	0,31	0,63 ns	0,84	++	1,06	-	-
PL3 PL6	0,12	0,09	1,28 ns	0,92	++	0,98	-	-
PL3 PP	0,30	0,12	2,48 **	0,80	++	0,92	62,64	37,36
PL4 PL5	0,36	0,36	0,98 ns	0,75	++	1,00	-	-
PL4 PL6	0,39	0,14	2,75 **	0,73	++	0,90	48,43	51,57
PL4 PP	0,33	0,17	1,90 *	0,79	++	0,94	55,36	44,64
PL5 PL6	0,33	0,36	0,91 ns	0,77	++	1,01	-	-
PL5 PP	0,51	0,39	1,30 ns	0,67	++	0,94	-	-
PL6 PP	0,32	0,17	1,83 *	0,80	++	0,94	55,89	44,11

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

++: significativamente diferente de zero pelo teste t a1%.

As estimativas dos coeficientes de correlação foram altas e significativas, variando entre os pares de ambientes envolvidos. No entanto, os pares que envolveram os ensaios PL4 e PP apresentaram as menores estimativas, provavelmente devido às condições ambientais particulares desses ensaios, citadas anteriormente.

A predominância da interação do tipo simples e a alta correlação entre os ambientes revelaram a consistência da expressão do caráter. Esse comportamento é desejável para identificação e seleção de genótipos com maiores teores de óleo.

4.2.5 Adaptabilidade e estabilidade

As análises de adaptabilidade e estabilidade foram realizadas empregando-se os métodos centróide proposto por Rocha *et al.* (2005) modificado por Nascimento *et al.* (2009), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e o número ótimo de ambientes proposto no presente trabalho. Adicionalmente foi estimado o comportamento genotípico.

4.2.5.1. Método centróide modificado

Na Tabela 53 são apresentadas as classificações dos genótipos quanta à adaptabilidade e estabilidade pelo método centróide modificado. O percentual de variância explicado pelos dois primeiros componentes principais foi de 92%. Com essa variância a distorção das coordenadas do genótipos, no gráfico de dispersão, é considerada aceitável e as interpretações do comportamento do genótipo, satisfatórias (CRUZ *et al.*, 2004).

Os genótipos BCR1070G 229, CD 219 RR, BCR892G 132 e BCR945G 110 foram classificados como de máxima adaptabilidade geral (Classe I). Esses genótipos apresentaram os maiores teores de óleo na maioria dos ambientes, com média superior a 21%. Dentre esses, BCR1070G 229 e CD 219 RR tiveram as maiores probabilidades associadas à classificação, 30% e 34% respectivamente, valores que representam boa confiabilidade de recomendação.

Por outro lado, os genótipos BCR1346 142, BCR553G 306, P98C81, BCR1057G 157, BCR1057G 162 e BCR1067G 210 foram classificados como de mínima adaptabilidade (Classe IV) e apresentaram teor médio de óleo inferior a 20%. Dentre esses, as linhagens BCR553G 306, BCR1057G 157, BCR1057G 162 e BCR1067G 210 não seriam recomendadas pois também apresentaram as menores médias de produtividade de grãos (PD).

A metade dos genótipos foi classificada como de média adaptabilidade geral (Classe V), com médias variando de 19,85% a 21,20%. Os genótipos com maior probabilidade de pertencer a essa classe foram BCR1070G 231, BCR1459 189 e BCR1070G 246, todos com probabilidade maior que 37%.

A linhagem BCR1070G 251 apresentou uma das maiores médias (21,53%) e foi o único genótipo classificado como de média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (Classe VI).

Tabela 53. Classificação dos 26 genótipos de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade de comportamento pelo método centróide modificado¹ para o teor de óleo avaliado em seis ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	Média	Classif.	Prob (I)	Prob (II)	Prob (III)	Prob (IV)	Prob (V)	Prob (VI)	Prob (VII)
9 BCR1070G 229	21,79	I	0,300	0,086	0,054	0,046	0,108	0,298	0,108
4 CD 219 RR	21,76	I	0,340	0,080	0,066	0,052	0,126	0,178	0,158
3 BCR892G 132	21,58	I	0,245	0,079	0,077	0,057	0,157	0,166	0,219
11 BCR1070G 251	21,53	VI	0,230	0,090	0,068	0,056	0,161	0,238	0,158
10 BCR945G 110	21,48	I	0,218	0,087	0,089	0,065	0,162	0,164	0,215
5 BCR945G 114	21,34	VII	0,184	0,086	0,086	0,064	0,187	0,158	0,236
26 UFV 18 PM	21,23	VII	0,153	0,081	0,081	0,062	0,232	0,151	0,241
20 BCR1455 178	21,20	V	0,148	0,108	0,074	0,067	0,232	0,217	0,153
23 DM 309	21,04	V	0,121	0,085	0,076	0,064	0,328	0,147	0,179
18 BCR1070G 228	21,01	V	0,125	0,119	0,079	0,077	0,271	0,186	0,143
6 BCR1070G 244	20,97	V	0,108	0,076	0,081	0,065	0,349	0,121	0,199
7 BCR1459 189	20,93	V	0,107	0,090	0,072	0,066	0,376	0,147	0,143
14 BCR1070G 246	20,85	V	0,098	0,072	0,086	0,067	0,374	0,109	0,195
8 BCR651G 75	20,84	V	0,093	0,071	0,079	0,064	0,415	0,106	0,172
12 Valiosa RR	20,82	V	0,089	0,074	0,073	0,064	0,445	0,109	0,146
13 BCR892G 140	20,77	V	0,076	0,070	0,063	0,059	0,516	0,099	0,116
1 BCR651G 68	20,74	V	0,094	0,069	0,111	0,074	0,317	0,097	0,238
2 BCR1070G 231	20,37	V	0,085	0,097	0,094	0,110	0,377	0,109	0,128
19 BCR1067G 189	19,91	V	0,091	0,095	0,160	0,188	0,220	0,103	0,144
15 MSOY 8008RR	19,85	V	0,088	0,097	0,148	0,210	0,218	0,102	0,137
25 BCR1346 142	19,71	IV	0,082	0,089	0,162	0,251	0,192	0,093	0,130
16 BCR553G 306	19,68	IV	0,081	0,107	0,115	0,301	0,186	0,099	0,112
22 P98C81	19,65	IV	0,082	0,095	0,141	0,281	0,185	0,095	0,122
17 BCR1057G 157	19,60	IV	0,081	0,113	0,109	0,316	0,174	0,100	0,108
24 BCR1057G 162	19,57	IV	0,080	0,097	0,130	0,310	0,174	0,094	0,116
21 BCR1067G 210	19,52	IV	0,079	0,105	0,112	0,341	0,163	0,095	0,105
Média	20,68								

¹Class.: classificação; Prob.: probabilidade; Classe I: Máxima adaptabilidade geral; Classe II: Máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe III: Máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; Classe IV: Mínima adaptabilidade; Classe V: Média adaptabilidade geral; Classe VI: Média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe VII: Média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis.

Na Figura 20 é apresentada a dispersão gráfica dos 26 genótipos (codificados por números) no plano formado pelos dois primeiros componentes principais. Observou-se a distribuição dos genótipos nas proximidades dos ideótipos IV, V e I. Pela inspeção visual os genótipos BCR1346 142 (25), BCR553G 306 (16), P98C81 (22), BCR1057G 157 (17), BCR1057G 162 (24) e BCR1067G 210 (21) são classificados como genótipos de mínima adaptabilidade (Classe IV).

Os genótipos BCR1067G 189 (19) e MSOY 8008RR (15), classificados como de média adaptabilidade geral (Classe V), estão próximos do ideótipo IV devido a distorção na representação gráfica.

Mesmo com a distorção gráfica, verificou-se que a classificação dos genótipos BCR1070G 229 (9), CD 219 RR (4), BCR892G 132 (3) e BCR945G 110 (11) pela proximidade ao ideótipo I é concordante com a classificação pelo cálculo das probabilidades.

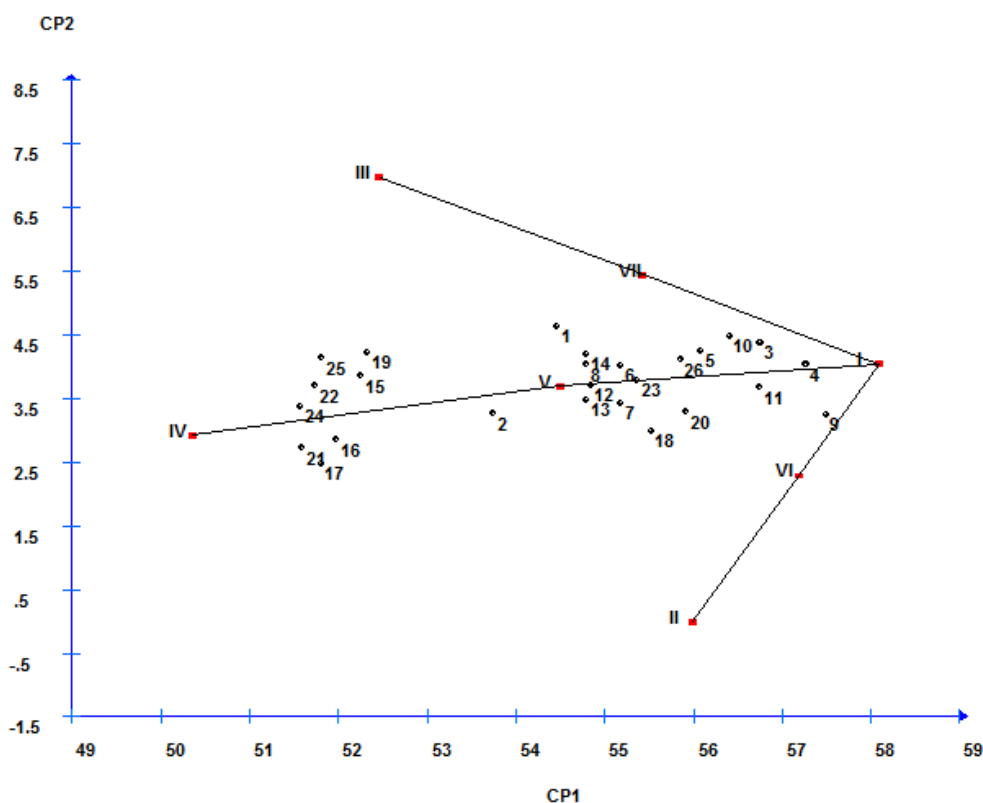


Figura 20. Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais dos 26 genótipos de soja, para o teor de óleo avaliado em seis ambientes no estado do Mato Grosso. Os sete pontos numerados com algarismos romanos representam os ideótipos. I: máxima adaptabilidade geral; II: máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; III: máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; IV: mínima adaptabilidade; V: média adaptabilidade geral; VI: média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; VII: média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis. CP1: componente principal 1; CP2: componente principal 2.

4.2.5.2. Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)

Na Tabela 54 são apresentadas as estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade obtidas pelo método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998).

Os genótipos CD 219 RR, BCR1070G 229, BCR892G 132, BCR1070G 251, BCR945G 110, BCR945G 114, UFV 18 PM e BCR1455 178 apresentaram adaptabilidade geral. Destes, a cultivar CD 219 RR destacou-se por apresentar posições relativas semelhantes nas duas condições ambientais, favoráveis e desfavoráveis.

Os resultados foram concordantes com a classificação pelo método centróide, no qual os genótipos BCR1070G 229, CD 219 RR, BCR892G 132 e BCR945G 110 foram classificados como de máxima adaptabilidade geral (Classe I).

As linhagens BCR1070G 229, BCR1070G 251 e BCR1455 178 foram melhor classificadas nos ambientes favoráveis do que nos desfavoráveis. Por outro lado, as linhagens BCR892G 132, BCR945G 110 e BCR945G 114 mostram melhor adaptabilidade em ambientes desfavoráveis.

Importante destacar que os pares de linhagens irmãs BCR1070G 229 e BCR1070G 251, e BCR945G 110 e BCR945G 114 exibiram comportamento semelhante em condições ambientais distintas, favoráveis e desfavoráveis respectivamente. Esse comportamento evidencia a consistência da expressão de alelos (genes) relacionados ao teor de óleo provenientes de progenitores distintos.

Os genótipos BCR1346 142, BCR553G 306, P98C81, BCR1057G 157, BCR1057G 162 e BCR1067G 210 apresentaram mínima adaptabilidade a todos os ambientes, tanto favoráveis quanto desfavoráveis (maior P_i). Tais resultados são concordantes com o obtido pelo método centróide, no qual os genótipos foram classificados como de mínima adaptabilidade (Classe IV).

A concordância entre os métodos confere maior confiabilidade à classificação dos genótipos quanto a adaptabilidade e estabilidade.

Tabela 54. Estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de 26 genótipos de soja avaliados em seis ambientes para teor de óleo, com base no método proposto por Lin e Binns modificado por Carneiro (1998)¹

Genótipos	Média	Pi geral	Genótipos	Pi _f	Genótipos	Pi _d
4 CD 219 RR	21,76	0,0855	9	0,0072	10	0,0469
9 BCR1070G 229	21,79	0,0893	4	0,0904	3	0,0625
3 BCR892G 132	21,58	0,1737	11	0,1195	4	0,0756
11 BCR1070G 251	21,53	0,1835	3	0,2292	5	0,2412
10 BCR945G 110	21,48	0,2789	20	0,3145	26	0,2449
5 BCR945G 114	21,34	0,3347	5	0,3815	9	0,2536
26 UFV 18 PM	21,23	0,3853	10	0,3949	11	0,3116
20 BCR1455 178	21,20	0,4943	26	0,4555	1	0,3691
23 DM 309	21,04	0,5660	18	0,4835	6	0,4970
6 BCR1070G 244	20,97	0,6742	7	0,5312	14	0,5433
7 BCR1459 189	20,93	0,6918	23	0,5435	23	0,6111
18 BCR1070G 228	21,01	0,7644	6	0,7628	8	0,6308
8 BCR651G 75	20,84	0,8023	13	0,7897	12	0,8376
14 BCR1070G 246	20,85	0,8116	12	0,8229	20	0,8539
12 Valiosa RR	20,82	0,8278	8	0,8881	7	1,0130
13 BCR892G 140	20,77	0,8982	14	0,9457	13	1,1152
1 BCR651G 68	20,74	0,9804	1	1,2860	18	1,3262
2 BCR1070G 231	20,37	1,5270	2	1,3216	2	1,9379
19 BCR1067G 189	19,91	2,5263	17	2,3848	25	2,0415
15 MSOY 8008RR	19,85	2,6099	16	2,4371	19	2,0703
25 BCR1346 142	19,71	2,8524	19	2,7543	15	2,1776
16 BCR553G 306	19,68	2,8992	21	2,8048	22	2,7091
22 P98C81	19,65	2,9935	15	2,8260	24	3,2972
17 BCR1057G 157	19,60	3,1395	22	3,1358	16	3,8234
24 BCR1057G 162	19,57	3,2195	24	3,1807	21	4,4914
21 BCR1067G 210	19,52	3,3670	25	3,2579	17	4,6488
Média	20,68					

¹ Pi_f – Pi para ambientes favoráveis; Pi_d – Pi para ambientes desfavoráveis

4.2.5.3. Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA)

O método do **Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA)** foi empregado no caráter teor de óleo. As combinações dos seis ensaios onde esse caráter foi avaliado foram iniciadas ao pares, sendo realizadas 15 combinações. Para cada combinação foi estimado o parâmetro Pi de adaptabilidade e estabilidade de Lin e Binns (1988), que foi então comparado com o Pi obtido considerando todos os ambientes, aqui denominado “Pi original”.

As correlações entre as estimativas de Pi são apresentadas na Tabela 55. Observou-se que, ao considerar pares de ambientes, a menor correlação entre a estimativas de Pi foi de 0,932 para os ambientes 4 (PL4) e 7 (PP). Por outro lado, a máxima correlação foi obtida na combinação dos ambientes 6 (PL6) e 7 (PP). A correlação média dos pares de ambientes foi de 0,954.

Considerando as 20 combinações possíveis com três ambientes, observou-se que o Pi obtido nos ambientes 3 (PL3), 5 (PL5) e 6 (PL6) apresentou menor correlação (0,976) com o Pi original. Já os ambientes 2 (PL2), 4 (PL4) e 6 (PL6) obtiveram a maior correlação (0,989). A medida que mais ambientes foram combinados, maiores estimativas de correlação foram obtidas, porém, todas as combinações obtiveram correlações maiores que 0,930.

Dessa forma, considerando que as estimativas Pi dos ensaios apresentaram elevada correlação com o Pi original, seria possível descartar determinados ambientes sem comprometer a classificação dos genótipos.

Tabela 55. Estimativas dos coeficientes de correlação máximos e mínimos entre os parâmetros Pi nas combinações de ambientes, para o teor de óleo avaliado em 26 genótipos de soja em seis ambientes no estado do Mato Grosso¹

Combinações	Quantidade	Média	Ambientes	Mínimo	Ambientes	Máximo
2	15	0,954	4 7	0,932	6 7	0,977
3	20	0,976	3 5 6	0,953	2 4 6	0,989
4	15	0,988	2 3 5 6	0,975	2 4 5 6	0,994
5	6	0,995	2 3 4 6 7	0,992	2 4 5 6 7	0,999
6	1	1,000	Todos	1,000	Todos	1,000

¹ Ambientes: 1: PL1; 2: PL2; 3: PL3; 4: PL4; 5: PL5; 6: PL6; 7: PP; 8: NU.

Na Figura 21 é apresentada a dispersão gráfica das estimativas dos coeficientes de correlação entre os parâmetros P_i obtidos nas possíveis combinações dos ambientes. No eixo das abscissas são apresentados os números de ambientes nas combinações e nas ordenadas as magnitudes das correlações. Observou-se que, apesar da elevada magnitude das correlações, houve uma tendência de aumento nas combinações que envolviam mais ambientes.

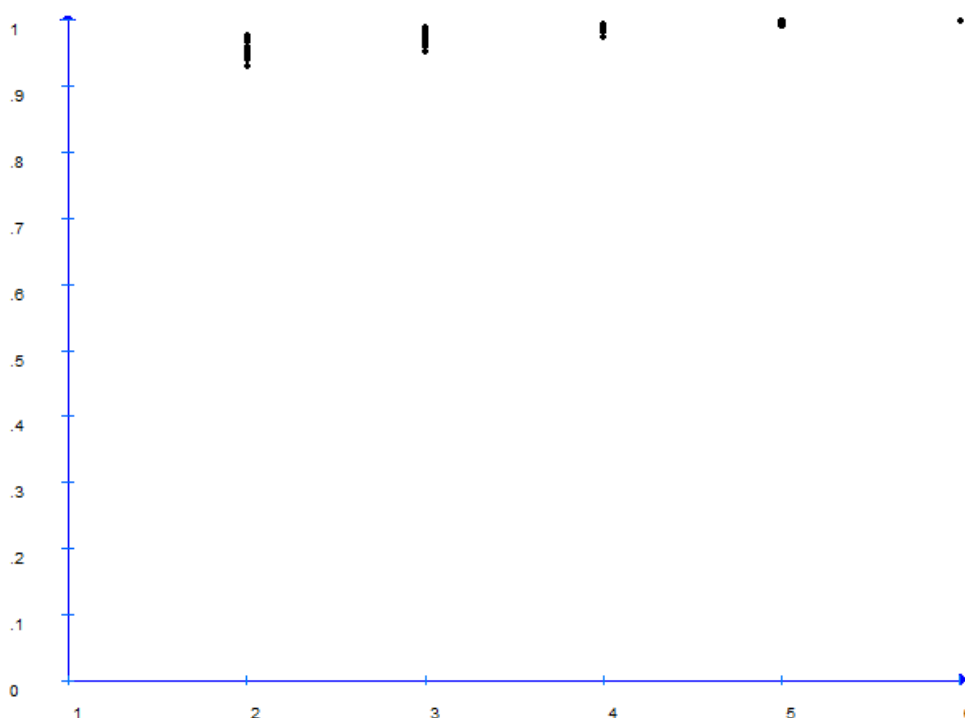


Figura 21. Dispersão gráfica das estimativas dos coeficientes de correlação entre os parâmetros P_i dos 26 genótipos de soja, em cinco tipos de combinações, para o teor de óleo avaliado em seis ambientes, no estado do Mato Grosso.

Na Figura 22 é apresentado o comportamento dos genótipos CD 219 RR e BCR1067G 210 quanto às estimativas P_i . Considerando todos os ambientes, o genótipo CD 219 RR obteve a menor estimativa P_i , mas em determinadas combinações de ambientes as estimativas P_i apresentaram diferentes magnitudes. No entanto, essas estimativas ainda continuaram baixas e mantiveram a classificação de adaptabilidade geral do genótipo.

Por outro lado, o genótipo BCR1067G 210 apresentou a maior estimativa Pi quando foram considerados todos ambientes. Assim como no genótipo CD 219 RR, em determinadas combinações de ambientes as estimativas Pi apresentaram diferentes magnitudes.

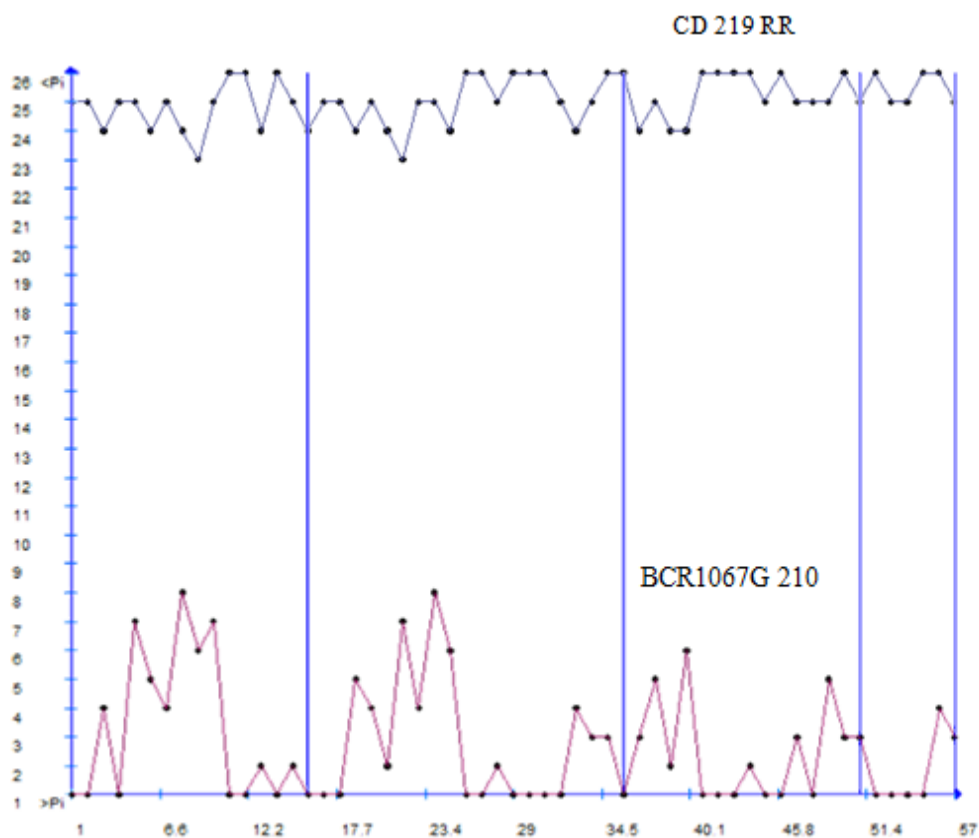


Figura 22. Estimativas de Pi dos genótipo CD 219 RR e BCR1067G 210 nas combinações de ambientes para o teor de óleo.

4.3 Caracteres de sanidade de sementes

Os caracteres de sanidade são aqueles relativos à presença de patógenos nas sementes. Diversos patógenos infectam as sementes de soja e comprometem sua qualidade, causando frequentemente perdas consideráveis na produção de grãos.

Dentre os patógenos mais freqüentes, destacam-se as bactérias e os fungos. Os fungos patogênicos mais comuns são *Alternaria* sp., *Aspergillus* sp., *Colletotrichum dematium*, *Cercospora kikuchii*, *Chaetomium* spp., *Fusarium* sp., *Penicillium* spp. e *Phomopsis* spp.

No presente trabalho foi avaliado a incidência de bactérias e fungos em sementes provenientes dos genótipos avaliados nos ensaios conduzidos na safra 2009/10 em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP). Os valores foram expressos em porcentagem de sementes de infectadas (%) por determinado patógeno.

4.3.1 Análise descritiva

Devido à falta de normalidade dos dados não foi realizada a análise de variância para a incidência de cada um dos patógenos, sendo realizada uma análise descritiva. Apenas para a incidência total de patógenos (fungos + bactérias) foi realizada a análise de variância.

Nas Tabelas 56 a 58 são apresentadas as médias, os valores mínimos e máximos, as variâncias e os intervalos de confiança (IC 95%) da incidência dos patógenos nas sementes dos 26 genótipos nos três ensaios.

No ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste (PL5) verificou-se que *C. dematium* e *Fusarium* sp apresentaram as maiores médias de incidência, enquanto não foi detectada a presença de *Penicillium* spp (Tabela 56). A incidência média de bactérias foi maior que a dos fungos, e também apresentou a maior variação de incidência, com valores variando entre 0 e 42% de sementes infectadas.

A incidência total de patógenos (fungos + bactérias) atingiu o máximo de 60% de sementes infectadas. Essa elevada incidência pode afetar a qualidade e germinação de sementes. Na literatura é relatado que incidências maiores que 40% comprometem a qualidade de sementes de soja (PASSOS, 1994).

Tabela 56. Média, mínimo, máximo, variância e intervalo de confiança (IC 95%) da incidência de diferentes patógenos (%) nas sementes de 26 genótipos de soja cultivados na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL5)

Patógenos	Média	Mín.	Máx.	Variância	IC (95%)	
					LI	LS
<i>Alternaria sp.</i>	0,308	0	8	1,536	0,050	0,551
<i>Aspergillus sp.</i>	0,019	0	2	0,039	-0,022	0,058
<i>C. dematium</i>	2,731	0	22	15,694	1,907	3,508
<i>C. kikuchii</i>	0,173	0	4	0,552	0,019	0,319
<i>Chaetomium spp.</i>	1,308	0	24	13,031	0,557	2,016
<i>Fusarium sp.</i>	2,327	0	24	16,086	1,493	3,113
<i>Penicillium spp.</i>	0,000	0	0	0,000	0,000	0,000
<i>Phomopsis spp.</i>	0,192	0	6	0,662	0,023	0,352
Total de fungos	7,019	0	46	75,495	5,213	8,723
Bactérias	8,519	0	42	67,650	6,809	10,132
Fungos + Bactérias	15,539	0	64	195,358	12,633	18,280

No ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste (PL6) a incidência de fungos e bactérias foi menor que a incidência do ensaio anterior (PL5). As semeaduras realizadas no mês de outubro proporcionam alta temperatura e umidade elevada durante as fases de maturação e colheita, favorecendo a incidência de patógenos de sementes (COSTA *et al.*, 1995; HENNING, 1987).

A incidência de fungos no ensaio PL6 foi relativamente baixa. A incidência média do total de fungos correspondeu a metade do observado no ensaio PL5. A maior incidência verificada foi de *Fusarium sp.*, com valores variando entre 0 e 12% (Tabela 57). Nesse ensaio não foram observados *Penicillium spp.* e *Alternaria sp.*. Assim como no ensaio anterior, a incidência de bactérias foi maior que a incidência total de fungos.

Os resultados da análise descritiva do ensaio conduzido em Pedra Preta encontram-se na Tabela 58. Nesse ensaio houve maior incidência de *Fusarium sp.* e *Phomopsis spp.*, atingindo níveis superiores a 30% de infecção. Por outro lado, a presença de bactérias foi a menor entre os ensaios.

Tabela 57. Média, mínimo, máximo, variância e intervalo de confiança (IC 95%) da incidência de diferentes patógenos (%) nas sementes de 26 genótipos de soja cultivados na segunda época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL6)

Patógenos	Média	Mín.	Máx.	Variância	IC (95%)	
					LI	LS
<i>Alternaria sp.</i>	0,000	0	0	0,000	0,000	0,000
<i>Aspergillus sp.</i>	0,019	0	2	0,039	-0,022	0,058
<i>C. dematium</i>	0,981	0	6	2,252	0,669	1,275
<i>C. kikuchii</i>	0,385	0	8	1,637	0,119	0,636
<i>Chaetomium spp.</i>	0,865	0	8	2,778	0,519	1,192
<i>Fusarium sp.</i>	1,154	0	12	5,025	0,688	1,593
<i>Penicillium spp.</i>	0,000	0	0	0,000	0,000	0,000
<i>Phomopsis spp.</i>	0,154	0	6	0,520	0,004	0,295
Total de fungos	3,558	0	26	20,579	2,615	4,447
Bactérias	4,635	0	22	28,836	3,518	5,688
Fungos + Bactérias	8,192	0	30	53,011	6,679	9,620

Tabela 58. Média, mínimo, máximo, variância e intervalo de confiança (IC 95%) da incidência de diferentes patógenos (%) nas sementes de 26 genótipos de soja cultivados em Pedra Preta na safra 2009/10 (PP)

Patógenos	Média	Mín.	Máx.	Variância	IC (95%)	
					LI	LS
<i>Alternaria sp.</i>	0,269	0	8	1,325	0,030	0,495
<i>Aspergillus sp.</i>	0,154	0	4	0,365	0,028	0,272
<i>C. dematium</i>	0,904	0	14	5,350	0,423	1,357
<i>C. kikuchii</i>	0,096	0	2	0,185	0,007	0,180
<i>Chaetomium spp.</i>	0,269	0	4	0,548	0,115	0,414
<i>Fusarium sp.</i>	2,750	0	30	21,918	1,777	3,668
<i>Penicillium spp.</i>	0,039	0	2	0,076	-0,019	0,093
<i>Phomopsis spp.</i>	2,346	0	32	30,947	1,190	3,437
Total de fungos	6,789	0	50	128,421	4,433	9,011
Bactérias	2,346	0	16	9,122	1,718	2,938
Fungos + Bactérias	9,135	0	62	141,263	6,664	11,466

Considerando apenas a incidência de fungos, verificou-se que, em média, houve maior ocorrência de *Fusarium spp.*, *C. dematium*, *Chaetomium spp.* e *Phomopsis spp.* nos ensaios (Tabela 59). Destes, apenas *Chaetomium spp.* causa perdas menos expressivas.

Na Figura 23 é mostrada a representação gráfica da porcentagem de incidência de fungos (%) nos ensaios. Observou-se que a maior incidência de *Phomopsis spp.* e *Fusarium spp.* ocorreu no ensaio conduzido em Pedra Preta (PP). No ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste (PL5) houve maior incidência de *C. dematium*. Já na segunda época de semeadura (PL6) houve maior incidência de *Chaetomium spp.* e *C. kikuchii* do que nos outros ensaios.

No Brasil Central, a ocorrência de sementes apresentando elevados índices desses fungos tem sido frequentemente relatada. Todos são responsáveis pela baixa qualidade de sementes, causam seca da haste e da vagem (*Phomopsis spp.*), podridão de sementes (*Fusarium spp.*) e antracnose (*C. dematium*). Mesmo os fungos que apresentaram baixa porcentagem de incidência, *Penicillium spp.* e *Aspergillus sp.*, podem provocar a deterioração das sementes com alto teor de água, ou armazenadas em ambiente com umidade relativa elevada (DHINGRA; ACUÑA, 1997).

Quando muitos patógenos ocorrem simultaneamente seus efeitos podem somar-se e causar danos à germinação das sementes. Além disso, geralmente determinados patógenos são comumente associados a outros patógenos (FRANÇA NETO; HENNING, 1992; HENNING, 1987).

Nesse sentido, para investigar a associação entre a incidência dos patógenos foi estimada sua correlação no três ensaios (Tabela 60). Observou-se correlações significativas e de magnitude semelhante entre *C. dematium* e *Fusarium spp.* nos três ensaios. Para *Fusarium spp.* x *Phomopsis spp.* e *C. dematium* x *Phomopsis spp.* foram observadas correlações significativas e de média magnitude apenas nos ensaios PL6 e PP, pois no ensaio PL5 houve baixa incidência de *Phomopsis spp.* Resultados semelhantes foram encontrados por Galli *et al.* (2007) e Hartman *et al.* (1995). A incidência de bactérias não apresentou correlação significativa com nenhum dos fungos.

De modo geral, genótipos podem apresentar alta incidência de patógenos nas sementes, com variações significativas entre locais e épocas de semeadura. Nesse sentido, programas de melhoramento devem considerar a realização de testes de sanidade na seleção e avaliação de linhagens.

Tabela 59. Porcentagem de incidência de fungos (%) nas sementes dos genótipos cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

Fungos	PL5	PL6	PP	Média
1 <i>Penicillium spp.</i>	0,00	0,00	0,57	0,19
2 <i>Aspergillus sp.</i>	0,27	0,54	2,27	1,03
3 <i>Alternaria sp.</i>	4,38	0,00	3,97	2,78
4 <i>C. kikuchii</i>	2,47	10,81	1,42	4,90
5 <i>Phomopsis spp.</i>	2,74	4,32	34,56	13,87
6 <i>Chaetomium spp.</i>	18,63	24,32	3,97	15,64
7 <i>C. dematium</i>	38,90	27,57	13,31	26,60
8 <i>Fusarium spp.</i>	33,15	32,43	40,51	35,36

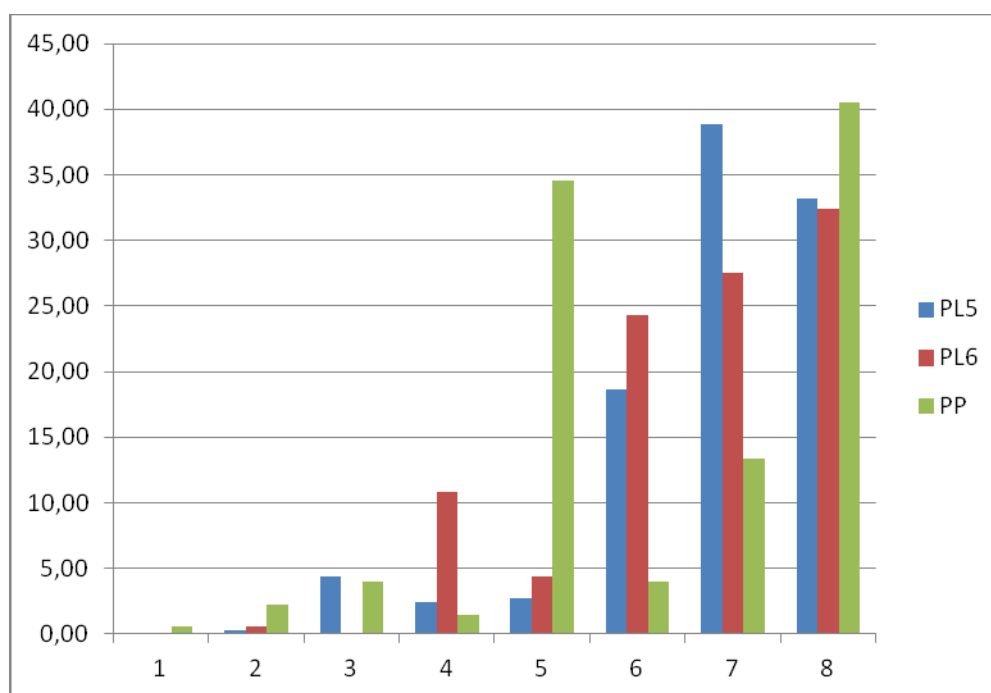


Figura 23. Representação gráfica da porcentagem de incidência de fungos (%) nos ensaios PL5, PL6 e PP. As numerações representam os fungos. 1: *Penicillium spp.*; 2: *Aspergillus sp.*; 3: *Alternaria sp.*; 4: *C. kikuchii*; 5: *Phomopsis spp.*; 6: *Chaetomium spp.*; 7: *C. dematium*; 8: *Fusarium spp.*

Tabela 60. Coeficientes de correlação entre as porcentagens de incidência de patógenos nas sementes dos 26 genótipos de soja cultivados em em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

Patógenos		PL5	PL6	PP
<i>Alternária sp.</i>	x <i>Aspergillus sp.</i>	-0,024 *	0,000	0,331 **
<i>Alternária sp.</i>	x <i>C. dematium</i>	0,206 **	0,000	0,009
<i>Alternária sp.</i>	x <i>C. kikuchii</i>	0,279	0,000	-0,052
<i>Alternária sp.</i>	x <i>Chaetomium spp.</i>	-0,082 **	0,000	0,461 **
<i>Alternária sp.</i>	x <i>Fusarium sp.</i>	0,456	0,000	0,293 **
<i>Alternária sp.</i>	x <i>Penicillium spp.</i>	0,000	0,000	-0,032
<i>Alternária sp.</i>	x <i>Phomopsis spp.</i>	0,210 *	0,000	0,294 **
<i>Alternária sp.</i>	x <i>Bactérias</i>	0,007 **	0,00	0,040
<i>Aspergillus sp.</i>	x <i>C. dematium</i>	-0,068 **	0,199 *	0,233 *
<i>Aspergillus sp.</i>	x <i>C. kikuchii</i>	-0,023	-0,029	-0,057
<i>Aspergillus sp.</i>	x <i>Chaetomium spp.</i>	-0,035	-0,051	-0,006
<i>Aspergillus sp.</i>	x <i>Fusarium sp.</i>	-0,057	0,125	0,412 **
<i>Aspergillus sp.</i>	x <i>Penicillium spp.</i>	0,000	0,000	0,197 *
<i>Aspergillus sp.</i>	x <i>Phomopsis spp.</i>	-0,023	-0,021	0,377 **
<i>Aspergillus sp.</i>	x <i>Bactérias</i>	-0,102	0,246 *	-0,093
<i>C. dematium</i>	x <i>C. kikuchii</i>	0,141	0,226 *	0,263 **
<i>C. dematium</i>	x <i>Chaetomium spp.</i>	0,348 **	0,030	0,037
<i>C. dematium</i>	x <i>Fusarium sp.</i>	0,368 **	0,491 **	0,399 **
<i>C. dematium</i>	x <i>Penicillium spp.</i>	0,000	0,000	-0,055
<i>C. dematium</i>	x <i>Phomopsis spp.</i>	0,016	0,397 **	0,621 **
<i>C. dematium</i>	x <i>Bactérias</i>	0,450 **	0,168	0,071
<i>C. kikuchii</i>	x <i>Chaetomium spp.</i>	-0,027	-0,011	0,161
<i>C. kikuchii</i>	x <i>Fusarium sp.</i>	0,019	0,209 *	0,079
<i>C. kikuchii</i>	x <i>Penicillium spp.</i>	0,000	0,000	-0,031
<i>C. kikuchii</i>	x <i>Phomopsis spp.</i>	-0,055	0,187	0,099
<i>C. kikuchii</i>	x <i>Bactérias</i>	0,016	-0,036	-0,025
<i>Chaetomium spp.</i>	x <i>Fusarium sp.</i>	-0,072	-0,010	0,109
<i>Chaetomium spp.</i>	x <i>Penicillium spp.</i>	0,000	0,000	-0,051
<i>Chaetomium spp.</i>	x <i>Phomopsis spp.</i>	-0,086	-0,111	0,109
<i>Chaetomium spp.</i>	x <i>Bactérias</i>	0,183 **	-0,014	-0,042
<i>Fusarium sp.</i>	x <i>Penicillium spp.</i>	0,000	0,000	0,157
<i>Fusarium sp.</i>	x <i>Phomopsis spp.</i>	0,171	0,561 **	0,564 **
<i>Fusarium sp.</i>	x <i>Bactérias</i>	0,187 **	0,068	0,036
<i>Penicillium spp.</i>	x <i>Phomopsis spp.</i>	0,000	0,000	-0,008
<i>Penicillium spp.</i>	x <i>Bactérias</i>	0,000	0,000	-0,062
<i>Phomopsis spp.</i>	x <i>Bactérias</i>	-0,049	-0,066	0,085

** e * : Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t.

4.3.2 Análise individual de variância e teste comparativo entre médias

Os dados da porcentagem de incidência total de patógenos (fungos + bactérias) foram submetidos aos testes de Lilliefors e Bartlett. Como os testes não evidenciaram normalidade e homogeneidade de variâncias foi necessário a transformação dos dados.

Dessa forma, a análise individual de variância foi realizada com os dados transformados para arcoseno $\sqrt{\frac{x+0,5}{100}}$, em que x corresponde à porcentagem de sementes infectadas.

As análises evidenciaram diferenças significativas ($P < 0,01$) entre os genótipos em todos os ensaios, indicando a existência de variabilidade entre os genótipos para incidência de patógenos (Tabela 61). Os coeficientes de variação experimental variaram de 35,22% a 41,78%, níveis aceitáveis em avaliações de sanidade de sementes.

As estimativas dos coeficientes de determinação genotípico (H^2) foram elevadas nos três ensaios, indicando maior contribuição dos efeitos genotípicos do que ambientais na manifestação do caráter.

Tabela 61. Resumo das análises individuais de variância dos dados referentes à incidência total de patógenos nas sementes (fungos e bactérias), transformados em arco seno da raiz quadrada de $x+0,5/100$, avaliados em 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

F.V.	GL	Quadrados Médios		
		PL5	PL6	PP
Blocos	3	0,043	0,013	0,071
Genótipos	25	0,082 **	0,031 **	0,075 **
Resíduo	75	0,018	0,013	0,013
Média		0,38	0,27	0,28
CV(%)		35,22	40,88	41,78
H^2		78,12	60,64	82,24

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Na Tabela 62 são apresentadas as médias originais e transformadas da incidência total de patógenos nas sementes dos 26 genótipos avaliados. Foi efetuado o teste de Tukey a 5% de probabilidade, porém apenas as diferenças mínimas significativas são apresentadas.

Tabela 62. Valores médios percentuais e transformados da incidência total de patógenos (fungos e bactérias) nas sementes de 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

Genótipos	Incidência total de patógenos						Média	
	PL5		PL6		PP			
11 BCR1070G 251	9,5	0,32	2,0	0,14	2,0	0,14	4,5	0,20
17 BCR1057G 157	6,0	0,26	4,5	0,21	7,5	0,27	6,0	0,24
18 BCR1070G 228	7,0	0,28	4,5	0,22	8,0	0,28	6,5	0,26
6 BCR1070G 244	4,5	0,22	9,5	0,32	6,5	0,26	6,8	0,27
25 BCR1346 142	12,5	0,37	6,0	0,25	2,5	0,17	7,0	0,26
9 BCR1070G 229	8,0	0,28	4,0	0,18	11,0	0,33	7,7	0,26
4 CD 219 RR	6,5	0,24	6,0	0,22	13,0	0,33	8,5	0,26
10 BCR945G 110	8,5	0,30	15,0	0,40	3,0	0,18	8,8	0,29
21 BCR1067G 210	14,5	0,37	5,5	0,24	7,0	0,27	9,0	0,29
19 BCR1067G 189	4,5	0,22	9,5	0,31	13,5	0,36	9,2	0,30
14 BCR1070G 246	16,0	0,40	4,5	0,22	7,5	0,28	9,3	0,30
7 BCR1459 189	19,0	0,45	7,5	0,28	2,0	0,14	9,5	0,29
24 BCR1057G 162	4,5	0,19	8,0	0,29	17,0	0,39	9,8	0,29
3 BCR892G 132	17,0	0,42	11,5	0,34	3,0	0,17	10,5	0,31
16 BCR553G 306	3,5	0,19	6,0	0,24	22,0	0,48	10,5	0,30
5 BCR945G 114	9,0	0,31	19,0	0,43	5,0	0,20	11,0	0,31
2 BCR1070G 231	19,0	0,43	2,5	0,16	12,0	0,36	11,1	0,32
12 Valiosa RR	16,0	0,41	5,0	0,22	13,5	0,35	11,5	0,33
15 MSOY 8008RR	5,0	0,23	24,0	0,52	7,5	0,28	12,2	0,34
8 BCR651G 75	33,5	0,62	5,0	0,23	2,0	0,14	13,5	0,33
1 BCR651G 68	33,0	0,61	6,0	0,20	3,0	0,18	14,0	0,33
13 BCR892G 140	29,0	0,57	12,0	0,35	1,5	0,13	14,2	0,35
26 UFV 18 PM	21,0	0,47	14,5	0,39	10,0	0,31	15,2	0,39
20 BCR1455 178	34,0	0,62	9,0	0,29	3,0	0,17	15,3	0,36
22 P98C81	35,5	0,63	6,5	0,25	5,5	0,25	15,8	0,38
23 DM 309	27,5	0,51	5,5	0,20	49,0	0,78	27,3	0,50
Média	15,5	0,38	8,2	0,27	9,1	0,28	10,96	0,31
DMS - Tukey (5%)		0,36		0,30		0,31		

Em todos os ensaios houve diferenças significativas entre os genótipos, com médias originais de incidência variando de 1,5% a 49%. O ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL6) apresentou o menor incidência média (8,2%), destacando-se os genótipos BCR1070G 251, BCR1057G 157, BCR1070G 228, BCR1070G 229, BCR1070G 246, BCR1070G 231, Valiosa RR e BCR651G 75 com incidência menor que 5% .

Nos ensaios conduzidos em Pedra Preta (PP) e na primeira época de semeadura em Primavera do Leste (PL5) o genótipo DM 309 apresentou alta incidência de patógenos, 27,5% e 49% respectivamente.

Na média dos três ensaios a linhagem BCR1070G 251 destacou-se como o genótipo de menor incidência média de patógenos (4,5%). Da mesma forma, suas linhagens irmãs BCR1070G 228, BCR1070G 244 e BCR1070G 229 também apresentaram incidência semelhante, com médias inferiores a 8%. Dentre as cultivares padrões, apenas CD 219 RR apresentou baixa incidência de patógenos (8,5%), as outras cultivares apresentaram incidência de patógenos maior que as linhagens.

A variação das médias dos genótipos nos ensaios é indicativo do comportamento diferencial dos genótipos nos ambientes, justificando, assim, a realização da análise conjunta.

4.3.3 Análise conjunta de variância

O resumo da análise conjunta de variância dos ensaios está apresentada na Tabela 63. As relação entre as variâncias residuais dos ensaios não ultrapassou 7:1, sendo consideradas homogêneas. Dessa forma, os ensaios puderam ser avaliados de maneira conjunta.

Observou-se que os efeitos genotípicos não foram significativos. Essa falta de significância não é indicativo de ausência de variabilidade genética pois a variância que se detecta na análise conjunta corresponde à média das variâncias genéticas nos vários ambientes subtraída da interação. Por isso verifica-se que em certos casos apesar da existência de variabilidade nos ambientes, na análise conjunta esta variabilidade não é significativa.

Tabela 63. Resumo da análise conjunta de variância dos dados referentes à incidência total de patógenos nas sementes (fungos e bactérias), transformados em arco seno da raiz quadrada de $x+0,5/100$, avaliados em 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

F.V.	GL	Quadrado Médio
Blocos/Amb.	9	0,042
Genótipos (G)	25	0,039 ns
Ambientes (A)	2	0,388 **
G x A	50	0,075**

Resíduo	225	0,014
Média		0,31
CV(%)		38,89

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo

Verificou-se efeitos significativos ($P < 0,01$) para ambientes e interação genótipos x ambientes. A significância da interação é um indicativo da existência de comportamento diferencial de genótipos nos ensaios.

4.3.4 Decomposição da interação genótipos x ambientes

Para determinar as causas da interação genótipos x ambientes foi realizada sua decomposição nas partes simples e complexa. Também foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica para avaliar a similaridade entre os ensaios.

As frações simples e complexas da interação e as estimativas de correlação entre os pares de ambientes são apresentados na Tabela 64. Observou-se a predominância de interação do tipo complexa, com estimativas acima de 98%. A interação complexa indica a inconsistência do comportamento dos genótipos com a variação ambiental, o que dificulta a avaliação, seleção e recomendação dos mesmos.

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre os pares de ensaios foram baixas, negativas e não apresentaram significância. Isso se deve à ocorrência diferenciada de patógenos nos ambientes, dependente de diversos fatores como: presença de inóculo e hospedeiros, transmissão de patógenos por intermédio de insetos, entre outros (DHINGRA; ACUÑA, 1997).

Tabela 64. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (% C) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes da incidência total de patógenos nas sementes (fungos e bactérias) avaliada em 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação		
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C	
PL5 PL6	0,06	0,015	4,29	**	-0,16	0,40	1,93	98,07
PL5 PP	0,10	0,016	6,21	**	-0,23	0,36	-10,67	110,67

PL6	PP	0,06	0,013	4,94	**	-0,20	0,37	-1,22	101,22
-----	----	------	-------	------	----	-------	------	-------	--------

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

4.3.5 Adaptabilidade e estabilidade

Para avaliar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, a porcentagem incidência total de patógenos (fungos + bactérias) foi substituída pela porcentagem de sementes sem patógenos. Dessa forma, os génotipos com os maiores valores serão aqueles que apresentaram menor incidência de patógenos.

As análises de adaptabilidade e estabilidade foram realizadas empregando-se os métodos centróide proposto por Rocha *et al.* (2005) modificado por Nascimento *et al.* (2009), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e número ótimo de ambientes proposto no presente trabalho.

4.3.5.1. Método centróide modificado

Na Tabela 65 são apresentadas as classificações dos genótipos quanta à adaptabilidade e estabilidade pelo método centróide modificado. O percentual de variância explicado pelos dois primeiros componentes principais foi de 81%. Com essa variância a distorção das coordenadas do genótipos, no gráfico de dispersão, é considerada aceitável e as interpretações do comportamento do genótipo, satisfatórias (CRUZ *et al.*, 2004).

Observou-se que 11 genótipos foram classificados como de média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (Classe VII). Os genótipos BCR1070G 244, BCR1067G 189, CD 219 RR, BCR1057G 157, BCR1057G 162, BCR1070G 228, BCR1070G 229 apresentaram as maiores probabilidades de pertencer a essa classe, com probabilidade maior que 30%. Além disso, esses genótipos apresentaram incidência total de patógenos menor que 10%.

Os genótipos BCR892G 140, BCR1455 178, P98C81, BCR651G 68 e BCR651G 75 foram classificados como de máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (Classe II). Já a cultivar DM 309 apresentou-se como de mínima adaptabilidade (Classe IV).

Os genótipos classificados nessas duas classes apresentaram as maiores incidências de patógenos. Assim, dada a circunstância de considerar apenas esse caráter, os genótipos não seriam recomendados.

A linhagem BCR1070G 251 apresentou a menor incidência total de patógenos (4,5%) e foi classificada como de média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (Classe VI).

Tabela 65. Classificação dos 26 genótipos de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade de comportamento pelo método centróide modificado¹ para incidência total de patógenos (fungos + bactérias) avaliada em três ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	Média	Classif.	Prob (I)	Prob (II)	Prob (III)	Prob (IV)	Prob (V)	Prob (VI)	Prob (VII)
11 BCR1070G 251	95,50	VI	0,284	0,066	0,032	0,029	0,153	0,285	0,152
17 BCR1057G 157	94,00	VII	0,235	0,054	0,035	0,030	0,159	0,143	0,344
18 BCR1070G 228	93,50	VII	0,217	0,058	0,036	0,031	0,181	0,154	0,323
6 BCR1070G 244	93,17	VII	0,168	0,047	0,033	0,028	0,134	0,107	0,484
25 BCR1346 142	93,00	VI	0,169	0,072	0,033	0,030	0,220	0,330	0,147
9 BCR1070G 229	92,33	VII	0,179	0,066	0,044	0,037	0,219	0,157	0,300
4 CD 219 RR	91,50	VII	0,157	0,062	0,048	0,039	0,196	0,130	0,368
10 BCR945G 110	91,17	VII	0,182	0,085	0,053	0,046	0,220	0,171	0,243
21 BCR1067G 210	91,00	V	0,115	0,067	0,031	0,029	0,409	0,223	0,127
19 BCR1067G 189	90,83	VII	0,141	0,059	0,051	0,040	0,168	0,111	0,431
14 BCR1070G 246	90,67	V	0,112	0,077	0,033	0,031	0,386	0,242	0,120
7 BCR1459 189	90,50	VI	0,124	0,117	0,038	0,038	0,254	0,311	0,119
24 BCR1057G 162	90,17	VII	0,155	0,073	0,070	0,054	0,191	0,130	0,327
3 BCR892G 132	89,50	V	0,133	0,105	0,044	0,042	0,307	0,226	0,144
16 BCR553G 306	89,50	VII	0,159	0,087	0,100	0,072	0,188	0,138	0,256
5 BCR945G 114	89,00	VII	0,164	0,094	0,066	0,057	0,225	0,161	0,233
2 BCR1070G 231	88,83	V	0,123	0,118	0,050	0,049	0,316	0,207	0,137
12 Valiosa RR	88,50	V	0,117	0,089	0,048	0,045	0,382	0,167	0,152
15 MSOY 8008RR	87,83	VII	0,164	0,098	0,088	0,071	0,196	0,149	0,234
8 BCR651G 75	86,50	II	0,069	0,570	0,035	0,040	0,106	0,114	0,067
1 BCR651G 68	86,00	II	0,081	0,487	0,041	0,048	0,129	0,134	0,080
13 BCR892G 140	85,83	II	0,115	0,264	0,056	0,063	0,197	0,188	0,117
20 BCR1455 178	85,17	II	0,098	0,376	0,051	0,059	0,161	0,158	0,098
26 UFV 18 PM	84,83	V	0,117	0,129	0,060	0,062	0,320	0,168	0,145
22 P98C81	84,17	II	0,085	0,458	0,048	0,058	0,135	0,132	0,085
23 DM 309	72,33	IV	0,099	0,109	0,178	0,267	0,126	0,107	0,113
Média	89.05								

¹Class.: classificação; Prob.: probabilidade; Classe I: Máxima adaptabilidade geral; Classe II: Máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe III: Máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; Classe IV: Mínima adaptabilidade; Classe V: Média adaptabilidade geral; Classe VI: Média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe VII: Média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis.

Na figura 24 é apresentada a dispersão gráfica dos 26 genótipos (codificados por números) para incidência total de patógenos (fungos + bactérias). Observa-se a distribuição da maioria dos genótipos nas proximidades dos ideótipos V, VII e II. Os genótipos BCR892G 140 (13), BCR1455 178 (20), P98C81 (22), BCR651G 68 (1) e BCR651G 75 (8), pela inspeção visual são classificados como genótipos de máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (classe II).

Mesmo com a distorção na representação gráfica, é possível verificar que a classificação dos genótipos pela proximidade aos ideótipos é parcialmente concordante com a classificação pelo cálculo das probabilidades.

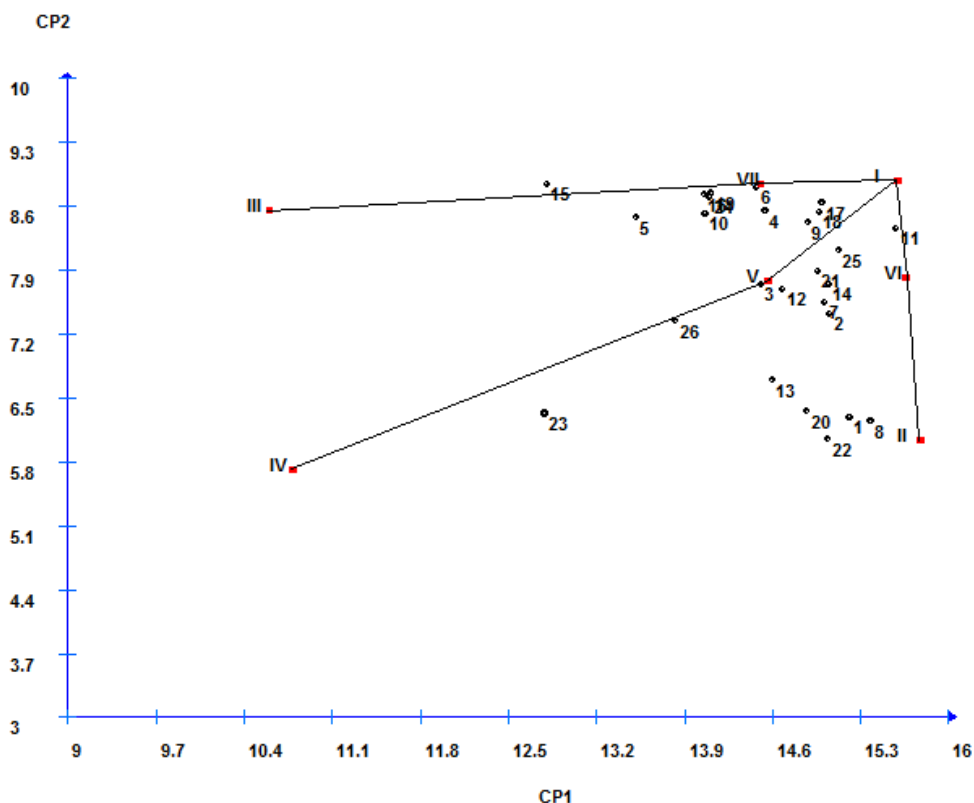


Figura 24. Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais dos 26 genótipos de soja, para a incidência total de patógenos (fungos + bactérias), avaliado em seis ambientes no estado do Mato Grosso. Os sete pontos numerados com algarismos

romanos representam os ideótipos. I: máxima adaptabilidade geral; II: máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; III: máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; IV: mínima adaptabilidade; V: média adaptabilidade geral; VI: média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; VII: média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis. CP1: componente principal 1; CP2: componente principal 2.

4.3.5.2. Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)

Na Tabela 66 são apresentadas as estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade obtidas pelo método de Lin e Binns modificado por Carneiro (1998) para a incidência total de patógenos (fungos + bactérias).

Os genótipos BCR1070G 251, BCR1057G 157, BCR1070G 228, BCR1070G 244, BCR1346 142 e BCR1070G 229 apresentaram os menores valores de P_i geral. Destas, as linhagens BCR1070G 251 e BCR1346 142 também apresentaram baixas estimativas P_i nos ambientes favoráveis (P_{if}), sendo classificadas também como de adaptabilidade a ambientes favoráveis. Por outro lado, a linhagem BCR1070G 244 comportou-se também como de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis ($P_{id} = 0$).

Os genótipos BCR651G 75, BCR651G 68 e P98C81 apresentaram adaptabilidade específica a ambientes favoráveis. Tal resultado foi concordante com a classificação pelo método centróide, no qual os genótipos foram classificados como de máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (classe II).

As linhagens BCR553G 306, BCR1067G 189, BCR1057G 162 e MSOY 8008RR mostraram melhor adaptabilidade em ambientes desfavoráveis. Entretanto, deve-se atentar para o fato de que essas linhagens apresentaram altas estimativas P_i nos ambientes favoráveis (P_{if}) e em todos ambientes (P_i geral). Nesses ambientes a incidência de patógenos foi menor do que nos ambientes desfavoráveis. Assim, os genótipos recomendados para ambientes desfavoráveis também deveriam apresentar estimativas P_i baixas nos outros ambientes, o que de fato não ocorreu. Isso pode ser explicado pela diferença na incidência de patógenos nos ambientes.

Portanto, deve-se ter cautela na recomendação de genótipos considerando a incidência total de patógenos pois o comportamento dos genótipos é muito dependente da presença de patógenos e das condições ambientais favoráveis aos mesmos.

Tabela 66. Estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de 26 genótipos de soja avaliados em seis ambientes para a incidência total de patógenos (fungos + bactérias), com base no método proposto por Lin e Binns modificado por Carneiro (1998)¹

Genótipos	Média	Pi geral	Genótipos	Pi _f	Genótipos	Pi _d
11 BCR1070G 251	95,50	6,0417	11	0,0625	16	0,0000
17 BCR1057G 157	94,00	8,0833	8	2,3125	6	0,5000
18 BCR1070G 228	93,50	10,1250	25	4,2500	19	0,5000
6 BCR1070G 244	93,17	13,7083	1	4,5625	24	0,5000
25 BCR1346 142	93,00	16,3333	7	7,6250	15	1,1250
9 BCR1070G 229	92,33	19,0833	22	9,0625	17	3,1250
4 CD 219 RR	91,50	26,2083	14	10,5625	4	4,5000
21 BCR1067G 210	91,00	27,2500	17	10,5625	18	6,1250
10 BCR945G 110	91,17	32,7083	21	10,6250	9	10,1250
14 BCR1070G 246	90,67	33,0833	18	12,1250	10	12,5000
19 BCR1067G 189	90,83	33,5417	20	12,8125	5	15,1250
7 BCR1459 189	90,50	45,1250	6	20,3125	11	18,0000
3 BCR892G 132	89,50	45,7917	3	23,1250	25	40,5000
24 BCR1057G 162	90,17	46,2083	9	23,5625	21	60,5000
12 Valiosa RR	88,50	51,5417	13	25,0000	12	78,1250
5 BCR945G 114	89,00	55,2500	2	27,6250	14	78,1250
2 BCR1070G 231	88,83	58,4583	4	37,0625	3	91,1250
16 BCR553G 306	89,50	72,7083	12	38,2500	2	120,1250
15 MSOY 8008RR	87,83	87,0417	10	42,8125	7	120,1250
26 UFV 18 PM	84,83	89,1250	19	50,0625	26	153,1250
13 BCR892G 140	85,83	125,0417	26	57,1250	23	288,0000
1 BCR651G 68	86,00	148,0833	24	69,0625	13	325,1250
20 BCR1455 178	85,17	148,7083	5	75,3125	20	420,5000
8 BCR651G 75	86,50	151,5417	16	109,0625	1	435,1250
22 P98C81	84,17	176,7083	15	130,0000	8	450,0000
23 DM 309	72,33	490,0833	23	591,1250	22	512,0000
Média	89,05					

¹ Pi_f – Pi para ambientes favoráveis; Pi_d – Pi para ambientes desfavoráveis

4.3.5.3. Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA)

O método do **Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA)** foi empregado no caráter incidência total de patógenos (fungos + bactérias). Foram realizadas as quatro combinações possíveis com os três ensaios onde esse caráter foi avaliado. Para cada combinação foi estimado o parâmetro P_i de adaptabilidade e estabilidade de Lin e Binns (1988), que foi então comparado com o P_i obtido considerando todos os ambientes, aqui denominado “ P_i original”.

As correlações entre as estimativas de P_i são apresentadas na Tabela 67. Observou-se que o par formado pelos ensaios PL5 e PL6 obteve a menor correlação com estimativas de P_i original. Já a máxima correlação foi obtida na combinação dos ambientes PL5 e PP (0,983).

Na Figura 25 é apresentado o comportamento dos genótipos BCR1070G 251 e DM 309 quanto às estimativas P_i . O genótipo BCR1070G 251 obteve a menor estimativa P_i nas combinações envolvendo todos os ensaios e na combinação dos ensaios PL6 e PP. Na combinação dos ensaios PL5 e PP obteve a terceira menor estimativa de P_i . Porém, essas estimativas ainda continuaram baixas e mantiveram a classificação de adaptabilidade geral do genótipo.

O genótipo DM 309 apresentou a maior estimativa P_i em todas as combinações dos ensaios, exceto na combinação dos ensaios PL5 e PL6. Nessa combinação a estimativa P_i do genótipo foi a sexta maior (Figura 25).

Tabela 67. Estimativas dos coeficientes de correlação entre os parâmetros P_i nas combinações dos ensaios para a incidência total de patógenos (fungos + bactérias), avaliada em 26 genótipos de soja em três ensaios no estado do Mato Grosso

Combinações	Correlação
PL5 e PL6	0,627
PL6 e PP	0,824
PL5 e PP	0,983
Todos	1,000

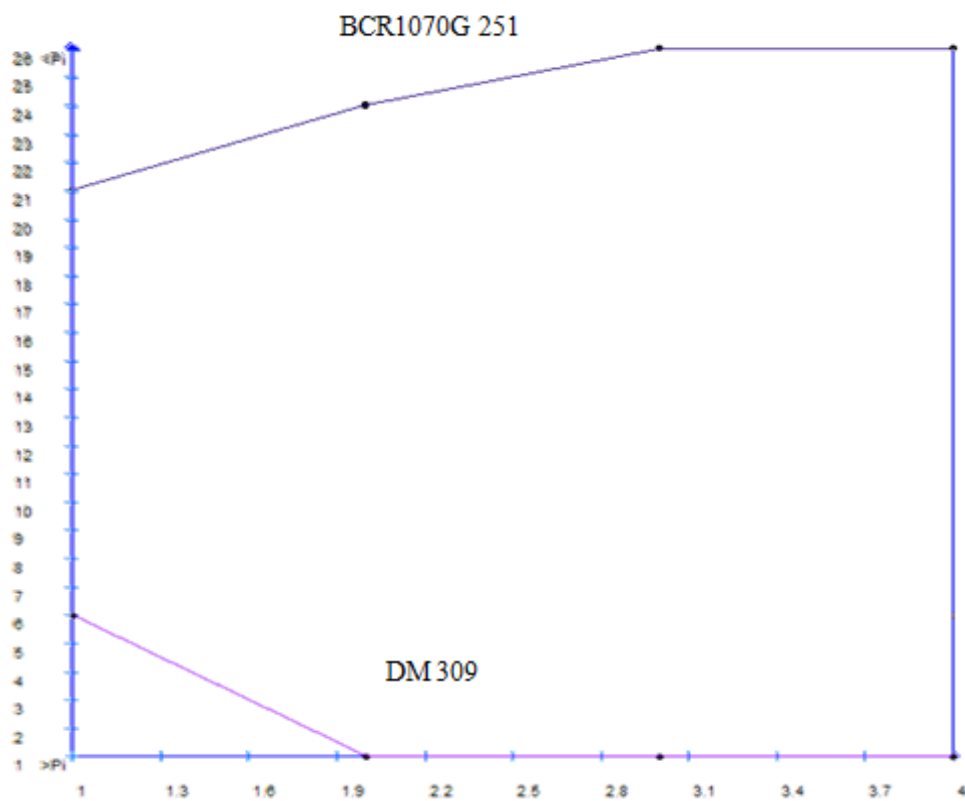


Figura 25. Estimativas de P_i do genótipo BCR1070G 251 nas combinações dos ambientes para a incidência total de patógenos (fungos + bactérias).

4.4 Caracteres de vigor de sementes

Os caracteres de vigor de sementes são de extrema importância e devem ser considerados no melhoramento da soja. No Brasil, as áreas de produção de soja estão localizadas em regiões que apresentam temperatura e umidade elevadas durante todo o ciclo da cultura. Essas condições são prejudiciais à qualidade das sementes nas fases de pré e pós-colheita, causando prejuízos aos produtores de sementes e agricultores, por elevar os custos de produção de sementes e por comprometer o rendimento das lavouras.

Dessa forma, o desenvolvimento de cultivares com alto vigor de sementes apresenta-se como uma das alternativas para solução desses problemas. O vigor de sementes é uma propriedade fisiológica, determinada pelo genótipo e modificado pelo ambiente, que determina o potencial para uma emergência rápida e uniforme, e para o desenvolvimento de plântulas normais sob uma ampla variação de condições ambientais (ASSOCIATION OF OFFICIAL SEED ANALYSTS, 1983).

Dentre as diversas abordagens e técnicas utilizadas para avaliar o vigor das sementes destaca-se o teste padrão de germinação (TPG) (JOHNSON; WAX, 1978). O objetivo do TPG é determinar o potencial máximo de germinação de um lote de sementes, o qual pode ser usado para comparar a qualidade de diferentes lotes e também estimar o valor para semeadura em campo.

No presente trabalho o teste padrão de germinação foi utilizado para comparar os padrões de germinação dos genótipos. Além disso, também foi analisado os efeitos dos ambientes no desempenho germinativo. Segundo Ching (1973), apesar do padrão de germinação e crescimento ser determinado pela constituição genética da espécie, a expressão eventual desse padrão é frequentemente modificada pelas condições ambientais sob as quais as sementes são desenvolvidas, colhidas, processadas, armazenadas, tratadas e semeadas. O status do vigor das sementes provém da interação de todos os fatores envolvidos.

Assim, foram avaliadas a porcentagem (%) de sementes germinadas que produziram plântulas normais (N), plântulas anormais infeccionadas (I), plântulas anormais danificadas (D), total de plântulas anormais (A), ou seja, infeccionadas e danificadas, e sementes mortas (M). A descrição detalhada desses caracteres encontram-se nas Regras para Análise de

Sementes (BRASIL, 2009). As sementes foram provenientes dos 26 genótipos avaliados nos ensaios conduzidos na safra 2009/10 em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP).

4.4.1 Análise individual de variância e teste comparativo entre médias

Os dados referentes aos caracteres avaliados foram submetidos aos testes de Lilliefors e Bartlett. Como os testes não evidenciaram normalidade e homogeneidade de variâncias foi necessário a transformação dos dados.

Dessa forma, a análise individual de variância foi realizada com os dados transformados para arco seno da raiz quadrada de $x/100$, em que x corresponde à porcentagem de sementes.

As análises evidenciaram diferenças significativas ($P < 0,01$) entre os genótipos para os caracteres em todos os ensaios. No entanto, apenas para o caráter porcentagem de plântulas anormais danificadas (D) os genótipos não apresentaram diferenças significativas em nenhum dos ensaios (Tabelas 68 a 70).

As plântulas anormais danificadas são aquelas que não mostram capacidade suficiente para continuar seu desenvolvimento e dar formação a plantas normais devido à ausência ou danificação de estrutura essenciais.

Os coeficientes de variação experimental variaram de 9,88% a 39,33%, níveis aceitáveis mesmo com a transformação dos dados. Quanto às estimativas dos coeficientes de determinação genotípico (H^2), os três ensaios apresentaram níveis elevados, indicando maior contribuição dos efeitos genotípicos do que ambientais na manifestação dos caracteres. O caráter porcentagem de plântulas normais (N) apresentou as maiores estimativas de H^2 .

Tabela 68. Resumo das análises individuais de variância dos dados referentes aos caracteres plântulas normais (N), plântulas anormais infeccionadas (I), plântulas anormais danificadas (D), total de plântulas anormais (A) e sementes mortas (M), transformados em arco seno da raiz quadrada de $x/100$, avaliados em 26 genótipos de soja cultivados na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL5)

F.V.	GL	Quadrados Médios				
		N	D	I	A	M
Blocos	3	460,156	29,749	233,991	240,451	192,573
Genótipos	25	418,874 **	12,366 ns	117,44 8**	108,463 **	294,092 **
Resíduo	75	81,270	17,433	31,130	28,939	60,271
Média		58,22	2,97	20,91	21,65	20,33
CV(%)		15,48	140,80	26,69	24,84	38,18

H ²	80,60	-	73,50	73,32	79,51
----------------	-------	---	-------	-------	-------

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. ns – não significativo.

De fato, alguns autores relatam a existência de variabilidade entre genótipos para porcentagem de germinação (CHANGRONG *et al.*, 2007; KUENEMAN, 1982; WIN *et al.*, 2009). No entanto, poucos determinaram a herança e parâmetros genéticos relacionados a esse caráter (SINGH *et al.*, 1978).

No ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste (PL6) houve maior porcentagem de plântulas normais (N) e, conseqüentemente menos plântulas anormais (A) e sementes mortas (M). Estas últimas são as sementes que no final do teste não germinam, não estão duras, nem dormentes, e geralmente, apresentam-se amolecidas, atacadas por microorganismos e não apresentam nenhum sinal de início de germinação (BRASIL, 2009).

As médias de plântulas anormais infectadas (I) nos ensaios conduzidos em Pedra Preta (PP) e na segunda época de semeadura em Primavera do Leste (PL6) foram concordantes com a incidência total de patógenos (fungos e bactérias) nas sementes verificada na análise de sanidade (Tabela 62). Esses ensaios apresentaram as menores médias para os dois caracteres. Tais resultados eram esperados pois ambos os testes, de sanidade e germinação, permitem a análise de patógenos, porém de maneira mais acurada no teste de sanidade.

Tabela 69. Resumo das análises individuais de variância dos dados referentes aos caracteres plântulas normais (N), plântulas anormais infeccionadas (I), plântulas anormais danificadas (D), total de plântulas anormais (A) e sementes mortas (M), transformados em arco seno da raiz quadrada de x/100, avaliados em 26 genótipos de soja cultivados na segunda época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL6)

F.V.	GL	Quadrados Médios				
		N	D	I	A	M
Blocos	3	30,942	69,415	79,856	117,035	25,620
Genótipos	25	297,090 **	26,682 ns	91,96 **	73,777 **	236,112 **
Resíduo	75	39,962	23,349	16,175	17,363	40,864
Média		63,95	5,94	16,57	18,49	16,35
CV(%)		9,88	81,38	24,27	22,54	39,09
H ²		86,55	-	82,41	76,47	82,69

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. ns – não significativo.

Tabela 70. Resumo das análises individuais de variância dos dados referentes aos caracteres plântulas normais (N), plântulas anormais infeccionadas (I), plântulas anormais danificadas (D), total de plântulas anormais (A) e sementes mortas (M), transformados em arco seno da raiz quadrada de x/100, avaliados em 26 genótipos de soja cultivados em Pedra Preta na safra 2009/10 (PP)

F.V.	GL	Quadrados Médios				
		N	D	I	A	M
Blocos	3	217,321	160,800	52,750	147,876	30,990
Genótipos	25	265,641 **	26,455 ns	126,962 **	101,483 **	146,334 **
Resíduo	75	64,177	22,950	26,152	29,448	43,548
Média		61,94	12,29	15,58	20,87	16,78
CV(%)		12,93	38,97	32,82	26,00	39,33
H ²		75,84	-	79,41	70,98	70,24

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. ns – não significativo.

Verificada a existência de variabilidade genética para os caracteres, foi então efetuado o teste de Tukey a 5% de probabilidade. Nas Tabelas 71 a 74 são apresentadas as médias originais e transformadas dos caracteres porcentagem de plântulas normais (N), plântulas anormais infeccionadas (I), total de plântulas anormais (A) e sementes mortas (M).

Para a porcentagem de plântulas normais (N) foi constatada diferenças significativas entre os genótipos nos três ensaios, com médias originais variando de 31,5% (DM 309) a 93,5% (BCR1070G 251). Os ensaios conduzidos na segunda época de semeadura em Primavera do Leste (PL6) e em Pedra Preta (PP) apresentaram as maiores porcentagens médias, 79,2% e 76,3% respectivamente (Tabela 71). Essas médias estão abaixo do padrão de germinação exigido para comercialização de sementes (BRASIL, 2009).

Os genótipos CD 219 RR, BCR1070G 251, BCR1070G 229, BCR1346 142, BCR1057G 157, BCR553G 306, BCR1067G 189, BCR1070G 244, Valiosa RR e BCR1070G 228 apresentaram em média as maiores porcentagens de plântulas normais (N), superiores a 80%. Entre esses genótipos deve-se destacar que quatro são linhagens irmãs (BCR1070G 251, BCR1070G 229, BCR1070G 244 e BCR1070G 228) e provavelmente possuem um ancestral de boa qualidade de sementes.

Várias fontes de germoplasma de boa qualidade de semente foram identificadas e são utilizadas em programas de melhoramento genético visando a obtenção de cultivares de excelente qualidade de sementes em ambientes desfavoráveis. Como exemplo de germoplasma que possui essa característica, tem-se os genótipos TGm 737, TGm 685 e TGm

6931, originários do sudeste da Ásia (WIEN; KUENEMAN, 1981), e as cultivares brasileiras FT-2, FT-5 e Doko (KASTER *et al.*, 1989).

Tabela 71. Valores médios percentuais e transformados da porcentagem de plântulas normais (N) de 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

Genótipos	Plântulas normais (N)						Média	
	PL5		PL6		PP			
4 CD 219 RR	84,8	67,2	93,5	75,7	89,0	71,6	89,1	71,5
11 BCR1070G 251	79,3	63,2	93,3	75,8	93,5	75,4	88,7	71,5
9 BCR1070G 229	87,5	69,8	92,3	73,9	80,5	65,9	86,8	69,9
25 BCR1346 142	79,3	62,9	81,3	64,6	92,5	75,1	84,3	67,5
17 BCR1057G 157	86,8	69,3	87,5	69,4	75,0	60,6	83,1	66,4
16 BCR553G 306	90,8	72,6	86,8	69,4	65,0	54,0	80,8	65,3
19 BCR1067G 189	88,8	70,5	80,8	64,0	72,8	59,5	80,8	64,7
6 BCR1070G 244	87,5	69,9	76,8	61,9	77,5	62,4	80,6	64,7
12 Valiosa RR	81,5	64,6	86,5	68,7	73,5	60,2	80,5	64,5
18 BCR1070G 228	80,8	64,5	89,3	71,2	71,0	57,9	80,3	64,5
21 BCR1067G 210	78,3	63,3	83,8	67,3	77,0	61,6	79,7	64,1
14 BCR1070G 246	67,3	55,5	89,8	72,8	77,8	62,4	78,3	63,6
10 BCR945G 110	72,0	58,4	75,3	60,4	85,8	67,9	77,7	62,3
24 BCR1057G 162	79,5	64,6	86,5	68,6	64,0	54,0	76,7	62,4
3 BCR892G 132	75,3	60,3	73,0	59,0	81,0	64,2	76,4	61,1
15 MSOY 8008RR	79,0	63,7	74,5	59,9	70,8	57,7	74,8	60,4
7 BCR1459 189	57,5	49,6	76,3	61,2	85,8	68,8	73,2	59,9
13 BCR892G 140	57,0	49,4	77,5	62,2	84,3	67,0	72,9	59,5
2 BCR1070G 231	64,5	54,2	90,8	72,4	61,8	51,9	72,3	59,5
20 BCR1455 178	48,5	44,1	72,3	58,3	81,8	64,9	67,5	55,7
22 P98C81	46,8	42,7	73,3	59,0	80,8	64,2	66,9	55,3
8 BCR651G 75	41,0	39,8	76,8	61,2	78,3	62,6	65,3	54,6
1 BCR651G 68	38,5	38,2	72,0	58,7	81,5	64,8	64,0	53,9
26 UFV 18 PM	49,8	44,8	57,8	49,5	75,8	60,9	61,1	51,7
5 BCR945G 114	70,0	56,9	35,0	35,8	75,8	61,0	60,3	51,2
23 DM 309	62,5	53,8	77,3	61,9	31,5	33,9	57,1	49,9
Média	70,5	58,2	79,2	64,0	76,3	61,9	75,3	61,4
DMS - Tukey (5%)	24,4		17,1		21,6			

Considerando o caráter porcentagem de plântulas anormais infeccionadas (I), observou-se que os genótipos DM 309, MSOY 8008RR, UFV 18 PM e BCR1455 178 apresentaram as maiores médias, superiores a 14% (Tabela 72). No ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste (PL5) as médias foram mais elevadas devido a maior incidência de patógenos.

Os genótipos CD 219 RR, BCR1070G 251, BCR1070G 229, BCR1070G 228 e BCR1070G 246 apresentaram as menores médias. Da mesma forma que algumas linhagens irmãs apresentaram porcentagens semelhantes de plântulas normais (N), as linhagens BCR892G 132 e BCR892G 140 também tiveram médias muito próximas.

Tabela 72. Valores médios percentuais e transformados da porcentagem de plântulas anormais infeccionadas (I) dos 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

Genótipos	Plântulas anormais infeccionadas (I)						Média	
	PL5		PL6		PP			
23 DM 309	14,8	22,0	11,3	19,4	32,3	34,5	19,4	25,3
15 MSOY 8008RR	18,5	24,3	18,3	25,0	15,3	22,5	17,3	23,9
26 UFV 18 PM	25,8	30,2	18,3	25,1	6,8	14,7	16,9	23,3
20 BCR1455 178	26,5	30,3	12,5	20,6	5,8	13,8	14,9	21,6
3 BCR892G 132	17,8	24,8	14,0	21,6	8,5	16,7	13,4	21,0
13 BCR892G 140	22,3	27,5	10,8	18,9	6,5	13,8	13,2	20,1
8 BCR651G 75	22,5	28,3	9,0	17,4	6,3	13,5	12,6	19,7
1 BCR651G 68	20,0	26,5	9,3	17,4	4,8	12,3	11,3	18,7
7 BCR1459 189	20,0	26,1	9,0	17,1	4,8	10,9	11,3	18,0
5 BCR945G 114	11,0	18,4	15,3	23,0	7,3	15,4	11,2	18,9
22 P98C81	19,5	25,4	10,3	18,4	3,8	10,8	11,2	18,2
10 BCR945G 110	16,5	23,7	10,8	19,0	6,0	14,0	11,1	18,9
24 BCR1057G 162	12,0	19,3	6,8	14,8	13,3	20,5	10,7	18,2
19 BCR1067G 189	6,8	15,0	12,5	20,7	11,0	18,9	10,1	18,2
21 BCR1067G 210	12,0	19,0	7,3	14,8	9,5	17,8	9,6	17,2
2 BCR1070G 231	12,5	20,3	2,8	9,4	11,5	19,6	8,9	16,5
12 Valiosa RR	7,5	15,6	7,8	16,0	11,5	18,8	8,9	16,8
6 BCR1070G 244	8,3	16,3	9,8	17,8	8,0	14,9	8,7	16,3
16 BCR553G 306	4,8	12,0	7,5	14,8	13,5	21,1	8,6	15,9
17 BCR1057G 157	8,3	14,5	8,5	16,7	8,3	16,2	8,3	15,8
25 BCR1346 142	14,8	22,6	6,0	14,0	1,8	7,2	7,5	14,6
14 BCR1070G 246	11,5	19,4	4,3	9,9	4,0	11,3	6,6	13,5
18 BCR1070G 228	7,3	14,9	4,5	11,9	6,8	14,8	6,2	13,9
9 BCR1070G 229	6,0	13,8	3,8	11,0	8,3	14,7	6,0	13,2
11 BCR1070G 251	10,0	18,2	3,5	9,0	1,3	5,4	4,9	10,9
4 CD 219 RR	7,0	15,3	2,3	7,4	4,0	10,8	4,4	11,2
Média	14,0	20,9	9,1	16,6	8,5	15,6	10,5	17,7
DMS - Tukey (5%)		15,1		10,9		13,8		

Na Tabela 73 são apresentadas as médias da porcentagem total de plântulas anormais (A). As médias originais variaram de 3,3% (CD 219 RR) a 36% (DM 309). Os ensaios conduzidos na primeira época de semeadura em Primavera do Leste (PL5) e em Pedra Preta (PP) apresentaram as maiores porcentagens médias, 13,8% e 14,7% respectivamente.

A porcentagem total de plântulas anormais (A) é composta pelas plântulas infeccionadas (I) e danificadas (D). Comparando as Tabelas 73 e 72, verificou-se que no ensaio conduzido em Pedra Preta (PP) a porcentagem total de plântulas anormais (A) apresentou, em média, maior contribuição de plântulas danificadas (D) do que os outros ensaios.

Os genótipos BCR1346 142, BCR1070G 246, BCR1070G 229, CD 219 RR e BCR1070G 251 destacaram-se por apresentar as menores porcentagens médias de plântulas anormais (A). Embora a linhagem BCR1070G 246 tenha apresentado baixa porcentagem de plântulas anormais (A), obteve média de plântulas normais (N) abaixo de 80%.

Tabela 73. Valores médios percentuais e transformados da porcentagem total de plântulas anormais (A) dos 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

Genótipos	Total de plântulas anormais (A)						Média	
	PL5		PL6		PP			
23 DM 309	15,3	22,3	11,5	19,6	36,0	36,8	20,9	26,2
26 UFV 18 PM	26,0	30,4	19,0	25,6	16,0	23,4	20,3	26,5
15 MSOY 8008RR	18,5	24,3	19,3	25,7	20,0	26,0	19,3	25,3
20 BCR1455 178	26,5	30,3	15,3	23,0	12,5	20,5	18,1	24,6
3 BCR892G 132	18,0	25,0	15,3	22,6	13,5	21,5	15,6	23,0
8 BCR651G 75	24,0	29,2	10,0	18,4	12,0	20,0	15,3	22,5
13 BCR892G 140	23,0	28,0	12,3	20,3	9,5	17,2	14,9	21,8
22 P98C81	20,8	26,6	13,8	21,3	10,3	17,7	14,9	21,9
1 BCR651G 68	20,5	26,9	14,3	22,0	9,8	17,9	14,8	22,3
5 BCR945G 114	12,3	19,9	17,0	24,3	13,3	21,2	14,2	21,8
2 BCR1070G 231	13,3	21,0	5,0	12,8	22,0	27,9	13,4	20,6
7 BCR1459 189	22,0	27,3	9,5	17,5	8,0	16,0	13,2	20,3
24 BCR1057G 162	13,0	20,3	9,0	17,2	17,0	23,6	13,0	20,4
10 BCR945G 110	17,0	24,1	11,8	19,9	9,0	17,2	12,6	20,4
19 BCR1067G 189	7,5	15,8	13,3	21,3	15,3	22,4	12,0	19,8
12 Valiosa RR	8,5	16,7	10,3	18,2	17,0	23,0	11,9	19,3
21 BCR1067G 210	12,0	19,0	10,3	18,1	12,8	20,8	11,7	19,3
6 BCR1070G 244	8,8	16,7	10,8	18,8	14,5	21,7	11,3	19,1
16 BCR553G 306	5,8	13,7	10,3	17,3	17,8	24,7	11,3	18,6
17 BCR1057G 157	9,3	17,0	10,5	18,6	13,3	20,7	11,0	18,8
18 BCR1070G 228	8,0	15,7	6,3	13,8	17,0	24,0	10,4	17,9
25 BCR1346 142	15,5	23,2	9,8	17,7	5,3	12,7	10,2	17,8
14 BCR1070G 246	13,8	21,3	5,8	11,8	8,3	16,6	9,3	16,5
9 BCR1070G 229	6,0	13,8	5,5	13,5	14,3	20,5	8,6	15,9
4 CD 219 RR	7,5	15,8	3,3	10,3	9,5	17,0	6,8	14,4
11 BCR1070G 251	10,8	19,0	4,3	11,0	4,3	11,5	6,4	13,8
Média	14,7	21,7	10,9	18,5	13,8	20,9	13,1	20,3
DMS - Tukey (5%)	14,5		11,3		14,7			

Para a porcentagem de sementes mortas (M) foi constatada diferenças significativas entre os genótipos nos três ensaios, com médias originais variando de 1,5% (CD 219 RR) a 47% (BCR945G 114). Os ensaios conduzidos na segunda época de semeadura em Primavera do Leste (PL6) e em Pedra Preta (PP) apresentaram porcentagens médias semelhantes, 9,9% (Tabela 74).

Dos genótipos que apresentaram as maiores médias de plântulas normais (N), CD 219 RR, BCR1070G 251 e BCR1070G 229 tiveram as menores porcentagens de sementes mortas (M), abaixo de 5%. Por outro lado, os genótipos BCR945G 114, DM 309 e BCR651G 68 apresentaram elevado percentual médio de sementes mortas, variando conforme o ambiente.

Tabela 74. Valores médios percentuais e transformados da porcentagem de sementes mortas (M) dos 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

Genótipos	Sementes mortas (M)						Média	
	PL5		PL6		PP			
5 BCR945G 114	16,8	24,1	47,3	43,2	10,8	18,0	24,9	28,4
23 DM 309	22,3	25,0	11,3	19,1	32,5	34,5	22,0	26,2
1 BCR651G 68	39,0	38,6	14,3	20,3	8,8	17,1	20,7	25,3
8 BCR651G 75	34,8	36,1	13,3	21,1	9,8	17,7	19,3	25,0
26 UFV 18 PM	24,3	28,4	23,3	28,8	8,3	14,2	18,6	23,8
22 P98C81	32,5	33,0	12,8	20,5	8,3	16,7	17,8	23,4
20 BCR1455 178	25,0	29,5	12,5	20,5	5,8	13,8	14,4	21,3
2 BCR1070G 231	22,3	26,6	4,3	11,6	16,3	23,6	14,3	20,6
7 BCR1459 189	19,8	26,0	14,3	21,1	6,3	12,7	13,4	20,0
14 BCR1070G 246	19,3	25,7	4,5	11,6	14,0	21,1	12,6	19,5
13 BCR892G 140	20,3	25,7	10,3	16,9	6,0	13,9	12,2	18,9
24 BCR1057G 162	7,5	13,0	4,5	12,2	19,0	24,8	10,3	16,7
10 BCR945G 110	10,8	18,7	13,0	20,7	5,3	13,2	9,7	17,5
18 BCR1070G 228	11,0	19,0	4,5	12,2	12,0	19,4	9,2	16,9
21 BCR1067G 210	9,8	17,5	6,0	12,4	10,3	18,4	8,7	16,1
6 BCR1070G 244	3,8	8,5	12,0	18,0	8,5	16,2	8,1	14,3
16 BCR553G 306	3,5	10,1	3,3	10,2	17,3	23,9	8,0	14,7
3 BCR892G 132	5,5	13,3	11,8	18,5	5,5	13,6	7,6	15,1
12 Valiosa RR	9,8	17,6	3,3	10,2	9,8	16,7	7,6	14,9
19 BCR1067G 189	4,0	11,1	5,5	13,2	12,0	18,8	7,2	14,4
15 MSOY 8008RR	2,5	9,1	6,3	14,4	9,3	17,4	6,0	13,6
17 BCR1057G 157	4,0	11,3	2,0	7,0	11,8	19,3	5,9	12,5
25 BCR1346 142	5,3	13,0	9,0	16,7	2,3	6,1	5,5	12,0
11 BCR1070G 251	9,8	17,7	2,5	8,7	2,3	8,6	4,8	11,7
9 BCR1070G 229	6,5	13,5	2,3	7,4	5,3	10,6	4,7	10,5
4 CD 219 RR	8,3	16,4	3,0	8,5	1,5	6,0	4,3	10,3
Média	14,5	20,3	9,9	16,4	9,9	16,8	11,4	17,8
DMS - Tukey (5%)	21,0		17,3		17,8			

A variação das médias do caracteres indicaram um comportamento diferencial dos genótipos nos ensaios. Por isso procedeu-se à realização da análise conjunta.

4.4.2 Análise conjunta de variância

O resumo da análise conjunta de variância dos ensaios está apresentada na Tabela 75. As relação entre as variâncias residuais dos ensaios não ultrapassou 7:1, sendo consideradas homogêneas. Dessa forma, os ensaios puderam ser avaliados de maneira conjunta.

Observou-se que os efeitos genotípicos não foram significativos para porcentagem de plântulas normais (N). Essa falta de significância não é indicativo de ausência de variabilidade genética pois a variância que se detecta na análise conjunta corresponde à média das variâncias genéticas nos vários ambientes subtraída da interação. Por isso verifica-se que em certos casos apesar da existência de variabilidade nos ambientes, na análise conjunta esta variabilidade não é significativa.

Tabela 75. Resumo da análise conjunta de variância dos dados referentes aos caracteres porcentagem de plântulas normais (N), plântulas anormais infeccionadas (I), total de plântulas anormais (A) e sementes mortas (M), transformados em arco seno da raiz quadrada de $x/100$, avaliados em 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

F.V.	GL	Q.M.			
		N	I	A	M
Blocos/Amb.	9	236,130	122,190	168,450	83,060
Genótipos (G)	25	442,111 ns	159,223 *	130,434 *	320,657 *
Ambientes (A)	2	879,418 ns	834,722 *	283,198 ns	496,856 *
G x A	50	269,754 **	88,535 **	76,616 **	177,943 **
Resíduo	225	61,802	24,480	25,240	48,220
Média		61,37	17,68	20,33	17,82
CV(%)		12,8	27,97	24,7	38,96

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo

Verificou-se efeitos significativos ($P < 0,01$) da interação genótipos x ambientes em todos os caracteres. A significância da interação é um indicativo da existência de comportamento diferencial de genótipos nos ensaios.

4.4.3 Decomposição da interação genótipos x ambientes

Para determinar as causas da interação genótipos x ambientes foi realizada sua decomposição nas partes simples e complexa. Também foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica para avaliar a similaridade entre os ensaios.

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica apresentaram significância apenas para o par de ensaios PL5 e PL6, mas foram de baixa magnitude.

As frações simples e complexas da interação e as estimativas de correlação entre os pares de ambientes são apresentados nas Tabela 76 a 79. Para todos os caracteres observou-se a predominância de interação do tipo complexa, com estimativas acima de 65%. A interação complexa indica a inconsistência do comportamento dos genótipos com a variação ambiental, o que dificulta a avaliação, seleção e recomendação dos mesmos. Dessa forma, torna-se necessário as análises de adaptabilidade e estabilidade para recomendação dos genótipos.

Tabela 76. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (% C) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter porcentagem de plântulas normais (N), avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação	
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C
PL5 PL6	194,53	60,616	3,21 **	0,46	0,77	28,71	71,29
PL5 PP	353,12	72,723	4,86 **	-0,03	0,48	0,88	99,12
PL6 PP	261,60	52,069	5,02 **	0,07	0,54	3,74	96,26

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 77. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (% C) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter porcentagem de plântulas anormais infeccionadas (I), avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação	
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C
PL5 PL6	50,19	23,652	2,12 **	0,52 **	0,83	32,12	67,88
PL5 PP	140,73	28,641	4,91 **	-0,15	0,40	-7,25	107,25
PL6 PP	74,69	21,164	3,53 **	0,32	0,69	19,20	80,80

Tabela 78. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (% C) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter porcentagem total de plântulas anormais (A), avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação	
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C
PL5 PL6	43,28	23,151	1,87 *	0,53 ⁺⁺	0,85	34,42	65,58
PL5 PP	119,91	29,194	4,11 **	-0,14	0,40	-6,83	106,83
PL6 PP	66,66	23,405	2,85 **	0,24	0,66	14,40	85,60

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

⁺ e ⁺⁺ : significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente.

Tabela 79. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicos e genotípicos e das partes simples (% S) e complexa (% C) resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes do caráter porcentagem de sementes mortas (M), avaliado em 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP) na safra 2009/10

AMB	QMGA	QMR	F	Correlações		Interação	
				Fenotípicas	Genotípicas	% S	% C
PL5 PL6	144,11	50,567	2,85 **	0,46 ⁺	0,78	27,27	72,73
PL5 PP	201,56	51,909	3,88 **	0,09	0,55	10,64	89,36
PL6 PP	188,17	42,206	4,46 **	0,02	0,51	3,64	96,36

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

⁺ e ⁺⁺ : significativamente diferente de zero, pelo teste t, a 5 e 1%, respectivamente.

4.4.4 Adaptabilidade e estabilidade

As análises de adaptabilidade e estabilidade foram realizadas apenas para o caráter porcentagem de plântulas normais (N), empregando-se os métodos centróide proposto por Rocha *et al.* (2005) modificado por Nascimento *et al.* (2009), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e número ótimo de ambientes proposto no presente trabalho.

4.4.4.1. Método centróide modificado

Na Tabela 80 são apresentadas as classificações dos genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade pelo método centróide modificado. O percentual de variância explicado pelos dois primeiros componentes principais foi de 87,13%. Com essa variância a distorção das coordenadas do genótipos, no gráfico de dispersão, é considerada aceitável e as interpretações do comportamento do genótipo, satisfatórias (CRUZ *et al.*, 2004).

Observou-se que 14 genótipos foram classificados como de média adaptabilidade geral (Classe V). Os genótipos BCR1067G 210, BCR1070G 246, BCR945G 110, BCR892G 132 e MSOY 8008RR apresentaram as maiores probabilidades de pertencer a essa classe, com probabilidade maior que 30%. Além disso, esses apresentaram porcentagens médias de plântulas normais (N) maiores que 74%. Mesmo os genótipos BCR945G 114 e DM 309, que tiveram as menores médias, também foram classificados como de média adaptabilidade geral.

Os genótipos CD 219 RR e BCR1070G 229 apresentaram os melhores padrões de resposta nos ensaios, sendo classificados como de máxima adaptabilidade geral (Classe I). Já as linhagens irmãs BCR651G 75 e BCR651G 68 foram classificadas como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (Classe II), nesses ambientes apresentaram em média 77% de plântulas normais (N).

Os genótipos BCR1057G 157, BCR553G 306, BCR1067G 189, BCR1070G 244, Valiosa RR e BCR1070G 228 foram classificados como de média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (Classe VII). Destes, BCR1067G 189 e BCR1070G 244 apresentaram probabilidade maior que 56% de pertencer a essa classe.

Tabela 80. Classificação dos 26 genótipos de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade de comportamento pelo método centróide modificado¹ para porcentagem de plântulas normais (N), avaliada em três ambientes no estado do Mato Grosso

Genótipos	Média	Classif.	Prob (I)	Prob (II)	Prob (III)	Prob (IV)	Prob (V)	Prob (VI)	Prob (VII)
4 CD 219 RR	89,08	I	0,396	0,064	0,036	0,032	0,125	0,199	0,148
11 BCR1070G 251	88,67	VI	0,263	0,074	0,035	0,032	0,127	0,347	0,121
9 BCR1070G 229	86,75	I	0,264	0,070	0,047	0,040	0,163	0,166	0,252
25 BCR1346 142	84,33	VI	0,214	0,085	0,047	0,042	0,194	0,239	0,180
17 BCR1057G 157	83,08	VII	0,169	0,065	0,049	0,040	0,184	0,133	0,361
16 BCR553G 306	80,83	VII	0,154	0,075	0,073	0,056	0,185	0,126	0,331
19 BCR1067G 189	80,75	VII	0,101	0,044	0,040	0,031	0,133	0,081	0,569
6 BCR1070G 244	80,58	VII	0,102	0,044	0,038	0,030	0,139	0,083	0,563
12 Valiosa RR	80,50	VII	0,149	0,072	0,051	0,044	0,256	0,144	0,284
18 BCR1070G 228	80,33	VII	0,154	0,080	0,057	0,049	0,252	0,154	0,255
21 BCR1067G 210	79,67	V	0,133	0,069	0,045	0,039	0,339	0,147	0,228
14 BCR1070G 246	78,25	V	0,125	0,108	0,047	0,046	0,320	0,216	0,138
10 BCR945G 110	77,67	V	0,129	0,091	0,050	0,047	0,341	0,177	0,165
24 BCR1057G 162	76,67	V	0,137	0,087	0,071	0,060	0,262	0,140	0,243
3 BCR892G 132	76,42	V	0,118	0,077	0,053	0,047	0,372	0,138	0,195
15 MSOY 8008RR	74,75	V	0,113	0,072	0,063	0,052	0,323	0,117	0,261
7 BCR1459 189	73,17	V	0,117	0,166	0,059	0,063	0,272	0,194	0,129
13 BCR892G 140	72,92	V	0,114	0,168	0,058	0,063	0,278	0,192	0,127
2 BCR1070G 231	72,33	V	0,127	0,127	0,076	0,076	0,268	0,162	0,163
20 BCR1455 178	67,50	V	0,112	0,208	0,072	0,086	0,230	0,166	0,126
22 P98C81	66,92	V	0,111	0,219	0,073	0,088	0,222	0,164	0,124
8 BCR651G 75	65,33	II	0,107	0,256	0,073	0,093	0,197	0,157	0,117
1 BCR651G 68	64,00	II	0,108	0,254	0,077	0,101	0,188	0,155	0,118
26 UFV 18 PM	61,08	V	0,114	0,157	0,101	0,127	0,217	0,144	0,140
5 BCR945G 114	60,25	V	0,121	0,113	0,159	0,143	0,176	0,127	0,160
23 DM 309	57,08	V	0,114	0,117	0,157	0,164	0,175	0,123	0,150
Média	75.34								

¹Class.: classificação; Prob.: probabilidade; Classe I: Máxima adaptabilidade geral; Classe II: Máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe III: Máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; Classe IV: Mínima adaptabilidade; Classe V: Média adaptabilidade geral; Classe VI: Média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; Classe VII: Média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis.

Na figura 26 é apresentada a dispersão gráfica dos 26 genótipos (codificados por números) para porcentagem de plântulas normais (N). Observa-se que distribuição dos genótipos nas proximidades dos ideótipos não reflete de maneira ideal a classificação desses

devido à distorção na representação gráfica. No entanto, genótipos com as maiores probabilidades encontram-se mais próximos dos pontos de seus ideótipos, destacando-se os genótipos BCR1067G 189 (19) e BCR1070G 244 (6).

Percebeu-se ainda tendência de aumento na média de plântulas normais (N) dos genótipos à medida que esses se aproximam do centróide I (máxima adaptabilidade geral). Esse comportamento foi apresentado pelos genótipos CD 219 RR (4) e BCR1070G 251(11). Segundo Rocha *et al.* (2005) e Barros *et al.* (2010) quanto menor a diferença entre um genótipo qualquer e o ideótipo I menor será a diferença entre este e o genótipo de máximo desempenho em todos os ambientes, fazendo com que a adaptabilidade geral esteja necessariamente associada ao melhor desempenho.

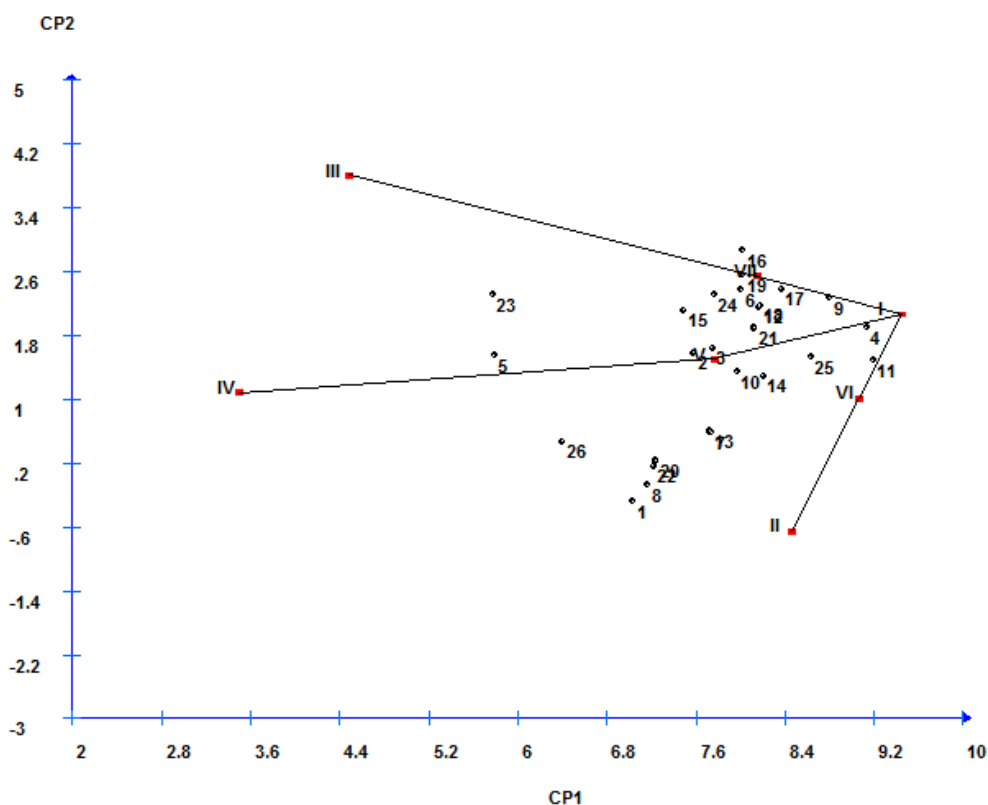


Figura 26. Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais dos 26 genótipos de soja, para porcentagem de plântulas normais (N) em três ambientes no estado do Mato Grosso. Os sete pontos numerados com algarismos romanos representam os ideótipos. I: máxima adaptabilidade geral; II: máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; III: máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; IV: mínima adaptabilidade; V: média adaptabilidade geral; VI: média adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; VII: média adaptabilidade

específica a ambientes desfavoráveis. CP1: componente principal 1; CP2: componente principal 2.

4.4.4.2. Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)

Na tabela 81 são apresentadas as estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade obtidas pelo método de Lin e Binns modificado por Carneiro (1998) para porcentagem de plântulas normais (N).

Os genótipos CD 219 RR, BCR1070G 251, BCR1070G 229, BCR1346 142 e BCR1057G 157 apresentaram os menores valores de P_i geral. Destes, os genótipos CD 219 RR, BCR1346 142 e BCR1070G 251 também apresentaram baixas estimativas P_i nos ambientes favoráveis (P_{if}), sendo classificados também como de adaptabilidade a ambientes favoráveis. Por outro lado, as linhagens BCR1070G 229 e BCR1057G 157 comportaram-se também como de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis.

Deve-se destacar que a linhagem BCR1070G 229 apresentou posições semelhantes em relação ao P_i em ambientes favoráveis e desfavoráveis, caracterizando-a como de adaptabilidade geral. No método centróide esse genótipo também foi classificado dessa forma (Classe I).

As linhagens BCR553G 306, BCR1070G 244 e BCR1067G 189 apresentaram adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis. Tal resultado foi concordante com a classificação pelo método centróide, no qual as cultivares foram classificadas como de média adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (classe VII).

As linhagens BCR1070G 246 e BCR892G 140 apresentaram menores estimativas P_i apenas nos ambientes favoráveis, mostrando-se de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis. Nesses ambientes, ambas apresentaram média superior a 80% de plântulas normais.

Tabela 81. Estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de 26 genótipos de soja avaliados em seis ambientes para porcentagem de plântulas normais (N), com base no método proposto por Lin e Binns modificado por Carneiro (1998)¹

	Genótipos	Média	Pi geral	Genótipos	Pi _f	Genótipos	Pi _d
4	CD 219 RR	89,1	9,38	11	0,016	16	0,000
11	BCR1070G 251	88,7	22,05	4	5,063	19	2,000
9	BCR1070G 229	86,8	30,19	25	37,766	6	5,281
25	BCR1346 142	84,3	47,22	9	42,641	9	5,281
17	BCR1057G 157	83,1	65,71	14	65,531	17	8,000
21	BCR1067G 210	79,7	87,26	13	85,391	4	18,000
12	VALIOSA RR	80,5	89,09	7	89,406	12	42,781
6	BCR1070G 244	80,6	91,19	21	91,828	18	50,000
19	BCR1067G 189	80,8	99,52	17	94,563	24	63,281
18	BCR1070G 228	80,3	104,05	10	98,281	11	66,125
10	BCR945G 110	77,7	124,11	12	112,250	25	66,125
14	BCR1070G 246	78,3	135,73	8	128,281	15	69,031
3	BCR892G 132	76,4	136,13	18	131,078	21	78,125
16	BCR553G 306	80,8	142,97	6	134,141	3	120,125
15	MSOY 8008RR	74,8	169,44	22	143,156	10	175,781
24	BCR1057G 162	76,7	174,30	3	144,125	5	215,281
7	BCR1459 189	73,2	243,86	20	147,406	14	276,125
13	BCR892G 140	72,9	246,77	19	148,281	2	344,531
2	BCR1070G 231	72,3	284,11	1	151,563	23	399,031
20	BCR1455 178	67,5	395,78	16	214,453	7	552,781
22	P98C81	66,9	418,10	15	219,641	13	569,531
8	BCR651G 75	65,3	498,03	24	229,813	26	840,500
26	UFV 18 PM	61,1	545,69	2	253,906	20	892,531
1	BCR651G 68	64,0	556,05	26	398,281	22	968,000
5	BCR945G 114	60,3	694,65	5	934,328	8	1237,531
23	DM 309	57,1	817,69	23	1027,016	1	1365,031
	Média	75,34					

¹Pi_f – Pi para ambientes favoráveis; Pi_d – Pi para ambientes desfavoráveis

4.4.4.3. Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA)

O método do **Dimensionamento Ótimo da Rede de Ambientes (DORA)** foi empregado no caráter porcentagem de plântulas normais (N). Foram realizadas as quatro combinações possíveis com os três ensaios onde esse caráter foi avaliado. Para cada combinação foi estimado o parâmetro P_i de adaptabilidade e estabilidade de Lin e Binns (1988), que foi então comparado com o P_i obtido considerando todos os ambientes, aqui denominado “ P_i original”.

As correlações entre as estimativas de P_i são apresentadas na Tabela 82. Observou-se que o par formado pelos ensaios PL6 e PP obteve a menor correlação com estimativas de P_i original. Por outro lado, a máxima correlação foi obtida na combinação dos ambientes PL5 e PP, 0,861.

Tabela 82. Estimativas dos coeficientes de correlação entre os parâmetros P_i nas combinações dos ensaios para a porcentagem de plântulas normais (N), avaliada em 26 genótipos de soja em três ensaios no estado do Mato Grosso

Combinações	Correlação
PL6 e PP	0,790
PL5 e PL6	0,827
PL5 e PP	0,861
Todos	1,000

De modo geral, as estimativas P_i das combinações dos ensaios apresentaram correlações semelhantes com o P_i original. Esse resultado é um indicativo da uniformidade de contribuição dos ensaios na estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade.

Na Figura 27 é apresentado o comportamento das cultivares CD 219 RR e DM 309 quanto às estimativas P_i . O genótipo CD 219 RR obteve a menor estimativa P_i nas combinações envolvendo todos os ensaios e na combinação dos ensaios PL5 e PP. Na combinação dos ensaios PL6 e PP obteve a segunda menor estimativa de P_i . No entanto, essas estimativas ainda continuaram baixas e mantiveram a classificação de adaptabilidade geral do genótipo.

O genótipo DM 309 apresentou a maior estimativa Pi em todas as combinações dos ensaios, exceto na combinação dos ensaios PL5 e PL6. Nessa combinação a estimativa Pi do genótipo foi a nona maior.

De certa forma, observou-se que houve uma constância no comportamento dos genótipos CD 219 RR e DM 309 quanto às estimativas de adaptabilidade e estabilidade.

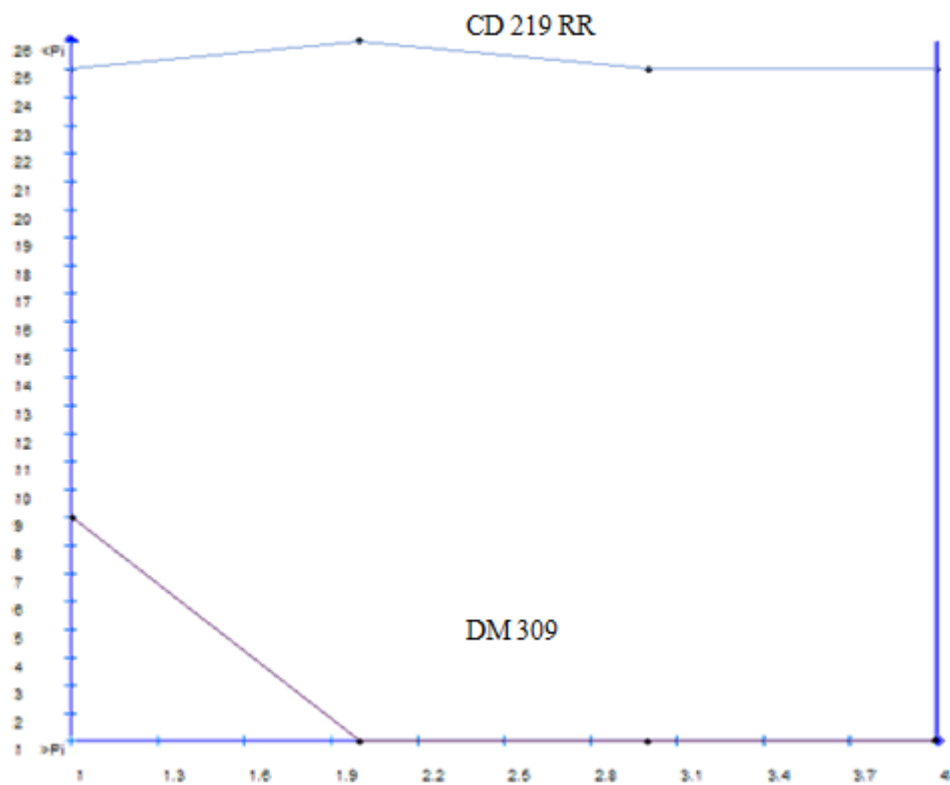


Figura 27. Estimativas de Pi do genótipo CD 219 RR nas combinações dos ambientes porcentagem de plântulas normais (N).

4.4.5 Diversidade genética

A análise de diversidade genética foi realizada para os caracteres de qualidade de sementes, tanto de sanidade quanto de vigor. Os caracteres considerados foram: incidência total de patógenos (fungos + bactérias), porcentagem de sementes germinadas que produziram plântulas normais (N), plântulas anormais infeccionadas (I), total de plântulas anormais (A), ou seja, infeccionadas e danificadas, e sementes mortas (M).

As matrizes de distâncias de Mahalanobis (D^2) entre todos os pares de genótipos foram obtidas nos três ensaios (PL5, PL6 e PP). A associação entre essas medidas de dissimilaridade foi verificada através da correlação entre matrizes, cuja significância foi testada através do teste Z de Mantel (Tabela 83).

As correlações entre as medidas de distâncias foram de baixa magnitude e não significativas pelo teste de Mantel (Figuras 28 a 30).

Analisando as Figuras 28 e 29, verificou-se a concentração de maior parte das distâncias na parte inferior da dispersão gráfica, em um pequeno intervalo relativo à matriz 2 (PL6 e PP). Esse comportamento é um indicativo de que nesses ensaios, PL6 e PP, os genótipos apresentaram pequenas distâncias.

De fato, a concentração das distâncias próximas à origem na Figura 30 confirma as menores distâncias entre os genótipos.

Tabela 83. Coeficientes de correlação e intervalos de confiança do teste de Mantel entre as matrizes de dissimilaridades de 26 genótipos avaliados em três ambientes no estado do Mato Grosso

Matrizes	Coeficientes de Correlação	Teste de Mantel - Níveis críticos			
		5%		1%	
PL5 x PL6	0,110	-0,043	0,095	-0,064	0,122
PL5 x PP	-0,070	-0,091	0,047	-0,109	0,073
PL6 x PP	-0,071	-0,088	0,068	-0,108	0,109

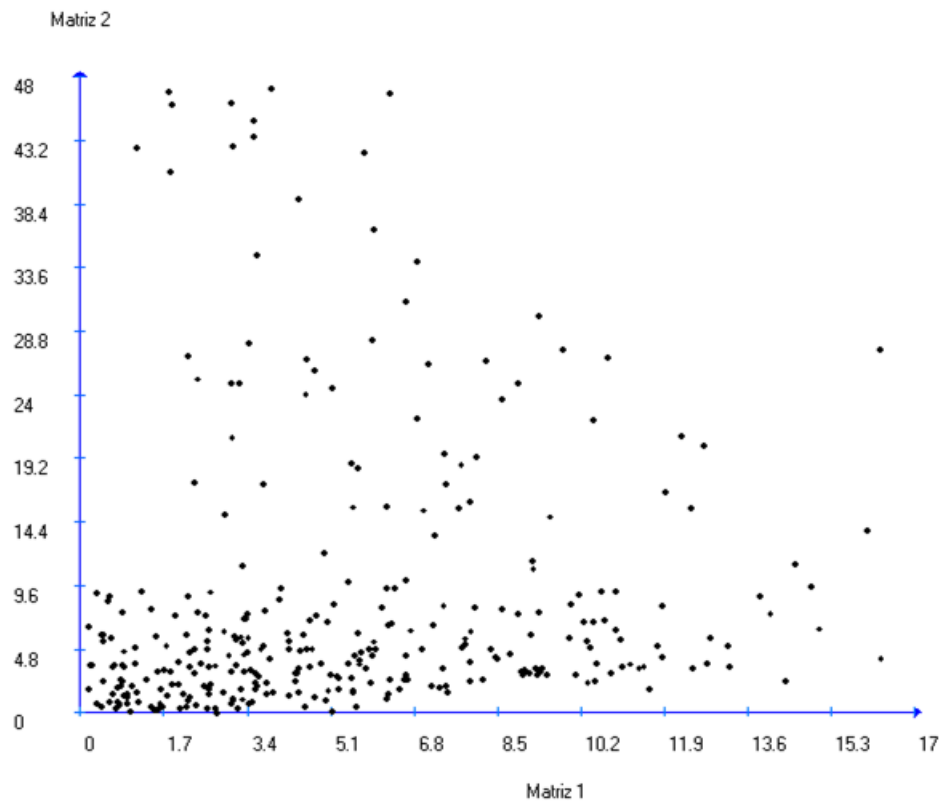


Figura 28. Dispersão gráfica dos valores de distâncias entre 26 genótipos de soja estimadas a partir dos ensaios PL5 (matriz 1) e PL6 (matriz 2).

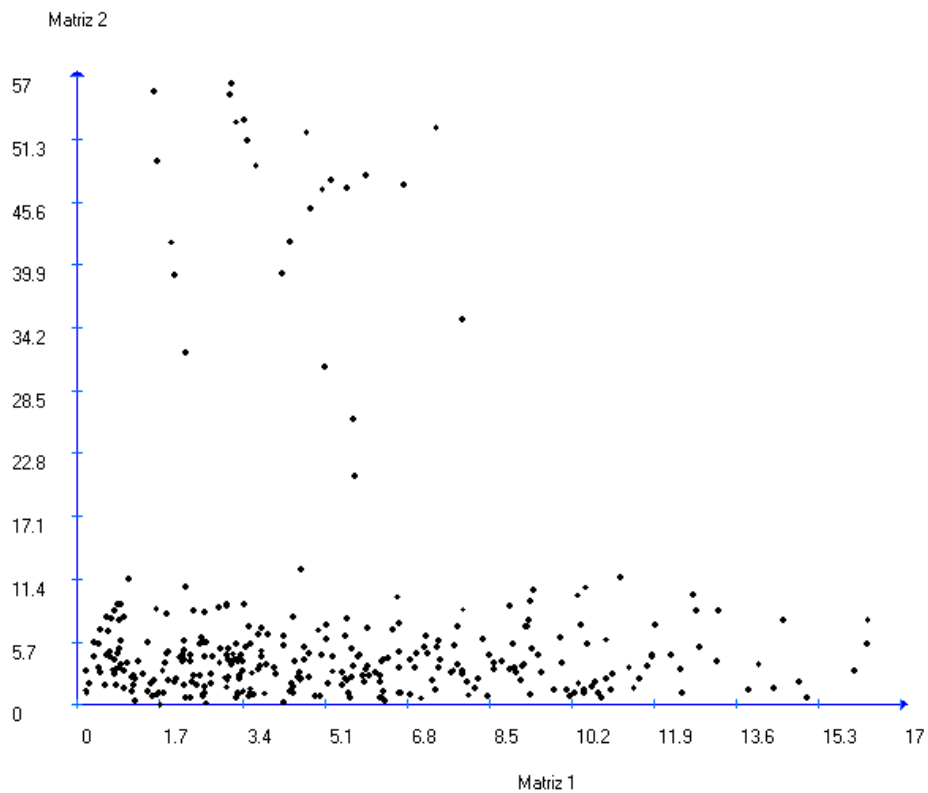


Figura 29. Dispersão gráfica dos valores de distâncias entre 26 genótipos de soja estimadas a partir dos ensaios PL5 (matriz 1) e PP (matriz 2)

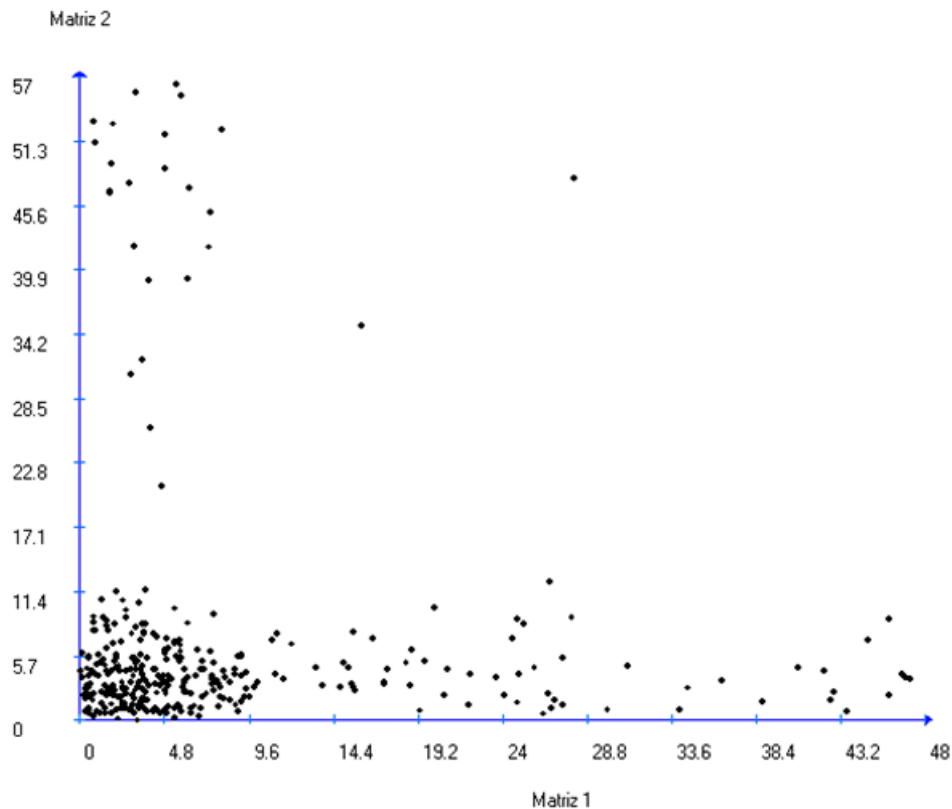


Figura 30. Dispersão gráfica dos valores de distâncias entre 26 genótipos de soja estimadas a partir dos ensaios PL6 (matriz 1) e PP (matriz 2)

Embora a expressão da divergência genética entre a maioria dos genótipos aparentemente não tenha sido consistente nos ensaios, é necessário identificar os genótipos mais divergentes nessas situações.

Para analisar a consistência das distâncias entre os genótipos são apresentadas as 20 maiores e menores distâncias de Mahalanobis (D^2) obtidas nos ensaios (Tabela 84). Observando a Tabela, constatou-se que não houve concordância na ordem de classificação dos pares de genótipos quanto às distâncias nos três ensaios.

No ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste (PL5) observou-se, porém, que o genótipo BCR651G 68 (1) esteve envolvido com mais frequência no pares de genótipos de maior distância. Comportamento semelhante tiveram os genótipos BCR945G 114 (5) e DM 309 (23) nos ensaios PL6 e PP, respectivamente.

Tabela 84. Pares de genótipos com as maiores e menores distâncias de Mahalanobis (D^2) nos ensaios conduzidos em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL5 e PL6) e Pedra Preta (PP), no estado do Mato Grosso

Ordem	PL5				PL6				PP			
	Menores distâncias		Maiores distâncias		Menores distâncias		Maiores distâncias		Menores distâncias		Maiores distâncias	
	Genótipos	D^2	Genótipos	D^2	Genótipos	D^2	Genótipos	D^2	Genótipos	D^2	Genótipos	D^2
1	6 x 19	0,168	8 x 9	11,859	14 x 18	0,021	1 x 15	27,444	11 x 25	0,037	21 x 23	39,002
2	16 x 19	0,176	3 x 14	11,867	9 x 18	0,123	11 x 15	27,913	7 x 10	0,179	9 x 23	39,133
3	17 x 19	0,181	16 x 26	11,922	9 x 14	0,129	5 x 23	28,076	1 x 8	0,293	2 x 23	41,947
4	6 x 17	0,222	8 x 15	12,252	12 x 17	0,158	5 x 13	29,945	1 x 7	0,338	17 x 23	41,992
5	16 x 17	0,313	12 x 26	12,438	12 x 21	0,256	2 x 15	31,087	17 x 21	0,415	4 x 23	45,060
6	4 x 19	0,337	3 x 8	12,473	7 x 8	0,279	1 x 5	34,053	5 x 8	0,614	6 x 23	46,761
7	6 x 11	0,420	15 x 22	12,707	11 x 14	0,313	5 x 19	34,489	1 x 17	0,625	3 x 23	46,884
8	11 x 18	0,434	8 x 16	12,792	9 x 11	0,360	5 x 25	36,487	10 x 13	0,629	23 x 26	47,233
9	6 x 16	0,445	1 x 24	12,831	12 x 16	0,361	5 x 21	38,731	12 x 19	0,704	10 x 23	47,659
10	11 x 17	0,448	1 x 12	13,190	2 x 9	0,388	5 x 24	40,825	7 x 13	0,711	5 x 23	48,061
11	6 x 9	0,463	16 x 20	13,229	12 x 24	0,426	5 x 12	42,244	3 x 20	0,723	14 x 23	48,938
12	9 x 19	0,546	1 x 3	13,868	2 x 18	0,427	5 x 18	42,637	8 x 17	0,729	13 x 23	49,287
13	4 x 18	0,575	1 x 9	14,070	10 x 13	0,430	5 x 14	42,799	3 x 10	0,734	7 x 23	51,209
14	11 x 19	0,596	1 x 25	14,389	11 x 18	0,432	5 x 17	43,532	10 x 21	0,739	18 x 23	51,958
15	4 x 6	0,608	1 x 4	14,575	2 x 14	0,465	5 x 16	44,740	5 x 17	0,783	1 x 23	52,365
16	10 x 24	0,661	1 x 6	14,889	16 x 24	0,491	2 x 5	45,934	1 x 10	0,800	20 x 23	52,853
17	9 x 16	0,665	1 x 17	15,055	16 x 21	0,505	4 x 5	45,985	3 x 13	0,824	8 x 23	53,011
18	4 x 16	0,696	1 x 19	16,032	21 x 25	0,513	5 x 15	46,688	1 x 20	0,841	23 x 25	55,400
19	9 x 11	0,732	1 x 15	16,314	21 x 24	0,521	5 x 11	46,871	7 x 17	0,870	22 x 23	55,636
20	9 x 17	0,737	1 x 16	16,325	16 x 17	0,678	5 x 9	47,145	7 x 8	0,876	11 x 23	56,365

A identificação dos genótipos mais distantes ou divergentes é útil para orientar a escolha de progenitores para hibridações. No entanto, o número de estimativas de medidas de distância é relativamente grande, o que torna impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual. Por isso, faz-se necessário o uso dos métodos de agrupamento.

Os métodos de agrupamento utilizados foram os métodos de otimização de Tocher e hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA). No método de otimização realizou-se a partição do conjunto de genótipos em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos, nos quais a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo foi menor que as distâncias médias entre os grupos. Dessa forma, genótipos de menor dissimilaridade estão no mesmo grupo e os de maior dissimilaridade em grupos distintos.

No método hierárquico UPGMA os genótipos também foram agrupados com base nas médias aritméticas das medidas de dissimilaridade. No entanto, as distâncias foram representadas na forma de dendograma para permitir a visualização da magnitude das distâncias e aproximação dos genótipos.

Nas tabelas 85 a 87 são apresentadas os grupos estabelecidos pelo método de otimização de Tocher nos três ensaios.

No ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste (PL5) verificou-se a formação de seis grupos, sendo que apenas em um grupo foram incluídos 17 genótipos. No segundo grupo foram alocados cinco genótipos e os quatro grupos restantes apresentaram apenas um genótipos. Os genótipos que permaneceram em grupos isolados foram UFV 18 PM (26), BCR651G 68 (1), BCR892G 132 (3) e MSOY 8008 RR (15) (Tabela 85).

No dendograma obtido pelo método UPGMA foram distinguidos dois grandes grupos a 100 % de dissimilaridade (Figura 31). Em um dos grupos foram incluíram os genótipos DM 309 (23), UFV 18 PM (26), BCR651G 75 (8), BCR892G 140 (13), BCR1455 178 (20) e P98C81(22). Esses genótipos apresentaram as maiores incidências de patógenos (fungos e bactérias) e menores porcentagens médias de plântulas normais (N).

No entanto, nove grupos foram formados quando se considerou a dissimilaridade de 40% no critério de delimitação dos grupos. Esses grupos foram parcialmente concordantes com agrupamento de Tocher.

Tabela 85. Agrupamento dos 26 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, com base nos caracteres de vigor de sementes avaliados no ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL5), no estado do Mato Grosso

Grupo	Genótipos			
1	BCR553G 306 (16)	BCR1067G 189 (19)	BCR1067G 210 (21)	BCR1057G 162 (24)
	BCR1070G 229 (9)	BCR1070G 246 (14)	BCR1070G 231 (2)	BCR945G 114 (5)
	BCR1057G 157 (17)	BCR1070G 244 (6)	BCR1070G 251 (11)	BCR1070G 228 (18)
	BCR1346 142 (25)	BCR945G 110 (10)	Valiosa RR (12)	CD 219 RR (4)
	DM 309 (23)			
2	BCR651G 75 (8)	BCR892G 140 (13)	BCR1455 178 (20)	P98C81(22)
	BCR1459 189 (7)			
3	UFV 18 PM (26)			
4	BCR651G 68 (1)			
5	BCR892G 132 (3)			
6	MSOY 8008 RR (15)			

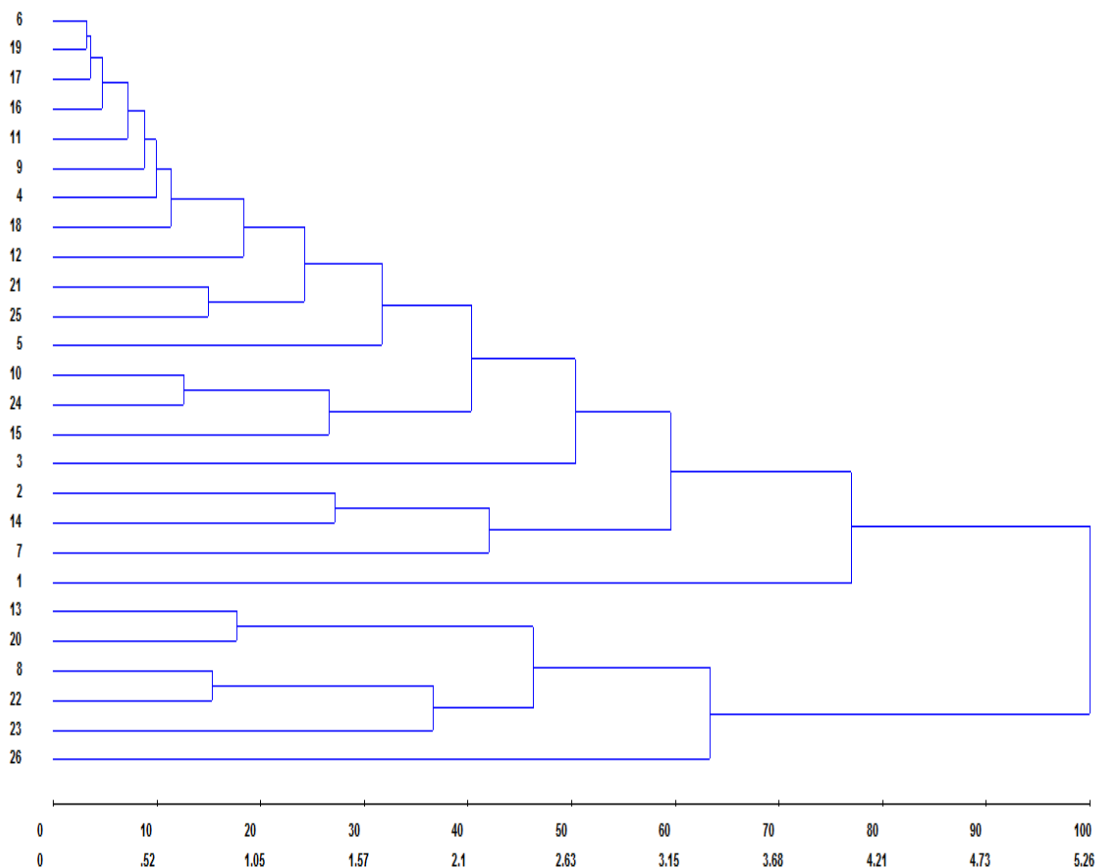


Figura 31. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, no ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste, safra 2009/10 (PL5).

Considerando o ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste (PL6), observou-se a formação de 3 grupos pelo método de Tocher (Tabela 86). O primeiro grupo foi constituído de 24 genótipos e nos outros dois grupos foram alocados os genótipos BCR945G 114 (5) e MSOY 8008 RR (15).

O dendograma evidenciou a formação de cinco grupos a 20% de dissimilaridade (Figura 32). Os genótipos UFV 18 PM (26), BCR651G 68 (1), BCR945G 114 (5) e MSOY 8008 RR (15) apresentaram-se em grupos separados e mais distantes em relação aos demais. A linhagem BCR945G 114 (5) foi a mais distante (100% de dissimilaridade) pois neste ensaio apresentou a menor porcentagem de plântulas normais (N) e a maior de sementes mortas (M).

No ensaio conduzido em Pedra Preta (PP) verificou-se a formação de apenas dois grupos (Tabela 87). Em um grupo foram alocados 25 genótipos e no outro o genótipo DM 309 (23). Observando o dendograma obtido pelo método UPGMA (Figura 33) constata-se a distância desse genótipo em relação aos demais (100% de dissimilaridade).

A formação de poucos grupos e a baixa repetibilidade dos resultados das análises de diversidade genética podem limitar as conclusões a respeito da diversidade. Segundo Arunachalam (1981) essa frequente não repetibilidade é devida, em parte, ao fato de caracteres fenotípicos não terem o mesmo poder de discriminação nos diferentes ambientes.

A contribuição relativa dos caracteres para a diversidade genética dos 26 genótipos nos três ensaios é apresentada na Tabela 88. No ensaio conduzido na primeira época de semeadura em Primavera do Leste (PL5) os caracteres porcentagem de plântulas normais (N) e plântulas anormais infectadas (I) contribuíram em maior intensidade (65%) para a diversidade. Já o caráter sementes mortas (M) apresentou a menor contribuição. No entanto, esse caráter, juntamente com o caráter plântulas normais (N), contribuiu de maneira expressiva para a diversidade no ensaio conduzido na segunda época em Primavera do Leste (PL6). No ensaio conduzido em Pedra Preta (PP) as contribuições relativas dos caracteres apresentaram magnitudes semelhantes.

Tabela 86. Agrupamento dos 26 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, com base nos caracteres de vigor de sementes avaliados no ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL6), no estado do Mato Grosso

Grupo	Genótipos			
1	BCR553G 306 (16)	BCR1067G 189 (19)	BCR1067G 210 (21)	BCR1057G 162 (24)
	BCR1070G 229 (9)	BCR1070G 246 (14)	BCR1070G 231 (2)	P98C81(22)
	BCR1057G 157 (17)	BCR1070G 244 (6)	BCR1070G 251 (11)	BCR1070G 228 (18)
	BCR1346 142 (25)	BCR945G 110 (10)	Valiosa RR (12)	CD 219 RR (4)
	DM 309 (23)	BCR892G 132 (3)	BCR1455 178 (20)	BCR892G 140 (13)
	UFV 18 PM (26)	BCR651G 75 (8)	BCR1459 189 (7)	BCR651G 68 (1)
2	BCR945G 114 (5)			
3	MSOY 8008 RR (15)			

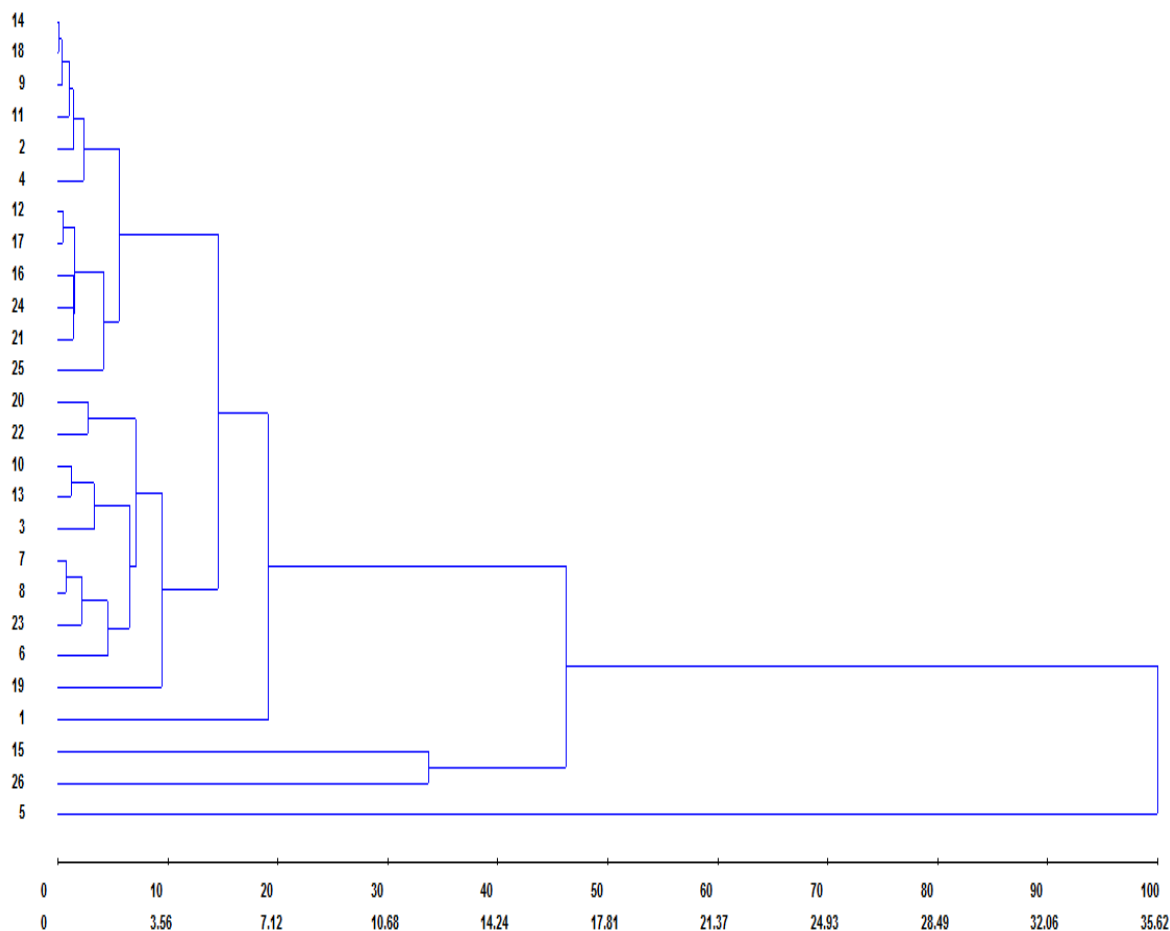


Figura 32. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, no ensaio conduzido na segunda época de semeadura em Primavera do Leste, safra 2009/10 (PL6).

Tabela 87. Agrupamento dos 26 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, com base nos caracteres agronômicos avaliados no ensaio conduzido em Pedra Preta (PP), no estado do Mato Grosso

Grupo	Genótipos			
1	BCR553G 306 (16)	BCR1067G 189 (19)	BCR1067G 210 (21)	BCR1057G 162 (24)
	BCR1070G 229 (9)	BCR1070G 246 (14)	BCR1070G 231 (2)	P98C81(22)
	BCR1057G 157 (17)	BCR1070G 244 (6)	BCR1070G 251 (11)	BCR1070G 228 (18)
	BCR1346 142 (25)	BCR945G 110 (10)	Valiosa RR (12)	CD 219 RR (4)
	BCR945G 114 (5)	BCR892G 132 (3)	BCR1455 178 (20)	BCR892G 140 (13)
	UFV 18 PM (26)	BCR651G 75 (8)	BCR1459 189 (7)	BCR651G 68 (1)
	MSOY 8008 RR (15)			
2	DM 309 (23)			

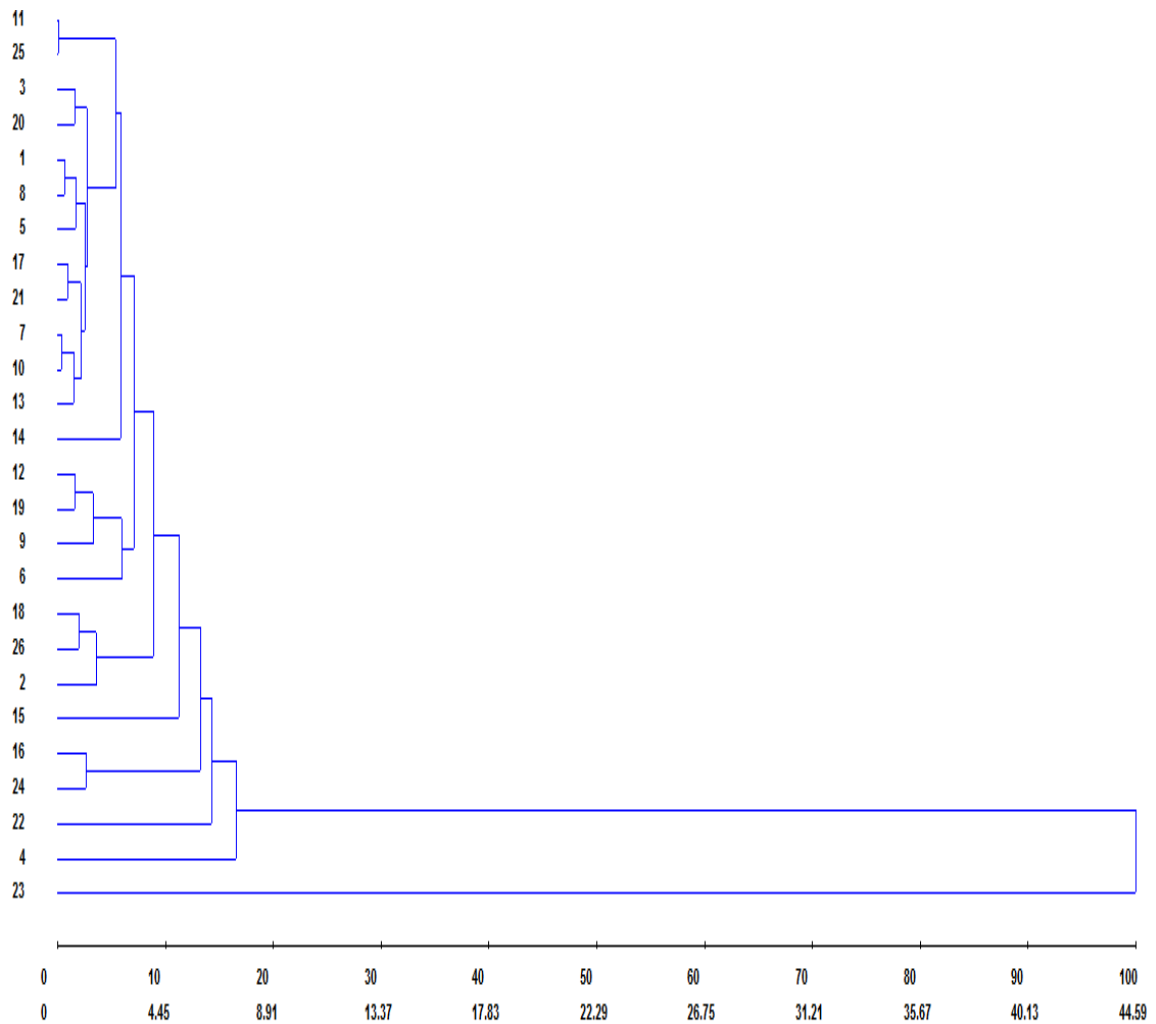


Figura 33. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, no ensaio conduzido em Pedra Preta, safra 2009/10 (PP).

Tabela 88. Contribuição relativa (%) dos caracteres para diversidade genética em 26 genótipos de soja avaliados no três ensaios

Caracteres	PL5	PL6	PP
Incidência total de patógenos (fungos + bactérias)	22,17	3,31	22,95
Plântulas normais (N)	40,96	47,12	26,00
Plântulas anormais infeccionadas (I)	25,13	11,89	28,59
Total de plântulas anormais (A)	7,04	11,25	14,81
Sementes mortas (M)	4,70	26,44	7,64

5 CONCLUSÕES

Todos os caracteres estudados apresentaram efeitos genotípicos, ambientais e de interação genótipos x ambientes significativos. Os caracteres produtividade de grãos, altura de planta na maturação, altura de inserção da primeira vagem, stand, incidência total de patógenos nas sementes e porcentagem de plântulas normais apresentaram interações do tipo complexa. Os caracteres dias para floração, dias para maturação, acamamento e teor de óleo apresentaram interações do tipo simples.

As análises de adaptabilidade e estabilidade empregadas forneceram informações detalhadas sobre comportamento do genótipos. Pelo método centróide modificado, o genótipo BCR1455 178 foi classificado como de máxima adaptabilidade geral para a produtividade de grãos e reação à mancha alvo. Para reação ao míldio o genótipo BCR553G 306 foi classificado como de máxima adaptabilidade geral tanto pelo centróide quanto pelo método de Lin e Binns modificado por Carneiro (1998). Para o teor de óleo os genótipos BCR1070G 229, CD 219 RR, BCR945G 132 e BCR945G 110 apresentaram as maiores médias e máxima adaptabilidade geral. Para os caracteres de sanidade e vigor de sementes, BCR1070G 251 e BCR1346 142 foram classificados como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis e BCR553G 306 e BCR1067G 189 a ambientes desfavoráveis.

O método do dimensionamento ótimo da rede de ambientes (DORA) mostrou-se adequado para avaliar a representatividade dos ensaios e útil para otimizar decisões com relação ao descarte de ambientes sem comprometer a recomendação dos genótipos.

As análises de diversidade genética evidenciaram variabilidade genética entre os genótipos ao considerar todos os caracteres agronômicos. Os genótipos DM 309, MSOY 8008 RR, BCR1455 178 e BCR651G 68 foram os mais dissimilares em relação aos demais genótipos. Os genótipos BCR1057G 162, BCR1067G 210 e BCR553G 306 permaneceram nos mesmos grupos em todos os ensaios. Para os caracteres de vigor e sanidade de sementes não foi evidenciada diversidade genética consistente nos ensaios.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABIOVE – Associação Brasileira das Indústrias de Óleos Vegetais. **Complexo Soja – Balanço Oferta/Demanda**. Disponível em: <http://www.abiove.com.br/balanco_br.html> Acesso em: 01 de agosto de 2010.

ALBRECHT, L. P.; BRACCINI, A. L.; ÁVILA, M. R.; SUZUKI, L. S.; SCAPIM, C. A.; BARBOSA, M. C. Teores de óleo, proteínas e produtividade de soja em função da antecipação da semeadura na região oeste do Paraná. **Bragantia**, v.67, n.4, p.865-873, 2008

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

ALMEIRA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento de soja no Brasil – desafios e perspectivas. In: CÂMARA, G. M. S. (Ed.). **Soja: tecnologia da produção**. Piracicaba: Publique, 1998. p.40-54.

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v. 46, n. 1, p. 269-278, 1992.

ARANTES, N. E. **Interação genótipo x ambiente e estudo de alternativas para a seleção de variedades de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) com base em testes regionais**. 1979, 71 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1979.

ARANTES, N. E.; SOUZA, P. I. M. **A cultura da soja nos cerrados**. Piracicaba: POTAFÓS, 1993. 535 p.

ARUNACHALAM, V. Genetic distance in plant breeding. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 41, p. 226-236, 1981.

ASSOCIATION OF OFFICIAL SEED ANALYSTS. **Seed vigor testing handbook**. Lincoln, Nebraska, 1983. 93p.

AZEVEDO, V. H. **Herança da resistência da soja ao *Diaporthe phaseolorum* f. sp. meridionalis e eficiência na seleção de caracteres agrônômicos**. 2000. 102 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2000.

BACKES, R. L.; ELIAS, H. T.; HEMP, S.; NICKNICH, W. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro no Estado de Santa Catarina. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 27, n.2, p.309-314, 2005.

BAKER, R. J. Crossover genotype–environment interaction in spring wheat. In: KANG, M. S. (Ed.). **Genotype-by-Environment Interaction and Plant Breeding**. Baton Rouge: Louisiana State University Agricultural Center, 1990. p. 42–51.

BAINIWAL, C. R.; JATARSA, D. S. Genetic divergence in pigeon pea. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 40, p. 153-156, 1980.

BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; FIDELIS, R. R.; CRUZ, C. D.; REIS, M. S. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja avaliados no estado do Mato Grosso. **Revista Ceres**, v.57, n.3, p.359-366, 2010.

BECKER, H. C. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. **Euphytica**, v.30, p. 835-840, 1981.

BONATO, E. R. **Estabilidade fenotípica da produção de grãos de dez cultivares de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) nas condições do Rio Grande do Sul**. 1978. 75 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP, 1978.

BONETTI, L. P. Distribuição da soja no mundo. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. (Ed.). **A soja no Brasil**. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p. 1-16.

BONETTI, L.P. Cultivares e seu melhoramento. In: VERNETTI, F. J. (Ed.) **Soja: genética e melhoramento**. Campinas: Fundação Cargill, 1983. p. 741-794.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5.ed. Viçosa: UFV, 2009. 529 p.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Reforma Agrária. Secretaria de Defesa Agropecuária. **Regras para análise de sementes**. Brasília: MAPA/ACS, 2009. 399 p.

CALVO, E. S.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento genético: de onde partimos e para onde vamos. In: PINHEIRO, J. B.; CÂMARA, G. M. S. (Ed.). **Visão Agrícola – Soja**. Piracicaba: USP/ESALQ. v.3, n.5, 2006, p.136-139.

CAMPOS, L. A. C. **Estudo da heterose, herdabilidade e correlações de algumas características agrônômicas em cruzamentos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. 1979. 75 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1979.

CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 168 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1998.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; PÍPOLO, A. E.; SILVA, F. A. M. da; PETEK, M. R. Soybean parent selection based on genetic diversity. **Braz. Arch. Biol. Technol**, v. 43, n.3,p. 295-300, 2000.

CARTER, T. E.; NELSON, R. L. ; CREGAN, P. B.; BOERMA, H. R.; MANJARREZ-SANDOVAL, P.; ZHOU, X.; KENWORTHY, W. J.; UDE, G. N. Project SAVE (Soybean Asian Variety Evaluation) – Potential new sources of yield genes with no strings from USB,

public, private cooperative research. In: **28th Soybean Seed Research Conference**, 1998, Washington. **Proceedings of the 28th Soybean Seed Research Conference**. Washington: American Seed Trade Association, 1998. p. 68–83.

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

CHANGRONG, Y.; SRIPICHITT, P.; JUNTAKOOL, S.; HONGTRAKUL, V.; SRIPICHITT, A. Modifying controlled deterioration for evaluating field weathering resistance of soybean. **Kasetsart Journal: Natural Science**, v.41, n.2, p.232-241, 2007.

CHAVES, L. J.; VENCOVSKY, R.; GERALDI, I. O. Modelo não linear aplicado ao estudo da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.24, n.2, p.259-269, 1989.

CHING, T .M. Biochemical aspects of seed vigor. **Seed Science and Technology**, v.1, p.73-88, 1973.

COCHRAN, W. G. The combination of estimates from different experiments. **Biometrics**, v. 10, p. 101-129, 1954.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento – Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. **Décimo Segundo Levantamento da Safra de Grãos**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/7e05515f8222082610088f5a2376c6a f.pdf>> Acesso em: 20 de setembro de 2010.

COSTA, N.P.; FRANÇA NETO, J. de B.; HENNING, A.A.; KRZYZANOWSKI, F.C.; CABRAL, N.T.; MENDES, E.M.C. Efeito da época de semeadura sobre a qualidade fisiológica de sementes de soja no Estado do Mato Grosso. **Revista Brasileira de Sementes**, v.17, n.1, p.107-112, 1995.

CRUZ, C. D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz /USP, Piracicaba, SP, 1990.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Estatística Experimental e matrizes**. 1. ed. Viçosa: UFV, 2006. 285 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 1. ed. Viçosa: UFV, 2003. v.2, 585 p.

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

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

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOVSKY, A. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva & Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, p. 567-580, 1989.

CUI, Z.; CARTER, T. E.; BURTON, J. W.; WELLS, T. Phenotypic diversity of modern chinese and north american soybean cultivars. **Crop Science**, v. 41, p. 1954-1967, 2001.

DALL'AGNOL, A.; ROESSING, A. C.; LAZZARO, J. J.; HIRAKURI, M. H.; OLIVEIRA, A. B. **O complexo agroindustrial da soja brasileira**. Londrina: Circular técnica 43, 2007. 12 p.

DESTRO, D. **Capacidade de combinação de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) apropriados para o consumo humano**. 1991. 158 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz /USP, Piracicaba, SP, 1991.

DHINGRA, O. D.; ACUÑA, R.S . **Patologia de semente de soja**. Viçosa: Editora UFV, 1997. 119 p.

Di MAURO, A. O.; CURCIOL, V. B.; NÓBREGA, C. M.; BANZATO, D. A.; SEDIYAMA, T. Correlação entre medidas paramétricas e não paramétricas de estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 4, p.687-696, 2000.

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

EDWARDS, A. W. F.; CAVALLI-SFORZA, L. L. A method for cluster analysis. **Biometrics**, v. 21, p.362-375, 1965.

EISEMANN, R. L.; COOPER, M.; WOODRUFF, D. R. Beyond the analytical methodology, better interpretation and exploitation of GE interaction in plant breeding. In: KANG, M. S. (Ed.). **Genotype-by- Environment Interaction and Plant Breeding**. Baton Rouge: Louisiana State University Agricultural Center, 1990. p. 108–117.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil 2011**. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2010. 255 p.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3. ed. Harlow: Logman, 1989. 438 p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 11 p. (Special Report 80).

FEHR, W. R.; COLLINS, F. I.; WEBER, C. R. Evaluation of methods for protein and oil determination in soybean seed. **Crop Science**, v.8, p.47-49, 1968.

FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Australian Journal Agricultural Research**, v.14, p.742-54, 1963.

FRANÇA NETO, J. de B.; HENNING, A.A. **DIACOM: diagnóstico completo da qualidade da semente de soja**. Londrina: Embrapa-CNPSO, 1992. 21 p.

GALLAIS, A. Adaptation et adaptabilité en amélioration des plantes. **Le Sélectionneur Français**, v.42, p. 55-57, 1992.

GALLI, J.A. et al. Efeito de *Colletotrichum dematium* var. *truncata* e *Phomopsis sojae* na qualidade sanitária e fisiológica de sementes de soja. **Summa Phytopathologica**, v.33, n.1, p.40-46, 2007.

GALVÃO, E. R. **Marcadores moleculares e avaliação de genótipos de soja em três gerações visando resistência ao *Diaporthe phaseolorum* f. sp. *Meridionalis***. 1999. 84 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1999.

GALVÃO, E. R.; SEDIYAMA, T.; SEDIYAMA, C. S.; ROCHA, V. S.; SCAPIM, C. A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de nove cultivares e linhagens de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) em Ponta Porã, Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, v. 45, n. 259, p.223-231, 1998.

GOMES, P. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: Livraria Nobel, 1985. 466 p.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (Ed.). **Genotype by environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. v. 4, p. 85-122.

HADLEY, H. H.; HYMOWITZ, T. Speciation and cytogenetics. In: CALDWELL, B.E. (Ed.). **Soybeans: improvement, production and uses**. Madson: American Society of Agronomy, 1973, p. 97-154.

HARTMAN, G. L.; NOEL, G. R.; GRAY, L. E. Occurrence of soybean sudden death syndrome in east-central Illinois and associated yield losses. **Plant Disease**, v.79, n. 3, p.314-318, 1995.

HENNING, A.A. Testes de sanidade de sementes de soja. In: SOAVE, J.C. & WETZEL, M.M.V. da S. **Patologia de sementes**. Campinas: Fundação Cargill, 1987, p.441-454.

HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. The genetic base of brasilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) varieties. **Revista Brasileira de Genética**, v. 11, n.2, p. 295-306, 1986.

HOWELL, R. W.; CARTER, J. L. Physiological factors affecting composition of soybeans. I. Correlation of temperature during certain portions of the pod filling stage with oil percentage in mature beans. **Agronomy Journal**, n.45, p.526-528, 1953.

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

HYMOWITZ, T. On the domestication of the soybean. **Economic Botany**, v. 24, n.2, p. 408-421, 1970.

HYMOWITZ, T.; SHURTLEFF, W. R. Debunking Soybean Myths and Legends in the Historical and Popular Literature. **Crop Science**, v. 45, n.2, p. 473-476, 2005.

INSTITUTO ADOLFO LUTZ. **Métodos químicos e físicos para análise de alimentos**. 4. ed. São Paulo: IMESP, 2008. 1020 p.

JAIN, K.C., PANDYA, B.P., PANDE, K. Genetic divergence in chickpea. **Indian Journal of genetics & Plant Breeding**. New Delhi, v. 41, n. 2, p. 220-225, 1981.

JOHNSON, H. W.; BERNARD, R. L. Soybean genetics and breeding. In: NORMAN, A. G. (Ed.). **The soybean**. New York: Academic Press, 1963, p. 1-73.

JOHNSON, R. R.; WAX, L. M. Relationship of soybean germination and vigor tests to field performance. **Agronomy Journal**, v.70, n.2, p.273-278, 1978.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. 4 ed. New Jersey: Prentice-Hall, 1999. 815 p.

KANG, M. S. **Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding**. Louisiana: CABI Publishing, 2002. 400 p.

KASTER, M.; PALUDZYSZYN FILHO, E.; KIIHL, R. A. S.; KRZYZANOWSKI, F. C.; CARBONELL S. A. M. Mejoramiento de la calidad fisiologica de la semilla de soja y metodologia de evaluacion. In: PASCALE, A. J. (Ed.) **Conferência Mundial de Investigacion en Soja**, Buenos Aires. Argentina. 1989. p.1106-1111.

KUENEMAN, E. A. Genetic differences in soybean seed quality screening methods for cultivar improvement. In: SINCLAIR, J. B.; JACKOBS, J. A. (Eds.). **Soybean Seed Quality and Stand Establishment**. International Agriculture Publications: University of Illinois, Urbana-Champaign, 1982. p. 31-41.

KWON, S. H.; TORRIE, J. H. Heritability of and interrelationship among traits of two soybean populations. **Crop Science**, v. 4, p. 196-198, 1964.

LÉLIS, M. M.; HAMAWAKI, O. T.; TAVARES, M; AQUINO, L. A. Teor de óleo para genótipos de soja em três épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 26, n. 4, p.602-609, 2010.

LERNER, I. M. **Genetic homeostasis**. Edinburg: Oliver and Boyd, 1954. 134 p.

LIMA, W. F.; TOLEDO, J. F. F.; ARIAS, C. A. A.; OLIVEIRA, M. F. Stability of soybean yield through different sowing periods. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 11, p.2181-2189, 2000.

LIN, C.S.; BINNS M.R. A method for analyzing cultivar x location x years experiments: a new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 76, n. 3, p. 425-430, 1988.

MANLY, B. F. J. **Multivariate statistical methods: a primer**. 2 ed. Londres: Chapman & Hall, 1998. 215 p.

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.

MAURO, A. O. **Adaptabilidade, estabilidade e ganho genético com o processo seletivo em soja (*Glycine max* (L.) Merrill) em Ponta Porã, Mato Grosso do Sul**. 1991. 192 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1991.

MAURO, A. O.; SEDIYAMA, T.; SEDIYAMA, C. S. Estimativas de parâmetros genéticos em diferentes tipos de parcelas experimentais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30, n.5, p.667-672, 1995.

MAURO, A. O.; OLIVEIRA, R. C.; MARCONDES, A. F.; SEDIYAMA, T. Ganho genético por seleção em linhagens de soja. **Revista Ceres**, v. 47, n. 270, p. 135-144, 2000.

MIKEL, M. A.; DIERS, B. W.; NELSON, R. L.; SMITH, H. H. Genetic diversity and agronomic improvement of north american soybean germplasm. **Crop Science**, v. 50, n.4, p. 1219-1229, 2010.

MIRANDA, F. T. S. **Interação genótipos x ambientes em linhagens de soja selecionadas para resistência ao nematóide de cisto**. 1999. 141 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior Luiz de Queiroz/USP, Piracicaba, SP, 1999.

MIRANDA, G. V. **Diversidade genética e desempenho de cultivares elites de soja como progenitores**. 1998. 117 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1998.

MIRANDA, Z. F. S.; ARIAS, C. A. A.; PRETE, C. E. C.; KIIHL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A.; TOLEDO, J. F. F.; DESTRO, D. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.3 p.363-369, 2007.

MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. **A Soja no Brasil**. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. 1062 p.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants - salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v. 32, p. 1235-1248, 2003.

MORAIS, L. K.; PINHEIRO, J. B.; MOURA, M. F.; AGUIAR, A. V.; DUARTE, J. B.; CARBONELL, S. A. M.; ZUCCHI, M. I.; MOURA, N. F. Estabilidade e adaptabilidade de cultivares de soja em diferentes épocas de semeadura utilizando a metodologia AMMI. **Bioscience Journal**, v. 19, n. 1, p.07-14, 2003.

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

NASCIMENTO, M.; CRUZ, C. D.; CAMPANA, A. C. M.; TOMAZ, R. S.; SALGADO, C. C.; FERREIRA, R. F. Alteração no método centróide de avaliação da adaptabilidade genotípica. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n.3, p.263-269, 2009.

NASCIMENTO FILHO, F. J.; ATROCH, A. L.; CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Adaptabilidade e estabilidade de clones de guaraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.9, p. 1139-1144, 2009.

OLIVEIRA, A. M. S.; HAMAWAKI, O. T.; OLIVEIRA NETO, J. O.; PENNA, J. C. V.; JULIATTI, F. C.; SOUZA, S. A. Estabilidade fenotípica de cultivares de soja no Brasil. **Bioscience Journal**, v. 20, n.2, p.09-19, 2004.

PASSOS, G. A. **Avaliação de caracteres agronômicos e de qualidades fisiológica e sanitárias das sementes de genótipos de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] cultivados em diferentes regiões de Minas Gerais**. 1994. 91 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1994.

PELÚZIO, J. M. **Interação cultivar x ambiente e correlações fenotípicas, genotípicas e de ambientes entre cultivares de soja no Estado do Tocantins**. 1996. 81 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1996.

PESSONI, L. A. **Estratégias de análise da diversidade em germoplasma de cajueiro (*Anacardium spp.* L.)**. 2007. 159 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2007.

PÍPOLO, A. E. **Influência da temperatura sobre as concentrações de proteína e óleo em sementes de soja (*Glycine max* (L.) Merril)**. 2002. 128 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz /USP, Piracicaba, SP, 2002.

PÍPOLO, A. E.; ARIAS, C. A. A.; CARNEIRO, G. E. S.; TOLEDO, J. F. F.; OLIVEIRA, M. F.; CARRÃO-PANIZZI, M. C.; KASTER, M.; ABDELNOOR, R. C.; MOREIRA, J. U. V. **Desenvolvimento de germoplasma e cultivares de soja**. Londrina: Circular técnica 52, 2007, 10 p.

PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selection to yield consistency in different locations or seasons. **American Potato Journal**, v.36, p.381-385, 1959.

PRADO, E. E.; HIROMOTO, D. M.; GODINHO, V. P. C.; UTUMI, M. M.; RAMALHO, A. R. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.4, p.625-635, 2001.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; SOUSA, S. M. B.; SOUSA, N. E. A.; CONTEL, E. P. B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, n.10, p.967-975, 2004.

PRIOLLI, R. H.G.; PINHEIRO, J. B.; ZUCCHI, M. I.; BAJAY, M. M.; VELLO, N. A. Genetic diversity among brazilian soybean cultivars based on ssr loci and pedigree data. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 53, n.3, p.519-531, 2010.

PROBST, A. H.; JUDD, R. W. Origin, U.S. history and development, and world distribution. In: CALDWELL, B.E. (Ed.). **Soybeans: improvement, production and uses**. Madison: American Society of Agronomy, 1973, p.1-15.

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

ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetics correlation. Biometrical genetics**. New York: Pergamon Press, 1959. 186 p.

ROCHA, R.B.; MURO-ABAD, J.I.; ARAUJO, E.F.; CRUZ, C.D. Avaliação do método centróide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, v. 15, p.255-266, 2005.

ROCHA, M. M.; VELLO, N. A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, v. 58, n.1, p.69-81, 1999.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz /USP, Piracicaba, SP, 2001.

SAKIYAMA, N. S. **Herdabilidade, correlação e seleção de genótipos de ciclo precoce em soja (*Glycine max* (L.) Merrill), nas condições de verão e inverno, em Viçosa, Minas Gerais**. 1989. 57 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1989.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; BARROS, H. B. Origem, evolução e importância econômica. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de Produção e Usos da Soja**. Londrina: Mecenas, 2009a. p. 1-5.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; BARROS, H. B. Cultivares. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de Produção e Usos da Soja**. Londrina: Mecenas, 2009b. p.77-91.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da Soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2005. p 553-603.

SHIMOYA, A. **Comportamento de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) nas gerações F₉ e F₁₀ selecionadas pelo teste de geração precoce**. 1987. 132 f. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1987.

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

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

SIMMONDS, N. W. Variability in crop plants, its use and conservation. **Biological Reviews**, v.37, n.2, p.433-465, 1962.

SINGH, C. B.; DALAL, M. A.; SINGH, S. P. Genetic analysis of field germination in soybean [*Glycine max.* (L) Merrill.]. **Theoretical and applied genetics**, v.52, n.4, p.165-169, 1978.

TAI, G.C.C. Genotype stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop Science**, v.11, p.184-190, 1971.

TANCREDI, F. D. **Genótipos de soja e ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*): correlações, reação, adaptabilidade e estabilidade**. 2008. 171 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2008.

TAVAUD-PIRRA, M.; SARTRE, P.; NELSON, R.; SANTONI, S.; TEXIER, N.; ROUMET, P. Genetic diversity in a soybean collection. **Crop Science**, v. 49, p. 895-902, 2009.

TAWARE, S. P.; RAUT, V. M.; HALVANKAR, G. B.; PATIL, V. P. Phenotypic variability and character association in some vegetable soybean varieties. **Journal of Maharashtra Agricultural Universities**, v. 20, n. 3, p. 454, 1995.

TOLEDO, J. F. F.; CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; ALMEIDA, L. A.; BROGIN, R. L.; OLIVEIRA, M. F.; MOREIRA, J. U. V.; RIBEIRO, A. S.; HIROMOTO, D. M. Genotype and environment interaction on soybean yield in Mato Grosso State, Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.5, p.785-791, 2006.

UNITED STATES DEPARMENTO AGRICULTURE (USDA). **Oilseeds: World Markets and Trade**. Foreign Agricultural Service, Circular Series August 2010. 34 p.

VELLO, N. A.; HIROMOTO, D. M.; AZEVEDO FILHO, A. J. B. V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. **Revista Brasileira de Genética**, v.11, n.3, p.679–697, 1988.

VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, v.53, p.89-91, 1978.

VICENTE, D.; PINTO, R. J. B.; SCAPIM, C. A. Análise da adaptabilidade e estabilidade de linhagens elite de soja. **Acta Scientiarum**, v. 26, n.3, p.301-307, 2004.

VIEIRA, P. F. M. J. **Adaptabilidade, estabilidade, determinação genotípica e correlações entre características agronômicas de soja em Goiás**. 2003. 75 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2003.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v.58, n.301, p.236-244, 1963.

WIEN, H. C.; KUENEMAN, E. A. Soybean seed deterioration in the tropics. II. Varietal differences and techniques for screening. **Field Crop Research**, v.4, p.123-132, 1981

WILEY, E.O. **Phylogenetics. The theory and practice of phylogenetics and systematics**. John Wiley & Sons: New York, 1981. 439 p;

WIN, N. P. P.; SRIPICHITT, P.; CHAMPRASERT, W.; HONGTRAKUL, V.; PHUMICHA, C. Evaluation of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] germplasm for field weathering resistance using seed quality and scar markers. **Kasetsart Journal: Natural Science**, v.43, p.629-641, 2009.

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

WRICKE, G. WEBER, E.W. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. Berlin: Walter de Gruyter, 1986. 406 p.

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

YOKOMIZO, G. K.; DUARTE, J. B.; VELLO, N. A. Correlações fenotípicas entre tamanho de grãos e outros caracteres em topo cruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.11, p.2235-2241, 2000.

YOKOMIZO, G. K.; VELLO, N. A. Coeficiente de determinação genotípica e de diversidade genética em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.11, p.2223-2228, 2000.

ZHOU, X.; CARTER, T. E.; CUI, Z.; MIYAZAKI, S.; BURTON, J. W. Genetic base of japanese soybean cultivars released during 1950 to 1988. **Crop Science**, v. 40, p. 1794-1802, 2000.

ZUFFO, N. L. **Estratificação de ambientes na seleção de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) no Mato Grosso do Sul**. 1987. 91 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1987.

APÊNDICES

APÊNDICE A – Resumo das análises de variância dos dados referentes aos caracteres reação à mancha alvo (MA), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV), acamamento (AC), haste verde (HV), stand (ST), produtividade de grãos (PD), dias para floração (DF) e dias para maturação (DM), avaliados em 26 genótipos de soja cultivados em Primavera do Leste na safra 2007/2008 (PL1)

F.V.	GL	Quadrados Médios								
		MA	APM	AV	AC	HV	ST	PD	DF	DM
Blocos	3	0,816	215,804	15,025	0,315	0,259	1,987	130122,628	0,497	5,885
Genótipos	25	2,365 **	334,068 **	44,793 **	0,731 **	6,003 **	3,881 **	626185,886 **	22,006 **	165,614 **
Resíduo	75	0,801	60,587	9,106	0,149	0,4796	1,7605	177943,9282	0,670	2,978
Média		2,52	76,36	12,04	1,37	2,14	6,9	2342,94	45,47	119,71
CV(%)		35,47	10,19	25,07	28,1	32,3	19,22	18	1,8	1,44

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

APÊNDICE B – Resumo das análises de variância dos dados referentes aos caracteres reação à mancha alvo (MA), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV), acamamento (AC), haste verde (HV), stand (ST), produtividade de grãos (PD), dias para floração (DF), dias para maturação (DM) e reação ao míldio (MD), avaliados em 26 genótipos de soja cultivados na primeira época em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL2)

F.V.	GL	Quadrados Médios									
		MA	APM	AV	AC	HV	ST	PD	DF	DM	MD
Blocos	3	0,012	143,778	4,163	0,494	0,034	37,804	211157,531	1,962	13,795	0,131
Genótipos	25	0,211 ns	252,129 **	4,464 **	0,589 **	0,051 *	7,591 ns	1453169,931 **	11,282 **	104,414 **	0,146 ns
Resíduo	75	0,151	59,178	2,156	0,178	0,027	10,325	475361,601	1,535	7,682	0,146
Média		1,81	77,01	10,89	1,38	1,05	11,43	4829,32	44,4	117,96	1,68
CV(%)		21,51	9,99	13,48	30,52	15,83	28,11	14,28	2,79	2,35	22,74

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

APÊNDICE C – Resumo das análises de variância dos dados referentes aos caracteres reação à mancha alvo (MA), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV), acamamento (AC), haste verde (HV), stand (ST), produtividade de grãos (PD), dias para floração (DF), dias para maturação (DM) e reação ao míldio (MD), avaliados em 26 genótipos de soja cultivados na segunda época em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL3)

F.V.	GL	Quadrados Médios									
		MA	APM	AV	AC	HV	ST	PD	DF	DM	MD
Blocos	3	0,212	70,526	4,115	0,077	0,104	51,705	215258,410	3,833	1,651	0,080
Genótipos	25	0,410 **	263,055 **	6,978 ns	0,124 **	0,628 **	12,698 *	2398534,453 **	11,173 **	67,258 **	0,139 ns
Resíduo	75	0,114	71,906	4,655	0,049	0,072	7,592	273440,097	2,300	2,704	0,097
Média		1,68	66,83	10,02	1,16	1,32	12,52	4339,04	45,71	117,34	1,26
CV(%)		20,08	12,69	21,53	19,09	20,36	22,01	12,05	3,32	1,4	24,7

** e * significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

APÊNDICE D – Resumo das análises de variância dos dados referentes aos caracteres reação à mancha alvo (MA), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV), acamamento (AC), haste verde (HV), stand (ST), produtividade de grãos (PD), dias para floração (DF), dias para maturação (DM) e reação ao míldio (MD), avaliados em 26 genótipos de soja cultivados na terceira época em Primavera do Leste na safra 2008/09 (PL4)

F.V.	GL	Quadrados Médios									
		MA	APM	AV	AC	HV	ST	PD	DF	DM	MD
Blocos	3	0,070	93,910	0,474	0,062	0,029	14,856	619575,702	1,446	34,372	0,160
Genótipos	25	0,176 **	456,044 **	10,321 *	0,088 **	0,044 ns	18,931 **	1912528,906 **	10,345 **	20,826 **	0,128 ns
Resíduo	75	0,044	115,350	5,514	0,038	0,061	8,062	474641,055	1,752	3,252	0,149
Média		1,41	76,63	11,1	1,08	1,09	9,93	3444,28	44,63	109,44	2,04
CV(%)		14,94	14,01	21,16	18,01	22,64	28,59	20	2,97	1,65	18,91

** e * significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

APÊNDICE E – Resumo das análises de variância dos dados referentes aos caracteres reação à mancha alvo (MA), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV), acamamento (AC), haste verde (HV), stand (ST), produtividade de grãos (PD), dias para floração (DF), dias para maturação (DM) e reação ao míldio (MD), avaliados em 26 genótipos de soja cultivados na primeira época em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL5)

F.V.	GL	Quadrados Médios									
		MA	APM	AV	AC	HV	ST	PD	DF	DM	MD
Blocos	3	1,307	59,128	2,574	0,493	0,165	0,641	306649,624	11,471	29,164	0,002
Genótipos	25	0,888 **	301,02 **	6,866 **	0,618 **	0,49 **	5,585 **	511604,852 **	9,369 **	148,247 **	0,054 **
Resíduo	75	0,206	85,322	3,060	0,158	0,145	1,951	250159,319	2,085	4,137	0,004
Média		3,51	71	11,97	1,32	1,22	6,99	4111,73	43,01	119,47	1,11
CV(%)		12,92	13,01	14,61	30,21	31,14	15,65	12,16	3,36	1,7	5,73

** e * significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F.

APÊNDICE F – Resumo das análises de variância dos dados referentes aos caracteres reação à mancha alvo (MA), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV), acamamento (AC), haste verde (HV), stand (ST), produtividade de grãos (PD), dias para maturação (DM) e reação ao míldio (MD), avaliados em 26 genótipos de soja cultivados na segunda época em Primavera do Leste na safra 2009/10 (PL6)

F.V.	GL	Quadrados Médios									
		MA	APM	AV	AC	HV	ST	PD	DM	MD	
Blocos	3	0,679	100,949	66,292	0,003	0,128	15,566	210883,560	2,167	0,002	
Genótipos	25	1,642 **	320,138 **	31,285 *	0,026 ns	0,144 **	3,825 *	678444,108 **	163,341 **	0,036 **	
Resíduo	75	0,230	69,415	18,298	0,016	0,067	2,156	233666,528	7,453	0,004	
Média		2,74	70,27	11,88	1,05	1,11	6,87	3601,78	118,9	1,15	
CV(%)		17,53	11,86	36,02	12	23,31	21,37	13,42	2,3	5,74	

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

APÊNDICE G – Resumo das análises de variância dos dados referentes aos caracteres altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV), acamamento (AC), haste verde (HV), produtividade de grãos (PD), dias para para floração (DF), dias para maturação (DM) e reação ao míldio (MD), avaliados em 26 genótipos de soja cultivados em Pedra Preta na safra 2009/10 (PP)

F.V.	GL	Quadrados Médios							
		APM	AV	AC	HV	PD	DF	DM	MD
Blocos	3	40,218	6,526	0,233	1,256	50673,007	5,244	29,385	0,007
Genótipos	25	336,758 **	26,698 **	0,692 **	0,580 **	290277,919 **	43,422 **	114,582 **	0,054 **
Resíduo	75	69,205	13,212	0,177	0,263	118251,124	1,997	11,078	0,023
Média		72,98	14,02	1,36	1,5	1915,64	43,1	107,65	1,07
CV(%)		11,4	25,93	30,88	34,19	17,95	3,28	3,09	14,01

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.

APÊNDICE H – Resumo das análises de variância dos dados referentes aos caracteres altura de planta na floração (APF), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AV), acamamento (AC), haste verde (HV), stand (ST), produtividade de grãos (PD), dias para para floração (DF), dias para maturação (DM), reação ao míldio (MD) e número de nós (NN), avaliados em 26 genótipos de soja cultivados em Nova Ubiratã na safra 2009/10 (NU)

F.V.	GL	Quadrados Médios								
		APM	AV	AC	HV	ST	PD	DF	DM	MD
Blocos	3	86,128	4,548	0,282	0,471	2,343	435908,641	27,564	0,317	0,077
Genótipos	25	191,386 **	10,718 **	0,195 ns	1,90 **	13,12 **	2512747,642 **	39,054 **	23,038 **	1,735 **
Resíduo	75	31,108	4,181	0,129	0,358	3,530	327922,461	7,477	0,404	0,130
Média		57,69	11,66	1,08	1,45	12,55	3075,85	45,46	118,41	1,58
CV(%)		9,67	17,53	33,31	41,2	14,97	18,62	6,01	0,54	22,89

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns – não significativo.