

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

JOSÉ ELZEVIR CAVASSIM

**CLASSIFICAÇÃO EM GRUPOS DE MATURIDADE RELATIVA PARA
A SOJA COMPARANDO METODOLOGIAS DE ESTABILIDADE**

**CURITIBA
2014**

JOSÉ ELZEVIR CAVASSIM

**CLASSIFICAÇÃO EM GRUPOS DE MATURIDADE RELATIVA PARA
A SOJA COMPARANDO METODOLOGIAS DE ESTABILIDADE**

Tese apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Ciências.

Orientador: Prof. Dr. João Carlos Bespalhok Filho

**CURITIBA
2014**



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
AGRONOMIA - PRODUÇÃO VEGETAL



PARECER

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, reuniram-se para realizar a arguição da Tese de DOUTORADO, apresentada pelo candidato **JOSÉ ELZEVIR CAVASSIM**, sob o título "**CLASSIFICAÇÃO EM GRUPOS DE MATURIDADE RELATIVA EM SOJA COMPARANDO METODOLOGIAS DE ESTABILIDADE**", para obtenção do grau de Doutor em Ciências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná.

Após haver analisado o referido trabalho e argüido o candidato são de parecer pela "**APROVAÇÃO**" da Tese.

Curitiba, 21 de Fevereiro de 2014.

Professora Dra. Louise Larissa May De Mio
Coordenadora do Programa

Dr. Luis Fernando Alliprandini
Primeiro Examinador

Professor Dr. Edson Perez Guerra
Segundo Examinador

Professor Dr. Edelclaiton Daros
Terceiro Examinador

Professor Dr. Ricardo Augusto de Oliveira
Quarto Examinador

Professor Dr. João Carlos Bessalho Filho
Presidente da Banca e Orientador

A Deus

À minha amada e querida esposa Ilma, mulher guerreira

Ao meu filho amado André Lucca

Ao meu filho amado Pedro Lorenzo

Aos meus queridos pais Levino Cavassim e Adelir Conrado (in memoriam)

Que sempre me apoiaram em todos os momentos difíceis

e me deram a formação necessária.

Às minhas queridas irmãs Maria, Vilma, Aglair, Regina

e às suas famílias queridas.

Dedico

“Quem dentre vós é sábio e inteligente? Mostre, por seu bom procedimento, que suas ações são feitas na mansidão inspirada pela sabedoria. Mas, se fomentais no coração, amargo ciúme e rivalidade, não vos ufaneis disso, mas deixai de mentir contra a verdade. Essa não é a sabedoria que vem do alto. Ao contrário, é terrena, egoísta, diabólica! Onde há inveja e rivalidade, aí estão as desordens e toda espécie de obras más. A sabedoria, porém, que vem do alto é, antes de tudo, pura, depois pacífica, modesta, conciliadora, cheia de misericórdia e bons frutos, sem parcialidade e sem fingimento. O fruto da justiça é semeado na paz, para aqueles que promovem a paz.”

(Tg 3: 13-18)

AGRADECIMENTOS

A Deus

Ao Prof. Dr. João Carlos Bernaldo de Figueiredo Filho pela orientação e toda amizade dedicada.

Ao Prof. Dr. Ricardo Augusto de Oliveira, pela co-orientação, amizade e auxílio nas discussões.

Ao Prof. Dr. Edelclaiton Daros, pelas valiosas contribuições e melhorias deste trabalho.

Ao Prof. Dr. Edson Perez Guerra, pela amizade e grandes sugestões, especialmente na análise dos dados.

Ao amigo Dr. Luis Fernando Alliprandini, pela co-orientação, amizade e ensinamentos oferecidos que muito valorizaram este trabalho.

Ao amigo Dr. João Luiz Alberini (in memoriam) pela amizade e ensinamentos repassados sobre a cultura da soja.

Ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Paraná, pela oportunidade de realizar este estudo.

Aos professores da Pós-Graduação pela contribuição na minha formação profissional, à secretária Lucimara Antunes, pela ajuda, prestatividade na solicitação de serviços e a todos os amigos de curso, pelo companheirismo, estudos e confraternizações que tornaram este período muito mais gratificante.

À empresa Monsanto do Brasil, que concedeu-me a oportunidade de realizar este curso e a todos os amigos pesquisadores e melhoristas de soja.

Aos colegas profissionais que contribuíram para este estudo: Marco Rott (Coodetec); Cláudio Takeda, Sérgio Suzuki e Agnaldo Nouchi (Fundação MT); Luís Prado, Fernando Miranda e Sybelli Espindola (Pioneer); Anderson Dona (Wehrmann); Rita Moraes (Naturalle); Marcos Matsumoto e Nizio Giasson (Don Mario); Andreomar Kurek e Ivandro Bertan (Syngenta); Marcos Kamikoga e Matheus Balieiro (FT Sementes); Cleiton Steckling (Fundacep); Carlos Pitol (Fundação MS); Paulo Bertagnolli e Maria do Rosário (Embrapa) e Sidnei Marchi (UFMT).

Em especial, os colegas da Pós-Graduação da UFPR: Guilherme Grodzki, Newton Lucena, João Civiero e Gederson Buzzello, que tanto auxiliaram nas disciplinas, nos seminários e muito engrandeceram os meus conhecimentos.

A toda a minha família, sempre presentes.

BIOGRAFIA DO AUTOR

JOSÉ ELZEVIR CAVASSIM, filho de Levino Vicente Cavassim e Adelir Conrado Cavassim, nasceu em Imbituva, Estado do Paraná, em 16 de setembro de 1968. Casado com Ilma Barbosa de Sousa, desde 16 de março de 2008. Têm dois filhos, André Lucca, atualmente com 5 anos e Pedro Lorenzo, com 3 anos.

Cursou Técnico em Eletrônica, no CEFET-PR, hoje UTFPr, nos anos de 1984 a 1987.

Ingressou no curso de Agronomia, da Universidade Federal de Viçosa - UFV, em Viçosa – MG em março de 1991, tendo concluído em 1995. Iniciou os estudos de pós-graduação em 1996, na mesma Universidade, no curso de Genética e Melhoramento, formando-se em 1998 em nível de mestrado.

Ainda em 1998, atuou por breve período na Coopadap em São Gotardo, Minas Gerais, com melhoramento genético da soja. Em março de 1999, iniciou na empresa Monsanto, trabalhando com melhoramento genético da soja, no estado do Paraná, onde permaneceu até o ano de 2002. Ao final deste ano até 2004, atuou na Sementes Selecta, sendo responsável pelo programa de melhoramento genético de soja da FT Sementes para a região centro-oeste. Durante 2005 e 2006, desenvolveu trabalho com melhoramento genético em soja na empresa Fundação MT, atuando principalmente no estado de Mato Grosso.

A partir de dezembro de 2006 e até o presente momento, trabalha para a empresa Monsanto, onde atuou inicialmente no estado de Mato Grosso e atualmente, no programa de melhoramento genético da soja para o Estado do Paraná, focado em região de altitude.

Em março de 2010 iniciou o doutoramento no Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, no Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, do Setor de Ciências Agrárias, da Universidade Federal do Paraná.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS.....	8
LISTA DE FIGURAS.....	10
RESUMO.....	11
ABSTRACT.....	12
1 INTRODUÇÃO.....	13
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	15
2.1 MELHORAMENTO DA CULTURA DA SOJA.....	15
2.1.1 Etapas Para Obtenção de uma Cultivar de Soja.....	17
2.2 FATORES DETERMINANTES DO CICLO.....	20
2.3 INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE.....	23
2.4 ESTABILIDADE FENOTÍPICA.....	24
2.4.1 Método de Eberhart e Russell.....	25
2.4.2 Método AMMI.....	26
2.4.3 Método GGE.....	28
3 REFERÊNCIAS.....	30
4 ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA E SUA CLASSIFICAÇÃO EM GRUPOS DE MATURIDADE RELATIVA NO BRASIL.....	37
RESUMO.....	38
ABSTRACT.....	39
4.1 INTRODUCTION.....	40
4.2 MATERIAL AND METHODS.....	42
4.3 RESULTS AND DISCUSSION.....	43
4.3.1 Variance Analysis.....	43
4.3.2 ER Analysis.....	44
4.3.3 AMMI Analysis.....	47
4.3.4 RMG Classification.....	50
4.4 CONCLUSION.....	52
4.5 ACKNOWLEDGEMENTS.....	53
4.6 REFERENCES.....	54
5 ANÁLISE AMMI PARA DETERMINAR GRUPOS DE MATURIDADE RELATIVA PARA A CLASSIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA.....	57

RESUMO.....	58
ABSTRACT.....	59
5.1 INTRODUCTION.....	60
5.2 MATERIAL AND METHODS.....	62
5.3 RESULTS AND DISCUSSION.....	64
5.4 CONCLUSION.....	79
5.5 ACKNOWLEDGEMENTS.....	79
5.6 REFERENCES.....	80
6 METODOLOGIA GGE NA IDENTIFICAÇÃO DE MEGA-AMBIENTES E ESTABILIDADE EM SOJA PARA A CLASSIFICAÇÃO EM GRUPOS DE MATURIDADE.....	84
RESUMO.....	85
ABSTRACT.....	86
6.1 INTRODUÇÃO.....	87
6.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	89
6.3 RESULTADOS E DISSCUSSÃO.....	91
6.3.1 Anova.....	91
6.3.2 Análises GGE na Região AL.....	93
6.3.3 Análises GGE na Região BL.....	98
6.4 CONCLUSÃO.....	105
6.5 REFERÊNCIAS.....	106
7 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	108

LISTA DE TABELAS

TABELA 4.1	Description and evaluation of local soybean cultivars in 2008/2009 and 2009/2010 seasons, including their respective RMG, types of growth, and the presence of a long juvenile period (LJP).....	45
TABELA 4.2	Summary of analysis of variance for the traits number of days to flowering (NDF), number of days to maturity (NDM), and number of days for the reproductive period (NDRP).....	46
TABELA 4.3	Estimates of parameters of adaptability and stability of the traits number of days to flowering (NDF), number of days to maturity (NDM), and number of days for the reproductive period (NDRP) determined using the method of EBERHART and RUSSELL [8] for crops grown in 24 environments in 2008/2009 and 2009/2010 seasons.....	48
TABELA 4.4	Eigenvalues (E) and cumulative percentages for the traits number of days to flowering (NDF), number of days to maturity (NDM), and number of days to the reproductive period (NDRP) determined using the AMMI method. Values for the two main components of interaction (IPCA1 and IPCA2) and ASV values for maturation for genotypes of crops grown in 24 environments in 2008/2009 and 2009/2010 seasons.	51
TABELA 4.5	Values of relative maturity groups (RMG) established by regression, using the genotypes classified as stable according to the method of EBERHART and RUSSELL [8] and AMMI analysis [10], and those established according to the method of Alliprandini et al. [19].....	52
TABELA 5.1	Test environments by southern and central regions for the soybean harvests of 2008-2011.....	64
TABELA 5.2	Soybean genotypes by growth type, the presence of a long juvenile period (LJP) and relative maturity group (RMGtab), as tabulated according to data from Alliprandini <i>et al.</i> , (2013).....	65
TABELA 5.3	Summary of the joint analysis of variance for soybean traits measured in the southern region and consisting of the number of days to flowering (NDF), to maturity (NDM) and in the reproductive period (NDRP).....	66
TABELA 5.4	Summary of the joint analysis of variance for soybean traits measured in the central region and consisting of the number of days to flowering (NDF), to maturity (NDM) and in the reproductive period (NDRP).....	66
TABELA 5.5	Summary of the joint analysis of variance for soybean traits measured at all locations in the study (Brazil) and consisting of the number of days to flowering (NDF), to maturity (NDM) and in the reproductive period (NDRP).....	67
TABELA 5.6	Percentages of genotype x environment interactions for the three analyses of traits in transgenic soybean within southern, central and Brazil regions between 2008 and 2011.....	68

TABELA 5.7	Phenotype correlation matrix with Pearson correlation coefficients for traits of transgenic soybean in the analyses of the southern and central regions considered separately and combined (Brazil).....	70
TABELA 5.8	Eigenvalues and cumulative percentages for the number of days to maturity (NDM) trait by AMMI analysis; IPCA1 and IPCA2 axes and ASV** for the maturity of genotypes studied in nine environments of the southern (s) region, eight environments of the central (c) region and all environments of Brazil (br) from 2008 to 2011.....	72
TABELA 5.9	Relative maturity groups (RMGs) defined by regression for the southern, central and Brazil regions using stable cultivars as determined through AMMI analysis (Zobel et al., 1988), the number of days to maturity (NDM) in the central (C) and southern (S) regions and the respective tabulated RMG values.....	78
TABELA 6.1	Descrição dos 20 genótipos, alocados nas regiões de alta e baixa latitudes (AL e BL), quanto a tipo de crescimento, presença de período juvenil longo (P JL) e grupo de maturidade relativa (GMR), de acordo com Alliprandini et al., (2013).....	90
TABELA 6.2	Descrição dos ambientes de avaliação de cultivares de soja, nas safras 2008-2011.....	91
TABELA 6.3	Resumo da análise de variância para a característica número de dias para a maturação (NDM) de cultivares de soja avaliadas nas regiões de baixa latitude (BL) e alta latitude (AL).....	92
TABELA 6.4	Correlação entre os ambientes de teste, na região de altas latitudes (AL), em avaliação de cultivares de soja no ano de 2008.....	94
TABELA 6.5	Correlação entre os ambientes de teste, na região de baixas latitudes (BL), em avaliação de cultivares de soja no ano de 2008.....	99
TABELA 6.6	Grupos de maturidade relativa (GMR) estabelecidos por regressão, para as regiões de baixa e alta latitudes (BL e AL) através de genótipos estáveis obtidos pela metodologia GGE.....	104
TABELA 7.1	Proposta de Grupos de Maturidade Relativa (GMR) e relação com o número médio de dias para a maturação (NDM), para as cultivares de soja observadas nos experimentos, para as regiões de alta e baixa latitudes (AL e BL) no Brasil.....	109

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 4.1	AMMI2 biplot with the two main components of interaction (IPCA1 and IPCA2) corresponding to the maturity of 20 genotypes.....	49
FIGURA 5.1	AMMI2 maturity biplot using data from the southern region showing IPCA1 x IPCA2, 20 genotypes and 27 environments.....	71
FIGURA 5.2	AMMI2 maturity biplot using data from the central region and showing IPCA1 x IPCA2, 20 genotypes and 24 environments.....	74
FIGURA 5.3	AMMI2 maturity biplot using data from all regions (Brazil) and showing IPCA1 x IPCA2, 20 genotypes and 51 environments.....	75
FIGURA 5.4	Regression plots using data obtained from the stable genotypes in the southern (4A) and central (4B) regions and all environments in Brazil (4C).....	76
FIGURA 6.1	GGE Biplot com dados da região de altas latitudes (AL), em análise de cultivares de soja no ano 2008.....	94
FIGURA 6.2	GGE Biplot com dados da região de altas latitudes (AL), em análise de cultivares de soja no ano 2009.....	95
FIGURA 6.3	GGE Biplot com dados da região de altas latitudes (AL) em análise de cultivares de soja no ano 2010.....	96
FIGURA 6.4	GGE Biplot para estabilidade com dados da região de altas latitudes (AL), em análise de cultivares de soja nos anos de 2008, 2009 e 2010..	97
FIGURA 6.5	GGE Biplot, mostrando a média no eixo das abscissas (x) e o desvio da estabilidade no eixo das ordenadas (y), para os dados de cultivares da região de altas latitudes (AL), nos anos de 2008, 2009 e 2010.....	98
FIGURA 6.6	GGE Biplot com dados da região de baixas latitudes (BL), em análise de cultivares de soja no ano 2008.....	100
FIGURA 6.7	GGE Biplot com dados da região de baixas latitudes (BL), em análise de cultivares de soja no ano 2009.....	101
FIGURA 6.8	GGE Biplot com dados da região de baixas latitudes (BL), em análise de cultivares de soja no ano 2010.....	102
FIGURA 6.9	GGE Biplot com dados da região de baixas latitudes (BL), em análise de cultivares de soja nos anos de 2008, 2009 e 2010.....	103
FIGURA 6.10	GGE Biplot, mostrando a média no eixo das abscissas (x) e o desvio da estabilidade no eixo das ordenadas (y), para os dados de cultivares da região de baixas latitudes (BL), nos anos de 2008, 2009 e 2010.....	103

RESUMO

O estudo da estabilidade dos caracteres associados à maturação e floração em genótipos de soja tem grande importância nos programas de melhoramento, para a avaliação, seleção e a produção de cultivares como também para estabelecer parâmetros necessários à classificação em Grupos de Maturidade Relativa (GMR). O objetivo deste trabalho foi testar diferentes metodologias para o estudo da estabilidade fenotípica para os caracteres número de dias para florescimento, número de dias para maturidade e comprimento do período reprodutivo, e em seguida classificar os genótipos quanto ao Grupo de Maturidade Relativa. Foram utilizadas 20 cultivares comerciais de soja avaliadas em 19 ambientes distribuídos nas principais regiões produtoras do Brasil. Foram realizadas avaliações segundo os métodos de EBERHART e RUSSELL e AMMI, com dados de duas safras agrícolas, distribuídos ao longo do Brasil. Em seguida, foi avaliada a metodologia AMMI utilizando-se dados de três safras com separação por regiões, a partir da latitude 21°, sendo denominada Sul aquela situada nas latitudes maiores e Centro, nas latitudes menores, utilizando-se todos os genótipos em todos os locais. Por último, a análise GGE Biplot, com dados de três safras, considerando-se as regiões de alta latitude e baixa latitude bem como genótipos adaptados para cada região, para a definição de mega-ambientes e dos genótipos estáveis. Todas as metodologias apresentaram resultados similares ao GMR proposto inicialmente e foram eficientes em estabelecer os genótipos estáveis. Tais métodos podem ser usados para esse fim, desde que sejam escolhidos genótipos com diferentes características e ambientes diferenciados ao longo de uma região. As análises AMMI e GGE Biplot apresentam praticidade na visualização gráfica e facilidades no entendimento de mega-ambientes. Os GMR obtidos com qualquer das metodologias utilizadas neste trabalho podem ser referência para programas de melhoramento na geração de populações base e novas linhagens.

Palavras-chave: *Glycine max.* (L.) Merrill, Interação genótipos x ambientes, Estabilidade, EBERHART e RUSSELL, AMMI, GGE Biplot

ABSTRACT

The study of the stability of the characters associated with maturity and flowering in soybean genotypes have great importance in breeding programs for the cultivar evaluation, selection and production but also necessary to establish the classification into Relative Maturity Groups (RMG) parameters. The objective of this study was to test different methodologies for the study of phenotypic stability for the traits number of days to flowering, days to maturity and length of the reproductive period, and then classify the genotypes for the RMG. Were evaluated 20 commercial soybean cultivars in 19 environments distributed in major producing regions of Brazil. Evaluations were performed according to the methods of Eberhart and Russell and AMMI with two-year data spread over Brazil. Then, AMMI method were evaluated using three-year data with separated regions, from latitude 21° , being named South and Center, the first one located in the largest latitudes and the second in the lower latitudes using all genotypes in all locations. Finally, the GGE Biplot analysis, from three-year data considering the largest latitudes and lower latitudes and also adapted genotypes from each region, for defining mega-environments and stable genotypes. All methods showed similar results to RMG initially proposed and were effective in establishing stable genotypes. Such methods can be used for this purpose, provided with different genotypes and different characteristics over a region environments are chosen. The AMMI and GGE Biplot analyzes have advantage aspects because graphical facilities in the understanding of mega-environments. The RMG obtained with any of the methodologies used in this paper can be a reference for breeding programs to generate base populations and new lines.

Keywords: *Glycine max.* (L.) Merrill, Genotype–environment interaction, Stability, Eberhart and Russell method, AMMI, GGE Biplot

1 INTRODUÇÃO

A soja *Glycine max* (L.) Merrill representa uma das culturas mais importantes no cenário agrícola brasileiro e mundial. A área plantada mundialmente representa aproximadamente 108 milhões de hectares, sendo que o maior país produtor são os Estados Unidos, com aproximadamente 30,8 milhões de hectares (USDA, 2013).

As empresas de pesquisa e melhoramento genético têm atuado na busca e desenvolvimento de novas cultivares, mais produtivas e com maior tolerância aos diversos tipos de estresses. Segundo Hallauer (2007) um dos objetivos do melhoramento de plantas é a obtenção de cultivares com alto potencial produtivo e estáveis na maioria dos ambientes em que é cultivada. De acordo com Cober et al. (2005) os trabalhos de melhoramento têm sido realizados principalmente no aumento da produtividade aliado a práticas de produção, como incremento na densidade de plantio, que levam a cultivares com menor índice de área foliar e altas taxas fotossintéticas.

Na realização dos ensaios comparativos de linhagens, as empresas procuram estabelecer uma rede ampla, com diversos ambientes contrastantes de acordo com objetivos próprios. Para tal, as empresas procuram agrupar as novas linhagens em grupos mais homogêneos, principalmente em termos de maturação e adaptação regional.

Com a classificação de maturidade anteriormente utilizada, tal como precoce e tardia, a classificação da maturidade de uma cultivar ficava restrita a termos muito amplos, dando a possibilidade de plantio em diversas regiões geográficas. Isso acarretava perdas de produtividades, uma vez que nem sempre o cultivo ocorria na melhor região de adaptação ou então era efetuado em períodos não favoráveis ao desenvolvimento da cultura.

Surgiu então, uma necessidade de padronização da classificação de Grupos de Maturidade Relativa (GMR) semelhante àquela utilizada nos EUA. Porém, como não haviam pesquisas a respeito, estabeleceu-se uma idéia inicial, baseada no modelo norte-americano e a mesma baseava-se nas médias de maturidade dos ensaios. Assim, foi criada quase que empiricamente a numeração dos GMR para o Brasil. O modelo inicial foi proposto pela empresa Monsanto, no início dos anos 2000, a qual utilizava-se dos dados de ensaios de sua rede para determinar os GMR nas novas linhagens geradas pelo programa. Outras empresas como a Pioneer e a Syngenta também possuíam processo semelhante. Inicialmente, foi feita

uma comparação com o sistema dos EUA e assim, começou-se a divulgar a idéia perante a cadeia produtiva da soja (Alberini, comunicação pessoal).

Seguindo o modelo norte-americano, foi proposto um formato de GMR para o Brasil, classificando as cultivares em grupos distintos, adaptados a necessidades locais e com numeração semelhante àquela utilizada nos EUA. Porém, dada a localização do Brasil no hemisfério sul, os números devem iniciar nas latitudes maiores e aumentar nas latitudes próximas à linha do Equador.

Em seguida, diversos pesquisadores reuniram-se para juntos, efetuarem ensaios específicos dos GMR. Assim, cada empresa de melhoramento de soja participou com alguns cultivares, os quais foram enviados a todas as empresas e plantados em diversos locais no Brasil. Ao longo dos anos, foram feitas diversas avaliações e gerados GMR amplos para todo o Brasil. O primeiro trabalho com critério estatístico foi realizado por Alliprandini et al. (2009) e estabeleceram os GMR para diversas cultivares convencionais.

Atualmente, novas cultivares com diferentes características têm sido lançadas a todo ano, bem como existem novos procedimentos estatísticos para definição de cultivares estáveis. Portanto, torna-se essencial testá-los e então classificar as cultivares em GMR. O objetivo principal desse trabalho foi verificar as novas metodologias que possam ser aplicadas para estabelecer as cultivares estáveis e em seguida, classificá-las em Grupos de Maturidade Relativas.

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 MELHORAMENTO DA CULTURA DA SOJA

A soja pertence à família Fabaceae, subfamília Papilionoideae, tribo Phaseoleae e subtribo Glycininae, onde está inserido o gênero *Glycine*, sub-gênero *Soja*. A soja cultivada comercialmente é denominada *Glycine max* (L.) Merrill, plantada em diversos países do mundo e utilizada como base para o melhoramento genético vegetal. A soja possui número cromossômico $2n=40$, sendo considerada uma planta autógama (ORF, 2010; BORÉM et al., 2009).

No Hemisfério Norte, a soja é agrupada em 13 classes de maturidade, variando de 000 a X. O grupo de maturidade 000 é composto pelas cultivares de maturação mais precoces, enquanto o grupo X é composto pelas cultivares tardias. Geralmente, os grupos 000-IV são considerados indeterminados e plantados mais ao norte, enquanto os grupos V-X são compostos basicamente por cultivares do tipo determinadas e plantadas mais ao sul (ACQUAAH, 2012).

As empresas de melhoramento genético tem atuado para a obtenção de cultivares altamente produtivas e adaptadas. Além disso, os esforços do melhoramento genético têm sido realizados para a obtenção de cultivares com boa amplitude de épocas de semeadura e com arquitetura de planta e crescimento vegetativo favoráveis. De acordo com Acquaah (2012) também são objetivos do melhoramento de soja a obtenção de cultivares tolerantes ao acamamento, resistência a herbicidas e tolerância a ataque de insetos bem como o melhoramento visando melhoria na qualidade do grão, como incremento da quantidade de proteína ou na qualidade de óleo, visando aumento nos teores de ácido oleico e redução no teor de ácido linolênico. Para se obter cultivar de soja são necessários muitos anos de pesquisa, investimento financeiro e mão de obra.

A cultura da soja, por vezes, não atinge o seu potencial de rendimento máximo em função de perdas diversas, como plantio em época inadequada, temperaturas extremas, perdas decorrentes de desequilíbrios nutricionais, das pragas e doenças e da presença de plantas daninhas. Um dos fatores de grande perda de produtividade se dá sem dúvida na deficiência hídrica, conforme atestam Cunha et al. (1998).

Para que ocorra essa maximização, deve-se atentar para a adaptação local de cada cultivar, pois isso define o melhor momento de semeadura a fim de maximizar seu crescimento e potencializar a produtividade. O melhoramento genético de soja é essencial na obtenção de novas cultivares adaptadas e produtivas e pode ser considerado como um processo contínuo de geração de novas cultivares. O desenvolvimento de novas linhagens mais produtivas, com maior tolerância às principais doenças, mais estáveis e melhor adaptadas às diferentes regiões e condições de cultivo e tolerantes ao acamamento têm sido objetos do melhoramento, bem como a busca por materiais que possuam resistência aos nematoides do cisto (LU et al. 2006).

Uma cultivar de soja ideal deve ter alta produtividade e estabilidade de produção em diferentes ambientes (anos, solos, altitudes, etc.). Atualmente, muitos são os programas que se utilizam de marcadores moleculares, para auxiliar os programas nesse aspecto, na identificação de indivíduos que possuem a porção do genoma de interesse, sendo útil portanto na seleção precoce como também em pré-melhoramento, onde se caracteriza fenotipicamente os diversos genes de resistência em um cruzamento segregante (CAMARGO, 2001).

Em algumas empresas são utilizados normalmente mais de 100 locais de experimentação, com diversos caracteres sendo avaliados. Isso garante a maior precisão dos experimentos e fazendo com que as novas cultivares sejam muito específicas a cada microrregião. A introdução de novas características propicia aos agricultores novas tecnologias, possibilitando maiores opções de escolha. Algumas empresas estão gerando novos produtos de soja, com genes estaqueados e buscando maior velocidade na obtenção, utilizando-se de técnicas de genotipagem e fenotipagem avançadas, ampliando com isso a variabilidade de seus germoplasmas (TESTER e LANGRIDGE, 2010).

No melhoramento de plantas, o papel do melhorista é o de estabelecer uma estratégia de visão de futuro, principalmente enfocando os aspectos do agronegócio e suas implicações para o melhoramento (QUEIROZ, 2001). Como os programas são estabelecidos em diversos locais, a experimentação agrícola é também parte essencial no desenvolvimento de cultivares, haja visto a diversidade de ambientes existentes, mesmo dentro de uma pequena região.

Isso determina um efeito muito importante dentro do melhoramento, que é a interação genótipo x ambiente. Como se sabe, os efeitos aditivos decorrem basicamente do genótipo de um cultivar, ou seja, do conjunto de genes intrínsecos da mesma. Assim, quando existe a interação genótipos x ambientes, significa que os genótipos respondem diferentemente aos diversos ambientes (YAN e KANG, 2002). Para o melhorista, isso não é necessariamente um

problema, e sim, uma busca constante em identificar a cultivar ótima para determinado ambiente.

Hoje existem diversas empresas atuando em melhoramento genético da soja no Brasil. O IAC, Instituto Agrônômico de Campinas foi um dos pioneiros no melhoramento genético, juntamente com o Centro Nacional de Soja, posteriormente EMBRAPA, criada em 1973, a qual originou-se das antigas estações de pesquisa do DNPEA, que fora criado em 1971 (AGROANALYSIS, 2008). Atualmente, muitas empresas privadas estão atuando no mercado brasileiro. Isso é importante, pois o tempo total para a geração de novas cultivares situa-se em torno dos sete a oito anos em média. Basicamente, os programas de melhoramento de soja trabalham com grandes quantidades de linhagens, advindos de diferentes cruzamentos visando obter a maior diversificação possível. Para isso, necessitam ter bom planejamento e verificar se o ganho genético está sendo efetivo para que possam corrigir em curto prazo as metas definidas (FARIA et al., 2007).

Pode-se entender o processo todo como um grande funil, onde milhares de linhagens são geradas a cada ano e no final apenas uma ou poucas são lançadas como cultivares. No Brasil, basicamente utiliza-se os métodos tradicionais de melhoramento, fazendo-se os cruzamentos de forma convencional, utilizando-se de plantas como fêmea e como macho. Isso é relativamente fácil, porém, leva aos descendentes uma parte de genes que não possuem interesse e muitas vezes desconhecidos. Utilizando-se de biotecnologia, tem-se uma vantagem que é a transferência apenas da porção gênica desejada. Infelizmente, ocorre o arrasto de genes indesejáveis que nem sempre são úteis no processo, fato este muito comum nos processos de retrocruzamentos (SOUZA, 2001).

2.1.1 Etapas Para Obtenção de uma Cultivar de Soja

O processo é exemplificado a seguir: utilizam-se diferentes cultivares para serem cruzados, desde materiais comerciais, introduções de plantas (PI), linhagens elites e mesmo plantas atípicas. Depois de obtidas as sementes híbridas (F_1), resultantes do cruzamento, elas são plantadas visando obter maior número de vagens possível, ou seja, em um ambiente ótimo. Depois, na segunda geração até a quarta ou quinta geração, dependendo do programa e de objetivos a serem atingidos, as populações são conduzidas basicamente pelo método SPD (Single Pod Descent), ou descendente de uma única vagem (BORÉM, 2005).

Esse método é uma variação do SSD (Single Seed Descent), onde retira-se apenas uma semente por planta. Quando retira-se uma vagem por planta, espera-se garantir que o descendente seja expresso na próxima geração, ao passo que utilizando-se apenas uma semente, essa pode não germinar, assim, a planta não fica representada na geração seguinte. O método SSD surgiu de uma necessidade de acelerar o programa de melhoramento genético pela rápida endogamia de uma população antes de começar a seleção de plantas e avaliação, além de reduzir a perda de genótipos durante as gerações segregantes (ACQUAAH, 2012).

Depois de quatro ou cinco gerações, faz-se a seleção das plantas com características desejáveis, como altura, fenótipo adequado, resistência a doenças, resistência ao acamamento e outros. Essas plantas irão originar as progênes, que são agrupadas de acordo com seu ciclo de maturação e são individualizadas em linhas únicas. O método SSD traz como vantagens: rápido avanço até a homozigose, pequenos espaços nas gerações iniciais, não sofre os efeitos da seleção natural, reduz o tempo para o lançamento de nova cultivar e um ponto importante é que pode ser conduzido em ambientes distintos daquele onde será comercializada a nova cultivar (ACQUAAH, 2012). Por outro lado, Macchiavelli e Beaver (2001) verificaram o efeito de se utilizar muitas sementes a partir das vagens ao invés de uma semente só e concluíram que pode haver uma diminuição da variabilidade, pois a cada três plantas amostradas em F6, uma seria derivada da planta selecionada em F2.

Após selecionadas, as progênes irão constituir as fases seguintes de competição de linhagens, sempre utilizando padrões ou testemunhas comerciais, do mesmo grupo de maturidade, para melhor ajuste prévio da adaptação. Assim, ao final de cada ciclo, haverá sempre linhagens superiores e inferiores às testemunhas, que analisadas conjuntamente, são eliminadas do programa ou selecionadas para a etapa seguinte. De acordo com Borém (2005) o teste de progênes calcula o valor de uma linhagem com base no comportamento de sua descendência e deve ser realizado em um local representativo.

Também visando à seleção aprimorada, podem-se utilizar as técnicas de marcadores moleculares, visando obter linhagens que possam expressar características desejadas, como a confirmação do parental desejado, confirmação de linhagens com resistências a patógenos e seleção para caracteres de baixa herdabilidade (EATHINGTON et al., 2007).

Na etapa inicial, chamada de EP1, como existem poucas sementes oriundas das progênes, ocorre a restrição de número de repetições e locais. Nesse caso, opta-se por escolher apenas o melhor local, dentro das unidades de pesquisa, de forma a evitar a perda das linhagens. Segundo Borém (2005) o ensaio deve ser conduzido em um local representativo da região de cultivo de soja. Nessa fase, normalmente utilizam-se cerca de 4 a 5 mil linhagens,

correspondendo a aproximadamente 10% de seleção nas progênies. Em muitos programas, os dados oriundos de marcadores moleculares auxiliam na seleção.

Após a etapa EP1, os genótipos selecionados são eleitos para a fase EP2, em número que varia entre 500 a 800 linhagens. Nesse caso, a pressão de seleção pode ser maior ou menor, dependendo dos objetivos do programa e também do potencial das linhagens em mãos. Da mesma forma, torna-se de grande importância conduzir os ensaios comparativos sempre dentro de um grupo de maturidade específico, para que as comparações sejam adequadas (Alberini, comunicação pessoal).

Na fase EP2, obtém-se maior volume de sementes e considerando-se que nessa fase existe maior necessidade de precisão nos experimentos, opta-se pelo aumento das repetições e também o incremento em número de locais. Isso amplia em muito a base de dados para a tomada de decisões. De acordo com Borém (2005), os ensaios em EP2 devem ser conduzidos em um ou dois locais representativos. No entanto, atualmente é normal a condução em mais de dois locais. Nesse caso, escolhem-se ambientes homogêneos, para que haja maior possibilidade de seleção positiva, atentando-se para agrupar as linhagens nos seus grupos de maturidade específicos, pois definem melhor a adaptação e fornecem testemunhas adequadas para os ensaios. Assim, ao final de EP2, já consegue-se mapear os melhores genótipos e onde eles se comportam melhor.

Após a etapa EP2, necessita-se melhorar a rede de testes e cria-se a etapa intermediária (EI) e, como já existem sementes suficientes, os programas ampliam a rede de acordo com seus recursos. Basicamente, aumenta-se o número de localidades testadas dentro de uma região específica e também aumentam-se as repetições. Quatro repetições são enfatizadas nessa etapa de acordo com Borém (2005). Em alguns casos, onde os recursos permitem, realizam-se também os plantios em mais de uma época, para poder conhecer melhor o comportamento da linhagem, principalmente em plantios antecipados. Em EI, utilizam-se cerca de 70 a 100 linhagens para compor os ensaios e estes são separados em GMR distintos para, da mesma forma, serem comparados junto às testemunhas.

Após a seleção dessas linhagens, em número de aproximadamente 20, elas irão compor os ensaios finais ou elites, denominados EFI e VCU e normalmente são semeados no maior número possível de locais, a fim de minimizar os efeitos ambientais (SOUSA et al, 2010), procurando-se escolher corretamente as testemunhas em número adequado e dentro da faixa de maturidade do ensaio, para que seja realizada a correta alocação do GMR das linhagens em teste para possível registro no futuro, caso esta seja lançada como nova cultivar.

2.2 FATORES DETERMINANTES DO CICLO

No aspecto genético, a soja possui uma série alélica que determina basicamente a relação do período necessário ao florescimento e também a maturação. De acordo com Slafer et al. (2009), essa série estende-se desde E1/e1 até E6/e6. Cober e Voldeng (2001) efetuaram diversos cruzamentos em soja e sugeriram a descrição do loco E7, o qual possui forte ligação com o loco E1 e T, fazendo com que o genótipo portador de E7E7 resulte em florescimento e maturação tardios. Na maioria dos casos, a dominância é parcial ou total, resultando no alongamento do período de florescimento em resposta ao fotoperíodo (SLAFER et al., 2009). A exceção ocorre com o loco E6, que determina o florescimento precoce (BONATO e VELLO, 1999). Outra descrição foi dada por Watanabe et al. (2012), onde os autores descrevem uma série de genes principais de E1 até E8, incluindo o gene J, além de uma série de QTLs envolvidos que podem afetar desde o florescimento como também a altura de plantas, a maturidade e produtividade.

Quanto aos fatores ambientais, diversos efeitos podem definir o ciclo de florescimento e de maturação da soja. Apesar de todos serem decisivos na determinação do ciclo, certamente a temperatura, o fotoperíodo e a disponibilidade hídrica são os determinantes. A temperatura é principalmente influenciada pela altitude do local, apesar de existirem também mudanças através da latitude. Os locais mais elevados, possuem a temperatura mais baixa, o que favorece o desenvolvimento mais lento da soja. Já o fotoperíodo, que refere-se a duração do período luminoso, depende muito da latitude (EMBRAPA, 2010).

Todos os vegetais realizam fotossíntese, onde ocorre a captação de energia e posterior acúmulo dos fotoassimilados, necessários para o crescimento da planta. Quando ocorre a fotossíntese, um processo chamado transpiração ocorre, que é a perda de água. Ambos processos possuem o CO₂ difundindo-se para a folha, enquanto a água perde-se através de aberturas estomáticas (TAIZ e ZEIGER, 2009). No entanto, o processo fotossintético é sensível a temperatura, especialmente nas plantas com metabolismo do tipo C3, como é o caso da soja. Sob condições constantes de CO₂, o aumento de temperatura afeta drasticamente a fotossíntese líquida nas plantas do tipo C3. Em soja, isso pode causar o aceleração de todo o processo metabólico e levar a diferenciação celular mais do que o crescimento (EMBRAPA, 2010).

O desenvolvimento ótimo da soja situa-se na faixa dos 20 a 30 °C, tanto na semeadura quanto para o desenvolvimento, sendo considerada a temperatura mínima para o florescimento acima de 13 °C. Temperaturas extremas, abaixo de 10 °C e acima de 40 °C são desfavoráveis ao desenvolvimento, especialmente se estiverem associadas a déficit hídrico (FARIAS et al., 2007).

A resposta ao florescimento nas plantas pode ser dependente de estímulos internos ou externos, como a idade ou o tamanho da planta, enquanto em outros casos, pode ser dependente de condições de frio, chamada vernalização ou condicionada ao fotoperiodismo, podendo ser uma resposta ao comprimento do dia ou da noite (TAIZ e ZEIGER, 2009).

O início do florescimento marca a transição da fase juvenil da planta para a fase reprodutiva. A duração da fase juvenil é característica das espécies, podendo ser de alguns dias a até alguns anos. Em soja, a fase juvenil é quando ocorre o atraso no florescimento sob condições de dias curtos sendo essa característica controlada pelos genes J e E6 (COBER, 2011). A iniciação floral é determinada pelo aparecimento de um primórdio floral na axila de uma bráctea, que precede os ciclos de diferenciação floral (CARLSON e LERSTEN, 2004).

Os primórdios da floração são produzidos em racemos, enquanto que o meristema terminal continua se diferenciando. Na cultura da soja, ocorrem três tipos de crescimento: determinado, indeterminado e semideterminado. Nos tipos determinados, o crescimento cessa ou torna-se pouco evidente após a iniciação floral, formando um racemo terminal bem evidente. Nos tipos indeterminados, o meristema terminal continua em crescimento vegetativo e diferencia novos primórdios foliares mesmo após a iniciação floral, porém não desenvolve racemo terminal.

No tipo de crescimento semideterminado, o crescimento da haste termina pouco depois do período de florescimento (SLAFER et al., 2009). Essas características são definidas basicamente por dois locos (Dt1 e Dt2). O alelo recessivo (dt1 dt1) determina o tipo determinado enquanto que o par dominante (Dt1 Dt1) determina o fenótipo indeterminado. Um segundo gene, dominante Dt2, produz o fenótipo semideterminado na presença de Dt1 (BERNARD, 1972).

De acordo com Taiz e Zeiger (2009), à medida que aproximamos da Linha do Equador, onde as latitudes são próximas a zero, a duração do dia e da noite tendem a ser iguais. Em direção aos pólos, a latitude aumenta e faz com que a duração do dia seja maior no verão e menor no inverno e as espécies vegetais evoluíram e desenvolveram esse mecanismo para perceber essa mudança. Assim, as plantas são de uma forma ou outra,

sensíveis à variação do fotoperíodo dada a sua latitude. Segundo Cooper (2003), ocorre uma interação entre temperatura e fotoperíodo, que pode resultar na antecipação do florescimento em até duas semanas, caso ocorra um período mais quente no início da safra. A classificação das plantas de acordo com a resposta fotoperiódica seria: a) plantas de dias curtos, b) plantas de dias longos e c) plantas de dias neutros, que florescem em qualquer situação de fotoperíodo, já que a sensibilidade é mais quantitativa do que qualitativa, pois o desenvolvimento pode ser atrasado se o fotoperíodo não for ótimo (SLAFER et al., 2009).

As plantas de dias curtos só florescem quando o comprimento do dia (fotoperíodo) é menor que um determinado comprimento crítico. A soja possui dependência do fotoperíodo para florescer e por isso tem necessidade de passar por uma seqüência de “dias curtos” para induzir a formação de flores. Isso se dá quando o número de horas de luz atinge determinado valor crítico, que é variável para cada grupo de maturação (MUNDSTOK e THOMAS, 2005). Como o fotoperíodo modula o período de florescimento e o tamanho potencial da planta, as respostas ao fotoperíodo tem impacto na adaptação e conseqüentemente na produtividade das cultivares. Assim, a classificação em grupos de maturidade pode ser definida em sentido amplo de adaptação, baseada no desenvolvimento pré-floração ao fotoperíodo (HEATHERLY e ELMORE, 2004).

De acordo com Hall (2001), as cultivares modernas de soja estão adaptadas a faixas estreitas de latitudes, sendo que as cultivadas nas latitudes extremas tendem a florescer muito tarde enquanto que se cultivadas perto da Linha do Equador podem florescer muito precocemente, desenvolvendo-se com baixas altura de plantas e produtividades.

Esse fator foi primordial no desenvolvimento de novas cultivares adaptadas para a região dos cerrados e de baixas latitudes, pois elas necessitam ser mais tolerantes aos dias curtos. Portanto, no melhoramento da soja, utilizou-se o mecanismo do período juvenil longo para gerar cultivares que pudessem ser adaptadas a regiões de baixa latitude (HALL, 2001). O termo período juvenil longo é utilizado para referir-se ao atraso no florescimento sob condições de dias curtos (COBER, 2011). De acordo com Ray et al. (1995), a característica é controlada por um gene recessivo (J/j), onde o fenótipo JJ possui resposta normal ao fotoperíodo e jj correspondem aos fenótipos com período juvenil longo.

Para a determinação do momento em que ocorre a maturação fisiológica das plantas, tem-se considerado o estágio reprodutivo R7, na escala de Fehr e Caviness (1977), porém, outro estudo demonstra que o melhor indicativo é a perda da coloração verde nas vagens, em cultivares avaliadas em diferentes anos (GBIKPI e CROOKSTON, 1981).

2.3 INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE

Os genótipos quando estabelecidos sobre ambientes relativamente homogêneos, tendem a apresentar pouca variação e plasticidade. No entanto, isso raramente ocorre, pois a gama de ambientes onde se cultiva a soja é muito grande. No Brasil, o plantio se dá desde a região Sul até a região Norte. Dessa forma, torna-se evidente que genótipos cultivados em uma determinada região não se adaptam a outras. O genótipo de uma planta é definido por suas características hereditárias, ao passo que o fenótipo é a expressão do genótipo num determinado ambiente onde é cultivado. Dessa forma, a partir de ambientes contrastantes, a produtividade e outras características sofrem alterações, que são determinadas por efeitos genéticos (G), ambientais (A) e também da interação entre eles (HALL, 2001). Essa interação é denominada interação genótipos x ambientes (GA), onde um mesmo genótipo pode apresentar grandes diferenças fenotípicas ao longo dos ambientes.

Esses efeitos ambientais são geralmente notados em caracteres quantitativos, onde um grande número de genes controla a expressão, sendo assim, o fenótipo deixa de ser um bom estimador do genótipo (YAN e KANG, 2002).

Um dos grandes desafios ao melhoramento de plantas tem sido a interação GA, pois seu entendimento permite que sejam melhor planejados os experimentos e a melhor adequação das cultivares. Cultivares diferentes respondem diferentemente aos diversos ambientes, sendo assim, podemos exprimir um modelo básico da interação GA como sendo:

$$P = G + A + GA$$

Considerando-se pequeno número de genótipos e de ambientes, o número possível de interações é baixo, mas havendo grande número de genótipos e de ambientes, que normalmente são avaliados em um programa de melhoramento, as combinações de efeitos torna-se um número elevado, dificultando as interpretações (ALLARD, 1999).

No melhoramento de plantas, a interação GA torna-se tão importante porque dela depende o esforço no lançamento de novas cultivares. Caso haja interesse em cultivares de ampla adaptação, a interação GA torna-se muito importante dada a amplitude regional. No entanto, o trabalho focando em cultivares regionalizadas torna-se um pouco mais fácil. De acordo com Gauch e Zobel (1996), se não houvesse interação, uma simples cultivar de trigo ou milho renderia o máximo no mundo todo, sendo necessário apenas um experimento e

também apenas uma repetição. De acordo com Messina et al. (2009) em melhoramento de plantas ocorre uma restrição aos pesquisadores e melhoristas devido a um conjunto complexo de genótipos e de manejos possíveis, aliado à variável ambiente, que se interagem e limitam a capacidade de fazer inferências sobre os efeitos.

Com valores de interação GA altos, diminui a confiabilidade em relação aos efeitos principais genotípicos, haja visto que a correlação entre os mesmos torna-se baixa, dificultando a seleção nos diferentes ambientes (YAN e KANG, 2002). Dado que os custos de um programa de melhoramento são elevados, torna-se essencial o estabelecimento das metas e a identificação da magnitude da interação GA. Segundo Hohls (1995) a interação GA resulta em desempenho inconsistente dos genótipos nos diferentes ambientes e torna-se importante quando ocorrem mudanças no ranqueamento dos mesmos. De acordo com Blum (2005), os efeitos de interação GA tornam o melhoramento de plantas bastante desafiador, principalmente em caracteres como a produtividade e tem sido frustrante para os melhoristas, apesar do progresso obtido nessa área no século vinte.

Assim, torna-se interessante identificar ou conhecer as principais causas da interação para realizar as melhores previsões possíveis. Dado um ambiente, pode-se perceber que existem diversos tipos de solos, climas próprios, diferentes fotoperíodos, condições de estresses diversos como pragas, doenças e limitação hídrica que interferem diretamente na resposta do genótipo (FARIAS, 2011; BONATO, 2000). Portanto, torna-se fundamental a identificação de cultivares estáveis, utilizando-se de diferentes ambientes de teste para que haja maior precisão nas decisões.

2.4 ESTABILIDADE FENOTÍPICA

Existem muitas definições de estabilidade. De uma forma generalizada, a estabilidade pode ser definida como um dado genótipo que apresenta pequenas variações em seu comportamento geral quando avaliado em diversos ambientes (RESENDE, 2002).

Segundo Acquaah (2012), a estabilidade pode ser definida como a habilidade de um genótipo ter desempenho consistente, independente do nível, se baixo ou alto em diversos ambientes. Nesse caso, o autor define dois tipos de estabilidade: a) estática, com conceito similar a homeostase, sendo uma performance ou produtividade constantes ao longo dos ambientes e b) dinâmica, quando um genótipo estável possui uma resposta no ambiente

paralela à resposta média dos outros genótipos avaliados no experimento, ou seja, a interação GA seria igual a zero. De acordo com Yan e Kang (2002), a estabilidade estática, também definida como estabilidade biológica não é desejável na produção agrícola, ao passo que a estabilidade dinâmica seria considerada em cada ambiente como a sua performance predita ou estimada.

A estabilidade pode ser classificada em três grupos distintos: tipo 1 onde a variância entre ambientes seja pequena; tipo 2 onde um genótipo é estável se sua resposta ao ambiente é paralela a resposta média de todos os genótipos em teste; e finalmente, a estabilidade do tipo 3, se o resíduo do quadrado médio da regressão é pequeno.

Outro tipo definido por Lin e Binns (1988), seria o tipo 4, onde a estabilidade é devida a variações não genéticas, separando-as em componentes previsíveis, como locais e componentes não previsíveis, como anos.

Diversos métodos estatísticos têm sido utilizados para calcular ou expressar a interação entre genótipos e ambientes e em alguns, a sua estabilidade:

Grupo 1: mais ligado a produtividade e pouca relação com estabilidade. Como exemplos, a análise de Lin e Binns (1988).

Grupo 2: produtividades e estabilidade considerados simultaneamente, a fim de reduzir efeitos de interação. Exemplos: PPCC, Principal Coordinate Analysis of Westcott e AMMI (Zobel et al., 1988).

Grupo 3: focado na estabilidade dos genótipos. Exemplos: TAI, uma análise de resposta linear do genótipo aos efeitos de ambiente; CA, correspondence analysis; SHUKLA e ER, estabilidade medida via regressão (EBERHART e RUSSELL, 1966).

Mesmo que haja grande variação na interação, torna-se justificável o melhoramento para obter genótipos de alta produção e estáveis.

2.4.1 Método de Eberhart e Russell

A metodologia de Eberhart e Russell (1966) consiste em uma análise de regressão, a partir de dados provenientes de diferentes ambientes. Através dessa metodologia é possível estimar os coeficientes de regressão, para cada genótipo em teste e também os desvios da mesma, através dos quais é possível estimar parâmetros de estabilidade e também adaptabilidade. A equação que descreve é a seguinte:

$$Y_{ij} = \mu_i + \beta_i I_j + \sigma^2_{ij} + e_{ij}$$

Onde: Y_{ij} : média do genótipo i no ambiente j ; μ_i : média geral do genótipo i ; β_i : coeficiente de regressão linear, que mede a resposta do i -ésimo genótipo à variação do ambiente; I_j : índice ambiental; σ^2_{ij} : desvio da regressão; e e_{ij} : erro experimental médio.

Os parâmetros coeficiente de regressão (β_i) e a média do caráter sob estudo (μ_i) estimam a adaptabilidade do genótipo, enquanto que a variância dos desvios da regressão (σ^2_{ij}) mede a estabilidade de cada genótipo.

Embora a regressão seja amplamente utilizada, o fato das médias das cultivares em cada ambiente ser utilizada como índice ambiental e variável independente na regressão, pode ser considerado como uma limitação no procedimento, se o número de cultivares avaliados for baixo (SCAPIM et al, 2000).

Segundo Ng et al. (2013), essa análise baseada em regressão pode se tornar complexa, quando existe um grande número de genótipos e locais a serem avaliados e, embora usado frequentemente, pode ser uma análise viesada, se a distribuição for heterogênea. De acordo com Crossa (1990) a regressão explica muito pouco e pode ser falha quando ocorrem grandes variações ambientais, sendo portanto um modelo mais simples por explicar a variação devido a interação em uma única dimensão.

2.4.2 Método AMMI

Esse método foi inicialmente desenvolvido por Zobel et al. (1988). A análise AMMI é um modelo aditivo quanto aos efeitos principais de genótipos e ambientes e multiplicativo no detalhamento da interação GA (GAUCH e ZOBEL, 1996). Através desta análise, é possível compreender melhor as interações que ocorrem num conjunto de dados. O número de termos multiplicativos até onde pode ser explicada a decomposição pode ser realizada de acordo com vários procedimentos, mas normalmente utilizam-se apenas os dois primeiros. De acordo com Gonçalves e Fritsche-Neto (2012), na análise AMMI não se procura recuperar toda a SQ da interação, mas apenas aqueles componentes mais determinados por genótipos e ambientes. O modelo é o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu_i + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + e_{ij}$$

Onde a interação GA é:

$$\sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}$$

Segundo as condições:

$$\sum_i g_i + \sum_j e_j + \sum_i (ge)_{ij} + \sum_j (ge)_{ij} = 0$$

Onde: Y_{ij} : resposta média das repetições do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente; μ_i : a média geral; g_i : o efeito principal do genótipo " i " ($i = 1, 2, 3, \dots, g$); e_j : o efeito principal do ambiente " j " ($j = 1, 2, 3, \dots, e$); e_{ij} : erro experimental médio; $\sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij}$, sendo o padrão e o ruído. λ_k representa o valor singular do k -ésimo eixo da interação; γ_{ik} o valor singular do i -ésimo genótipo no n -ésimo eixo; α_{jk} o valor singular do j -ésimo ambiente no n -ésimo eixo; ρ_{ij} o resíduo da interação (ruído); p é o número de eixos retidos no modelo; e k , as raízes características não nulas $k=(1, 2, \dots, \min(g-1, e-1))$. A parte multiplicativa é analisada através de componentes principais, fazendo-se a decomposição da soma dos quadrados da interação (SQGA) em diferentes eixos ou componentes, chamados de IPCA ou AMMI's (DUARTE e VENCOVSKY, 1999). Importante ressaltar a quantidade de termos retidos na análise, pois os primeiros termos normalmente representam a maior parte da interação, denominada padrão, a qual diminui nos componentes subsequentes. Portanto é indispensável uma correta análise, para evitar que se utilizem muitos componentes que apenas trazem ruídos indesejáveis, diminuindo o poder de predição (OLIVEIRA et al., 2003).

A modelagem AMMI possibilita ainda a geração de um gráfico, denominado biplot, onde é possível verificar os efeitos de interação de cada genótipo e cada ambiente. No gráfico, é possível identificar combinações favoráveis de genótipos e ambientes, tornando a seleção mais efetiva (GONÇALVES e FRITSCHÉ-NETO, 2012). Genótipos e ambientes com valores baixos de coordenadas para os eixos de interação são aqueles que menos contribuíram para a SQGA, considerados portanto mais estáveis. Através da análise AMMI, torna-se possível identificar genótipos mais estáveis e de maior adaptação, bem como a definição de regiões ou

ambientes mais adequados para condução dos testes (YAN e TINKER, 2005; DUARTE e VENCOVSKY, 1999).

Em diversas culturas a metodologia AMMI tem sido utilizada para o entendimento das interações GxA, bem como a definição de genótipos e ambientes mais estáveis e adaptados (SADEGHI et al, 2011; ROCHA et al, 2010; ARCINIEGAS-ALARCÓN e DIAS, 2009; CORREIA et al, 2008; MAIA et al, 2006).

2.4.3 Método GGE

O termo GGE, em inglês, refere-se à metodologia utilizada para estudar os efeitos principais genéticos (G) e os efeitos da interação genótipos x ambientes (GA). A metodologia foi desenvolvida por Yan et al. (2000) e consiste em uma análise multivariada, onde procura-se estudar o efeito do genótipo e os efeitos da interação, excluindo-se o efeito ambiental, que é uma fonte de grande variação no fenótipo, porém irrelevante na avaliação dos cultivares. Sabidamente, os efeitos do ambiente são maiores do que os efeitos de genótipos e da interação GA (GAUCH e ZOBEL, 1996) e não são importantes para a avaliação de cultivares. Da mesma forma, devem-se considerar nas avaliações os efeitos do genótipo e da interação GA em conjunto para tomar decisões ajustadas.

Assim, procura-se entender os conceitos de G e GA, que são importantes na avaliação, pois devem ser tomados em conjunto para uma melhor decisão. Basicamente, a descrição é dada abaixo:

$$P - A = G + GA$$

Para a construção do gráfico denominado biplot, utilizam-se os dados advindos de uma matriz de dois índices, onde constam os genótipos e os ambientes. Depois, através de uma técnica de multiplicação reversa de matrizes, chamada SVD (Singular Value Decomposition) ou decomposição de valores singulares, onde obtém-se as matrizes dos componentes G e A, as quais podem ser demonstradas em um gráfico do tipo biplot. A técnica biplot, foi inicialmente descrita por Gabriel (1971). Dessa forma, o nome GGE Biplot foi gerado, para expressar esse efeito multilocais. A expressão geral é dada a seguir, onde se considera o efeito genético junto dos efeitos de interação:

$$Y_{ij} - \mu_i - \beta_j = g_{i1} + e_{1j} + g_{i2} + e_{2j} + e_{ij}$$

Onde: Y_{ij} : resposta esperada do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente; μ_i : a média geral das observações; β_j : o efeito ambiental principal; g_{i1} e e_{1j} são denominados escores primários para o genótipo i no ambiente j ; g_{i2} e e_{2j} são denominados escores secundários para o genótipo i no ambiente j ; e_{ij} : resultado não explicado pelo primeiro e segundo efeitos.

Segundo Yan e Rajcan (2002) os gráficos obtidos pelo GGE permitem uma série de inferências entre genótipos e ambientes, bem como identificar mega-ambientes e também ordenamento para testes de rendimento e estabilidade. A versatilidade dessa análise, onde pode-se estudar dados de genótipos e caracteres, genótipos com marcadores moleculares e dados de cruzamentos dialélicos, torna a metodologia bastante útil na compreensão dos dados (YAN e KANG, 2002). A metodologia tem sido utilizada na avaliação das interações GA em híbridos de milho (TONK et al, 2011), em avaliações multilocais na cultura do trigo, identificando cultivares específicas em ambientes distintos (AKASH et al, 2009) e na cultura do sorgo, onde foi possível identificar a maior parte da variação nos dados advinda dos ambientes (59,3-89,9%), da interação GA (5,8-25,7%) e apenas uma pequena parte oriunda dos genótipos (3,9-16,8%) (RAKSHIT et al, 2012).

Uma das aplicações mais importantes do GGE é a análise de ensaios em diversos ambientes, denominados MET (Multi-Environment Trial) e que consiste basicamente em: identificar os mega-ambientes, avaliar os genótipos para cada mega-ambiente, testar os locais dentro de cada mega-ambiente e compreender as causas da interação genótipos x ambientes (YAN e KANG, 2002).

Amira et al. (2013) utilizaram a cultura da soja para verificar a estabilidade dos genótipos e compararam a metodologia GGE Biplot com a metodologia AMMI e verificaram que a primeira é mais útil na visualização da estabilidade e identificação de mega-ambientes (MET).

3 REFERÊNCIAS

ACQUAAH, G. **Principles of Plant Genetics and Breeding**. Wiley-Blackweel Ltd. 2nd revised Edition. 758p. 2012.

AGROANALYSIS. Especial Embrapa. Histórico e Fundamentos. 2008. Disponível em <http://www.agroanalysis.com.br/especiais_detalhe.php?idEspecial=31&ordem=3>. Acessado em: 23/12/2013.

AKASH, M.W.; KANG, M.S.; MYERS, G.O. GGEbiplot analysis of wheat cultivars evaluated in a multi-environment trial. **Journal of New Seeds**, v.10, p.88-97, 2009.

ALBERINI, J.L. Melhorista e pesquisador de soja. Ex-líder de melhoramento da Monsanto. In memoriam.

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: John Wiley & Sons. 264p. 1999.

ALLIPRANDINI, L.F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P.F.; CAVASSIM, J.E.; GABE, H.L.; KUREK, A.; MATSUMOTO, M.N.; OLIVEIRA, M.A.R.; PITOL, C.; PRADO, L.C.; STECKLING, C. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop Science**, v.49, p.801-808, 2009. DOI: 10.2135/cropsci2008.07.0390.

AMIRA, J.O.; OJO, D.K.; ARIYO, O.J.; ODUWAYE, O.A.; AYO-VAUGHAN, M.A. Relative discriminating powers of GGE and AMMI models in the selection of tropical soybean (*Glycine max* L. Merr) genotypes. **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, v.7, p.139-145, 2013.

ARCINIEGAS-ALARCÓN, S.; DIAS, C.T.S. Análise AMMI com dados imputados em experimentos de interação genótipo x ambiente de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.1391-1397, 2009.

BERNARD, R.L. Two genes affecting stem termination in soybeans. **Crop Science**, v.12, p. 235–239, 1972.

BLUM, A. Drought resistance, water-use efficiency, and yield potential: Are they compatible, dissonant, or mutually exclusive? **Australian Journal of Agricultural Research**, v.56, p.1159–1168, 2005.

BONATO, E.R. **Estresses em soja**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2000. 253p.

BONATO, E.R.; VELLO, N.A. *E6*, a dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybeans. **Genetics and Molecular Biology**, v.22, p.229–232, 1999.

BORÉM, A.; ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R.A.S. **Hibridação em soja**. p.514-536. In: BORÉM, A. (Ed.). 2ª ed. Hibridação artificial de plantas. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2009.

BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. 969p. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2005.

CAMARGO, L.E.A. **Marcadores moleculares no melhoramento para resistência a doenças**. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. e VALADARES-INGLIS, M.C. Recursos Genéticos e Melhoramento – Plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001.

CARLSON, J.B.; LERSTEN, N.R. **Reproductive morphology**. In: BOERMA, H.R. and SPECHT, J.E. (Eds.), Soybeans: Improvement, Production, and Uses, 3rd ed. Agronomy Series No. 16, ASA CSSA SSSA, Madison, WI, p.59–95. 2004.

COBER, E.R. Long Juvenile Soybean Flowering Responses under Very Short Photoperiods. **Crop Science**, v.51, p.140–145, 2011.

COBER, E.R.; MORRISON, M.J.; MA, B.; BUTLER, G. Genetic improvement rates of short-season soybean increase with plant population. **Crop Science**, v.45, p.1029–1034, 2005.

COBER, E.R.; VOLDENG, H.D. A new soybean maturity and photoperiod-sensitivity locus linked to E1 and T. **Crop Science**, v.41, p.698-701, 2001.

COOPER, R.L. A delayed flowering barrier to higher soybean yields. **Field Crops Research**, v.82, p.27-35, 2003.

CORREIA, W.R.; HAMAWAKI, O.T.; LÉLLIS, M.M.; RERZENDE, D.F. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em Minas Gerais. **Bioscience Journal**, v.24, p.80-85, 2008.

- CROSSA, J. Statistical analysis of multi location trials. **Advances in Agronomy**, v. 44, p.55-85, 1990.
- CUNHA, G.R.; HASS, J.C.; DALMAGO, G.A.; PASINATO, A. Perda de rendimento potencial em soja no Rio Grande do Sul por deficiência hídrica. **Revista Brasileira de Agrometeorologia**, v. 6, p.111-119, 1998.
- DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI [Genotype-environment interaction: an introduction to AMMI analysis]. 1999. Monograph series. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética [Brazilian Society of Genetics].
- EATHINGTON, S.R.; CROSBIE, T.M.; EDWARDS, M.D.; REITER, R.S.; BULL, J.K. Molecular markers in a commercial breeding program. **Crop Science**, v.47, p(S3):S154-S163, 2007. doi:10.2135/cropsci2007.04.0015IPBS
- EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p.36-40, 1966.
- EMBRAPA. **Considerações sobre o florescimento precoce**. In: Sistema de Alerta. 05/01/2010. Disponível em <http://www.cnpso.embrapa.br/alerta/ver_alerta.php?cod_pagina_sa=214>. Acessado em: 29/08/2012.
- FARIA, A.P.; FONSECA JR, N.S.; DESTRO, D.; FARIA, R.T. Ganho genético na cultura da soja. **Semina**, v.28, p.71-78, 2007.
- FARIAS, J.R.B. **Limitações climáticas à obtenção de rendimentos máximos de soja**. Quinto Congreso de la Soja del Mercosur-Mercosuja2011. Workshops. Rosário, Argentina: 2011.
- FARIAS, J.R.B.; NEPOMUCENO, A.L.; NEUMAIER, N. **Ecofisiologia da soja**. Circular Técnica 48. Londrina: EMBRAPA. 2007.
- FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E. **Stages of soybean development**. Spec. Rep. 80. Ames, IA: Iowa State University, 1977.
- GAUCH, H.G.Jr; ZOBEL, R.W. **AMMI analysis of yield trials**. p.85-122. In: KANG, M.S. and GAUCH, H.G.Jr. (Eds.). Genotype-by-environment interaction. Boca Raton, Florida: CRC Press LLC. 1996.

GABRIEL, K.R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v. 58, p.453-467, 1971.

GBIPKI, P.J.; CROOKSTON, R.K. A whole-plant indicator of soybean physiological maturity. **Crop Science**, v.21, p.469-472, 1981.

GONÇALVES, M.D.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Tópicos especiais de biometria no melhoramento de plantas**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 282p. 2012.

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

HALLAUER, A.R. History, contribution, and future of quantitative genetics in plant breeding: lessons from maize. **Crop Science**, v.47, p.S4–S19, 2007.

HEATHERLY, L.G.; ELMORE, R.W. **Managing inputs for peak production**. In: BOERMA, H.R. and SPECHT, J.E. (Eds.), *Soybeans: Improvement, Production, and Uses*, 3rd ed. Agronomy Monograph 16, ASA, CSSA, SSSA, Madison, p.451–536. 2004.

HOHLS, T. Analysis of genotype-environment interactions. **South African Journal of Science**, v.91, p.121-124, 1995.

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

LU, P.; SHANNON, J.G.; SLEEPER, D.A.; NGUYEN, H.T.; CIANZIO, S.R.; ARELLI, P.R. Genetics of cyst nematode resistance in soybean PIs 467312 and 507354. **Euphytica**, v.149, p.259–265, 2006.

MACCHIAVELLI, R.; BEAVER, J.S. Effect of number of seed bulked and population size on genetic variability when using the multiple-seed procedure of SSD. **Crop Science**, v.41, p.1513–1516, 2001.

MAIA, M.C.C.; VELLO, N.A.; ROCHA, M.M.; PINHEIRO, J.B.; SILVA JR. N.F. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agronômicos através de método uni-multivariado. **Bragantia**, v.65, p.215-226, 2006.

MESSINA, C.; HAMMER, G.; DONG, Z.; PODLICH, D.; COOPER, M. **Modelling crop improvement in a GxExM Framework via Gene-Trait-Phenotype relationships**. In: SADRAS, V.O; CALDERINI, D.F. eds. *Crop physiology – Applications for genetic improvement and agronomy*. Oxford:Elsevier. 2009. p.235.

MUNDSTOK, C.M.; THOMAS, A.L. **Soja: fatores que afetam o desenvolvimento e o rendimento**. Porto Alegre: Departamento de Plantas de Lavoura da Universidade Federal do Rio Grande do Sul: Evangraf, 2005.

NG, E.H.; JERNIGAN, K.; SMITH, W.; HEQUET, E.; DEVER, J.; HAGUE, S.; IBRAHIM, A.M.H. Stability analysis of upland cotton in Texas. **Crop Science**, v.53, p.1347-1355, 2013.

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

ORF, J.H. Introduction. p.1-18. In: BILYEU, K.; RATNAPARKHE, M.B.; KOLE, C. (Eds.). **Genetics, genomics and breeding of soybean**. Boca Raton, Florida: CRC Press LLC. 350p. 2010.

QUEIROZ, M.A. **Melhoramento genético no Brasil – Realizações e perspectivas**. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. e VALADARES-INGLIS, M.C. *Recursos Genéticos e Melhoramento – Plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, 2001.

RAKSHIT, S.; GANAPATHY, K.N.; GOMASHE, S.S.; RATHORE, A.; GHORADE, R.B.; NAGESH KUMAR, M.V.; GANESMURTHY, K.; JAIN, S.K.; KAMTAR, M.Y.; SACHAN, J.S.; AMBEKAR, S.S.; RANWA, B.R.; KANAWADE, D.G.; BALUSAMY, M.; KADAM, D.; SARKAR, A.; TONAPI, V.A.; PATIL, J.V. GGE biplot analysis to evaluate genotype, environment and their interactions in sorghum multi-location data. **Euphytica**, v.185, p.465-479, 2012.

RAY, J.D.; HINSON, K.; MANKONO, E.B.; MALO, F.M. Genetic control of a long-juvenile trait in soybean. **Crop Science**, v.35, p.1001–1006, 1995.

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

ROCHA, V.P.C.; MODA-CIRINO, V.; DESTRO, D.; FONSECA JR. N.S.; PRETE, C.E.C. Adaptabilidade e estabilidade da característica produtividade de grãos dos grupos comerciais carioca e preto de feijão. **Semina**, v.31, p.39-54, 2010.

SADEGHI, S.M.; SAMIZADEH, H.; AMIRI, E.; ASHOURI, M. Additive main effects and multiplicative interactions (AMMI) analysis of dry leaf yield in tobacco hybrids across environments. **African Journal of Biotechnology**, v.10, p.4358-4364, 2011.

SCAPIM, C.A.; OLIVEIRA, V.R.; BRACCINI, A.L.; CRUZ, C.D. BASTOS, C.A.; VIDIGAL, M.C.G. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. **Genetics and Molecular Biology**, v.23, p.387-393, 2000.

SLAFER, G.A.; KANTOLIC, A.G.; APPENDINO, M.L.; MIRALLES, D.J.; SAVIN, R. **Crop development: Genetic control, environmental modulation and relevance for genetic improvement of crop yield**. In: SADRAS, V.O; CALDERINI, D.F. eds. Crop physiology – Applications for genetic improvement and agronomy. Oxford:Elsevier. 2009. p.277-308.

SOUSA, L.B.; CAVALCANTE, A.K.; HAMAWAKI, O.T.; ROMANATO, F.N. Desempenho produtivo de linhagens de soja em ensaio regional. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v.5, p.195-199, 2010.

SOUZA, A.P. **Biologia molecular aplicada ao melhoramento**. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. e VALADARES-INGLIS, M.C. Recursos Genéticos e Melhoramento – Plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. Fisiologia vegetal. 4ª Ed. Porto Alegre: Artmed. 2009.

TESTER, M; LANGRIDGE, P. Breeding technologies to increase crop production in a changing world. **Science**, v.327, p. 818-822, 2010.

TONK, F.A.; ILKER, E.; TOSUN, M. Evaluation of genotype x environment interactions in maize hybrids using GGE biplot analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.11, p.1-9, 2011.

USDA. **Foreign Agricultural Service**. Table 11 Soybean area, Yield, and Production. Disponivel em <http://www.fas.usda.gov/psdonline/psdreport.aspx?hidReportRetrievalName=BVS&hidReportRetrievalID=906&hidReportRetrievalTemplateID=1>>. Acessado em: 17/07/2013.

WATANABE, S.; HARADA, K.; ABE, J. Genetic and molecular bases of photoperiod responses of flowering in soybean. **Breed Science**, v.61, p.531-543, 2012.

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

YAN, W.; TINKER, N. A. An integrated system of biplot analysis for displaying, interpreting, and exploring genotype by environment interactions. **Crop Science**, v.45, p.1004-1016, 2005.

YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, v.42, p.11-20, 2002.

YAN, W.; KANG, M.S. **GGE biplot analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. Boca Raton, Florida: CRC Press LLC. 288p. 2002.

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

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G.Jr. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p.388-393, 1988.

**4 ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA E SUA CLASSIFICAÇÃO EM
GRUPOS DE MATURIDADE RELATIVA NO BRASIL**

RESUMO

A estabilidade de genótipos de soja tem grande importância nos programas de melhoramento, pois são importantes tanto para a avaliação, seleção e a produção de cultivares como também servem para estabelecer parâmetros necessários à classificação em Grupos de Maturidade Relativa (GMR). O objetivo deste trabalho foi definir os genótipos estáveis para os caracteres número de dias para florescimento, número de dias para maturidade e comprimento do período reprodutivo, e em seguida classificá-los quanto ao Grupo de Maturidade Relativa. Foram utilizadas 20 cultivares comerciais de soja avaliadas em 12 ambientes distribuídos nas principais regiões produtoras do Brasil. As avaliações segundo os métodos de EBERHART e RUSSELL e AMMI foram eficientes na identificação dos genótipos estáveis e na classificação das cultivares em GMR, podendo tais métodos ser usados conjuntamente para esse fim. A análise AMMI mostra melhor interpretação das interações genótipos x ambientes. Os GMR obtidos com base nos genótipos estáveis representam boa estimativa de maturidade relativa de soja para todo o Brasil.

Palavras-chave: *Glycine max.* (L.) Merrill, Interação genótipos x ambientes, EBERHART e RUSSELL, AMMI.

Stability of soybean genotypes and their classification into relative maturity groups in Brazil

ABSTRACT

The stability of soybean genotypes is very important in breeding programs for not only the evaluation, selection, and production of cultivars but also the establishment of parameters required for the classification of genotypes into relative maturity groups (RMG). The aim of this study was to define stable genotypes for traits, such as days to flowering, days to maturity, and length of the reproductive period, and to classify them into RMG. For this purpose, 20 commercial soybean cultivars were evaluated in 12 environments distributed in the major producing regions of Brazil. Assessments according to the Eberhart and Russell method and the additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) method were effective in the identification of stable genotypes and their classification into RMG. These methods can also be used collectively for this purpose. Our results showed that the AMMI method led to a better interpretation of genotype–environment interactions. Thus, RMG obtained on the basis of stable genotypes represent a good estimate of the relative maturity of soybean crops throughout Brazil.

Keywords: *Glycine max.* (L.) Merrill, genotype–environment interaction, Eberhart and Russell method, AMMI

4.1 INTRODUCTION

The classical approach to describe the maturity of soybeans is given by the classification of genotypes into early, medium, and late phases. In Brazil, breeding companies used a simple categorization based on the maturation cycle of soybean cultivars and classifying them as early, medium early, medium, medium late, and late [1]. This method is effective for evaluating crop maturity levels in a local setting, but it is not adequate for describing the relative maturity of soybean crops for a wide range of environments and latitudes in Brazilian areas where these crops are being currently cultivated [2]. This is a simple and effective system from a local standpoint, but as cultivars are cultivated in different regions and environments, the results obtained using this old classification system in such situations may be inaccurate. Moreover, this system does not consider the effects of the time of planting.

In the United States, a rating system has been developed, ranging from Group 00, in the northern region of the country, to Group VIII, in the southern region of the country [3]. The adaptation range of each American maturity group is between 200 and 300 km, following a north–south axis in the territory [4].

Alliprandini et al. [2] conducted the first study on RMG in Brazil. Using a system similar to the one employed in the United States, they presented results that allowed the classification of soybean genotypes into RMG throughout the country. After the approval of the Cultivar Protection Law in Brazil [5], several private companies have released soybean cultivars in the market, especially genetically modified glyphosate-resistant cultivars. At present, these resistant cultivars account for approximately 88.8% of the total area cultivated with soybeans in Brazil [6].

The standardization of cultivar witnesses is essential for the RMG classification of soybean genotypes to be effective. Moreover, these standards are required for the registration and protection of soybean cultivars in Brazil and need to be used jointly by agricultural improvement companies [5].

The genotype–environment interaction (GE) is defined as the change in the relative performance of genotypes due to environmental differences. In understanding the effects of the genotype–environment interaction, the adaptability and stability of genotypes provide a valuable tool in the study of relative maturity groups (RMG), since the adaptation of a cultivar is intrinsically correlated with periods of growth, reproduction, and maturation. This

correlation depends on the planting season because these genotypes are highly affected by the photoperiod [7].

There are many proposed methods for stability evaluation, and the best known is the one proposed by Eberhart and Russell (ER) [8]. This method is based on simple linear regression analyses. In this method, a genotype is considered stable when the regression coefficient is equal to 1 and the variance of regression deviation is equal to 0, and additionally when this genotype shows a high average yield. This regression technique has been useful in many cases. The main advantages of this method are interpretability, simplicity, and ability to reduce complex interactions to an ordered set of linear responses. A more recent application method, which also allows inferences of this nature, is additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. This method combines statistical techniques, such as analysis of variance and principal component analysis, to adjust the main effects (genotype and environment) and GE interaction effects, respectively [9, 10]. The AMMI method can help in the identification of highly productive and largely adapted genotypes for performing agronomical zoning, thereby serving to provide regionalized recommendations and to allow the selection of test sites [11]. According to Zobel et al. [10], some advantages of this method include a more detailed analysis of GE interactions; selection of genotypes, capitalizing on positive interactions with their environments; more accurate estimates of genotypic responses; and easy graphical interpretation of results using biplots (simultaneous graphical representation of genotypes and environments).

Cucolotto et al. [12] found that the AMMI method was effective in explaining the environments and the stability of soybean cultivars. By employing different populations in the F₂ generation, Maia et al. [13] determined high stability of the soybean cultivars using the AMMI method. Silva and Duarte [14] used soybean cultures to determine stability parameters using different methods and concluded that the results obtained using the ER and AMMI methods had a low correlation. Therefore, these methods should be used in conjunction for classification purposes.

The aim of this study was to identify stable soybean genotypes using stability methodologies and classify them into their RGM, thus obtaining relative maturity values for any soybean line and cultivar developed through genetic improvement programs in Brazil.

4.2 MATERIAL AND METHODS

We evaluated 20 soybean cultivars, which had been genetically modified for resistance to glyphosate by soybean genetic improvement companies in Brazil, with different attributes of maturity, presence or absence of a long juvenile period, and different growth types (determinate, semi-determinate, and indeterminate) (Table 1). The experiments were conducted at different locations in Brazil, ranging from southern to northern Brazil, during the agricultural years of 2008/2009 and 2009/2010 in order to evaluate traits such as flowering behavior and genotype maturity (Table 1).

For the preparation of the experimental areas, previous desiccation and fertilization were performed. Sowing was performed using a no-tillage system, preferably in the first 2 weeks of November in order to reduce the effects of photoperiodism, and an experimental seeder. Phytosanitary controls were performed in all plots.

Each 5.0-m² plot consisted of four 5.0-m-long rows, with a spacing of 0.5 meter, and two external lines, which were considered as external boundaries.

The experimental design was a randomized block with two replications per experiment. The following evaluations were performed on each plot: number of days until the stage R₂ (NDF) when 50% of the plants in each plot had at least one open flower and number of days to maturity (NDM) counted from sowing to maturation, considering the stage R₈ with at least 95% of mature pods [15]. Lastly, the number of days for the reproductive period (NDRP) was defined as the difference between NDF and NDM, i.e., the period from flowering to full maturity. After data acquisition, we performed a combined analysis of variance by considering the effects of genotypes, environments, and GE interactions as random parameters and the effect of the year of test as a fixed parameter.

Stability analyses were performed according to the ER method [8] using the program GENES [16] and AMMI analysis [10] using SAS software [17]. After obtaining the scores for AMMI analysis, AMMI stability values (ASV) were calculated using the methodology of Purchase et al. [18], as described below:

$$ASV_i = \sqrt{\left[\frac{SS_{IPCA1}}{SS_{IPCA2}} (IPCA1) \right]^2 + (IPCA2)^2}$$

where SS IPCA1 and SS IPCA2 are the sums of squares of the AMMI analysis for the first and second axes, respectively, and IPCA1 and IPCA2 are the respective PCA scores. Genotypes considered stable are those with lower values of ASV.

Based on the results of stability analyses, genotypes considered stable were defined and were used as a reference for determining regression values for the maturity parameters. Using the fitting equation, RMG of the remaining genotypes were established according to the method of Alliprandini et al. [2]. Subsequently, the relative maturity of each genotype was compared with that reported previously [19].

4.3 RESULTS AND DISCUSSION

4.3.1 Variance Analysis

The experiments were conducted in various environments, representing the main regions of soybean cultivation in Brazil (Table 4.1). According to the pooled analysis, low coefficients of variation were obtained for the traits evaluated (2.3% for NDF, 1.1% for NDM, and 3.3% for NDRP), indicating good precision in establishing and conducting the experiments, as reported by Carvalho et al. [20]. The largest variances for all traits were due to the effects of location (Table 4.2).

The estimates for average heritability were above 90%. Interaction effects were observed in all situations, especially in the year–location interaction, highlighting the major differences between the sites tested. However, the year of test had no effect on any of the traits studied, indicating that the evaluated years produced no significant differences in these traits of the genotypes tested. It had been reported that the west and southwest regions in the state of Paraná, taken in isolation, had less rain in 2008 [21] compared to other locations and years, thus influencing the genotypes allocated in this region to some extent.

This conclusion regarding the influence of the environmental conditions on genotypes was drawn by assessing the flowering and ripening periods. Significant differences related to the year–location interaction are due in part to the great variability of the environments tested, from southern to northern Brazil, indicating that, as a whole, years and locations are distinct environmental parameters and should both be considered for the correct evaluation of flowering traits.

The effects of different genotypes were also significant for the traits evaluated, and greater variability was observed for NDM (Table 4.2). This range of variation had also been verified by Alliprandini et al. [2], making it possible to classify genotypes into distinct RMG, ranging from 5 to 9.

The effects of the genotype–location interaction were also significant for all three traits evaluated, but with lower variability compared to the main effects. This indicates that although this interaction exists, because of regionalized latitude and altitude adaptations, this effect has little influence on the evaluation of genotypes for the traits evaluated (Table 4.2).

Alliprandini et al. [2] reported that the GE interaction was weak for all traits, suggesting that the classification of genotypes into RMG can be performed effectively when considering environments representative of the regions where one wants to produce and commercialize a cultivar. The smaller interaction values are related to the interaction effects of the genotype–year interaction, suggesting that if an array of experiments representative of the cultivation sites is installed, the number of years for the evaluation of cultivars can be reduced.

Another important aspect to be noted is the larger magnitude of the GE interaction than the genotype–year interaction. According to Cruz [16], these interactions require a detailed study of the behavior of cultivars and the environment by plant breeders through analysis of stability and adaptability. It is essential to determine the most stable genotypes with greater predictability because they will be the benchmarks for the calculation of maturity [2].

4.3.2 ER analysis

Flowering (NDF) and maturity (NDM) data for the crops showed the expected average values when the crops were cultivated in their areas of adaptation, since the genotypes showed a predictable response to the environments tested, as can be seen by the values of β and R^2 (Table 4.3). The cultivars mostly showed R^2 values above 90%, indicating that the regression equation was well adjusted. However, we observed that cultivars having a long juvenile period, because of breeding programs conducted in the Midwest Brazil, tend to increase their flowering periods when grown in the southern region of the country.

Table 4.1. Description and evaluation of local soybean cultivars in 2008/2009 and 2009/2010 seasons, including their respective RMG, types of growth, and the presence of a long juvenile period (LJP)

Crops		Location	Elevation (m)	Latitude
08–09	09–10			
1	13	Cascavel-PR	781	25°05' S
2	14	Cruz Alta, RS	452	28°60' S
3	15	Dourados-MS	450	22°20' S
4	16	Maracaju-MS	384	21°60' S
5	17	Palotina-PR	333	24°30' S
6	18	Passo Fundo-RS-Loc1	687	28°30' S
7	19	Passo Fundo-RS-Loc2	660	28°45' S
8	20	Balsas-MA	245	7 ° 05 'S
9	21	Cristalina-GO	1189	16°80' S
10	22	Morrinhos-GO	850	17°95' S
11	23	Rio Verde-GO	715	17°80' S
12	24	São G. Oeste-MS	650	19°40' S
Genotype	RMG tabulated	Growth	LJP	
Roos CaminoRR	5.6	Indeterminate	No	
BMX TitanRR	5.6	Indeterminate	No	
CD212RR	6.3	Determinate	No	
V-MaxRR	6.4	Indeterminate	No	
CD214RR	6.8	Determinate	No	
FTS CMRR	6.7	Semi-determinate	No	
M7211RR	7.0	Indeterminate	Yes	
BRS245RR	7.5	Determinate	Yes	
NK7074RR	7.1	Determinate	Yes	
M7578RR	7.2	Determinate	Yes	
Fundacep54RR	7.5	Determinate	No	
Fundacep59RR	7.6	Determinate	No	
M7908RR	7.6	Determinate	Yes	
P98Y11	7.6	Determinate	Yes	
CD219RR	8.2	Determinate	Yes	
ValiosaRR	8.1	Determinate	Yes	
TMG103RR	8.3	Determinate	Yes	
P98Y51	8.6	Determinate	Yes	
P98Y70	8.7	Determinate	Yes	
M9144RR	9.2	Determinate	Yes	

Table 4.2. Summary of analysis of variance for the traits number of days to flowering (NDF), number of days to maturity (NDM), and number of days for the reproductive period (NDRP)

SV	DF	MS		
		NDF	NDM	NDRP
(B/L)/Y	24	2.9	2.9	4.5
Gen (G)	19	2695.2**	4709.1**	457.8**
Years (Y)	1	8437.2 _{ns}	1144.0 _{ns}	3241.3 _{ns}
Location (L)	11	11471.0**	14999.1**	1877.1**
GxY	19	65.2**	59.9**	49.1**
GxL	209	33.8**	33.5**	37.9**
YxL	11	1828.3**	1750.5**	1106.3**
GxYxL	209	21.0**	22.9**	23.4**
Residual	456	1.5	1.7	5.5
Average (days)		52.0	122.7	70.4
Heritability (%)		98.7	99.2	91.7
CV (%)		2.3	1.1	3.3

^{ns}: not significant ($p > 0.01$); ^{**}: significant ($p < 0.01$); SV: sources of variation; DF: degrees of freedom; MS: mean square, and CV: coefficient of variation.

Similarly, a cultivar developed in the southern region, which hasn't juvenile traits, tends to accelerate their flowering and maturation cycles when grown in low latitudes [4]. Allied to this is the effect of temperature because as we move the crop to the north and places of lower altitudes, the temperature ranges become higher, particularly after sowing.

However, the effects of different latitudes on genotypes is not clearly defined, considering that in Midwest cultivars, the long juvenile period favors a higher initial growth before flowering, causing prolonged cultivar cycles when sown in the southern region [22].

Regarding the stability of cultivars, deviation from the regression for NDF demonstrated that only the cultivar CD219RR showed lower values that were not significant, thus indicating good stability. As shown in Table 4.3, deviation values were all highly significant for NDM according to the ER method. Thus, all genotypes showed behavioral differences in maturity, and therefore were not considered stable by the ER method. One alternative would be to consider the smaller deviation values combined with β values, but this alternative was not considered.

With respect to NDRP, a difference of 12 days was observed between the lowest value (CD212RR) and the highest value (M9144RR), and the reproductive period showed a response positively correlated with the environments tested, except for the genotypes with larger groups of maturity (P98Y51, P98Y70, and M9144RR). These genotypes showed a lower amplitude in the grain filling period, with smaller β and R^2 values (Table 4.3). George et al. [23] used soybean cultivars from different maturity groups and showed that the maturity of soybean was delayed by the decrease in temperature in high-altitude environments and, in each environment, the length of the vegetative phase increased with increasing maturity, probably because of the photoperiod.

Among the most stable cultivars, deviations were highly variable for NDRP. Thus, besides considering the smaller deviation values, R^2 values were also taken into account. The cultivars considered stable, given the non-significance of their deviations, were P98Y11, CD214 RR, V-Max RR and FTS CAMPO MOURÃO RR. All of them showed high R^2 values. Finally, five cultivars were considered stable by the ER method. However, cultivars considered stable for NDF were not stable for NDM and NDRP.

The fact that the evaluated cultivars had determinate, semi-determinate, or indeterminate types of growth had no influence on the results, considering that all of them were among the most stable.

4.3.3 AMMI analysis

According to AMMI analysis, the first genotypic component for flowering represented 28.6% of the sum of squares of the interaction and the second component represented 23.5% (Table 4.4). Therefore, with only two components, it was possible to explain the GE interaction for flowering in 52.1%. For NDM, the AMMI2 biplot, which shows the interaction effects of IPCA1 versus IPCA2, indicates that the percentage for IPCA1 and IPCA2 was 37.1% and 13.9%, respectively, totaling 51%, with two components (Figure 4.1).

Table 4.3. Estimates of parameters of adaptability and stability of the traits number of days to flowering (NDF), number of days to maturity (NDM), and number of days for the reproductive period (NDRP) determined using the method of EBERHART and RUSSELL [8] for crops grown in 24 environments in 2008/2009 and 2009/2010 seasons

Genotype	NDF				NDM				NDRP			
	Mean	β_{1i}	σ_{di}^2	R^2 (%)	Mean	β_{1i}	σ_{di}^2	R^2 (%)	Mean	β_{1i}	σ_{di}^2	R^2 (%)
Roos CaminoRR	39.0	0.87	12.52**	89.9	106.4	0.86	4.20**	96.7	67.2	1.16**	7.19**	77.7
BMX TitanRR	40.0	0.86	8.38**	92.7	108.1	0.83	1.94**	98.0	67.9	1.10**	6.06**	77.9
CD212RR	44.7	0.98**	6.81**	95.8	111.4	1.13	5.66**	97.5	66.3	1.35	6.59**	83.4
V-MaxRR	42.9	1.02**	2.51**	98.1	113.3	1.00**	3.39**	98.0	70.2	1.26	1.38ns	90.7
CD214RR	46.1	1.21	4.56**	97.7	116.0	1.19	1.79**	99.1	69.7	1.37	1.08ns	92.6
FTS CMRR	48.6	0.92	2.80**	97.4	116.7	1.04*	1.94**	98.7	67.6	1.23	2.32ns	88.5
M7211RR	47.9	1.04*	3.46**	97.6	118.2	1.08	4.10**	97.9	70.2	1.43	4.76**	87.4
BRS245RR	51.2	0.94	10.17**	92.6	118.5	0.98**	9.52**	95.0	67.0	0.92**	2.07ns	81.7
NK7074RR	50.8	0.94	15.86**	89.3	119.3	1.11	2.78**	98.5	67.4	1.01**	7.69**	71.4
M7578RR	51.6	1.06	20.28**	89.3	121.1	1.11	3.92**	98.1	68.8	0.84**	4.04**	73.0
Fundacep54RR	49.7	1.23	2.28**	98.7	122.7	1.12	4.74**	97.8	72.6	1.01**	6.35**	74.2
Fundacep59RR	54.5	0.89	2.16**	97.7	122.9	0.98**	2.78**	98.1	68.1	0.96**	4.47**	76.6
M7908RR	52.9	0.94	0.74*	98.9	123.6	1.04	4.08**	97.8	70.2	1.05**	6.91**	74.7
P98Y11	52.5	1.04*	2.52**	98.1	123.9	1.02**	1.40**	98.9	71.2	0.94**	1.77ns	95.8
CD219RR	57.7	0.89	0.29ns	99.1	129.5	0.94	8.15**	95.2	71.6	0.81	5.62**	67.0
ValiosaRR	57.4	1.03	1.57**	98.6	133.0	0.99**	6.90**	96.3	75.2	0.88**	1.67ns	81.9
TMG103RR	62.9	1.07	7.68**	95.5	134.4	0.96*	9.28**	94.9	71.1	0.98**	8.42**	68.8
P98Y51	62.6	1.15	3.59**	97.9	136.0	0.98**	17.58**	91.5	72.9	0.54	18.28**	26.4
P98Y70	62.8	0.93	9.75**	92.8	136.8	0.76	7.16**	93.7	73.9	0.53	9.45**	37.0
M9144RR	63.4	0.99**	9.00**	94.1	141.9	0.86	8.60**	94.1	78.2	0.64	8.11**	49.3

β_{1i} : linear response of genotype I to environmental variation; σ_{di}^2 : deviation from the regression; R^2 : coefficient of determination.

ns: not significant ($p > 0.05$); * and ** ($p < 0.05$) and ($p < 0.01$), respectively.

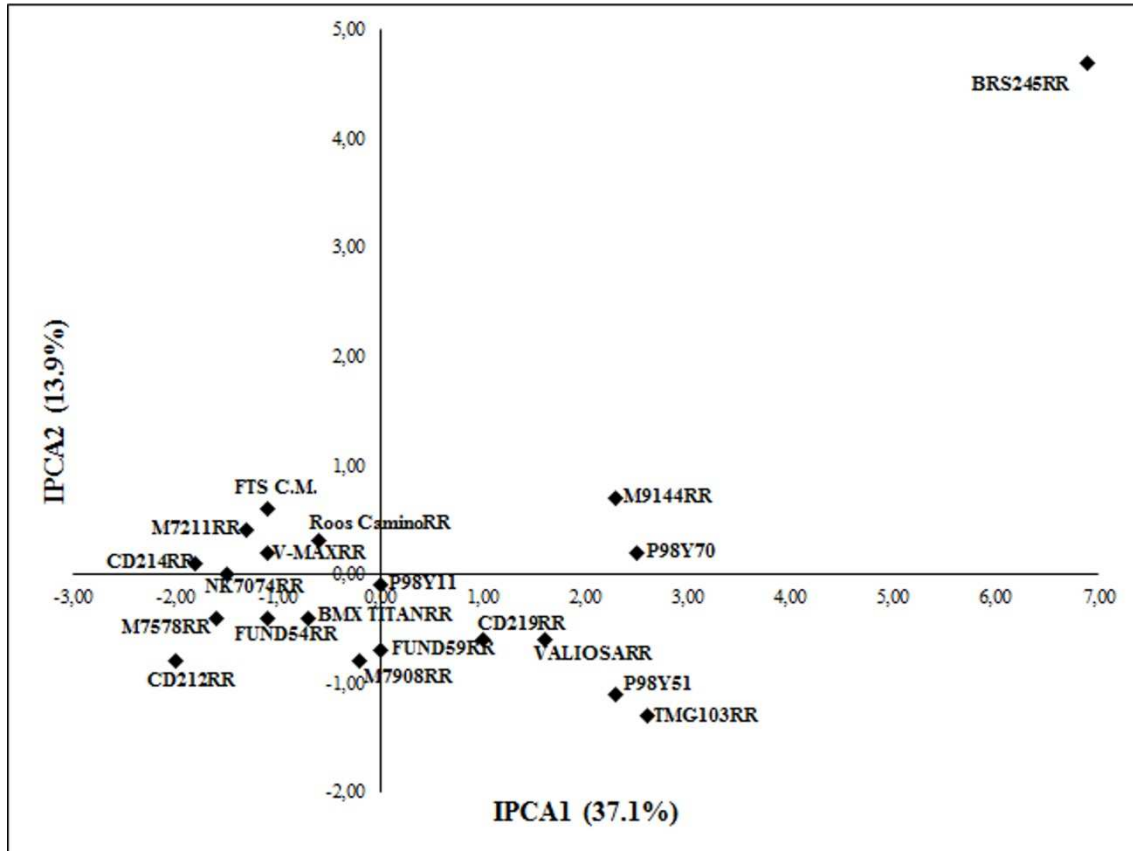


Figure 4.1. AMMI2 biplot with the two main components of interaction (IPCA1 and IPCA2) corresponding to the maturity of 20 genotypes.

In this graphical representation, genotypes located close to the origin are considered the most stable, which means that they contributed little to the GE interaction. Duarte and Vencovsky [24] have defined that genotypes are evaluated on the basis of their respective adaptive amplitudes and are stable and adapted to the test environments. Although the sum of cumulative percentage is equivalent to that of flowering, the first genotypic component for maturation was more significant and represented most of the interaction (37.1%). The scores can show us how genotypes and environments interact. Thus, components with even signs interact positively, showing adaptive synergism, whereas components with odd signs suggest a negative interaction [24].

For NDRP, the components IPCA1 and IPCA2 accounted for 49.3% of the interaction (Table 4.4). Thus, to establish stable genotypes among the three traits, it was decided to use as a reference only NDM, because the first term has the largest representation. For all maturity groups to be represented in order to obtain the regression, the cultivar M9144RR showed the best performance, given its lowest ASV values, among all late genotypes. According to Oliveira et al. [25], maturation and late seasonal diseases are important components in the GE

interaction. This can be observed when cultivating late genotypes with long juvenile periods in areas of high latitude, as in the southern region.

These cultivars remain longer in the field, making them more vulnerable not only to environmental influences but also to attacks of pests and pathogens, precluding a more accurate assessment of maturity. Thus, although a maturation phase can be determined for these genotypes, it is regarded as late and unstable.

By the definition of stable cultivars, in addition to the cultivar M9144RR, cultivars P98Y11, Fundacep 59RR, M7908RR, Roos Camino RR, and BMX TITAN RR were identified employing the AMMI method and the lowest ASV values for maturation (NDM) as reference.

Among the five stable cultivars identified by the ER method, only one was also identified using the AMMI method. Using the AMMI method, we selected six cultivars as stable, two of which were indeterminate, whereas late cultivars tended to have higher ASV values, and therefore were more unstable. In general, even considering small deviations from the expected values, the method was effective in calculating RMG. Similar results were obtained by Alliprandini et al. [2] using the ER method.

The AMMI method tries to adjust the model more accurately by decomposing the sum of squares of the interaction, making it possible to identify genotype stability with biplot graphs. Benin et al. [26] used biplot techniques to evaluate the agronomic performance of wheat, allowing inferences to be made about its genotypes.

4.3.4 RMG Classification

Using average maturity values from the tests and more stable cultivars according to the methods of stability analysis used in this study, RMG were calculated using linear regression analysis, which showed high R^2 values (Table 4.5). The RMG values obtained were compared with those previously reported and disclosed by soybean research companies [18]. The values are consistent with the expected values, starting with the lower ones, with 5.6 and reaching approximately 8.1. The late genotypes had RMG values (8.7–9.1) greater than the expected values. Both the ER and AMMI methods showed similar classification results, although AMMI tended to be more selective for late genotypes.

Table 4.4. Eigenvalues (E) and cumulative percentages for the traits number of days to flowering (NDF), number of days to maturity (NDM), and number of days to the reproductive period (NDRP) determined using the AMMI method. Values for the two main components of interaction (IPCA1 and IPCA2) and ASV values for maturation for genotypes of crops grown in 24 environments in 2008/2009 and 2009/2010 seasons.

PC	NDF		NDM		NDRP		
	E*	% Ac.	E*	% Ac.	E*	% Ac.	
1	1819.91	28.63	2402.53	37.10	2202.00	32.04	
2	1494.99	52.15	900.32	51.00	1193.12	49.39	
3	1293.34	72.50	828.92	63.80	603.33	58.17	
4	624.02	82.31	595.05	72.98	567.89	66.43	
5	344.25	87.73	469.05	80.23	512.62	73.89	

Genotype	IPCA1	IPCA2	IPCA1	IPCA2	IPCA1	IPCA2	ASV
P98Y11	-0.1	0.2	0.0	-0.1	0.2	0.1	0.1
Fundacep59RR	0.4	1.0	0.0	-0.7	-0.9	0.7	0.7
M7908RR	-0.1	0.8	-0.2	-0.8	-0.9	2.2	1.0
Roos CaminoRR	2.3	-1.7	-0.6	0.3	-1.0	-2.1	1.7
BMX TitanRR	1.8	-1.5	-0.7	-0.4	-1.1	-1.8	1.9
CD219RR	0.5	0.5	1.0	-0.6	0.0	0.7	2.8
V-MaxRR	1.0	-1.3	-1.1	0.2	-0.5	-1.9	2.9
Fundacep54RR	-0.1	-0.4	-1.1	-0.4	-0.1	-0.2	3.0
FTS CMRR	6.3	0.0	-1.1	0.6	-1.4	-0.3	3.1
M7211RR	0.7	-0.6	-1.3	0.4	-1.6	-1.0	3.7
NK7074RR	-3.7	-0.8	-1.5	0.0	-1.1	2.6	4.1
ValiosaRR	-0.1	0.6	1.6	-0.6	1.2	-0.1	4.4
M7578RR	-3.8	-1.2	-1.6	-0.4	-0.8	1.9	4.4
CD214RR	0.5	-2.0	-1.8	0.1	-0.5	-1.5	4.9
BRS245RR	1.2	3.1	6.9	4.7	0.1	0.8	5.3
CD212RR	0.4	-1.8	-2.0	-0.8	-1.7	0.0	5.6
M9144RR	-0.2	2.1	2.3	0.7	2.2	0.7	6.2
P98Y51	-0.4	0.6	2.3	-1.1	3.4	0.0	6.4
P98Y70	-0.2	1.8	2.5	0.2	2.4	0.0	6.7
TMG103RR	-0.4	0.4	2.6	-1.3	2.6	-1.1	7.2

*Only the first five principal components of decomposition are shown

Taken together, we believe that further studies including the assessment of more genotypes and test sites will be of great importance, as it allows better use of the specific potential of each genotype and the adequate placement of the genotype in their areas of adaptation. Another opportunity would be to establish separate trials for the Southern and Midwest regions, to study new methods of stability for a better definition and selection of the most stable genotypes, and to improve the classification of maturity groups.

Table 4.5. Values of relative maturity groups (RMG) established by regression, using the genotypes classified as stable according to the method of EBERHART and RUSSELL [8] and AMMI analysis [10], and those established according to the method of Alliprandini et al. [19].

Genotype	Average (days)	Calculated		RMG tabulated
		ER	AMMI	
ROOS CaminoRR	106.4	5.6	5.6	5.6
BMX TITAN RR	108.1	5.8	5.8	5.6
CD212RR	111.4	6.2	6.2	6.3
V-MaxRR	113.3	6.4	6.4	6.4
CD214RR	116.0	6.7	6.7	6.8
FTS C.MOURÃO RR	116.7	6.8	6.7	6.7
M7211RR	118.2	7.0	6.9	7.0
BRS245 RR	118.5	7.0	6.9	7.5
NK7074	119.3	7.1	7.2	7.1
M7578RR	121.1	7.3	7.2	7.2
FUNDACEP54RR	122.7	7.4	7.4	7.5
FUNDACEP59RR	122.9	7.5	7.4	7.6
M7908RR	123.6	7.6	7.5	7.6
P98Y11	123.9	7.6	7.5	7.6
CD219RR	129.5	8.2	8.1	8.2
VALIOSA RR	133.0	8.6	8.5	8.1
TMG103RR	134.4	8.7	8.6	8.3
P98Y51	136.0	8.9	8.8	8.6
P98Y70	136.8	9.0	8.9	8.7
M9144RR	141.9	9.6	9.4	9.2
ER: $y = 0.1107x - 6.1373$		$R^2 = 0.9926$		
AMMI: $y = 0.1063x - 5.679$		$R^2 = 0.9823$		

4.4 CONCLUSION

According to the results, the AMMI and Eberhart and Russell methods were effective in the identification of stable genotypes and can be used in combination for their classification into Relative Maturity Groups (RMG). Both methodologies were classified as expected, mainly up to the group 8.1, although later cultivars had their RMG values established above the expected values. We conclude that the AMMI method leads to a better interpretation of the GE interactions. We suggest furthering these studies by employing other methodologies and by separating the southern and midwest environments to determine the best fit for RMG.

4.5 ACKNOWLEDGMENTS

We thank the following researchers and institutions for their valuable contribution to the study: Leonardo Oliveira and Eduardo Lambert (MONSOY), Marco Rott (COODETEC), Andreomar Kurek (Syngenta), Cleiton Steckling (FUNDACEP), Carlos Pitol (FUNDAÇÃO MS), Nizio Giasson and Marcos Matsumoto (DON MARIO), Paulo Bertagnolli and Maria do Rosário Teixeira (EMBRAPA), Anderson Dona (WEHRTEC), and Luis Stabile (SOYTECH).

4.6 REFERENCES

- [1] L. F. Alliprandini, J. F. F. Toledo, N. Fonseca Jr., L. A. Almeida and R. A. S. Kiihl, "Efeitos da interação genótipo x ambiente sobre a produtividade da soja no Estado do Paraná," *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Vol. 29, 1994, pp.1433-1444.
- [2] L. F. Alliprandini, C. Abatti, P. F. Bertagnolli, J. E. Cavassim, H. L. Gabe, A. Kurek, M. N. Matsumoto, M. A. R. Oliveira, C. Pitol, L. C. Prado and C. Steckling, "Understanding Soybean Maturity Groups in Brazil: Environment, Cultivar Classification, and Stability," *Crop Science*, Vol. 49, 2009, pp. 801-808. doi: 10.2135/cropsci2008.07.0390
- [3] L. X. Zhang, S. Kyei-Boahen, J. Zhang, M. H. Zhang, T. B. Freeland, C. E. Watson Jr. and X. M. Liu, "Modifications of Optimum Adaptation Zones for Soybean Maturity Groups in the USA," *Online. Crop Management*. doi:10.1094/CM-2007-0927-01-RS. 2007.
- [4] H. A. Bruns, "A Survey of Factors Involved in Crop Maturity," *Agronomy Journal*, Vol. 101, 2009, pp. 60-66. doi: 10.2134/agronj2007.0271R
- [5] Brazil, "Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Proteção de cultivares no Brasil," Brasília: MAPA/ACS, 2011, pp. 202.
- [6] Céleres, "Relatório biotecnologia," Uberlândia: Céleres Consulting, 2012, pp. 9.
- [7] G. V. Meotti, G. Benin, R. R. Silva, E. Beche and L. B. Munaro, "Épocas de semeadura e desempenho agrônomo de cultivares de soja," *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Vol. 47, 2012, pp. 14-21. doi.org/10.1590/S0100-204X2012000100003
- [8] S. A. Eberhart and W. A. Russell, "Stability Parameters for Comparing Varieties," *Crop Science*, Vol. 6, 1966, pp. 36-40. doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x
- [9] R. A. Kempton, "The Use of Biplots in Interpreting Variety by Environment Interactions," *Journal of Agricultural Science*, Vol. 103, 1984, pp. 123-135. doi.org/10.1017/S0021859600043392
- [10] R. W. Zobel, M. J. Wright and H. G. Gauch, "Statistical Analysis of a Yield Trial," *Agronomy Journal*, Vol. 80, 1988, pp. 388-393. doi.org/10.2134/agronj1988.00021962008000030002x

- [11] H. G. Gauch and R. W. Zobel, "AMMI Analysis of Yield Trials," In: Kang, M.S., Gauch, H.G., Ed., *Genotype-by-Environment Interaction*, CRC Press, New York, 1996, pp. 416.
- [12] M. Cucolotto, V. C. Pípolo, D. D. Garbuglio, N. S. Fonseca Jr., D. Destro and M. K. Kamikoga, "Genotype \times Environment Interaction in Soybean: Evaluation through Three Methodologies," *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Vol. 7, 2007, pp. 270-277.
- [13] M. C. C. Maia, N. A. Vello, M. M. Rocha, J. B. Pinheiro and N. F. Silva Jr., "Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agrônômicos através de método uni-multivariado," *Bragantia*, Vol. 65, 2006, pp. 215-226. doi.org/10.1590/S0006-87052006000200004
- [14] W. C. J. Silva and J. B. Duarte, "Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja," *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Vol. 41, 2006, pp. 23-30. doi.org/10.1590/S0100-204X2006000100004
- [15] W. R. Fehr and C. E. Caviness, "Stages of Soybean Development," Special Report 80. Ames: Iowa State Univ., 1977.
- [16] C. D. Cruz, "Programa genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística," Viçosa: Editora UFV, 2001, pp. 648.
- [17] SAS Institute, "SAS User's Guide," SAS Institute, Cary, NC, 1999.
- [18] J. L. Purchase, H. Hatting and C. S. Van Deventer, "Genotype \times Environment Interaction of Winter Wheat in South Africa: II. Stability Analysis of Yield Performance," *South African Journal of Plant Soil*, Vol. 17, 2000, pp. 101-107. doi.org/10.1080/02571862.2000.10634878
- [19] L. F. Alliprandini, J. E. Cavassim, M. A. R. Oliveira, M. N. Matsumoto, L. C. Prado, C. Pitol, C. Steckling, P. F. Bertagnoli, A. Kurek, M. K. Kamikoga, A. Dona, N. F. Giasson, C. Abatti, G. D. Silveira and C. Takeda, "Classificação de cultivares de soja em Grupos de Maturidade Relativa no Brasil, durante as safras de 2001/2002 a 2011/2012," Abstracts. 7th Congress of Plant Breeding. SBMP, Uberlandia, MG, 2013.
- [20] C. G. P. Carvalho, C. A. A. Arias, J. F. F. Toledo, L. A. Almeida, R. A. S. Kiihl and M. F. Oliveira, "Interação genótipo \times ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná," *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Vol. 37, 2002, pp. 989-1000. doi.org/10.1590/S0100-204X2002000700013

[21] Simepar. http://www.simepar.br/tempo/clima/aviso_verao2009.htm

[22] D. Destro, V. Carpentieri-Pípolo, R. A. S. Kiihl and L. A. Almeida, "Photoperiodic and Genetic Control of the Long Juvenile Period in Soybean: a Review," *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Vol. 1, 2001, pp. 72-92. doi.org/10.13082/1984-7033.v01n01a10

[23] T. George, D. P. Bartholomew and P. W. Singleton, "Effect of Temperature and Maturity Group on Phenology of Field Grown Nodulating and Nonnodulating Soybean Isolines," *Biotronics*, Vol. 19, 1990, pp. 49-59.

[24] J. B. Duarte and R. Vencovsky, "Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI," *Série Monografias*. Ribeirao Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999.

[25] A. B. Oliveira, J. B. Duarte, L. J. Chaves and M. A. Couto, "Environmental and Genotypic Factors Associated with Genotype by Environment Interactions in Soybean," *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Vol. 6, 2006, pp. 79-86.

[26] G. Benin, C. Pinnow, C. L. Silva, E. S. Pagliosa, E. Beche, E. Bornhofen, L. B. Munaro and R. R. Silva, "Análises biplot na avaliação de cultivares de trigo em diferentes níveis de manejo," *Bragantia*, Campinas, Vol. 71, 2012, pp. 28-36.

**5 ANÁLISE AMMI PARA DETERMINAR GRUPOS DE MATURIDADE RELATIVA
PARA A CLASSIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA**

RESUMO

A classificação de genótipos de soja em grupos de maturidade distintos é de grande importância para a avaliação, seleção e produção de cultivares para as principais regiões produtoras no mundo. Objetivou-se identificar genótipos estáveis como referência e também classificar Grupos de Maturidade Relativa (GMR), utilizando-se de 20 cultivares comerciais de soja avaliadas para os caracteres número de dias para florescimento, número de dias para maturidade e comprimento do período reprodutivo utilizando-se dados de 17 ambientes distribuídos nas principais regiões produtoras do Brasil. A avaliação segundo a metodologia AMMI demonstrou eficiência na classificação das cultivares, mesmo separando-se as regiões sul e centro, da análise considerando todos os ambientes juntos. Os GMR obtidos podem ser utilizados separadamente para cada região ou adotar-se o modelo único para o Brasil.

Palavras-chave: *Glycine max.* (L.) Merrill, Interação genótipos x ambientes, maturidade, estabilidade

AMMI Analysis to Determine Relative Maturity Groups for the Classification of Soybean Genotypes

ABSTRACT

The classification of soybean cultivars into distinct maturity groups has great importance for their evaluation, selection and production in major soybean-growing regions of the world. The objective of this study was to identify stable soybean genotypes and classify them into relative maturity groups (RMGs) by evaluating 20 commercial soybean cultivars using data from 17 environments across the main regions of Brazil for the following three traits: the number of days to flowering, the number of days to maturity and the length of the reproductive period. The evaluation was performed according to the additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) method and efficiently distinguished stable genotypes for the generation of RMGs independently of the region analyzed. The established RMGs can be used separately for each region or adopted as a unique model for Brazil.

Keywords: *Glycine max* (L.) Merrill, Genotype-environment interaction, Maturity, Stability

5.1 INTRODUCTION

Companies in Brazil have been classifying soybean cultivars by their maturation cycle into simple groups labeled early, semiearly, intermediate, semilate and late (Alliprandini *et al.*, 1994). Despite its considerable reliability, this classification is applicable only to local situations and certain specific conditions. In the United States, the cultivar relative maturity method is employed, which classifies cultivars into groups varying from 00, the most northern, to VIII, the most southern (Zhang *et al.*, 2007). The adaptation ranges for each North American maturity group extend between 200 and 300 km in the north-south direction in the United States (Bruns, 2009). This method has proved to be very useful because it classifies cultivars into distinct maturities and basically defines the adaptation region for each cultivar. These properties are important both for agricultural zoning and for harvest planning by individual farmers.

Alliprandini *et al.* (2009) used two years of soybean crop maturity data and published the first research on relative maturity groups (RMGs) in Brazil. According to these authors, their study results indicate that soybeans can be classified into five to nine RMGs, similar to what has been used in the United States. This pioneering study, conducted with conventional cultivars and developed in partnership with several companies, was a milestone in the creation of a network of tests for evaluating cultivars and in the understanding of RMGs. Currently, the use of conventional soybean cultivars is reduced with the increased usage of genetically modified cultivars, which are grown on approximately 88.8% of the total area of Brazil where soybean is cultivated (Céleres, 2012).

To comprehend the behavior of a cultivar under different environmental conditions, the plant breeder must understand the genotype-environment interaction (G x E). This interaction can be described as the change in relative performance of the genotype due to environmental differences. The study of the G x E interaction is important to define not only the best-performing genotypes, e.g., those with the highest yield, but also those which are least influenced by the interaction, which measures the adaptation of a cultivar. According to Meotti *et al.* (2012), this interaction is intrinsically correlated with the growth, reproduction and maturity periods of a cultivar because these are greatly influenced by the photoperiod.

Several methods to assess stability have been proposed. Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis, in particular, combines statistical techniques, such as analysis of variance, and interaction principal component analysis (IPCA) to model

the main effects (genotypes and environment) and the G x E interaction effects, respectively (Mandel, 1971; Kempton, 1984; Zobel *et al.*, 1988). AMMI analysis can help not only in the identification of high-yield and widely adapted genotypes but also in the implementation of the so-called agronomical zoning, aimed at making regionalized recommendations and selecting test locations (Gauch and Zobel, 1996). Zobel *et al.* (1988) list some of the advantages of this method: it allows a more detailed analysis of the G x E interaction; it guarantees genotype selection, capitalizing on its positive interactions with the environment; it provides more accurate estimates of genotypic responses; and it allows for easy graphical interpretation of results through so-called biplots, in which both genotype and environment are simultaneously represented. Several studies with other crops have been developed using this technique and seeking to establish environments and genotypes of greater stability (Guerra *et al.*, 2009; Hassanpanah, 2010; Sadeghi *et al.*, 2011).

Oliveira *et al.* (2006) studied the G x E interaction in the context of soybean yield and concluded that the AMMI1 model captured 36% of the sum of squares of the G x E interaction. Working with different populations of the F₂ generation, Maia *et al.* (2006) found a large proportion of stability in soybean lines using the AMMI methodology. Silva and Duarte (2006) used soybean culture to determine stability parameters through different methods and concluded that the methodologies of Eberhart and Russell and AMMI analysis had relatively weak association, suggesting that they should be applied together. Cucolotto *et al.* (2007) successfully explained the environment and the stability of the soybean cultivars that they studied using the AMMI model.

The goal of the present article was to establish, based on the AMMI analysis of genotype stability, a classification for the maturation of soybean into RMGs that may be used for any soybean genotype cultivated in Brazil. This classification will allow new cultivars to be categorized and duly allocated to RMGs by programs concerned with the genetic improvement of soybean.

5.2 MATERIALS AND METHODS

Twenty commercial soybean cultivars were evaluated, all of them genetically modified for resistance to glyphosate and provided by soybean genetic improvement companies in Brazil. These cultivars had different maturation attributes, such as the presence or absence of a long juvenile period and a determinate, semi-determinate or indeterminate growth type (Table 1). Trials were conducted in 17 different Brazilian locations (Table 2). For the analysis of the southern region of Brazil, seven locations in this region plus two in Mato Grosso do Sul (Midwest region of Brazil) were considered, providing a total of nine environments. The remaining eight locations were all in the central region. The study was conducted during the agricultural harvests of 2008/2009, 2009/2010 and 2010/2011 to assess the different flowering and maturation behaviors of the genotypes.

The preparation of the experimental areas began with the desiccation of weeds and the fertilization of planting furrows. Sowing was performed using an experimental plot seeder for direct planting, preferably in the first half of November to diminish photoperiod-related effects. All the plots underwent phytosanitary control. Each plot comprised four 5.0-meter rows with 0.5-meter spacing between the rows. The two external rows served as borders; thus, there was 5.0 m² of useful area per plot.

The experimental design was based on randomized blocks, with two repetitions in each experimental year. The following assessments were made on each plot: the number of days to reach full flowering (NDF), which occurs during the R₂ stage, and the number of days to maturity (NDM), counted from sowing to maturation at stage R₈, when at least 95% of the pods reach maturity (Fehr and Caviness, 1977). The number of days in the reproductive period (NDRP) was determined from the number of days between full flowering and maturity. After collection, the data were first split into two groups by region (southern and central regions of Brazil) and then considered as a whole to perform a joint analysis of variance.

The AMMI analysis combines analysis of variance and PCA in a single model that is additive regarding the main effects of genotypes and environments and multiplicative regarding the interaction effects (Gauch and Zobel, 1996). The following equation describes the model:

$$Y_{ij} = \mu_i + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + e_{ij}$$

where Y_{ij} is the mean response of the replicates of the i^{th} genotype in the j^{th} environment; μ_i is the overall mean; g_i is the main effect of genotype “ i ” ($i = 1, 2, 3, \dots, g$); e_j is the main effect of environment “ j ” ($j = 1, 2, 3, \dots, e$); and $\sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}$ is the standard error in which λ_k is the singular value of the k^{th} axis of the interaction, γ_{ik} is the singular value of the i^{th} genotype on the k^{th} axis, α_{jk} is the singular value of the j^{th} environment on the k^{th} axis, p is the number of axes retained in the model and k is the non-null characteristic root ($k = 1, 2, \dots, \min(g-1, e-1)$). The residual of the interaction (noise) is ρ_{ij} , and finally, e_{ij} is the mean experimental error.

The multiplicative part is analyzed through its principal components by decomposing the G x E sums of squares into different axes or components called IPCAs or AMMIs (Duarte and Vencovsky, 1999). Once in possession of the IPCA1 and IPCA2 scores, the AMMI stability value (ASV) is given by the equation from Purchase *et al.* (2000), as described below:

$$ASV_i = \sqrt{\left[\frac{SS\ IPCA1}{SS\ IPCA2} (IPCA1) \right]^2 + (IPCA2)^2}$$

where SS IPCA1 and SS IPCA2 are the sums of squares of the AMMI analysis for the first and second axes, respectively, and IPCA1 and IPCA2 are the respective PCA scores. Lower values indicate genotypes of greater stability.

The scores were calculated for the data from the southern and central regions separately and then together to represent Brazil. Using each of the three sets of scores, the most stable genotypes for the southern and central regions as well as Brazil were chosen. Regression analysis was then performed on the stable genotypes previously selected. With the fitted equation, which involves the maturation date and control samples with defined RMGs (Alliprandini *et al.*, 2009), the RMGs of the remaining genotypes were calculated and compared with those recently established and published by Alliprandini *et al.* (2013). In these analyses, the computational program GENES (Cruz, 2001) and software of the Statistical Analysis System (SAS Institute, Inc., Cary, NC, USA) were used.

5.3 RESULTS AND DISCUSSION

The trials took place in a diversified group of environments (Table 5.1), representative of the main regions of Brazil where soybean is cultivated.

Table 5.1. Test environments by southern and central regions for the soybean harvests of 2008-2011.

Southern	Location	Elevation (m)	Latitude
environments			
1	Cruz Alta	452	28°60'S
2	Passo Fundo	660	28°45'S
3	Passo Fundo2	687	28°30'S
4	Cascavel	750	25°10'S
5	Cascavel2	781	25°05'S
6	Palotina	333	24°30'S
7	Rolândia	645	23°20'S
8	Dourados	450	22°20'S
9	Maracaju	384	21°60'S
Central	Location	Elevation (m)	Latitude
environments			
1	S. Gabriel Oeste	650	19°40'S
2	Goiatuba	750	18°05'S
3	Morrinhos	850	17°95'S
4	Rio Verde	715	17°80'S
5	Cristalina	1189	16°80'S
6	Sorriso	355	12°20'S
7	Porto Nacional	240	10°70'S
8	Balsas	245	07°05'S

The genotypes tested are represented in Table 5.2.

Table 5.2. Soybean genotypes by growth type, the presence of a long juvenile period (LJP) and relative maturity group (RMGtab), as tabulated according to data from Alliprandini *et al.*, (2013).

	Genotype	Growth type	LJP	RMGtab
1	Roos Camino RR	Indeterminate	No	5.6
2	BMX Titan RR	Indeterminate	No	5.6
3	CD 212 RR	Determinate	No	6.3
4	V-MAX RR	Indeterminate	No	6.4
5	CD 214 RR	Determinate	No	6.8
6	FTS Campo Mourão RR	Semideterminate	No	6.7
7	BRS 245 RR	Determinate	Yes	7.5
8	Fundacep 54 RR	Determinate	No	7.5
9	Fundacep 59 RR	Determinate	No	7.6
10	M7211 RR	Indeterminate	Yes	7.0
11	NK 7074 RR	Determinate	Yes	7.1
12	M7578 RR	Determinate	Yes	7.2
13	M7908 RR	Determinate	Yes	7.6
14	P98Y11	Determinate	Yes	7.6
15	CD 219 RR	Determinate	Yes	8.2
16	Valiosa RR	Determinate	Yes	8.1
17	TMG103 RR	Determinate	Yes	8.3
18	P98Y51	Determinate	Yes	8.6
19	P98Y70	Determinate	Yes	8.7
20	M9144 RR	Determinate	Yes	9.2

The analysis of the southern region resulted in low variation coefficients: 1.7% for the NDF, 0.8% for the NDM and 1.8% for the NDRP (Table 5.3). For the central region, the values were as follows: 4.2% for the NDF, 1.4% for the NDM and 3.7% for the NDRP (Table 5.4).

According to Carvalho *et al.* (2002), these low coefficients are evidence of a well-conducted experimental arrangement. The variation coefficients for the central region were higher because of the greater variety of the environments, especially regarding latitude in the southern part of this region.

The analysis of data from the southern region showed that all the effects were significant for the NDF, therefore highly influential, from the trial years assessed to the genotypes and their interactions.

Table 5.3. Summary of the joint analysis of variance for soybean traits measured in the southern region and consisting of the number of days to flowering (NDF), to maturity (NDM) and in the reproductive period (NDRP).

SV	DF	SS		
		NDF	NDM	NDRP
(B / L) / Y	27	43.4	73.0	131.3
Genotypes (G)	19	60692.1**	98163.2**	9763.7**
Years (Y)	2	13429.3**	10174.8 ^{ns}	489.1 ^{ns}
Locations (L)	8	129687.8**	121116.4**	14052.5 ^{ns}
G x Y	38	1750.7**	2630.4**	1845.9**
G x L	152	3752.2**	5546.4**	7132.2**
Y x L	16	16560.0**	21796.3**	29933.3**
G x Y x L	304	2920.2**	7510.0**	8130.5**
Residual	513	462.0	595.9	949.6
Mean (days)		55.6	129.7	74.1
Heritability (%)		98.0	98.4	86.6
CV (%)		1.7	0.8	1.8

^{ns}Not significant at the 1% probability level ($p > 0.01$); ** significant at the 1% probability level ($p \leq 0.01$); SV, source of variation; DF, degrees of freedom; SS, sum of squares; and CV, coefficient of variation.

Table 5.4. Summary of the joint analysis of variance for soybean traits measured in the central region and consisting of the number of days to flowering (NDF), to maturity (NDM) and in the reproductive period (NDRP).

SV	DF	SS		
		NDF	NDM	NDRP
(B / L) / Y	24	125.2	117.1	318.3
Genotypes (G)	19	35646.4**	84453.6**	14088.3**
Years (Y)	2	1877.3 ^{ns}	3178.3 ^{ns}	419.9 ^{ns}
Locations (L)	7	25023.8**	67516.6**	24471.5**
G x Y	38	749.6 ^{ns}	788.4 ^{ns}	1001.1 ^{ns}
G x L	133	5021.3**	6533.0**	6941.4**
Y x L	14	12219.6**	19678.8**	6956.6**
G x Y x L	266	4709.6**	4564.7**	7163.5**
Residual	456	1545.2	1219.9	2895.1
Mean (days)		43.7	110.4	66.6
Heritability (%)		97.8	98.8	93.0
CV (%)		4.2	1.4	3.7

^{ns}Not significant at the 1% probability level ($p > 0.01$); ** significant at the 1% probability level ($p \leq 0.01$); SV, source of variation; DF, degrees of freedom; SS, sum of squares; and CV, coefficient of variation.

The year factor was not significant for the NDM trait, and for the NDRP trait, no significant effect was observed for the year factor or the genotype-year interaction. The joint analysis of the data from the central region (Table 5.4) shows that the effect of the year factor and the genotype-year interaction were not significant for any trait; therefore, the growth year

did not affect the analysis in this region or produce significant differences in the duration of the maturation or the reproductive period of the tested genotypes. These results suggested that the number of test years in the central region may be reduced, as long as multiple locations are sampled. In addition, pluviometric data from the state of Paraná indicate that there was less rain in 2008 in the western and southwestern regions, which may have been relevant for the analysis (SIMEPAR, 2011). The joint analysis of the data from the Brazil region, using all data are presented in Table 5.5.

Table 5.5. Summary of the joint analysis of variance for soybean traits measured at all locations in the study (Brazil) and consisting of the number of days to flowering (NDF), to maturity (NDM) and in the reproductive period (NDRP).

SV	DF	SS		
		NDF	NDM	NDRP
(B / L) / Y	51	168.7	190.1	449.6
Genotypes (G)	19	92940.4**	180174.1**	21855.5**
Years (Y)	2	7062.1 ^{ns}	4879.9 ^{ns}	869.6 ^{ns}
Locations (L)	16	226527.5**	377455.5**	66215.0**
G x Y	38	1640.1**	2097.8**	1935.4**
G x L	304	12171.7**	14522.1**	16069.9**
Y x L	32	37024.2**	49948.4**	36929.4**
G x Y x L	608	8490.2**	13395.7**	16205.7**
Residual	969	2007.3	1815.8	3844.8
Mean (days)		50.0	120.6	70.5
Heritability (%)		98.5	99.1	93.2
CV (%)		2.8	1.1	2.8

^{ns}Not significant at the 1% probability level ($p > 0.01$); ** significant at the 1% probability level ($p \leq 0.01$); SV, source of variation; DF, degrees of freedom; SS, sum of squares; and CV, coefficient of variation.

The largest variances were due to location for all the traits (Tables 5.3, 5.4 and 5.5). Mean heritability data were obtained using the analysis of variance, as in Cruz (2001), and remained above 85%, which indicates a strong genetic component to the analyzed traits that varied according to the genotype. Interaction effects could be observed in all the situations in both regions studied, most notably in the year-location interaction. This interaction highlights the large differences between test years and locations and the necessity of considering both factors together for a correct evaluation.

The effects of the different genotypes tested were also significant for the characteristics under analysis, and the highest percentage value, which also had the highest

variation, was found for the NDM trait. Alliprandini *et al.* (2009) demonstrate that this amplitude of variation allows the classification of genotypes into five to nine different relative maturity groups. The effects of the genotype-location interaction were also significant for all three traits but displayed low variability values when compared with the main effects. This pattern indicates that interaction exists but is of lesser importance because of the regional adaptation through latitude and longitude (Tables 5.3, 5.4 and 5.5).

Nevertheless, all these effects must be taken into account to correctly evaluate the genotypes regarding the assessed characteristics. In practice, the genotype-year interaction displayed the lowest value in all situations, as occurred in an earlier study. Alliprandini *et al.* (2009) also reported that this interaction was low for all environments, which suggested that genotypes can be efficiently classified into RMGs when the environments representative of the regions in which the cultivar will be grown and commercialized are considered. This conclusion gains further strength when we assess the triple interaction among genotype, year and location, which has a p value below 0.01 in all cases. An analysis of the G x E interaction compared with the other interactions (Table 5.6) shows that the values for the genotype-location interaction were greater than those for the genotype-year interaction (Table 5.6), which is indicative of the importance of conducting evaluations in different environments.

According to Cruz (2001), these interactions force the plant breeder to conduct a detailed study of the cultivar performance and the environment, namely, through the analysis of genotype stability and adaptability. The triple interaction was also significant for all the traits. It is important to know which genotypes are more stable and more predictable because they will be used as references for defining the maturity groups.

Table 5.6. Percentages of genotype x environment interactions for the three analyses of traits in transgenic soybean within southern, central and Brazil regions between 2008 and 2011.

	Southern			Central			Brazil		
	NDF	NDM	NDRP	NDF	NDM	NDRP	NDF	NDM	NDRP
G x Y	20.7	16.7	10.7	7.1	6.6	6.6	7.3	6.9	5.6
G x L	44.6	35.3	41.6	47.9	54.9	45.9	54.5	48.3	46.9
G x Y x L	34.6	47.8	47.5	44.9	38.4	47.4	38.1	44.6	47.3

G, genotypes; Y, years; L, locations; NDF, number of days to flowering; NDM, number of days to maturity; and NDRP, number of days in the reproductive period.

The data regarding flowering (NDF) and maturity (NDM) showed the expected mean values when the cultivars were grown within their regions of adaptation. However, the cultivars obtained from breeding programs in the central region did tend to increase the duration of their flowering period when cultivated in the South of Brazil because of their long juvenile period. Analogously, the cultivars developed in the South and lacking characteristics of juvenility tend to speed up their flowering and maturation cycle when cultivated at lower latitudes (Bruns, 2009). Aside from the photoperiodic effects on the cultivars, there was also a temperature influence, which strengthened toward the north. The effect of temperature on the genotypes at different latitudes is, however, unclear because in the cultivars of the Midwest, the long juvenile period favors an increased initial growth period prior to flowering, which causes the cultivars to prolong the cycle when sown in the South (Destro *et al.*, 2001).

There were significant differences in the length of the reproductive periods, with the observed mean NDRPs slightly greater in the South, given the local conditions relative to the central region, where the cultivars developed earlier. George *et al.* (1990), studying soybean cultivars from different maturity groups, showed that soybean maturity is delayed as temperature decreases in high-elevation environments and that the duration of the vegetative phase increases along with the time until maturity, with these same patterns also observed in the experiments conducted in the South. According to Kantolic and Slafer (2007), the sensitivity to photoperiod remains high even during the reproductive period, regardless of the duration of the photoperiodic exposure.

After conducting the joint analyses, the NDF and NDM values were found to be highly correlated (Table 5.7), with correlation coefficients of approximately 0.85, which indicates that these parameters are directly correlated and that excellent predictive power can be obtained using only one of the two traits. Coefficients above 0.90 were found by Peluzio *et al.* (2005) and Nogueira *et al.* (2012). By contrast, a low correlation between the durations of the flowering and the reproductive periods was observed in all the analyses, with correlation coefficients between 0.08 and 0.19. Therefore, the only parameter selected for verification with the AMMI methodology was the maturity (NDM).

According to the AMMI analysis of the data from the southern region, the first and second genotypic components for the NDM represented 29.7% and 21.7% of the sum of squares of the interaction, respectively (Table 5.8 and Figure 5.1). Therefore, it is possible to explain 51.4% of the G x E interaction for the maturity parameter using only two components.

Table 5.7. Phenotype correlation matrix with Pearson correlation coefficients for traits of transgenic soybean in the analyses of the southern and central regions considered separately and combined (Brazil).

	Southern			Central			Brazil		
	NDF	NDM	NDRP	NDF	NDM	NDRP	NDF	NDM	NDRP
NDF		0.836**	0.083**		0.864**	0.169**		0.872**	0.194**
NDM			0.616**			0.642**			0.650**

Significant at the 1% probability level; NDF, number of days to flowering; NDM, number of days to maturity; and NDRP, number of days in the reproductive period.

For the data from the central region, the NDM values for the first principal component were different and more significant. From the AMMI2 biplot, which shows the interaction effects between IPCA1 and IPCA2, the percentages for these two parameters were 47.9% and 13.6%, respectively, and 61.5% for the two components combined (Figure 5.2). In this type of graphical representation, the genotypes and environments considered to be more stable are those found closer to the origin, i.e., those that do not contribute much to the G x E interaction. Duarte and Vencovsky (1999) state that genotypes should be assessed in their respective adaptation ranges, being stable and adapted to the test environments.

In the analysis that accounted for all the environments together (Brazil), the values for the first two principal components were 30.8% and 17%, respectively (Figure 5.3). The first principal component, which explains more of the variation, was associated with the data from the central region, perhaps because the environments studied in this region can be considered more homogeneous than those in the South.

The conclusions drawn by Oliveira *et al.* (2006) cite elevation, maximum temperature, rainfall and end-of-cycle diseases as important components of the G x E interaction aside, from the maturation genotypic factor.

The analysis of the component scores can show how genotypes and environment interact: scores with the same sign interact positively, displaying adaptive synergism, whereas scores of opposite signs suggest negative interaction (Duarte and Vencovsky, 1999).

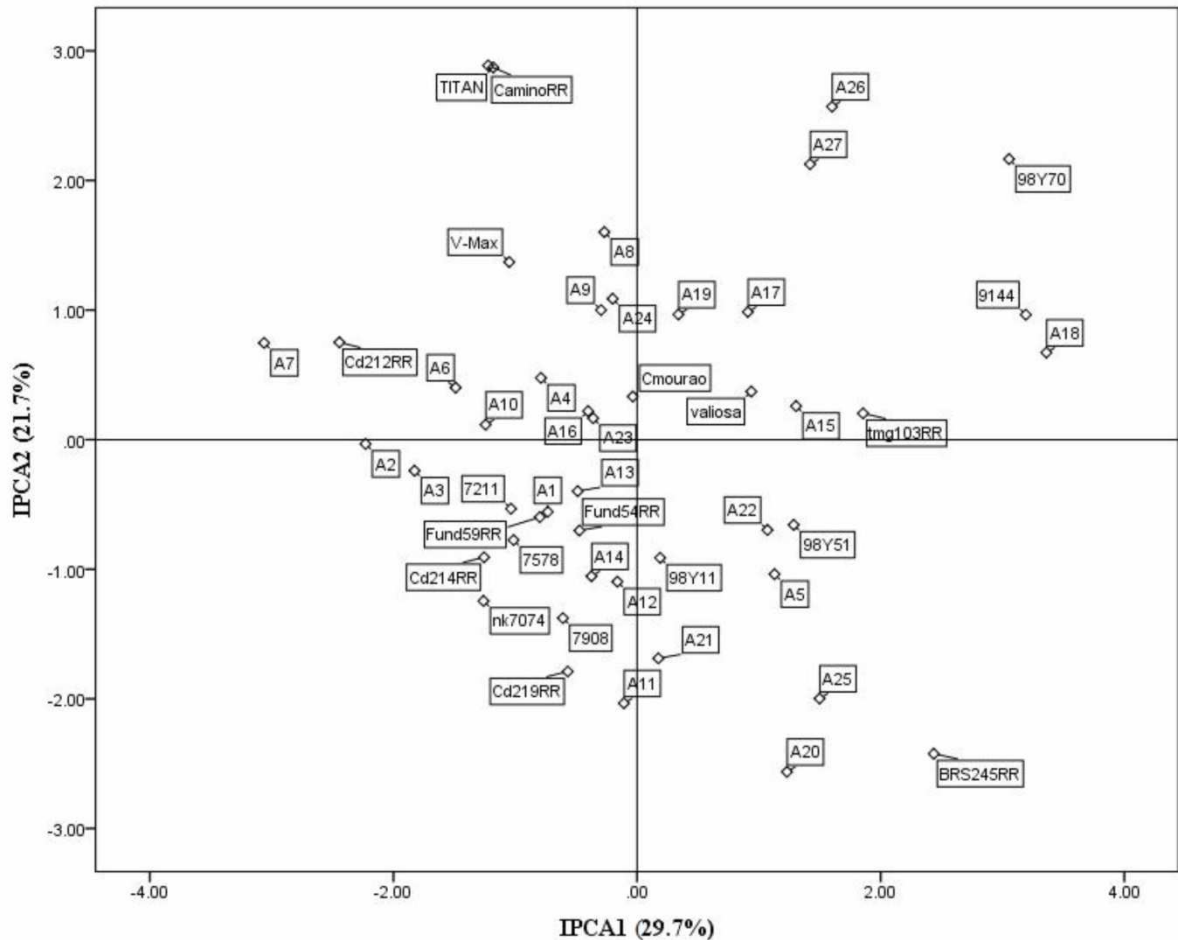


Figure 5.1. AMMI2 maturity biplot using data from the southern region showing IPCA1 x IPCA2, 20 genotypes and 27 environments.

Cascavel in 2008/2009, 2009/2010 and 2010/2011; Rolândia in 2009/2010; and Cruz Alta in 2008/2009 were chosen as the most stable environments in the South. If there is repeatability in the stability of an environment over the years, then that environment can be highly reliable for tests (Duarte and Vencovsky, 1999).

The location of Cascavel stands out in the South because of its highly repeatable stability, with high stability in the three years of testing. For the central region, the following environments were selected as the most stable: Rio Verde in 2008/2009, 2009/2010 and 2010/2011; Cristalina in 2008/09; and Sorriso in 2009/2010.

Table 5.8. Eigenvalues and cumulative percentages for the number of days to maturity (NDM) trait by AMMI analysis; IPCA1 and IPCA2 axes and ASV** for the maturity of genotypes studied in nine environments of the southern (s) region, eight environments of the central (c) region and all environments of Brazil (br) from 2008 to 2011.

Axis	Southern NDM			Central NDM			Brazil NDM		
	Eigenvalue	Axis Prop.	Cum %	Eigenvalue	Axis Prop.	Cum %	Eigenvalue	Axis Prop.	Cum %
1	2327.27	0.30	29.67	2851.61	0.48	47.98	4625.97	0.31	30.82
2	1702.81	0.22	51.38	809.98	0.14	61.61	2553.95	0.17	47.84
3	992.33	0.13	64.03	483.86	0.08	69.75	1620.49	0.11	58.64
4	677.42	0.09	72.67	450.87	0.08	77.34	1481.14	0.10	68.51
5	410.25	0.05	77.90	354.23	0.06	83.30	980.21	0.07	75.04
6	354.84	0.05	82.42	323.59	0.05	88.74	749.14	0.05	80.03
7	295.82	0.04	86.20	215.71	0.04	92.37	538.24	0.04	83.62
8	283.77	0.04	89.81	100.79	0.02	94.07	420.20	0.03	86.42
9	209.07	0.03	92.48	79.00	0.01	95.40	375.79	0.03	88.92
10	170.64	0.02	94.65	68.70	0.01	96.55	324.48	0.02	91.08
Genotype	IPCA1	IPCA2	ASVs	IPCA1	IPCA2	ASVc	IPCA1	IPCA2	ASVbr
1	-1.22	2.89	3.34	-2.34	-0.58	8.27	2.92	2.84	6.01
2	-1.18	2.87	3.29	-2.87	-0.64	10.12	3.13	2.65	6.25
3	-2.44	0.75	3.42	-1.46	-0.67	5.19	2.25	-0.71	4.14
4	-1.05	1.37	1.98	-2.09	-0.60	7.39	2.27	0.85	4.20
5	-1.26	-0.91	1.94	-1.29	-0.29	4.54	1.26	-2.06	3.08
6	-0.04	0.33	0.34	-1.78	0.12	6.25	1.43	-0.14	2.59
7	2.44	-2.42	4.12	0.09	0.14	0.34	-1.19	0.34	2.18
8	-0.47	-0.70	0.95	0.79	3.75	4.68	-0.49	-2.10	2.28
9	-0.80	-0.60	1.24	-0.20	-1.19	1.38	0.42	0.17	0.79
10	-1.03	-0.53	1.51	-0.59	1.26	2.43	0.90	-1.69	2.35
11	-1.26	-1.24	2.13	-0.82	0.98	3.07	0.92	-2.05	2.64

Table 5.8. Continues...

12	-1.01	-0.77	1.59	-0.69	1.30	2.75	0.76	-1.93	2.37
13	-0.61	-1.38	1.61	0.57	-0.39	2.03	-0.43	-0.76	1.09
14	0.19	-0.91	0.95	0.92	0.83	3.33	-1.02	-0.94	2.07
15	-0.57	-1.79	1.95	2.19	-1.64	7.89	-1.59	0.10	2.88
16	0.94	0.37	1.33	1.76	0.30	6.20	-1.75	0.01	3.17
17	1.86	0.20	2.54	2.58	-0.40	9.09	-2.86	0.34	5.20
18	1.29	-0.66	1.88	2.43	-0.60	8.59	-2.63	0.32	4.78
19	3.05	2.17	4.70	0.82	-1.71	3.37	-1.63	3.30	4.42
20	3.19	0.96	4.47	1.98	0.03	6.97	-2.67	1.44	5.05

**Region designation.

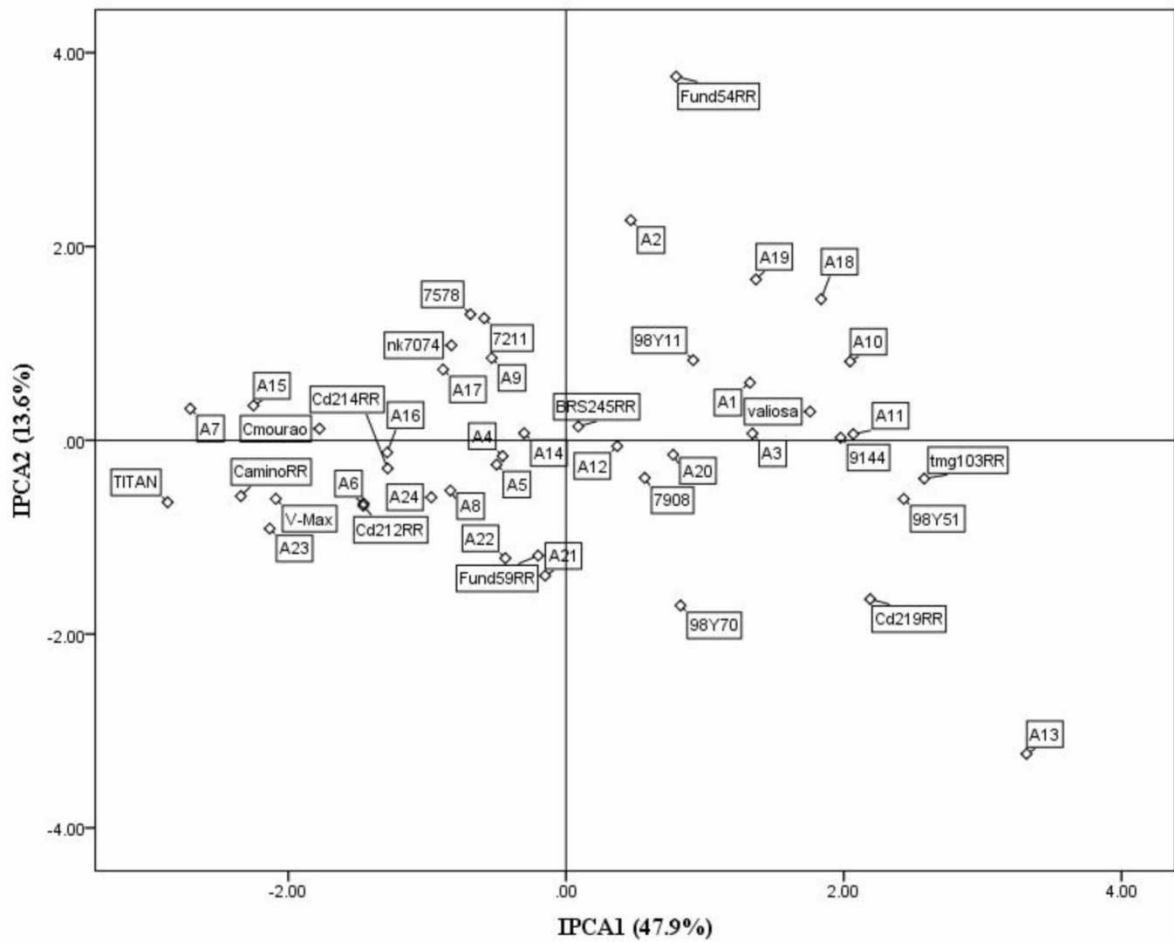


Figure 5.2. AMMI2 maturity biplot using data from the central region and showing IPCA1 x IPCA2, 20 genotypes and 24 environments.

The central region contains one environment with a consistently high stability at the Rio Verde location, as confirmed by Pacheco *et al.* (2009), who identified Rio Verde and Placas as key locations for the development of soybean breeding programs.

AMMI analysis uses the decomposition of the interaction sum of squares to find the best fit for the model. This makes it possible to identify genotypes and environments in a biplot, where the best locations, specific adaptations and genotype stabilities can be easily observed.

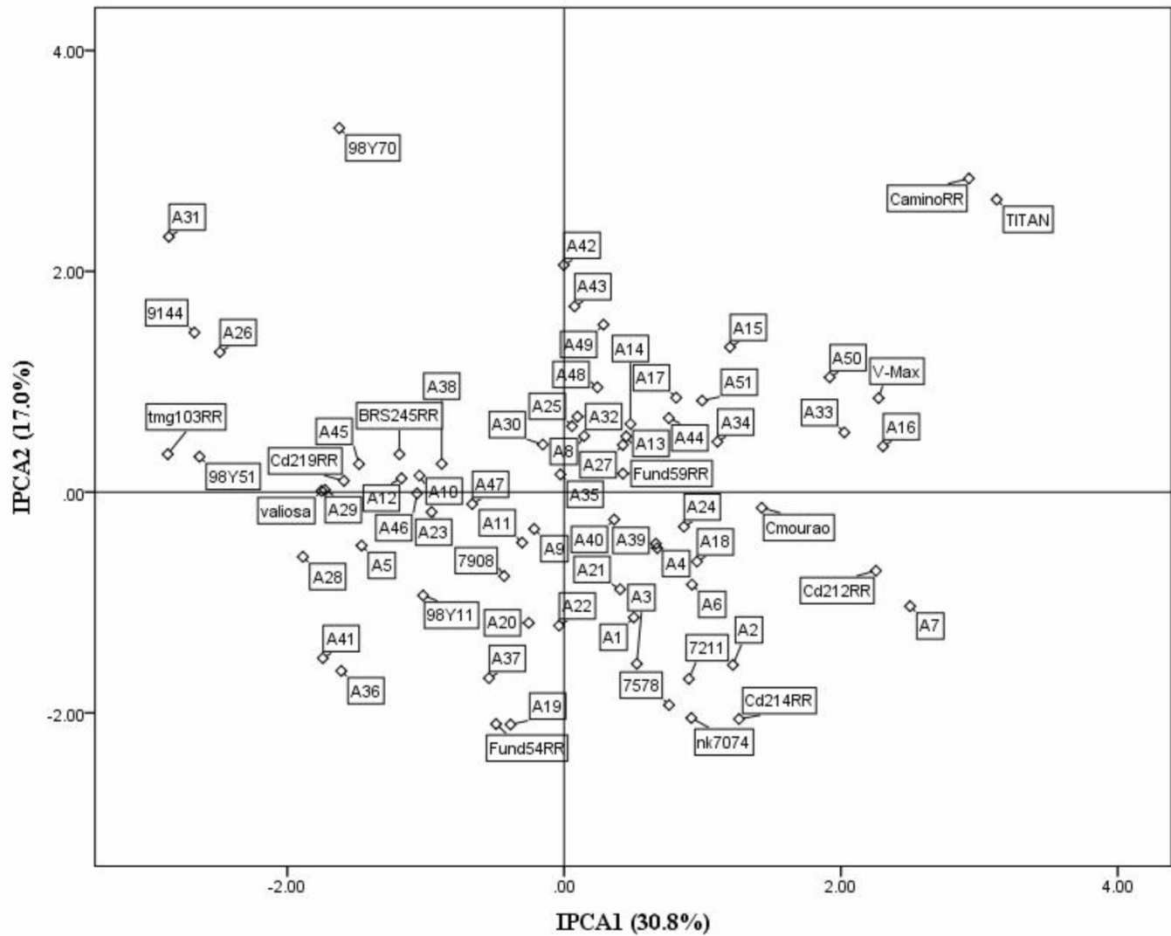


Figure 5.3. AMMI2 maturity biplot using data from all regions (Brazil) and showing IPCA1 x IPCA2, 20 genotypes and 51 environments.

The stable genotypes were found to lie in an intermediate maturation range. At least two additional cultivars that were classified as unstable but displayed lower ASVs in the latest and earliest maturation groups were also chosen. This addition was performed because the late cultivars grown in the southern region suffered greater insect infestation, which made the assessment of their maturity more difficult. The following cultivars comprise the final definition of stable cultivars for the southern region using the AMMI methodology and the corresponding ASVs (Table 5.8) for maturation (NDM) as a reference: FTS Campo Mourão RR, Fundacep 54RR, Fundacep 59RR, P98Y11 and Valiosa RR; additionally, the BMX Titan RR and M9144RR cultivars were included because of their low ASVs at the maturity extremes. For this region, five cultivars were selected as stable, four of which display determinate growth and one shows semideterminate growth.

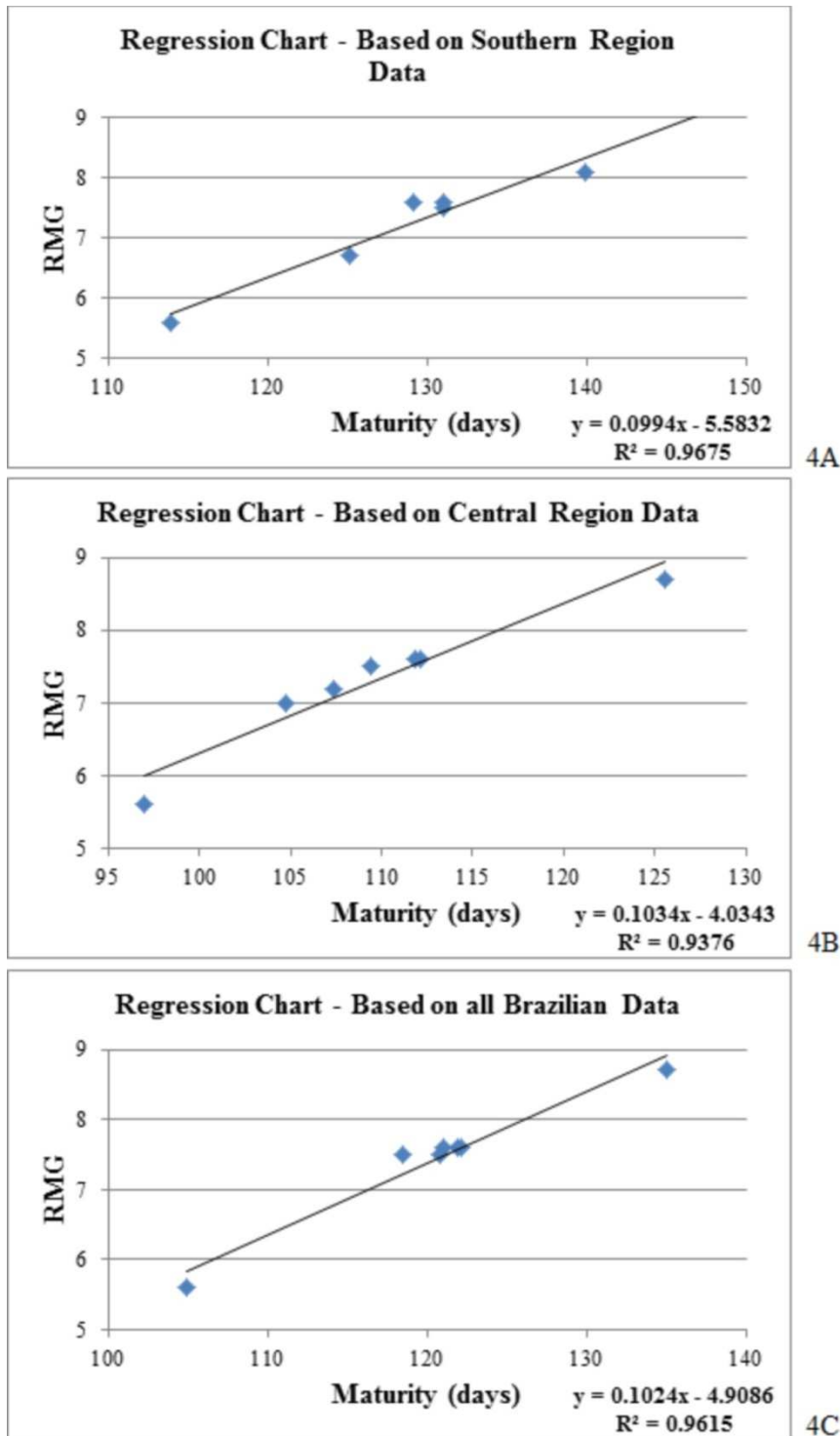


Figure 5.4. Regression plots using data obtained from the stable genotypes in the southern (4A) and central (4B) regions and all environments in Brazil (4C).

The data for the central region also demonstrated that stable genotypes occur in an intermediate maturation range. Similarly, two new cultivars were defined with extreme maturities because in this region, the early genotypes originating from the South speed up

their cycles and develop extremely early because they lack a long juvenile period, which also makes their accurate evaluation more difficult. Thus, in addition to the genotypes assigned by AMMI, Roos Camino RR and P98Y70 were also assigned to the RMG of this region. Using the lowest ASVs for maturation, the following stable cultivars were defined for the central region: BRS245RR, Fundacep 59RR, M7211RR, M7578RR and M7908RR. Five genotypes were selected as stable, only one of which having an indeterminate growth type.

When considering the joint analysis of all locations and genotypes, the most stable cultivars were also found in a narrow maturity range. The following extreme genotypes were defined by the aforementioned criterion: Roos Camino RR and P98Y70. In addition, the following were defined as stable according to the AMMI analysis: BRS245RR, Fundacep 54RR, Fundacep 59RR, M7908RR and P98Y11. All five stable genotypes were selected and demonstrated determinate growth. Only one genotype was classified as stable in all of the three location-specific analyses conducted, namely, Fundacep 59RR. The following genotypes were stable in two of the three analyses: BRS245RR, Fundacep 54RR, M7908RR and P98Y11. Figure 5.4 shows the regression plots for the three analyses conducted by region in this study according to the genotypes considered as stable. The remaining RMGs were determined using the regression equation and the maturation obtained in the analysis. In general, with small deviations from the expected results, the methodology was efficient in calculating the RMGs on a broad scale. The same result was obtained in the study by Alliprandini *et al.* (2009) in which the RMGs could also be established on a broad scale.

Table 5.9 shows the RMG values calculated through linear regression from the most stable cultivars for each region using the mean maturation values obtained in the trials and the previously published RMGs for comparison (Alliprandini *et al.*, 2013). This table shows the RMGs calculated using the data from the southern region, all of which were within expectations, with the small exception of late cultivars and those originating from the central region. In other words, analysis of the data from the southern region allows the classification of practically all the genotypes into one wide maturity spectrum; however, the inclusion of comparison genotypes with long juvenile periods and extremely late maturity must be avoided. Still, the data in Table 9 from the central region were mostly adequate to calculate the RMGs, with the exception of the earlier material and that originating from the southern region, which did not fit the regression well.

Table 5.9. Relative maturity groups (RMGs) defined by regression for the southern, central and Brazil regions using stable cultivars as determined through AMMI analysis (Zobel et al., 1988), the number of days to maturity (NDM) in the central (C) and southern (S) regions and the respective tabulated RMG values.

Genotype	NDM C/S	Calculated RMG			Tabulated RMG
		Southern	Central	Brazil	
Roos Camino RR	96/112	5.6	6.0	5.8	5.6
BMX TITAN RR	98/114	5.7	6.1	6.0	5.6
CD212RR	98/118	6.2	6.1	6.2	6.3
V-MaxRR	101/121	6.4	6.4	6.5	6.4
CD214RR	101/124	6.8	6.4	6.7	6.8
FTS C.MOURÃO RR	104/125	6.9	6.7	6.9	6.7
BRS245RR	105/126	7.0	7.3	7.2	7.5
FUND.54RR	109/127	7.4	7.3	7.5	7.5
FUND.59RR	106/127	7.3	7.5	7.5	7.6
M7211RR	107/129	7.0	6.8	7.0	7.0
NK7074	109/131	7.0	6.9	7.1	7.0
M7578RR	112/129	7.2	7.1	7.2	7.2
M7908RR	112/131	7.4	7.6	7.6	7.6
P98Y11	112/131	7.4	7.5	7.6	7.6
CD219RR	118/134	7.7	8.2	8.1	8.2
VALIOSA RR	119/140	8.3	8.3	8.4	8.1
TMG103RR	121/141	8.4	8.5	8.6	8.3
P98Y51	123/141	8.5	8.7	8.7	8.6
P98Y70	126/144	8.7	8.9	8.9	8.7
M9144RR	129/149	9.2	9.3	9.4	9.2
Southern $y = 0.0994x - 5.5832$		$R^2 = 0.967$			
Central $y = 0.1034x - 4.0343$		$R^2 = 0.937$			
Brazil $y = 0.1024x - 4.9086$		$R^2 = 0.961$			

In the general analysis with all the data from all the locations, the calculated RMGs were also in agreement with the expected results, with the exception of the earlier genotypes from the southern region and very late genotypes (Table 5.9). The analyses for the central region and for all locations and genotypes were similar to one another, but the analysis of the central region is more precise and should be used as a reference to classify the genotypes for Central region. The fact that stable genotypes were found in a better fitted spectrum suggests that new cultivars and new environments should be used, given the constant need to update RMG tables.

The data from the southern region also showed a good fit and can be used for this region. Therefore, further studies on this subject are of great importance, including the examination of more genotypes and test locations so that the network may be expanded, and the reliability of the RMGs may thereby be improved.

5.4 CONCLUSION

The genotypes considered to be stable should be used as references in future trials of this nature. The relative maturity groups (RMGs) determined here provided good estimates, as expected, proving to be valid for all of Brazil without undergoing significant changes depending on the test region or the germplasm being assessed. The RMGs are an important reference for the soybean production chain. The AMMI methodology can be used to calculate RMGs. The partition of regions may or may not be performed, depending on the specific objectives of each breeding program.

5.5 ACKNOWLEDGMENTS

The authors would like to thank the following researchers and companies that contribute to this work: Leonardo Oliveira and Eduardo Lambert (MONSOY); Luis Prado and Fernando Miranda (PIONEER); Marco Antonio Rott (COODETEC); Andreomar Kurek (SYNGENTA); Cleiton Steckling (FUNDACEP); Carlos Pitol (FUNDAÇÃO MS); Nizio Giasson and Marcos Matsumoto (DON MARIO); Paulo Bertagnolli and Maria do Rosário Teixeira (EMBRAPA); Anderson Dona (WEHRTEC) and Luis Stabile (SOYTECH).

5.6 REFERENCES

- Alliprandini, L.F., C. Abatti, P.F. Bertagnolli, J.E. Cavassim, H.L. Gabe, A. Kurek, M.N. Matsumoto, M.A.R. Oliveira, C. Pitol, L.C. Prado and C. Steckling, 2009. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. *Crop Sci.*, 49: 801-808. DOI: 10.2135/cropsci2008.07.0390.
- Alliprandini, L.F., J.E. Cavassim, M.A.R. Oliveira, M.N. Matsumoto, L.C. Prado, C. Pitol, C. Steckling, P.F. Bertagnoli, A. Kurek, M.K. Kamikoga, A. Dona, N.F. Giasson, C. Abatti, G.D. Silveira and C. Takeda, 2013. Classificação de cultivares de soja em Grupos de Maturidade Relativa no Brasil, durante as safras de 2001/2002 a 2011/2012 [Soybean cultivar classification into relative maturity groups in Brazil during the harvests from 2001/2002 to 2011/2012]. In: Summaries of the 7^o Congresso de Melhoramento de Plantas [Conference for Plant Breeding]. 5-8 August 2013. SBMP, Uberlândia, MG, Brazil.
- Alliprandini, L.F., J.F.F. Toledo, N. Fonseca Jr., L.A. Almeida and R.A.S. Kiihl, 1994. Efeitos da interação genótipo x ambiente sobre a produtividade da soja no Estado do Paraná [Effects of genotype x environment interaction on soybean yield in Paraná state, Brazil]. *Pesq. Agropec. Bras.*, 29: 1433-1444.
- Bruns, H.A., 2009. A survey of factors involved in crop maturity. *Agron. J.*, 101: 60-66. DOI: 10.2134/agronj2007.0271R.
- Carvalho, C.G.P., C.A.A. Arias, J.F.F. Toledo, L.A. Almeida, R.A.S. Kiihl and M.F. Oliveira, 2002. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná [Genotype x environment interaction on soybean yielding performance in Paraná state]. *Pesq. Agropec. Bras.*, 37: 989-1000. DOI: 10.1590/S0100-204X2002000700013.
- Céleres, 2012. Relatório biotecnologia [Biotechnology report]. Uberlândia: Céleres Consultoria.
- Cruz, C.D., 2001. Programa genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística [Genes program: Windows version; computational application for genetics and statistics]. Viçosa: Editora UFV.
- Cucolotto, M., V.C. Pípolo, D.D. Garbuglio, N.S. Fonseca Jr., D. Destro and M.K. Kamikoga, 2007. Genotype x environment interaction in soybean: evaluation through three methodologies. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.*, 7: 270-277.

- Destro, D., V. Carpentieri-Pípolo, R.A.S. Kiihl and L.A. Almeida, 2001. Photoperiodic and genetic control of the long juvenile period in soybean: a review. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.*, 1: 72-92. DOI: 10.13082/1984-7033.v01n01a10.
- Duarte, J.B. and R. Vencovsky, 1999. Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI [Genotype-environment interaction: an introduction to AMMI analysis]. Monograph series. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética [Brazilian Society of Genetics].
- Fehr, W.R. and C.E. Caviness, 1977. Stages of soybean development. Spec. Rep. 80. Ames, IA: Iowa State University.
- Gauch, H.G., and R.W Zobel, 1996. AMMI analysis of yield trials. In: *Genotype-by-Environment Interaction*, Kang, M.S., and H.G. Gauch, (Eds.). New York: CRC Press, pp: 85-122.
- George, T., D.P. Bartholomew and P.W. Singleton, 1990. Effect of temperature and maturity group on phenology of field grown nodulating and nonnodulating soybean isolines. *Biotronics*, 19: 49-59.
- Guerra, E.P., R.A. Oliveira, E. Daros, J.L.C. Zambon, O.T. Ido, and J.C. Bessalho Filho, 2009. Stability and adaptability of early maturing sugarcane clones by AMMI analysis. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.*, 9: 260-267.
- Hassanpanah, D., 2010. Analysis of GxE interaction by using the additive main effects and multiplicative interaction in potato cultivars. *Int. J. Plant Breed. Genet.*, 4: 23-29. DOI: 10.3923/ijpbg.2010.23.29
- Kantolic, A.G. and G.A. Slafer, 2007. Development and seed number in indeterminate soybean as affected by timing and duration of exposure to long photoperiods after flowering. *Ann. Bot.*, 99: 925-933. DOI: 10.1093/aob/mcm033; PMID: 17452381.
- Kempton, R.A., 1984. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *J. Agric. Sci.*, 103: 123-135. DOI: 10.1017/S0021859600043392.
- Maia, M.C.C., N.A. Vello, M.M. Rocha, J.B. Pinheiro and N.F. Silva Jr., 2006. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agrônômicos através de método uni-multivariado [Adaptability and stability of soybean experimental lines selected for agronomic traits and insect resistance by

- uni-multivariate method]. *Bragantia*, 65: 215-226. DOI: 10.1590/S0006-87052006000200004.
- Mandel, J., 1971. A new analysis of variance model for nonadditive data. *Technometrics*, 13: 1-18.
- Meotti, G.V., G. Benin, R.R. Silva, E. Beche and L.B. Munaro, 2012. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja [Sowing dates and agronomic performance of soybean cultivars]. *Pesq. Agropec. Bras.*, 47: 14-21. DOI: 10.1590/S0100-204X2012000100003.
- Nogueira, A.P.O., T. Sedyama, L.B. Sousa, O.T. Hamawaki, C.D. Cruz, D.G. Pereira and E. Matsuo, 2012. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura [Path analysis and correlation among traits in soybean grown using two sowing dates]. *Biosci. J.*, 28: 877-888.
- Oliveira, A.B., J.B. Duarte, L.J. Chaves and M.A. Couto, 2006. Environmental and genotypic factors associated with genotype by environment interactions in soybean. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.*, 6: 79-86.
- Pacheco, R.M., J.B. Duarte, P.I.M. Souza, S.A. Silva and J. Nunes Jr., 2009. Key locations for soybean genotype assessment in Central Brazil. *Pesq. Agropec. Bras.*, 44: 478-486. DOI: 10.1590/S0100-204X2009000500007.
- Peluzio, J.M., R.D. Almeida, R.R. Fidelis, D. Almeida Jr., E.L., Brito and E.R. Francisco, 2005. Correlações entre caracteres de soja, em Gurupi, Tocantins [Correlations among traits of soybean in Gurupi, Tocantins]. *Rev. Ceres*, 52: 779-786.
- Purchase, J.L., H. Hatting and C.S. Van Deventer, 2000. Genotype \times environment interaction of winter wheat in South Africa: II. Stability analysis of yield performance. *S. Afr. J. Plant Soil*, 17: 101-107. DOI: 10.1080/02571862.2000.10634878.
- Sadeghi, S.M, H. Samizadeh, E. Amiri and M. Ashouri, 2011. Additive main effects and multiplicative interactions (AMMI) analysis of dry leaf yield in tobacco hybrids across environments. *Afr. J. Biotechnol.*, 10: 4358-4364. DOI: 10.5897/AJB09.1291.
- Silva, W.C.J. and J.B. Duarte, 2006. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja [Statistical methods to study phenotypic adaptability and stability in soybean]. *Pesq. Agropec. Bras.*, 41: 23-30. DOI: 10.1590/S0100-204X2006000100004.

SIMEPAR. Previsão climática para o Verão/2009 [Climate prediction for Verão/2009].

Available from: http://www.simepar.br/tempo/clima/aviso_verao2009.htm [Accessed 20 Dec 2011].

Zhang, L.X., S. Kyei-Boahen, J. Zhang, M.H. Zhang, T.B. Freeland, C.E. Watson Jr. and X.M. Liu, 2007. Modifications of optimum adaptation zones for soybean maturity groups in the USA. *Crop Manage.* Available from: <http://www.plantmanagementnetwork.org/pub/cm/research/2007/zone/> DOI: 10.1094/CM-2007-0927-01-RS.

Zobel, R.W., M.J. Wright and H.G. Gauch, 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.*, 80: 388-393. DOI: 10.2134/agronj1988.00021962008000030002x.

6 METODOLOGIA GGE NA IDENTIFICAÇÃO DE MEGA-AMBIENTES E ESTABILIDADE EM SOJA PARA A CLASSIFICAÇÃO EM GRUPOS DE MATURIDADE

RESUMO

A identificação de mega-ambientes e a classificação de genótipos de soja em grupos de maturidade distintos é de grande importância para a avaliação, seleção e produção de cultivares para o Brasil. O objetivo deste trabalho foi identificar através da análise GGE Biplot, os mega-ambientes na divisão pré-estabelecida para a região de altas latitudes (AL) e a região de baixas latitudes (BL) e depois estabelecer uma classificação de referência para Grupos de Maturidade Relativa (GMR) a partir da verificação dos genótipos mais estáveis. Para isso, utilizou-se de nove cultivares comerciais de soja adaptadas para a região AL e 11 cultivares comerciais de soja adaptadas a região BL. A avaliação foi realizada para número de dias para a maturidade (NDM), em nove ambientes na região AL e oito ambientes na região BL, durante as safras 2008-2009-2010. A avaliação segundo a metodologia GGE Biplot, não identificou diferentes mega-ambientes e definiu os seguintes genótipos como estáveis para a região AL: Roos Camino RR, Fundacep 59 RR, Fundacep 54 RR, BMX Titan RR e CD 214 RR e os genótipos: M7211 RR, M7578 RR, NK 7074 RR, P98Y51 e TMG103 RR para a região BL. Os GMR obtidos neste trabalho devem ser utilizados separadamente para cada região. Essa metodologia pode ser uma referência para o estabelecimento de maturidade relativa de soja para todo o Brasil.

Palavras-chave: *Glycine max.* (L.) Merrill, Interação genótipos x ambientes, GGE Biplot

**GGE methodology to identify mega-environments and stability in soybean for the
classification into maturity groups**

ABSTRACT

The identification and classification of mega-environments for soybeans and the understanding of maturity groups is very important for the evaluation, selection and production in Brazil. The objectives of this study was to identify through GGE Biplot analysis, the mega-environments in the High Latitude (HL) and Low Latitude (LL) regions and then establish a reference classification for Relative Maturity Groups (GMR) from stable genotypes. We used nine commercial soybean cultivars adapted to the HL region and 11 commercial soybean cultivars adapted to the LL region. The evaluation was performed for the number of days to maturity (NDM) in 9 environments in HL region and eight in the LL region, during 2008-2010 seasons. The evaluation by GGE Biplot did not identified mega-environments and the following genotypes were stable in HL region: Roos Camino RR, Fundacep 59 RR, Fundacep 54 RR, BMX Titan RR, CD214 RR, and the following genotypes M7211 RR, M7578 RR, NK 7074 RR, P98Y51, TMG103 RR for LL region. The GMR obtained in this work should be used separately for each region and can be a reference for GMR in Brazil.

Keywords: *Glycine max* (L.) Merrill, Genotype-environment interaction, GGE Biplot

6.1 INTRODUÇÃO

Recentemente, diversas empresas de melhoramento genético de soja têm iniciado seus programas de melhoramento no Brasil. Dadas as dimensões de nosso país, as empresas buscam em primeiro momento, estabelecer-se nas regiões com maior demanda e posteriormente, montam suas bases em novos locais. Um dos grandes desafios da pesquisa em soja é o estabelecimento do local ideal para se realizar as seleções. Esse é um dilema e nem sempre há um consenso entre os pesquisadores. Segundo Yan e Kang (2002), para o entendimento do comportamento das cultivares em diversas situações de ambientes, o melhorista precisa conhecer as causas da interação genótipos x ambientes (GxA) para fazer previsões mais eficazes a respeito da performance dos genótipos frente a uma série de ambientes.

Essa variação intrínseca aos experimentos agrícolas, pode ser decomposta em uma série de efeitos, a fim de facilitar o entendimento do pesquisador. Como exemplo, a variação entre anos agrícolas, os diferentes locais de plantio, as diferenças em altitudes e latitudes são influenciados em distintos graus a cada momento. Essa é a interação, que pode ser simples ou complexa. Ela pode ser descrita como sendo a alteração na performance relativa dos genótipos, em virtude das diferenças dos ambientes. A metodologia GGE permite que se faça o estudo da interação GxA, pois define não apenas os genótipos com melhor comportamento, mas também aqueles que são menos influenciados pela interação, dessa forma definindo a adaptação de uma cultivar (YAN e KANG, 2002). Assim, torna-se necessário o entendimento de como se pode realizar divisões em termos ambientais, a fim de entendimento e classificação da soja.

Diversos trabalhos tem explorado o potencial da metodologia GGE Biplot, a fim de explicar os efeitos de interação, bem como comportamentos de genótipos e ambientes. Rakshit et al. (2012) verificaram em sorgo a existência de três mega-ambientes a partir de 12 locais e concluíram a respeito da magnitude dos efeitos, com cerca de 59,3-89,9% da variância aos ambientes, 3,9-16,8% devidos aos genótipos e 5,8-25,7% devido aos efeitos da interação genótipos x locais. Akash et al. (2009) utilizaram a metodologia em trigo e verificaram que os primeiros componentes explicaram 83,5 e 13,9% da soma de quadrados e conseguiram identificar genótipos superiores em ambientes específicos. Em outro trabalho com trigo, Kaya et al. (2006) utilizaram 9 locais de testes e agruparam estes em dois mega-ambientes, sendo um dos ambientes altamente discriminativo para genótipos.

A versatilidade do método não se aplica apenas a identificar genótipos superiores em termos de produtividades, mas pode ser utilizada para qualquer tipo de caracter. Segundo Sibiya et al. (2013), foi possível identificar a ausência de interações cruzadas e associações positivas entre os ambientes de teste para doenças no milho, possibilitando a identificação de locais específicos para o rastreio da doença.

Com a metodologia GGE, pode-se obter os cultivares mais estáveis considerando-se uma característica, tal como a maturação e, a partir de então, obter uma classificação relativa. Anteriormente, as empresas utilizavam-se de agrupamentos das cultivares de forma simples em relação a maturação, denominando-as de precoces, semiprecoces, médias, semitardias e tardias (ALLIPRANDINI et al., 1994). Porém, essa classificação tem validade e efeito apenas local. Ao mudarmos a época de plantio ou mesmo o local, alteramos o comportamento da cultivar, dada a sensibilidade ao fotoperíodo crítico, que é afetada pelas latitudes onde se cultiva a soja. No Hemisfério Norte, o método da maturidade relativa classifica os cultivares em grupos que vão desde o Grupo 00, ao norte até o Grupo VIII, mais ao sul (ZHANG et al., 2007). As faixas de adaptação de cada grupo de maturidade americano situam-se entre 200 e 300 km na direção norte-sul nos Estados Unidos (BRUNS, 2009). O método tem se mostrado bastante útil, pois classifica a cultivar em maturidades distintas e basicamente define a região de adaptação da mesma. Isso torna-se importante tanto para o zoneamento agrícola como para o planejamento da safra por parte do agricultor. Alliprandini et al. (2009), trabalhando com soja convencional, utilizaram dados de maturidade de dois anos com a cultura e publicaram o primeiro trabalho sobre GMR e segundo os autores, o trabalho apresenta resultados que permitem classificar a soja em GMR em base ampla. O trabalho pioneiro foi desenvolvido em conjunto com diversas empresas, para o estabelecimento de uma rede de testes e entendimento sobre os Grupos de Maturidade Relativa.

O objetivo deste trabalho foi identificar se existem mega-ambientes nas regiões de alta latitude (AL) e de baixa latitude (BL), considerando a pré-divisão conhecida pelos melhoristas através da análise GGE de mega-ambientes e depois, caso estes existam, definir os genótipos estáveis e então, estabelecer a classificação da maturação da soja em Grupos de Maturidade Relativa. Assim, as empresas de melhoramento genético poderão basear-se na tabela relativa da maturidade para classificar novas linhagens e cultivares.

6.2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas nove cultivares comerciais de soja, todas geneticamente modificadas para a resistência ao glifosato, provenientes de empresas de melhoramento genético de soja no Brasil e com diferentes atributos de maturação e tipos de crescimento, para a região de altas latitudes (AL) e 11 cultivares comerciais de soja, todas com resistência ao glifosato, oriundas pelo mesmo processo anterior, com diferentes tipos de crescimento, maturação e apresentando período de juvenilidade longo, a fim de adaptação regional a região de baixas latitudes (BL) (Tabela 6.1). Na região AL foram definidos nove ambientes distintos e na região BL oito ambientes, conforme descrito na Tabela 6.2, totalizando portanto 17 ambientes. Os experimentos foram avaliados durante as safras agrícolas 2008/2009, 2009/2010 e 2010/2011, visando avaliar os diferentes comportamentos em relação à maturação dos genótipos.

Nas áreas experimentais, foi realizada uma dessecação prévia e adubação de plantio. Através do plantio direto, foi realizada a semeadura, de preferência na primeira quinzena de novembro para diminuir efeitos do fotoperiodismo. Os controles fitossanitários foram feitos em todas as parcelas, que correspondeu a quatro linhas com 5,0 metros de comprimento e espaçamento de 0,5 metro, sendo as duas linhas externas as bordaduras, perfazendo uma área útil de 5,0 m².

O delineamento experimental foi de blocos casualizados, com duas repetições em cada ano experimental. Foram realizadas as avaliações de maturação na parcela, considerando-se o número de dias desde o plantio até o estágio R₈, onde pelo menos 95% das vagens apresentam-se maduras (FEHR e CAVINESS, 1977). Após a obtenção dos dados, os dados foram agrupados de acordo com os ambientes, sendo considerados os ambientes da região AL em separado da região BL do Brasil.

Os dados foram submetidos a análise pelo programa GGE Biplot, desenvolvido por Yan et al. (2000) a fim de determinar os mega-ambientes e a estabilidade dos genótipos, que servem de referência aos Grupos de Maturidade Relativa.

Para os dados da região AL, obtiveram-se os escores ano a ano, para a identificação de mega-ambientes. A visualização da performance média e das estabilidades se deu através da coordenada AEC, a qual foi plotada sobre o ambiente médio e representada por um pequeno círculo no gráfico. Depois, traça-se uma linha, onde passa pela origem do biplot e o ambiente médio, criando assim uma abscissa AEC, que nesse caso representa o genótipo e a performance média.

Tabela 6.1. Descrição dos 20 genótipos de soja, alocados nas regiões de alta e baixa latitudes (AL e BL), quanto a tipo de crescimento, presença de período juvenil longo (P JL) e grupo de maturidade relativa (GMR), de acordo com Alliprandini et al., (2013).

	Genótipos (AL)	Tipo Crescimento	P JL	GMR
1	Roos Camino RR	Indeterminado	Não	5.6
2	BMX Titan RR	Indeterminado	Não	5.6
3	CD 212 RR	Determinado	Não	6.3
4	V-MAX RR	Indeterminado	Não	6.4
5	CD 214 RR	Determinado	Não	6.8
6	FTS Campo Mourão RR	Semideterminado	Não	6.7
7	BRS 245 RR	Determinado	Sim	7.5
8	Fundacep 54 RR	Determinado	Não	7.5
9	Fundacep 59 RR	Determinado	Não	7.6
	Genótipos (BL)	Tipo Crescimento	P JL	GMR
10	M7211 RR	Indeterminado	Sim	7.0
11	NK 7074 RR	Determinado	Sim	7.1
12	M7578 RR	Determinado	Sim	7.2
13	M7908 RR	Determinado	Sim	7.6
14	P98Y11	Determinado	Sim	7.6
15	CD 219 RR	Determinado	Sim	8.2
16	Valiosa RR	Determinado	Sim	8.1
17	TMG103 RR	Determinado	Sim	8.3
18	P98Y51	Determinado	Sim	8.6
19	P98Y70	Determinado	Sim	8.7
20	M9144 RR	Determinado	Sim	9.2

Perpendicularmente, cria-se a AEC ordenada, a qual identifica as interações genótipos x ambientes e portanto, as instabilidades dos genótipos. Dessa forma, as projeções dos genótipos sobre essa linha de abscissa, indicam a estabilidade. Quanto maiores as projeções, mais instáveis (YAN et al. 2000). Posteriormente, definiu-se os genótipos mais estáveis. Da mesma forma, analisou-se ano a ano a região BL e identificou-se quais os genótipos estáveis para esta região do Brasil. Em última análise, foram agrupados todos os dados, considerando-se todos os ambientes em uma única análise.

Tabela 6.2. Descrição dos ambientes de avaliação de cultivares de soja, nas safras 2008-2011.

Ambientes (AL)	Local	Altitude (m)	Latitude
1	Cruz Alta	452	28°60' S
2	Passo Fundo	660	28°45' S
3	Passo Fundo2	687	28°30' S
4	Cascavel	750	25°10' S
5	Cascavel2	781	25°05' S
6	Palotina	333	24°30' S
7	Rolândia	645	23°20' S
8	Dourados	450	22°20' S
9	Maracaju	384	21°60' S
Ambientes (BL)	Local	Altitude (m)	Latitude
1	S.Gabriel Oeste	650	19°40' S
2	Goiatuba	750	18°05' S
3	Morrinhos	850	17°95' S
4	Rio Verde	715	17°80' S
5	Cristalina	1189	16°80' S
6	Sorriso	355	12°20' S
7	Porto Nacional	240	10°70' S
8	Balsas	245	7°05' S

AL: altas latitudes; BL: baixas latitudes

Não havendo ambientes discrepantes, que formem agrupamentos distintos, os mesmos podem ser descartados e nova análise refeita. Assim, consegue-se eliminar ambientes indesejáveis e estabelecer de forma mais adequada os genótipos com maior estabilidade. Dessa forma, definiu-se os genótipos estáveis e, através dos mesmos realizou-se análise de regressão. Com a equação de ajuste, envolvendo a data de maturação e testemunhas com GMR estabelecidos (ALLIPRANDINI et al., 2009), os demais genótipos foram calculados em seus GMR e comparados com aqueles divulgados por Alliprandini et al. (2013).

6.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

6.3.1 Anova

Os dados da análise conjunta para a característica número de dias para a maturação (NDM) para as regiões AL e BL, estão apresentadas na Tabela 6.3.

Tabela 6.3. Resumo da análise de variância para a característica número de dias para a maturação (NDM) de cultivares de soja avaliadas nas regiões de baixa latitude (BL) e alta latitude (AL)

FV	GL (BL)	SQ (BL)	GL (AL)	SQ (AL)
(B / L)	24	66.9	27	43.8
Genótipos (G)	10	33122.2**	8	18790.9**
Anos (A)	2	2216.1 ^{ns}	2	5126.8*
Locais (L)	7	46557.7**	8	55390.5**
G x A	20	328.6 ^{ns}	16	1557.4**
G x L	70	2447.1**	64	1978.6**
A x L	14	12295.5**	16	100050.8**
G x A x L	140	2300.2**	128	2987.2**
Resíduo	240	514.5	216	217.6
Média (dias)		116.2		122.3
Herdabilidade(%)		98.9		95.5
CV (%)		1.2		0.8

^{ns} Não significativo; * significante a 5% de probabilidade ($p < 0.05$); **significante a 1% de probabilidade ($p < 0.01$); FV, fonte de variação; GL, graus de liberdade; SQ, soma de quadrados; CV, coeficiente de variação.

Pelos dados da Tabela 6.3 verificam-se as magnitudes das interações ocorridas e os efeitos de cada componente. Nota-se grande influência dos genótipos, que são muito contrastantes, distintos em cada região e também apresentaram significância (Tabela 6.3). Para a região BL, o fator anos não foi significativo e com exceção da interação genótipos x anos, onde não houve significância, todas as demais interações foram significativas, com maior magnitude na interação anos x locais, demonstrando a importância de se efetuarem testes em localidades distintas e com importância agrônoma para o cultivo da soja.

Na análise da região AL, todas as interações foram significativas e também a maior magnitude foi devida a interação anos x locais. Para a região AL, dadas as características de relevo, a escolha de diversos ambientes de testes bem como a avaliação em diferentes anos é de extrema importância num programa de melhoramento, pois sabidamente nessa região ocorrem períodos de veranicos e frequentemente perdas em lavouras, conforme destaca Battisti et al. (2012).

6.3.2 Análises GGE na região AL

Inicialmente foram realizadas as análises para a região AL, para o ano de 2008. Observou-se que existe praticamente apenas um único grupo, composto por quase todas as localidades nos vértices 1 e 5 (Figura 6.1). Apenas Dourados apresentou-se em separado, no vértice 1 e 2. visualizados na Figura 6.1. Nessa situação, PC1 representou 81,6% e PC2 13,4%. Através da análise “quem ganhou onde” verifica-se que o genótipo com maior adaptabilidade foi Fundacep 54RR. Outro item importante nessa análise de mega-ambientes é a relação entre os ambientes. Isso se torna importante para definir se os locais se enquadram no mesmo mega-ambiente, serve também para identificar os melhores ambientes para testes e também como seleção indireta (YAN e KANG, 2002).

Na região AL, ano de 2008, como exemplo, obteve-se a Tabela 6.4, mostrando que os ambientes estão positivamente correlacionados. Isso é verificado devido ao cosseno do ângulo entre as coordenadas ser menor que 90° . No geral, ocorre alto grau de correlação, com valores menores entre Cruz Alta e os locais Dourados e Maracaju; e também menores entre Cascavel com Dourados e Maracaju. Valores positivos e negativos de correlação também foram encontrados por Mattos et al. (2013) ao analisarem TPH em cana-de-açúcar. Porém, neste trabalho, em nenhuma situação ocorreu correlação negativa, o que indicaria ambientes contrastantes e possivelmente outro mega-ambiente.

Mesmo sabendo-se que na região oeste do Paraná ocorreu um período de estiagem no ano de 2008 (SIMEPAR, 2009), isso não se refletiu na variação da maturidade das cultivares de soja.

Tabela 6.4. Correlação entre os ambientes de teste, na região de altas latitudes (AL), em avaliação de cultivares de soja no ano de 2008.

	Pfa	Pfb	Casa	Casb	Pal	Rol	Dou	Mara
Cruz	0.767	0.726	0.935	0.971	0.743	0.677	0.485	0.570
Pfa		0.970	0.722	0.675	0.891	0.951	0.805	0.884
Pfb			0.739	0.670	0.928	0.924	0.848	0.884
Casa				0.965	0.845	0.711	0.586	0.645
Casb					0.749	0.619	0.504	0.538
Pal						0.929	0.882	0.888
Rol							0.898	0.970
Dou								0.944

Cruz: Cruz Alta; Pfa: Passo Fundo Local A; Pfb: Passo Fundo Local B; Casa: Cascavel Local A; Casb: Cascavel Local B; Pal: Palotina; Rol: Rolândia; Dou: Dourados

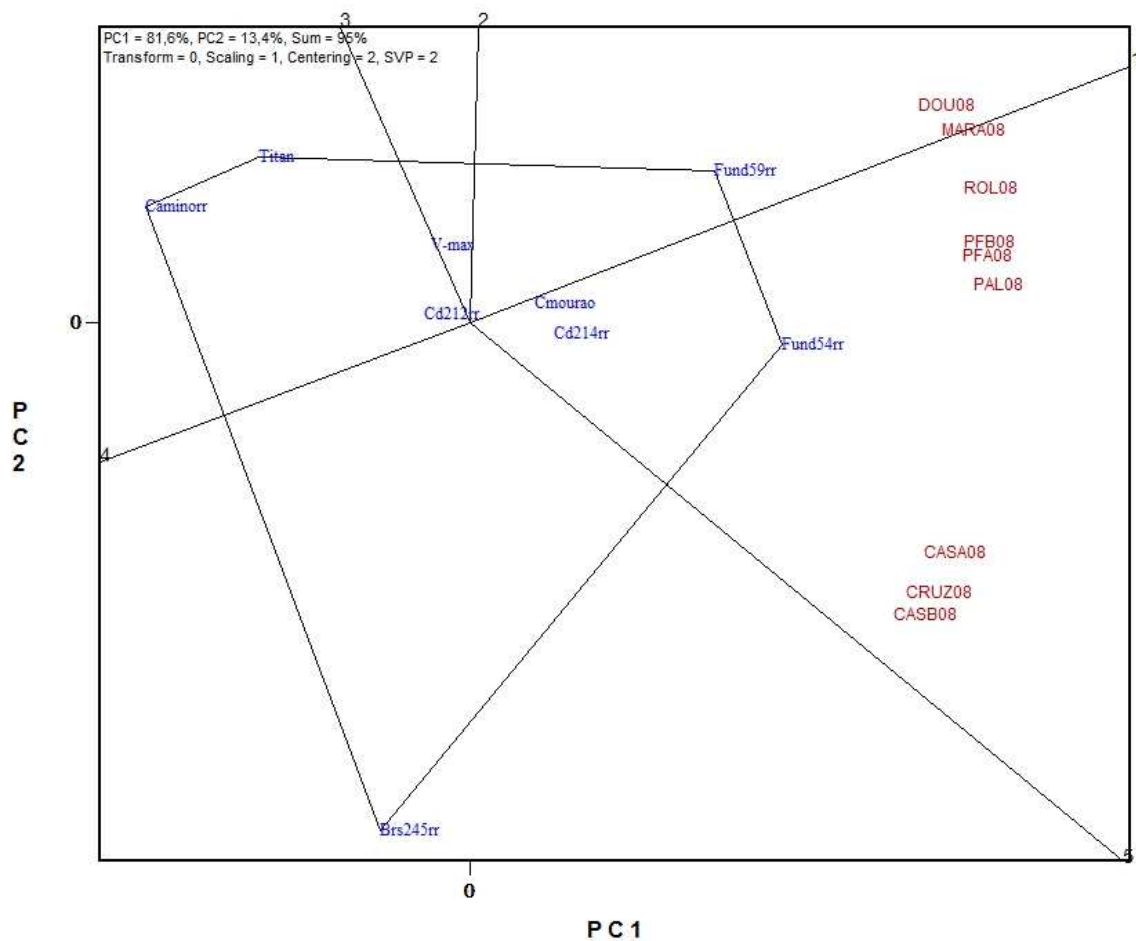


Figura 6.1. GGE Biplot com dados da região de altas latitudes (AL), em análise de cultivares de soja no ano 2008.

Ainda na região AL, com dados obtidos na safra 2009, observa-se um local distinto, Cruz Alta, que está entre os vértices 1 e 7, formando um agrupamento diferente, porém nos demais locais não existe uma separação de ambientes (Figura 6.2). Na análise de correlação entre os ambientes, todos foram positivos e com alto grau de correlacionamento, evidenciando ambientes muito próximos. A Figura 6.2 mostra o gráfico biplot para o ano de 2009, onde verifica-se os ambientes bem agrupados entre os vértices 1 e 2.

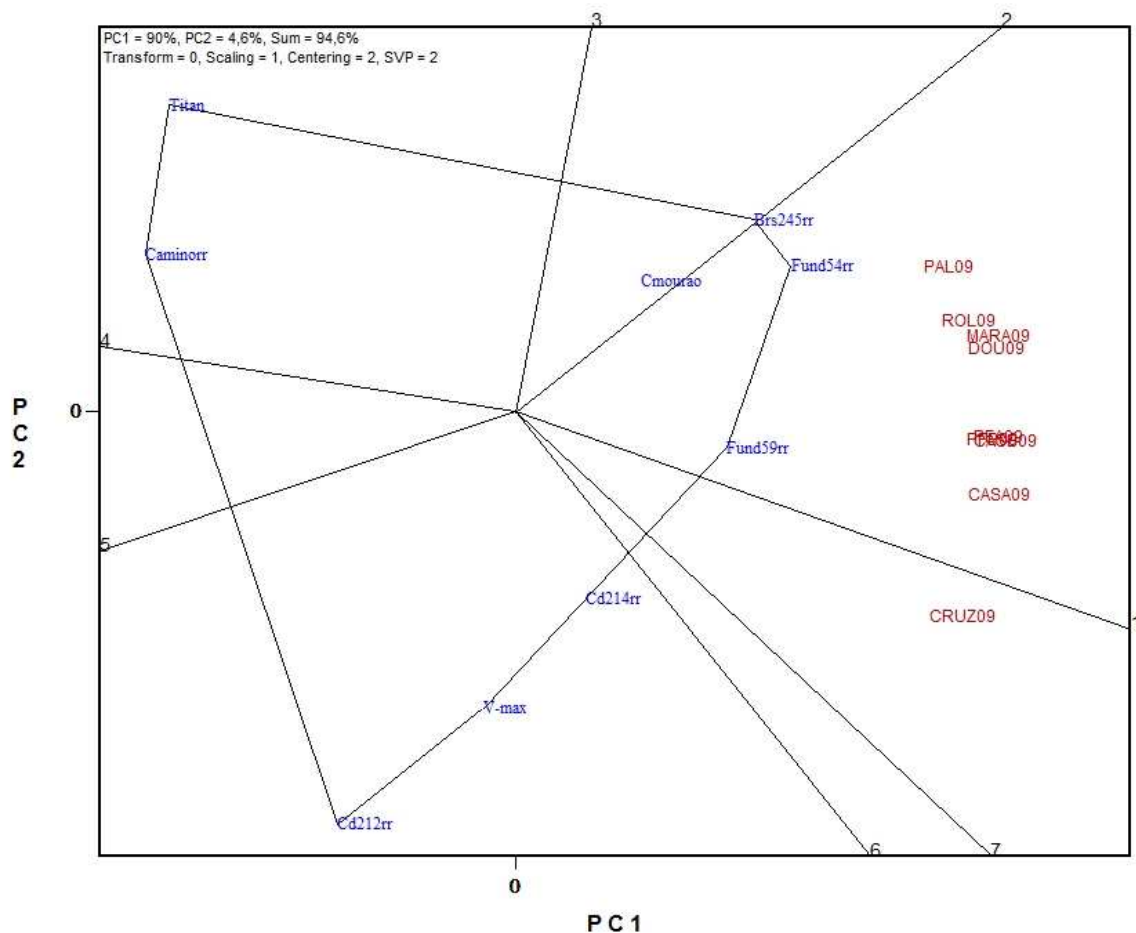


Figura 6.2. GGE Biplot com dados da região de altas latitudes (AL), em análise de cultivares de soja no ano 2009.

Para o ano de 2010 na região AL, observa-se uma tendência de separação dos ambientes, com os ambientes Cascavel B, Dourados e Maracaju formando outro agrupamento na parte superior, entre os vértices 1 e 2 (Figura 6.3). Os ambientes Dourados e Maracaju

estão situados próximos geograficamente e nesse ano tiveram comportamento semelhante para a maturação, o mesmo ocorrendo com Cascavel B. Da mesma forma, a análise de correlação mostrou valores altos e positivos, com ângulos menores que 90° , indicando ambientes similares. Assim, pode-se optar por escolher entre os ambientes de teste, a fim de reduzir o número de locais, pois representam ambientes semelhantes (YAN e KANG, 2002)

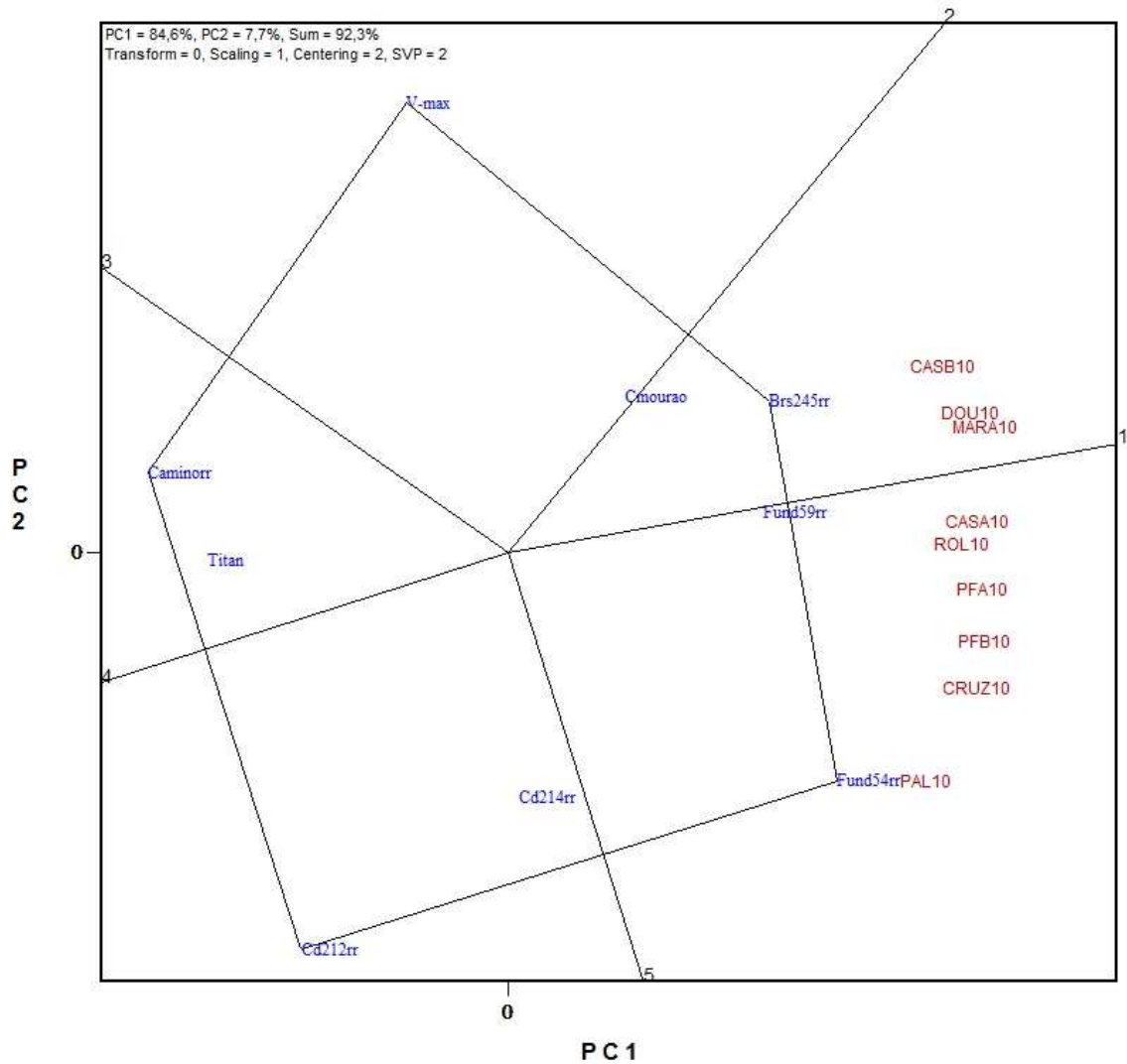


Figura 6.3. GGE Biplot com dados da região de altas latitudes (AL) em análise de cultivares de soja no ano 2010.

Ao se analisar a região AL, considerando-se os anos de teste em separado, verifica-se que não há coincidência entre os agrupamentos formados ao longo dos anos. Assim, segundo

Yan et al. (2000), deve haver repetibilidade nos demais anos para se concluir a respeito de mega-ambientes, ou seja, não houve uma clara diferenciação dos mega-ambientes. Dessa forma, efetuou-se uma nova análise considerando-se todos os anos em conjunto para a checagem e definição de possíveis mega-ambientes e também as estabilidades. O gráfico biplot que demonstra isso está representado na Figura 6.4.

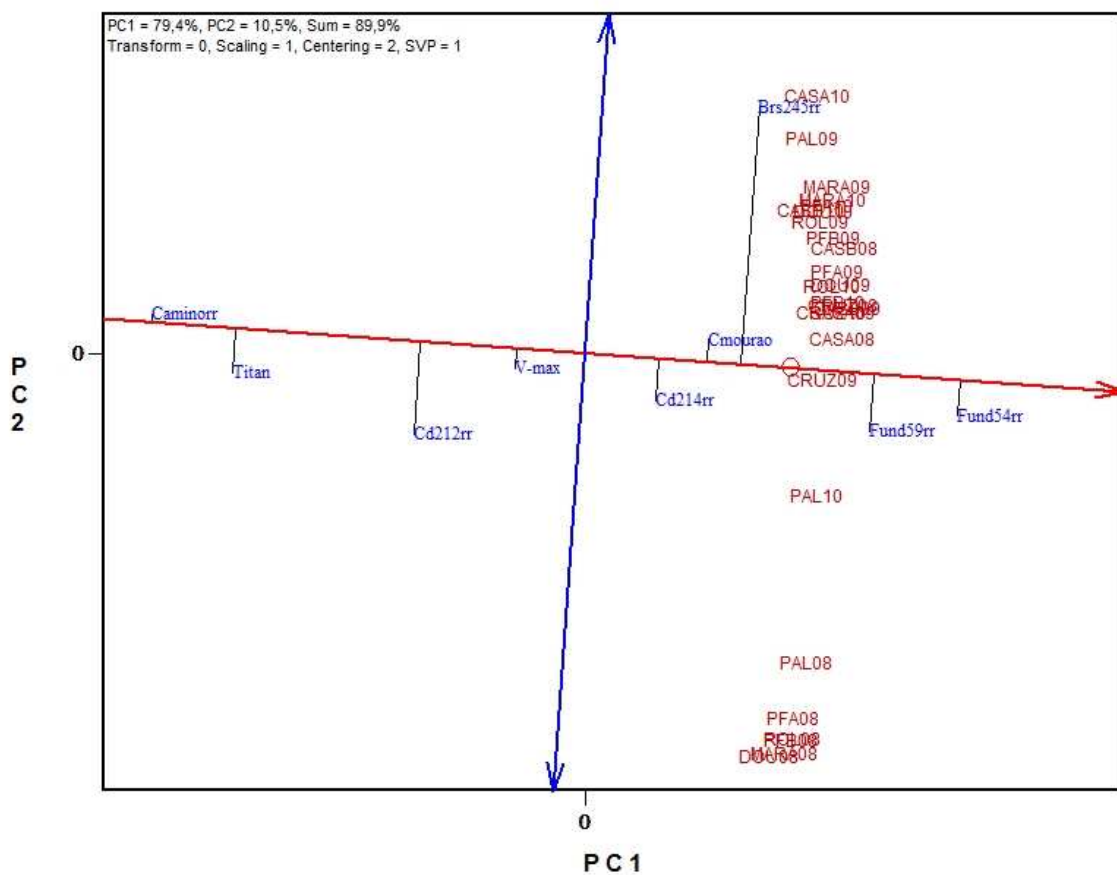


Figura 6.4. GGE Biplot para estabilidade com dados da região de altas latitudes (AL), em análise de cultivares de soja nos anos de 2008, 2009 e 2010.

Os valores relativos a PC1 e PC2 foram respectivamente 79,4% e 10,5%, indicando que a contribuição do genótipo é muito maior do que a da interação genótipo x ambientes nesse grupo de dados (YAN e KANG, 2002). Para a definição das estabilidades é possível utilizar-se do gráfico através da coordenada AEC, a qual considera como referência o ambiente médio, que pode ser visualizada na Figura 6.4.

As menores projeções sobre a abscissa indicam os genótipos com maior efeito de interação genótipos x ambientes, portanto os mais instáveis.

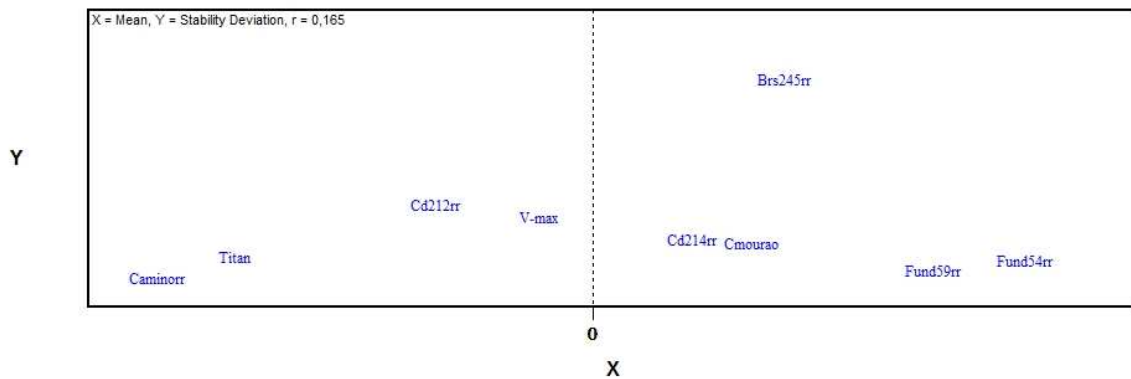


Figura 6.5. GGE Biplot, mostrando a média no eixo das abscissas (x) e o desvio da estabilidade no eixo das ordenadas (y), para os dados de cultivares da região de altas latitudes (AL), nos anos de 2008, 2009 e 2010.

Na Figura 6.5, está representado o desvio médio da estabilidade e de acordo com Yan e Kang (2002) os menores valores seriam os mais estáveis. Na região AL, os valores foram: Roos Camino RR: 0,25; BMX Titan RR: 0,31; CD 212 RR: 0,47; V-Max: 0,43; CD 214 RR: 0,36; FTS Campo Mourão RR: 0,39; BRS 245 RR: 0,84; Fundacep 59 RR: 0,27 e Fundacep 54 RR: 0,30.

Roos Camino RR, Fundacep 59 RR, Fundacep 54 RR, BMX Titan RR e CD 214 RR apresentam-se como as mais estáveis. Portanto, estas cultivares deverão ser utilizadas como referência para a geração de GMR, nesta região.

6.3.3 Análises GGE na região BL

A análise de correlação entre os ambientes da região BL no ano de 2008 mostra que todos os ambientes foram positivamente correlacionados em alto grau, evidenciando ambientes similares quanto a maturação nessa região (Tabela 6.5).

Tabela 6.5. Correlação entre os ambientes de teste, na região de baixas latitudes (BL), em avaliação de cultivares de soja no ano de 2008.

	Goi	Morr	Rv	Cri	Sorr	Pn	Bal
Sgo	0.929	0.953	0.923	0.943	0.898	0.837	0.849
Goi		0.935	0.868	0.924	0.892	0.825	0.793
Morr			0.952	0.964	0.906	0.888	0.864
Rv				0.964	0.945	0.918	0.927
Cri					0.909	0.867	0.899
Sorr						0.943	0.931
Pn							0.879

Sgo: São Gabriel do Oeste; Goi: Goiatuba; Morr: Morrinhos; Rv: Rio Verde; Cri: Cristalina; Sorr: Sorriso; Pn: Porto Nacional; Bal: Balsas

Considerando-se a região BL no ano de 2008, verifica-se que não há uma clara definição de agrupamentos, podendo-se dizer que os ambientes foram mais homogêneos ao longo desse ano agrícola, conforme visualizado na Figura 6.6.

Observando-se os valores de PC1: 91,7% e PC2: 3,8%, nota-se que existe forte componente genético sobre o caráter e menor grau de interação, dados os valores. O valor de PC1 para a região BL é superior ao da região AL no mesmo ano agrícola. Isso pode ser também um indicativo de maior homogeneidade entre os ambientes de teste para a região BL. Fatores ambientais como verão mais ameno, precipitação adequada e mesmo a influência dos genótipos, sendo estes mais eretos, com menor ataque de doenças ou mais baixos, pode determinar o maior valor de PC1 (YAN e KANG, 2002).

Para o ano de 2009 na região BL, pode-se verificar de acordo com a Figura 6.7, que os ambientes ficaram localizados entre as coordenadas 1 e 2, não representando mega-ambientes. No entanto, observa-se que os locais Balsas, Porto Nacional e Sorriso tendem a se agrupar na parte inferior. Em termos de latitude, isso poderia ser entendido como os ambientes de menor latitude influenciando no comportamento da maturidade das cultivares de soja, já que todos se localizam nessas condições de fotoperíodo.

Os ambientes localizados na parte de cima do gráfico são aqueles com maior latitude e ficaram agrupados mais próximos. Segundo Trentin et al. (2013), a temperatura do ar e o fotoperíodo são os principais fatores abióticos que influenciam o desenvolvimento da soja, onde a sensibilidade ao fotoperíodo varia conforme o genótipo.

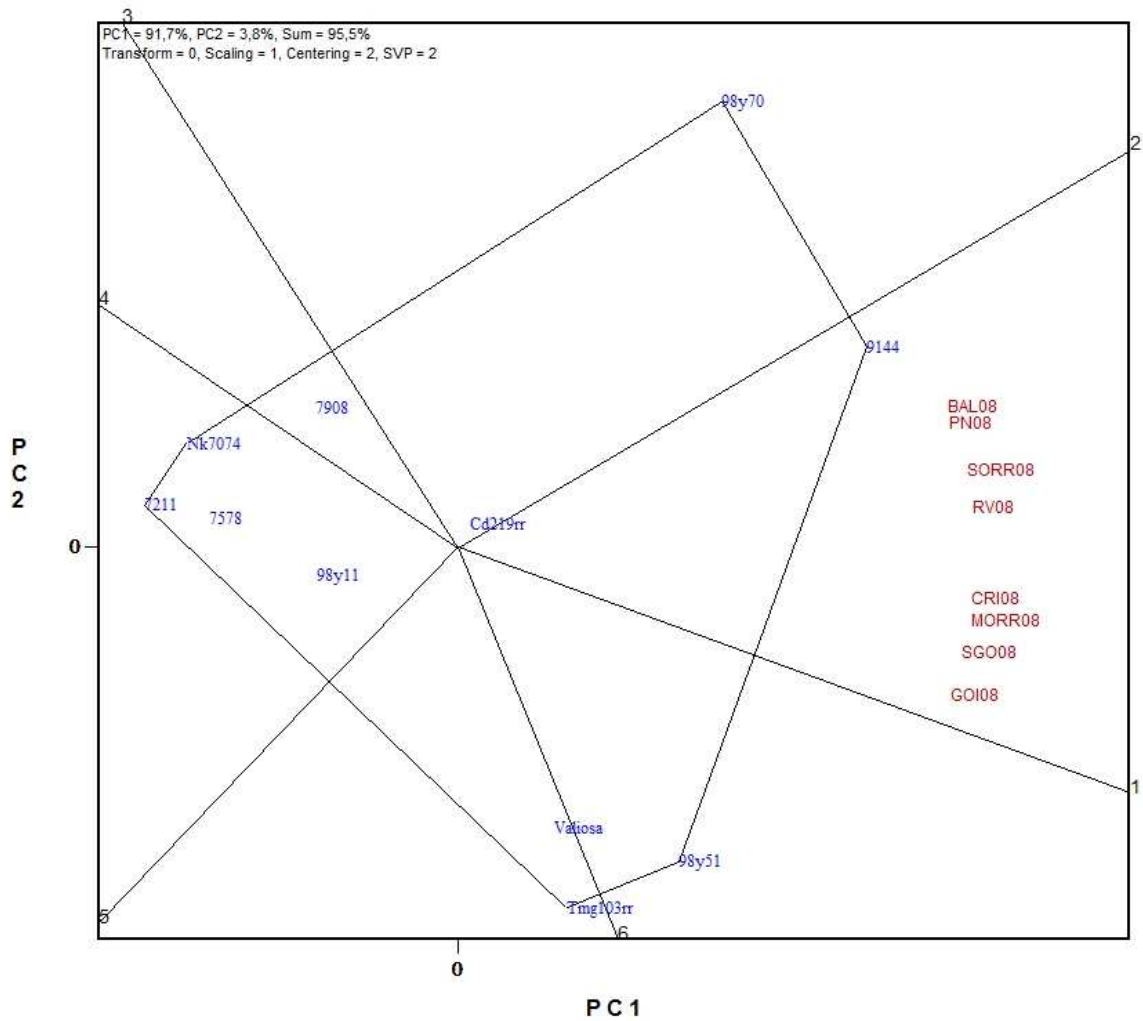


Figura 6.6. GGE Biplot com dados da região de baixas latitudes (BL), em análise de cultivares de soja no ano 2008.

Em relação ao ano de 2010 na região BL, apesar de não formar mega-ambientes, tendem a um aglomerado entre Cristalina, Rio Verde, Morrinhos e Goiatuba, separados dos demais ambientes, evidenciando nesse ano um comportamento próprio, associado a esses locais, que possuem latitudes similares (Figura 6.8).

Entretanto, o ambiente São Gabriel do Oeste, apesar de possuir latitude de 19° ficou associado a latitudes menores, como Sorriso, Balsas e Porto Nacional, que possuem latitudes menores que 12°.

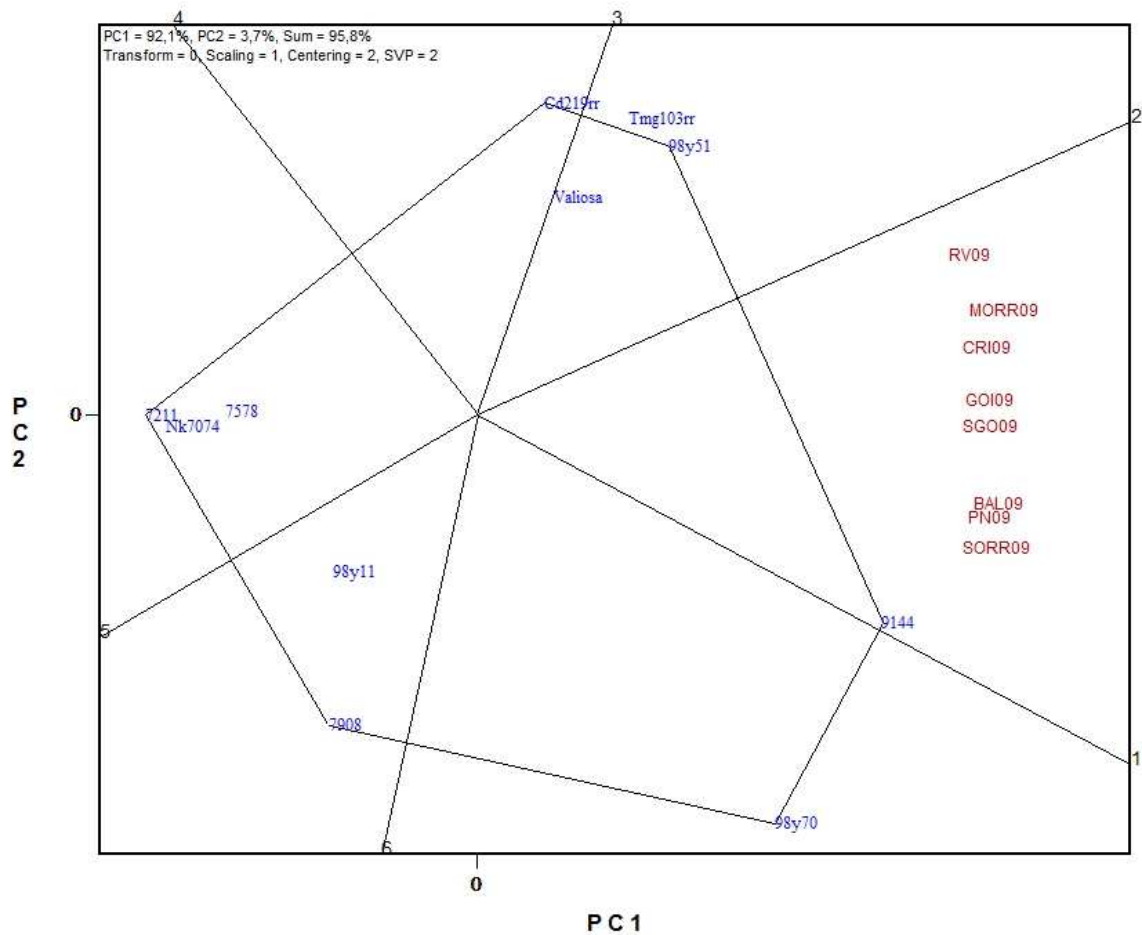


Figura 6.7. GGE Biplot com dados da região de baixas latitudes (BL), em análise de cultivares de soja no ano 2009.

Na análise de todos os anos na região BL, observa-se o comportamento das cultivares e locais na Figura 6.9. Nessa situação, os locais formaram basicamente um grande mega-ambiente, com os genótipos próximos da abscissa AEC. Apenas os tardios ficaram mais distantes.

De certa forma, isso pode ser confirmado, dado que essa região apresenta-se como mais uniforme em termos de temperaturas, bem como as cultivares nessa região, por terem período juvenil longo, adaptam-se mais facilmente às condições do fotoperíodo.

As correlações entre ambientes foram todas positivas e de alto grau. Através da abscissa AEC temos a projeção dos genótipos, identificando dessa forma os mais estáveis.

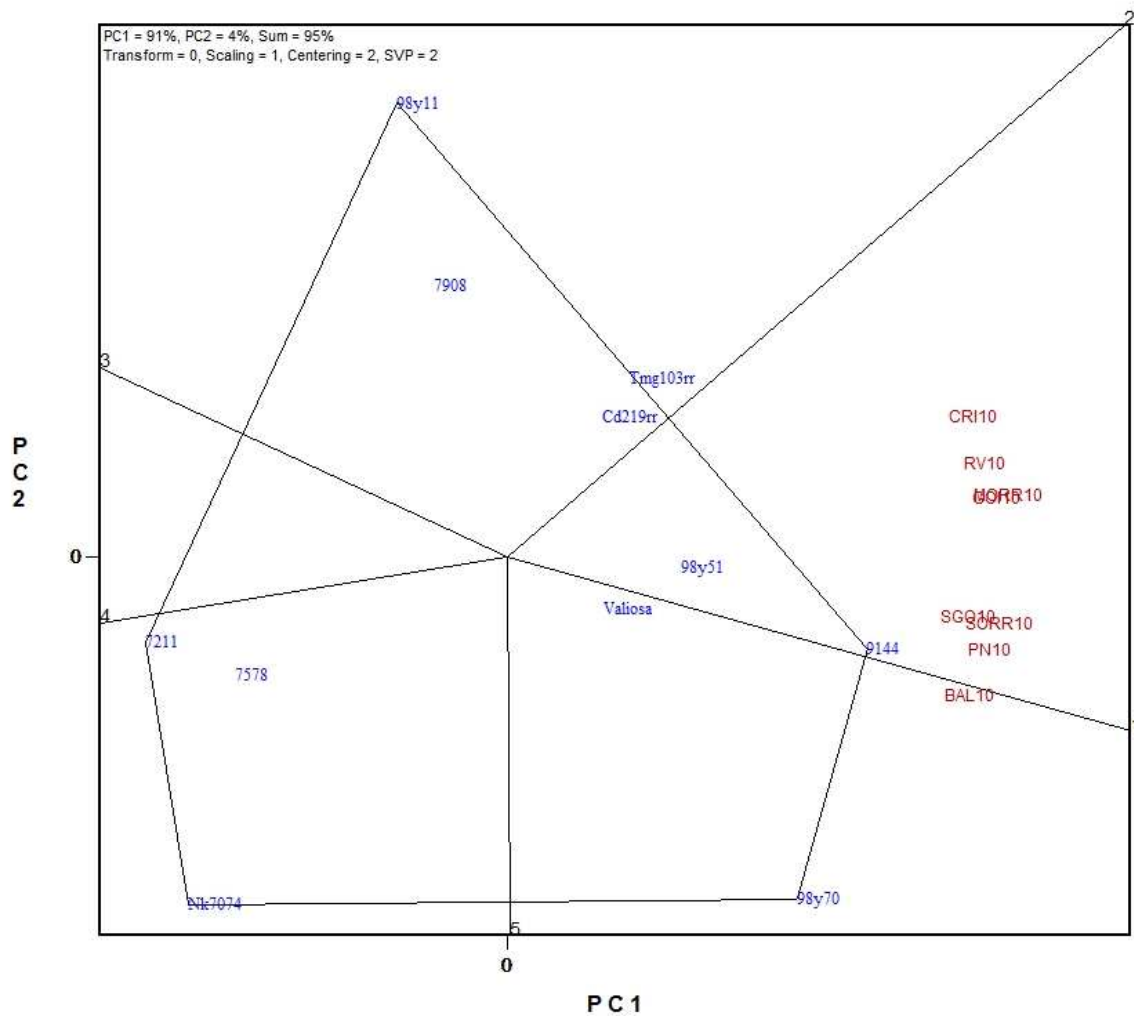


Figura 6.8. GGE Biplot com dados da região de baixas latitudes (BL), em análise de cultivares de soja no ano 2010.

Através da mesma análise foram definidos os menores valores dos desvios da estabilidade para a região BL, conforme Figura 6.10. Os valores de cada genótipo foram os seguintes: M7211 RR: 0,14; NK 7074 RR: 0,24; M7578 RR: 0,21; P98Y11: 0,31; M7908 RR: 0,32; CD 219 RR: 0,39; Valiosa RR: 0,27; TMG103 RR: 0,27; P98Y51: 0,26; P98Y70: 0,35; M9144 RR: 0,29.

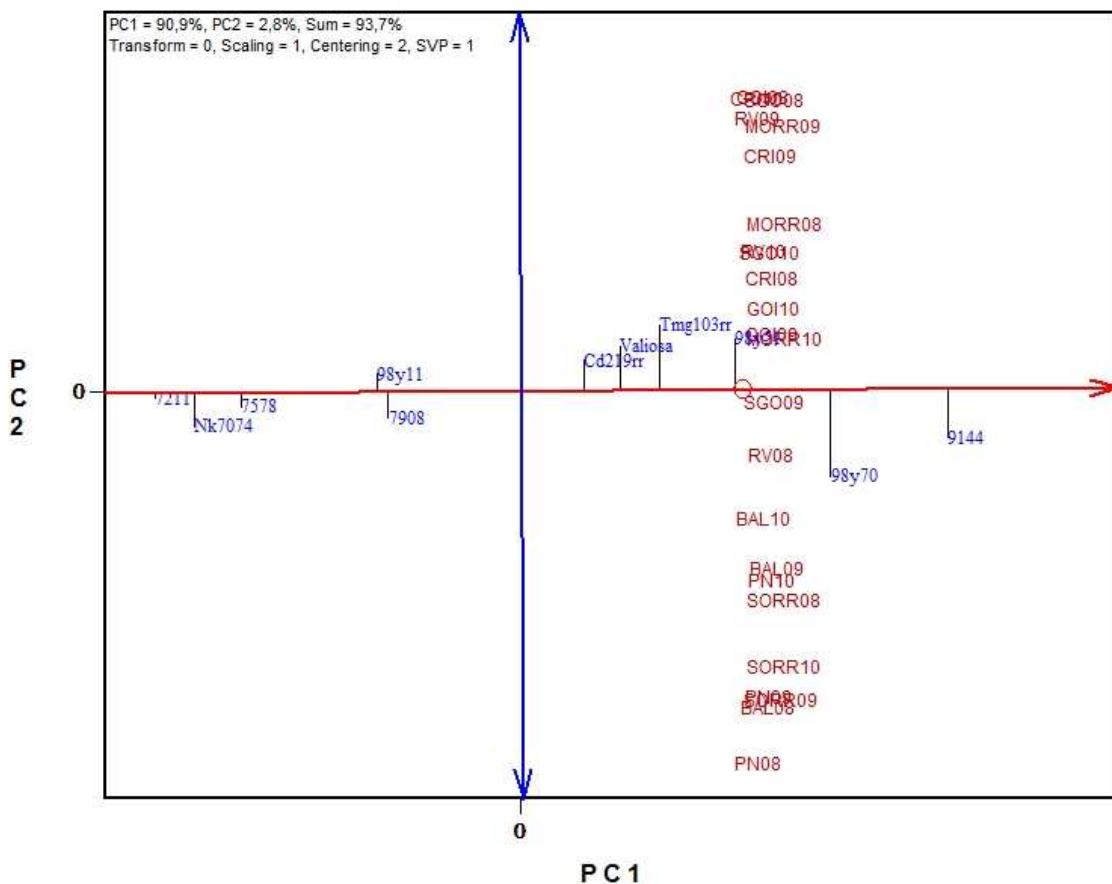


Figura 6.9. GGE Biplot com dados da região de baixas latitudes (BL), em análise de cultivares de soja nos anos de 2008, 2009 e 2010.

Como cultivares estáveis, utilizando-se os menores valores de desvios da estabilidade, definiu-se: M7211 RR, M7578 RR, NK 7074 RR, P98Y51 e TMG103 RR.

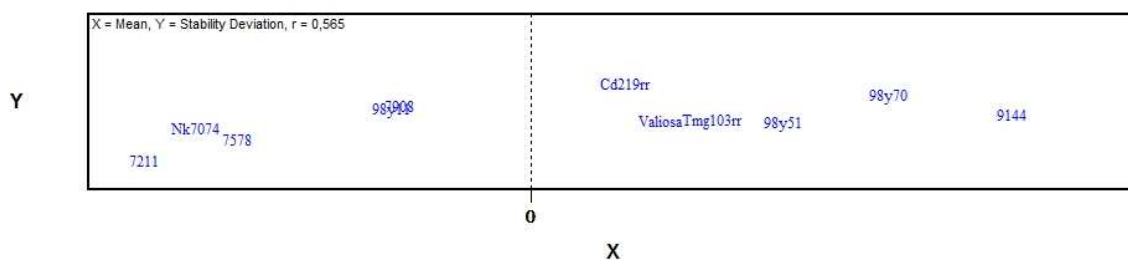


Figura 6.10. GGE Biplot, mostrando a média no eixo das abscissas (x) e o desvio da estabilidade no eixo das ordenadas (y), para os dados de cultivares da região de baixas latitudes (BL), nos anos de 2008, 2009 e 2010.

Com os dados de maturação dos genótipos mais estáveis, procedeu-se ao estabelecimento dos GMR, utilizando-se regressão, considerando-se um valor prévio para GMR dos estáveis, conforme tabela de Alliprandini et al. (2013). Os demais cultivares tiveram seus GMR calculados pela equação de ajuste, sendo considerado separados os ambientes AL e BL, conforme Tabela 6.6.

Tabela 6.6. Grupos de maturidade relativa (GMR) estabelecidos por regressão, para as regiões de baixa e alta latitudes (BL e AL) através de genótipos estáveis obtidos pela metodologia GGE.

Genótipos (AL)	NDM	GMRc	GMRtab
Roos Camino RR	112,0	5.5	5.6
BMX TITAN RR	113,9	5.7	5.6
CD 212 RR	118,3	6.2	6.3
V-MaxRR	120,6	6.5	6.4
CD 214 RR	124,1	6.9	6.8
FTS C.MOURÃO	125,1	7.0	6.7
BRS 245 RR	126,6	7.1	7.5
FUND.54 RR	131,0	7.6	7.5
FUND.59 RR	129,1	7.4	7.6
Genótipos (BL)	NDM	GMRc	GMRtab
M7211 RR	104,8	7.0	7.0
NK 7074 RR	105,9	7.1	7.0
M7578 RR	107,3	7.2	7.2
M7908 RR	112,1	7.6	7.6
P98Y11	111,8	7.6	7.6
CD 219 RR	118,4	8.2	8.2
VALIOSA RR	119,4	8.3	8.1
TMG103 RR	120,8	8.4	8.3
P98Y51	123,0	8.6	8.6
P98Y70	125,5	8.8	8.7
M9144 RR	129,2	9.1	9.2
AL	$y = 0.1119x - 7.0293$	0.85	$R^2=0.98$
BL	$y = 0.0891x - 2.3757$	0.99	$R^2=0.99$

NDM: número de dias para a maturação; GMRc: Grupos de maturidade relativa calculados; GMRtab: grupos de maturidade tabelados (Alliprandini et al., 2013)

Pela equação de ajuste, observam-se altos valores de R^2 , mostrando a adequação. Na região AL, o ajuste foi ligeiramente inferior ao da região BL. Apesar dos ensaios terem sido conduzidos em ambientes com grandes diferenças de latitudes e temperaturas, a metodologia mostrou-se eficiente na discriminação dos genótipos estáveis. Mesmo sendo um caráter controlado por oito genes da série alélica E e um gene J (XU et al., 2013), os efeitos da altitude e das temperaturas, aliado aos genótipos testados não foram críticos para influenciar a característica maturação, onde evidenciou-se maior efeito genotípico do que efeito de interação. Os GMR ajustados para a região AL e BL ficaram ligeiramente diferentes do tabelado, porém isso não significa erro. No melhoramento de soja, espera-se que haja variações pequenas nos grupos de maturidade dependendo do ano em questão e que são esperados pequenas alterações dos mesmos com até dois décimos.

6.4 CONCLUSÃO

Os resultados permitiram inferir que não há mega-ambientes nas divisões realizadas, tanto para a região de altas latitudes (AL) quanto para a região de baixas latitudes (BL), ao se decompor os anos de teste. Assim, pode-se utilizar a análise GGE considerando-se todos os anos em conjunto e definir as cultivares estáveis. É possível calcular os Grupos de Maturidade Relativa (GMR) utilizando-se os genótipos de referência, para cada região estabelecida. Os GMR calculados ficaram de acordo com o tabelado, principalmente na região BL.

6.5 REFERÊNCIAS

AKASH, M.W.; KANG, M.S.; MYERS, G.O. GGEbiplot Analysis of Wheat Cultivars Evaluated in a Multi-Environment Trial. **Journal of New Seeds**, v.10, p.88-97, 2009.

ALLIPRANDINI, L.F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P.F.; CAVASSIM, J.E.; GABE, H.L.; KUREK, A.; MATSUMOTO, M.N.; OLIVEIRA, M.A.R.; PITOL, C.; PRADO, L.C.; STECKLING, C. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop Science**, v.49, p.801-808, 2009.

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

ALLIPRANDINI, L.F.; CAVASSIM, J.E.; OLIVEIRA, M.A.R.; MATSUMOTO, M.N.; PRADO, L.C.; PITOL, C.; STECKLING, C.; BERTAGNOLI, P.F.; KUREK, A.; KAMIKOGA, M.K.; DONA, A.; GIASSON, N.F.; ABATTI, C.; SILVEIRA, G.D.; TAKEDA, C. "Classificação de cultivares de soja em Grupos de Maturidade Relativa no Brasil, durante as safras de 2001/2002 a 2011/2012," Anais. 7º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas. SBMP, Uberlândia, MG, 2013.

BATTISTI, R.; SENTELHAS, P.C.; PILAU, F.G. Eficiência agrícola da produção de soja, milho e trigo no estado do Rio Grande do Sul entre 1980 e 2008. **Ciência Rural**, v.42, p.24-30, 2012.

BRUNS, H.A. A survey of factors involved in crop maturity. **Agronomy Journal**, v.101, p.60-66, 2009. DOI: 10.2134/agronj2007.0271R.

FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E. **Stages of soybean development**. Spec. Rep. 80. Ames: Iowa State Univ., 1977.

KAYA, Y.; AKÇURA, M.; TANER, S. GGE Biplot analysis of multi-environment yield trials in bread wheat. **Turkish Journal of Agriculture and Forestry**, v.30, p.325-337, 2006.

MATTOS, P.H.C.; OLIVEIRA, R.A.; BESPALHOK FILHO, J.C.; DAROS, E.; VERÍSSIMO, M.A.A. Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE biplot and AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.13, p.83-90, 2013.

RAKSHIT, S.; GANAPATHY, K.N.; GOMASHE, S.S.; RATHORE, A.; GHORADE, R.B.; NAGESH KUMAR, M.V.; GANESMURTHY, K.; JAIN, S.K.; KAMTAR, M.Y.; SACHAN, J.S.; AMBEKAR, S.S.; RANWA, B.R.; KANAWADE, D.G.; BALUSAMY, M.; KADAM, D.; SARKAR, A.; TONAPI, V.A.; PATIL, J.V. GGE Biplot analysis to evaluate genotype, environment and their interactions in sorghum multi-location data. **Euphytica**, v.185, p.465-479, 2012.

SIBIYA, J.; TONGOONA, P.; DERERA, J. Combining ability and GGE biplot analyses for resistance to northern leaf blight in tropical and subtropical elite maize inbred lines. **Euphytica**, v.191, p.245–257, 2013.

SIMEPAR. Disponível em: <http://www.simepar.br/tempo/clima/aviso_verao2009.htm>. Acesso em: 20/12/2011.

TRENTIN, R.; HELDWEIN, A.B.; STRECK, N.A.; TRENTIN, G.; SILVA, J.C. Subperíodos fenológicos e ciclo da soja conforme grupos de maturidade e datas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, p.703-713, 2013.

ZHANG, L.X.; KYEI-BOAHEN, S.; ZHANG, J.; ZHANG, M.H.; FREELAND, T.B.; WATSON Jr., C.E.; LIU, X.M. Modifications of optimum adaptation zones for soybean maturity groups in the USA. Online. **Crop Management** doi:10.1094/CM-2007-0927-01-RS. 2007.

XU, M.; XU, Z.; LIU, Z.; LIU, B.; KONG, F.; TSUBOKURA, Y.; WATANABE, S.; XIA, Z.; HARADA, K.; KANAZAWA, A.; YAMADA, T.; ABE, J. Genetic variation in four maturity genes affects photoperiod insensitivity and PHYA-regulated post-flowering responses of soybean. **BMC Plant Biology**. 13:91 doi:10.1186/1471-2229-13-91.2013.

YAN, W.; KANG, M.S. GGE Biplot analysis, a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. New York, CRC Press, 2002, 288p.

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

7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os estudos com Grupos de Maturidade Relativa (GMR) em soja no Brasil objetivam estabelecer uma metodologia adequada para a identificação de genótipos estáveis e também uma tabela que sirva como referência de classificação para as empresas e toda a cadeia produtiva da soja.

Todas as metodologias testadas apresentaram possibilidade de uso para a definição dos genótipos estáveis e foram apresentadas ao longo deste trabalho. Estas metodologias podem ser utilizadas em separado ou em conjunto para melhor ajuste. Deve-se atentar para a grande variabilidade de ambientes observados na região mais ao sul do Brasil, ou região de altas latitudes, que influencia mais a interação genótipos x ambientes.

Dessa forma, a Tabela 7.1 foi elaborada para ser uma referência nos estudos posteriores bem como uma atualização por parte dos programas de melhoramento. Foi elaborada considerando-se a média do número de dias para a maturação (NDM) para cada genótipo testado em sua respectiva região de adaptação e utilizou-se como referência os valores de GMR calculados pela metodologia GGE Biplot.

Com a tabela como referência, pode-se classificar quaisquer genótipos de soja ao longo do Brasil, comparando-se o número de dias para a maturação e relacionando ao GMR. Assim, linhagens oriundas de programas de melhoramento voltadas para a região de baixas latitudes, terão seus GMR entre valores de 7,0 e 9,1. Aquelas linhagens oriundas do melhoramento direcionadas a regiões de alta latitude, ficarão com GMR entre 5,6 e 6,9. Linhagens mais precoces e mais tardias do que as apresentadas na Tabela 7.1, poderão ter seus GMR calculados por interpolação tendo como base o número de dias para a maturação (NDM).

Tabela 7.1 Proposta de Grupos de Maturidade Relativa (GMR) e relação com o número médio de dias para a maturação (NDM), para as cultivares de soja observadas nos experimentos, para as regiões de alta e baixa latitudes (AL e BL) no Brasil

Genótipos (AL)	NDM calculados	GMR
ROOS CaminoRR	112,0	5.5
BMX Titan RR	113,9	5.7
CD 212 RR	118,3	6.2
V-Max RR	120,6	6.5
CD 214 RR	124,1	6.9
FTS Campo Mourão RR	125,1	7.0
BRS 245 RR	126,6	7.1
FUNDACEP 59 RR	129,1	7.6
FUNDACEP 54 RR	131,0	7.4
Genótipos (BL)	NDM	GMR
M7211 RR	104,8	7.0
NK 7074 RR	105,9	7.1
M7578 RR	107,3	7.2
P98Y11	111,8	7.6
M7908 RR	112,1	7.6
CD 219 RR	118,4	8.2
Valiosa RR	119,4	8.3
TMG103 RR	120,8	8.4
P98Y51	123,0	8.6
P98Y70	125,5	8.8
M9144 RR	129,2	9.1