

# Análise da adaptabilidade e estabilidade de linhagens elite de soja

Dorival Vicente<sup>1</sup>, Ronald José Barth Pinto<sup>2\*</sup> e Carlos Alberto Scapim<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Cooperativa Central Agropecuária de Desenvolvimento Tecnológico e Econômico (Coodetec), Rod. BR 467 km 98, C.P. 301, 85806-970, Cascavel, Paraná, Brasil. <sup>2</sup>Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, Av. Colombo, 5790, 87020-900, Maringá, Paraná, Brasil. \*Autor para correspondência. e-mail: rjbpinto@uem.br

**RESUMO.** Foram analisados os efeitos da interação entre genótipos e ambientes (GxE) sobre a adaptabilidade e a estabilidade do rendimento de 9 linhagens elite de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) e uma testemunha (IAS 5), observadas em 11 locais em 2000/01 e 2001/02. Os ensaios foram conduzidos em blocos completos casualizados, com três repetições. Houve diferenças significativas no efeito de genótipos, ambientes e interação GxE. Os modelos seguiram as metodologias padrão; ecovalência; Eberhart e Russell; Cruz, Torres e Vencovsky; e AMMI. Os genótipos CD 97-922 e CD 98-3118 foram responsivos em ambientes desfavoráveis; CD 97-1243, OC 95-3006, OC 95(10)-3441 e IAS 5 demonstraram ampla adaptabilidade e estabilidade satisfatória, enquanto OC 95-2806, CD 96-437, CD 97-945 e OC 95-3152, também com adaptabilidade ampla, tiveram estabilidade intermediária. Apesar dos resultados semelhantes oriundos das diferentes metodologias adotadas, cada uma deles forneceu sua contribuição para um melhor entendimento da interação GxE observada.

**Palavras-chave:** *Glycine max*, rendimento.

**ABSTRACT. Analysis of adaptability and stability in soybean elite lines.**

The effects of genotype x environment interaction (GxE) on the stability and adaptability of 9 soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) elite lines and one control (IAS 5) were studied in 11 locations in the States of Paraná, Rio Grande do Sul, São Paulo and Mato Grosso do Sul, during the 2000/01 and 2001/02 crop seasons. A complete randomized block design, with three replications, was used in all environments. Significant differences for the effect of genotypes, environments and interaction GxE were observed for grain yield. Statistical models followed the standard method, ecovalence, Eberhart and Russell, Cruz, Torres and Vencovsky and AMMI methodologies. Genotypes CD 97-922 and CD 98-3118 were responsive under unfavorable environments. Lines CD 97-1243, OC 95-3006, OC 95(10)-3441 and IAS 5 showed a large adaptability and desirable stability, while OC 95-2806, CD 96-437, CD 97-945 and OC 95-3152 showed good adaptability but not high stability. In spite of the similarities detected among results obtained from different methodologies, every one gave its contribution to a better understanding of the observed GxE relationships.

**Key words:** *Glycine max*, yield.

## Introdução

O cultivo da soja (*Glycine max* (L.) Merrill) estende-se por várias regiões do país, onde encontra considerável diversidade de ambientes. No entanto, tanto na soja como em outras espécies, as diferenças entre genótipos não são constantes sobre uma larga gama de ambientes (Pinto, 1995). Por isto, é necessária a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivas às variações ambientais, em condições amplas ou específicas (Cruz e Regazzi, 2001). Assim, os conhecimentos sobre a capacidade do genótipo em assimilar vantajosamente os estímulos ambientais (adaptabilidade) e sobre a manutenção do rendimento em ambientes diversos (estabilidade) podem contribuir para uma avaliação mais precisa dos

materiais.

Existem várias metodologias para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos, as quais são complementares à análise de variância individual e conjunta dos dados experimentais obtidos em uma série de ambientes (Cruz, 2001; Cruz e Carneiro, 2003).

O método tradicional de Yates e Cochran (1938) consiste na análise conjunta dos experimentos, considerando todos os ambientes, e o posterior desdobramento da soma de quadrados dos efeitos de ambientes e da interação GxE em efeitos de ambientes dentro de cada genótipo.

O método de ecovalência de Wricke e Weber (1986) propõe um parâmetro de estabilidade estimado pela decomposição da soma de quadrados da

interação GxE em componentes associados a genótipos individuais, de modo que o genótipo com menor ecovalência seria o que menos contribui para a soma de quadrado da interação.

O método de Eberhart e Russell (1966) fundamenta-se na regressão linear e considera desejáveis os genótipos com alto rendimento médio, coeficientes unitários de regressão e desvios da regressão praticamente nulos. A adaptabilidade é obtida pela média e pelo coeficiente de regressão  $\beta_1$ , enquanto que a estabilidade é estimada pela variância dos desvios da regressão ( $\sigma^2d_i$ ).

A metodologia proposta por Cruz *et al.* (1989) baseia-se na análise de regressão bi-segmentada, considerando como parâmetros de adaptabilidade a média e a resposta linear aos ambientes favoráveis e desfavoráveis. A estabilidade dos genótipos é avaliada pelo desvio da regressão de cada cultivar e pelo valor do coeficiente de determinação, em função das variações ambientais.

A análise AMMI (Zobel *et al.*, 1988) combina, em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação GxE (Duarte e Vencovsky, 1999). Na parte aditiva do modelo são considerados a média geral e os efeitos de genótipos e ambientes, enquanto na parte multiplicativa, a interação GxE pode ser estudada por uma análise de componentes principais (ACP). O uso da ACP permite resumir grande parte da interação GxE em apenas uns poucos eixos ( $SQ_{G \times E}$  padrão), requerendo, assim, poucos graus de liberdade e resultando em um modelo reduzido, no qual é descartado um resíduo adicional.

O presente trabalho envolveu a aplicação de diferentes métodos de adaptabilidade e estabilidade em linhagens elite de soja cultivadas em 22 ambientes

no período de 2000/01 e 2001/02. As linhagens participantes nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) foram desenvolvidas pela Cooperativa Central Agropecuária de Desenvolvimento Tecnológico e Econômico Ltda (Coodetec).

## Material e métodos

Foram utilizados 9 linhagens elite do programa de melhoramento genético de soja da COODETEC e uma testemunha (IAS 5). Os genótipos pertencem ao grupo de maturação precoce, com ciclo de até 115 dias entre a emergência e a maturação. Os experimentos foram conduzidos em 11 localidades nos anos agrícolas de 2000/01 e 2001/02, totalizando 22 ambientes. Os genótipos e ambientes estão discriminados na Tabela 1. Os ensaios foram instalados em blocos completos casualizados com três repetições e parcelas com uma área útil de 3,6 m<sup>2</sup>, apresentando uma densidade equivalente a 333 mil plantas/ha. O rendimento de grãos foi corrigido para 13% de umidade e expresso em kg/ha.

Após as análises individuais, realizou-se uma análise conjunta para os 22 ambientes com o uso do modelo fatorial do Programa Genes (Cruz, 2001), descrito como  $Y_{ijk} = \mu + G_i + B/E_{jk} + E_j + GE_{ij} + \varepsilon_{ijk}$  no qual  $Y_{ijk}$ : valor observado do i-ésimo genótipo, no j-ésimo ambiente e k-ésimo bloco;  $\mu$ : média geral dos ensaios;  $G_i$ : efeito do i-ésimo genótipo;  $B/E_{jk}$ : efeito aleatório de k-ésimo bloco, dentro do j-ésimo ambiente;  $E_j$ : efeito do j-ésimo ambiente;  $GE_{ij}$ : efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente; e  $\varepsilon_{ijk}$ : erro aleatório associado a  $Y_{ijk}$ . Os efeitos de genótipos foram considerados fixos, e os de ambiente, aleatórios. A análise conjunta foi realizada após um teste de homogeneidade de variâncias, conforme Gomes (1987).

**Tabela 1.** Descrição e codificação dos genótipos de soja e dos ambientes de avaliação.

Genótipos	Ambientes		Localização
	2000/2001	2001/2002	
$g_1$ : CD 97-922	$a_1$ : Campo Mourão-I, PR	$a_{12}$ : Campo Mourão-II, PR	24°02'44" S; 52°22'59" O
$g_2$ : CD 96-437	$a_2$ : Cascavel-I, PR	$a_{13}$ : Cascavel-II, PR	24°57'21" S; 53°27'19" O
$g_3$ : CD 97-1243	$a_3$ : Ponta Grossa-I, PR	$a_{14}$ : Ponta Grossa-II, PR	25°05'42" S; 50°09'43" O
$g_4$ : OC 95-3006	$a_4$ : Palotina-I, PR	$a_{15}$ : Palotina-II, PR	24°17'02" S; 53°50'24" O
$g_5$ : OC 95-2806	$a_5$ : Dourados-I, MS	$a_{16}$ : Dourados-II, MS	22°13'16" S; 54°48'20" O
$g_6$ : OC 95-3152	$a_6$ : Maracaju-I, MS	$a_{17}$ : Maracaju-II, MS	21°36'52" S; 55°10'06" O
$g_7$ : CD 98-3118	$a_7$ : Ponta Porã-I, MS	$a_{18}$ : Ponta Porã-II, MS	22°32'10" S; 55°43'32" O
$g_8$ : OC 95(10)-3441	$a_8$ : Sidrolândia-I, MS	$a_{19}$ : Sidrolândia-II, MS	20°55'55" S; 54°37'41" O
$g_9$ : CD 97-945	$a_9$ : Cruz Alta-I, RS	$a_{20}$ : Cruz Alta-II, RS	28°38'19" S; 53°36'23" O
$g_{10}$ : IAS 5	$a_{10}$ : Santa Rosa-I, RS	$a_{21}$ : Santa Rosa-II, RS	27°52'15" S; 54°28'53" O
	$A_{11}$ : Guaira-I, SP	$a_{22}$ : Guaira-II, SP	21°19'06" S; 48°18'38" O

Para a análise da adaptabilidade e da estabilidade fenotípica foram utilizadas as metodologia tradicional (Yates e Cochran, 1938), ecovalência (Wricke e Weber, 1986), regressão linear simples (Eberhart e Russel, 1966), regressão bi-segmentada (Cruz *et al.*, 1989) e AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction) (Zobel *et al.*, 1988). Todas as análises foram realizadas utilizando-se o programa

Genes (Cruz, 2001), exceto a análise AMMI, realizada com o apoio do aplicativo SAS (SAS Institute, 1997), de acordo com o programa sugerido por Duarte e Vencovsky (1999).

## Resultados e discussão

A análise conjunta de variância permitiu a

detecção de significância estatística para o efeito de genótipos, locais de avaliação e para o efeito da interação entre genótipos e locais (Tabela 2).

**Tabela 2.** Análise de variância conjunta para rendimento de grãos de soja de 10 genótipos em 22 ambientes.

F. V.	GL	Q.M.
Blocos/Ambientes	44	314643,87
Blocos	2	90719,10
Blocos x Ambientes	42	325306,96
Genótipos	9	1249024,40**
Ambientes	21	11016773,39**
Genótipos x ambientes	189	298575,98**
Resíduo	396	132244,24
Total	659	
Média (kg/ha)		3156
CV(%)		11,52

\*\*, significativo em nível de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente.

Pelo método tradicional, verifica-se que OC 95-3006 e CD 96-437 apresentaram menor variância proporcionada pelas diferenças dos ambientes e que CD 96-437 foi o segundo material mais produtivo, com rendimento de 111,7% em relação à testemunha (Tabela 3). No extremo oposto, a linhagem CD 97-922 foi a mais instável. Considerando que houve estabilidade variável tanto entre os genótipos mais produtivos quanto entre os menos produtivos, os resultados não confirmam a aparente associação entre estabilidade e baixos rendimentos (Lin *et al.*, 1986; Cruz e Regazzi, 2001). Com base no método de Wricke e Weber (1986), os genótipos que revelaram menores valores de ecovalência ( $W_i$ ) foram OC 95-3006, OC 95(10)-3441, IAS 5 e CD 97-1243, sendo considerados os mais estáveis. No outro extremo, CD 98-3118 e CD 97-922 foram os mais instáveis.

Calculada de acordo com o método de Eberhart e Russel (1966), a análise de variância com a decomposição da soma de quadrados de ambientes dentro dos genótipos encontra-se na Tabela 4. A significância do componente linear da variabilidade ambiental indica que variações significativas no ambiente proporcionaram alterações na média dos genótipos. A significância do componente linear da interação GxE indicou que diferenças genéticas contribuem para as respostas às variações ambientais, através das diferenças entre os coeficientes de regressão. A significância do valor

de F para os desvios combinados da regressão indicou que pelo menos um dos genótipos apresentou resposta não-linear à variação de rendimento ao longo dos ambientes. Considerando o quadrado médio dos desvios de cada genótipo e a variância dos desvios da regressão linear para cada genótipo ( $\sigma^2 d_i$ ), CD 98-3118 foi a linhagem diretamente responsável pela significância desses desvios. No entanto, apesar dos desvios, o valor relativamente alto de seu coeficiente de determinação ( $R^2 = 0,81$ ) indica que uma parte importante dos dados de CD 98-3118 pode ser explicada pelo modelo, permitindo supor que a previsibilidade de resposta desse material não seja totalmente inviabilizada pelo modelo em questão (Cruz e Regazzi, 2001).

**Tabela 3.** Parâmetros de estabilidade fenotípica do rendimento de grãos de soja estimados pelo método tradicional [QM(A/G<sub>i</sub>)] e ecovalência ( $W_i$ ) (Wricke e Weber, 1986).

Genótipo	Rendimento (kg/ha) <sup>1/</sup>	[QM(A/G <sub>i</sub> )] <sup>1/</sup>	$W_i$ (%) <sup>1/</sup>
CD 97-922	3.244(3)	2.218.838(10)	13,18(9)
CD 96-437	3.325(2)	893.344(2)	10,24(7)
CD 97-1243	3.417(1)	1.259.024(6)	7,32(4)
OC 95-3006	3.136(6)	827.152(1)	6,87(1)
OC 95-2806	3.086(7)	1.398.517(7)	10,21(6)
OC 95-3152	3.137(5)	1.074.347(3)	9,46(5)
CD 98-3118	3.150(4)	2.139.298(9)	17,77(10)
OC 95(10)-3441	3.078(8)	1.095.100(4)	7,06(2)
CD 97-945	3.008(9)	1.695.003(8)	10,68(8)
IAS 5	2.978(10)	1.103.332(5)	7,21(3)

<sup>1/</sup> Classificação na coluna.

Em relação aos outros materiais, CD 97-1243 pode ser considerado um genótipo amplamente desejável, pois apresenta alta média de rendimento, alta adaptabilidade geral e previsibilidade, alta capacidade de resposta ao estímulo ambiental e alta capacidade de manter um desempenho aceitável, mesmo sob condições ambientais desfavoráveis. A linhagem CD 96-437 demonstrou adaptabilidade geral e estabilidade, mas deve ser observado que seu coeficiente de determinação ( $R^2$ ) foi relativamente baixo (75%). Ainda pelo mesmo modelo, CD 97-922 apresentou um valor de  $\beta_{ii}$  maior do que 1, evidenciando adaptação específica a ambientes de alta produtividade. Além disto, demonstrou características de alta estabilidade, pois seu  $\sigma^2 d_i$  não foi significativo e seu  $R^2$  foi elevado (90%).

**Tabela 4.** Análise de variância do rendimento de grãos de soja e estimadores dos parâmetros previstos pela metodologia de Eberhart e Russell (1966).

F. V.	GL	Q.M.	Parâmetros do modelo		
Ambientes (E)	21	11016773,07**			
Genótipos (G)	9	1249024,45**			
Interação GxE	189	298575,98**			
Ambientes/Genótipos	210	13700395,69**			
Amb. Linear	1	231352234,54**			
G x E Linear	9	842470,68**			
Desvio Comb.	200	244243,12**			
Desvios			$\beta_{ii}$	$\sigma^2 d_i$	$R^2$ (%)
CD 97-922	20	233107,64	1,35++	33621,13	90
CD 96-437	20	233329,50	0,78	33695,09	75
CD 97-1243	20	206087,03	0,98	24614,26	84
OC 95-3006	20	143608,82	0,79	3788,19	83

OC 95-2806	20	287938,15	1,01	51897,97	80
OC 95-3152	20	248010,90	0,87	38588,89	78
CD 98-3118	20	426655,96**	1,25	98137,24**	81
OC 95(10)-3441	20	189991,03	0,91	19248,93	83
CD 97-945	20	279125,60	1,14	48960,45	84
IAS 5	20	194576,53	0,91	20777,43	83
Resíduo	396	132244,24			

++ Difere significativamente de 1, pelo t-teste, ao nível de 1% de probabilidade; \*\* Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

O genótipo OC 95-3152 apresentou o coeficiente de regressão linear não diferente de um,  $\sigma^2 d_i$  não significativo e  $R^2$  relativamente baixo, sendo menos previsível ao longo dos ambientes. Os genótipos OC 95-3006, OC 95-2806, OC 95(10)-3441, CD 97-945 e IAS 5 apresentaram valores de  $\beta_{ii}$  não significativamente distintos de 1, demonstrando adaptabilidade satisfatória, com valores de  $\sigma^2 d_i$  não significativos e de  $R^2$  superiores a 80%. Tendo em vista que essa percentagem é considerada por Cruz e Regazzi (2001) como um valor referencial para que a regressão explique satisfatoriamente o comportamento de um genótipo em função do ambiente, esses cinco genótipos foram considerados estáveis.

Pelo método de Cruz *et al.* (1989), os valores de  $\beta_{ii}$  das linhagens CD 97-922 e CD 98-3118 foram significativamente maiores do que 1,0 (Tabela 5). Esse resultado supõe que as mesmas não mantiveram o rendimento em condições adversas. Além disso, como os estimadores do parâmetro ( $\beta_{ii} + \beta_{2i}$ ) desses genótipos não diferiram significativamente de 1,0, essas linhagens foram pouco responsivas sob ambientes favoráveis. Por outro lado, CD 96-437, CD 97-1243, OC 95-3006, OC 95-3152, OC 95-2806, OC 95(10)-3441, CD 97-945 e IAS 5 apresentaram os parâmetros  $\beta_{ii}$  e  $\beta_{ii} + \beta_{2i}$  não significativamente diferentes de 1, evidenciando adaptação ampla. Por sua parte, CD 98-3118 apresentou desvios da regressão significativos, mas seu grau de previsibilidade não deve estar comprometido, uma vez que seu coeficiente de determinação ( $R^2$ ) superou 80% (Tabela 6). Em conjunto, os resultados indicam que a bi-segmentação não trouxe vantagens adicionais à interpretação dos dados propiciada pelo método de regressão não segmentada de Eberhart e Russell e que nenhum dos materiais estudados apresentou um comportamento comparável ao genótipo ideal definido pelo modelo.

**Tabela 5.** Estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade do rendimento de grãos de soja segundo a metodologia de Cruz, Torres e Vencovsky (1989).

Genótipos	$\beta_{ii}$	$\beta_{ii}$	$\beta_{2i}$	$\beta_{ii} + \beta_{2i}$
CD 97-922	3.244	1,32787**	0,15915	1,48702
CD 96-437	3.325	0,77564	0,04199	0,81763
CD 97-1243	3.417	0,9414	0,35204	1,29343
OC 95-3006	3.136	0,76351	0,24268	1,00619
OC 95-2806	3.086	1,01653	-0,05458	0,96195
OC 95-3152	3.136	0,89988	-0,23864	0,66124
CD 98-3118	3.150	1,32551**	-0,19195	0,70991
OC 95(10)-3441	3.078	0,93316	0,23653	0,74121
CD 97-945	3.008	1,11158	0,23653	1,34810
IAS 5	2.978	0,90493	0,06838	0,97331

\*\* Difere significativamente, de 1, pelo teste t, em nível de 1%.

**Tabela 6.** Decomposição do quadrado médio de ambiente dentro de genótipos em partes atribuídas à regressão e aos desvios de regressão, segundo a metodologia de Cruz *et al.* (1989), no rendimento de grãos de soja.

Genótipos	Q.M. Regressão	Q.M. Desvio	$R^2$ (%)
CD 97-922	20996760,88**	242214,11	90
CD 96-437	7048942,46**	245386,28	75
CD 97-1243	11305748,547**	201474,77	86
OC 95-3006	7318805,31**	143819,58	84
OC 95-2806	11808606,14**	302717,99	80
OC 95-3152	8868037,10**	253959,01	79
CD 98-3118	18645065,62**	401849,00**	83
OC 95(10)-3441	9642326,93**	195392,47	84
CD 97-945	15072587,78**	286836,58	85
IAS 5	9644797,27**	204231,15	83

\*\* Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

Comparando-se os métodos analisados até aqui, pode-se mencionar que os resultados obtidos utilizando-se os métodos tradicional e da ecovalência foram relativamente similares, exceto para CD 96-437. Essa linhagem foi considerada estável e instável nesses métodos, respectivamente. Analisando a regressão linear simples, todas as linhagens foram consideradas estáveis e com adaptabilidade geral, exceto CD 97-922 e CD 98-3118. Tais linhagens foram consideradas as mais instáveis pelos métodos tradicional e da ecovalência. Para as demais linhagens, as que apresentaram maiores variâncias dos desvios da regressão foram as mais instáveis pelo método da ecovalência. A análise da regressão bi-segmentada pouco contribuiu na análise dos dados.

As análises procedentes do método AMMI são apresentadas nas Tabelas 7 e 8. Os efeitos principais de genótipos e ambientes, na Tabela 4. O valor da  $SQ_{G \times E}$  foi decomposto em 9 CPIs, mas a Tabela 7 mostra apenas os CPIs que exibiram significância pelo teste F, incluindo-se os demais eixos no resíduo AMMI do último CPI significativo. Pode ser observado que na análise da interação GxE por componentes principais os quatro primeiros CPIs foram significativos para o rendimento de grãos.

**Tabela 7.** Análise de variância com decomposição da interação GxE nos componentes principais da interação (CPIs) para rendimento de grãos de soja de 10 genótipos em 22 ambientes.

F V	G.L.	QM	F
Genótipos (G)	9	416398,9	4,18**
Ambientes (E)	21	3672612,3	36,90**
G x E	189	99531,9	2,25**
CPI <sub>1</sub>	29	186858,0	4,23**
Resíduo <sub>AMMI1</sub>	160	83704,0	1,89**
CPI <sub>2</sub>	27	143464,1	3,25**
Resíduo <sub>AMMI2</sub>	133	71572,3	1,62**
CPI <sub>3</sub>	25	116092,9	2,63**
Resíduo <sub>AMMI3</sub>	108	61266,6	1,38*
CPI <sub>4</sub>	23	69138,2	1,56*
Resíduo <sub>AMMI4</sub>	85	59136,6	1,34*

CPI <sub>1</sub>	21	68071,7	1,54
Resíduo <sub>OAMMI5</sub>	64	56204,7	1,27
Erro médio/t	396	44081,4	

\*, \*\*: significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

**Tabela 8.** Componentes principais da interação, autovalores e variâncias percentuais relativas aos componentes principais na interação GxE segundo o modelo AMMI, referentes à análise do rendimento de grãos de 10 genótipos em 22 ambientes.

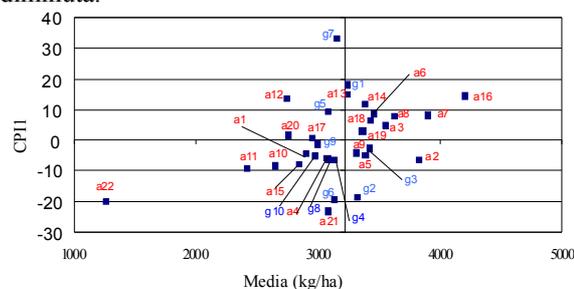
CPI	Autovalores	Variâncias percentuais	Variâncias percentuais acumuladas
1	5418882,0	28,81	28,81
2	3873530,9	20,59	49,39
3	2902323,7	15,43	64,82
4	1590180,3	8,45	73,27
5	1429506,8	7,60	80,87
6	1211972,1	6,44	87,32
7	1115049,3	5,93	93,24
8	760012,0	4,04	97,28
9	510073,4	2,71	100,00

O método AMMI tem uma utilidade reduzida caso os dois primeiros componentes principais não expliquem uma porcentagem superior a 70% do  $QM_{GxE}$ . É interessante que o número de eixos necessários para captar o padrão da variação da matriz GxE seja baixo, particularmente quando o padrão é reduzido a uma ou duas dimensões, o que facilita a interpretação dos resultados de uma análise multivariada (Chaves, 2001). No presente trabalho, os três primeiros CPIs explicaram apenas 64,8% da interação GxE, e foram necessários quatro CPIs para perfazer 73,3% da variação (Tabela 8). Por outro lado, Duarte e Vencovsky (1999) mencionam que o padrão da interação GxE pode ser pouco expressivo, de forma que grande parte da interação esteja associada a ruídos. Mesmo nessa situação, uma alta proporção desse padrão pode estar presente no primeiro eixo, isto porque os modelos multivariados captam grande parte do padrão nos primeiros eixos principais, relegando aos eixos subsequentes um aporte cada vez mais reduzido do padrão e cada vez maior de ruídos (Crossa *et al.*, 1991). Assim, Duarte e Vencovsky (1999) concluem que uma inspeção nos biplots será sempre positiva, e que a análise AMMI seja útil também nas situações que requerem um maior número de componentes principais.

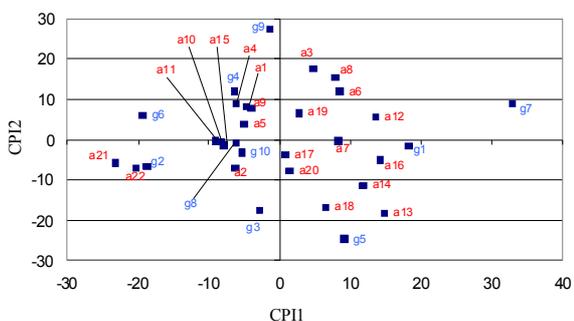
Ao estarem posicionadas mais próximas à origem em relação ao eixo CPI<sub>1</sub>, as linhagens CD 97-945, CD 97-1243, IAS 5, OC 95(10)-3441 e OC 95-3006 foram as que menos contribuíram para a interação GxE (Figura 1). CD 97-1243 teve destaque porque, além de estável, teve um rendimento médio superior. CD 98-3118, OC 95-3152, CD 96-437 e CD 97-922 contribuíram mais do que as outras para a interação, apresentando, portanto, menor estabilidade. Por outro lado, é possível supor uma adaptação específica entre determinados genótipos e ambientes (CD 97-922 x Cascavel-II, OC 95-3006 x Santa Rosa-II, CD 96-437 x Santa Rosa-II, CD 97-1243 x Dourados-I e CD 97-945 x Maracajú-II). Os ambientes Cruz Alta-II, Maracajú-II, Cruz Alta-I, Sidrolândia-II e Santa Rosa-I se

posicionaram mais próximos à origem do eixo CPI<sub>1</sub>, sendo mais representativos das condições ambientais médias e particularmente úteis na avaliação de genótipos (Figura 1). Santa Rosa-II, Guaira-II, Dourados-II, Cascavel-II e Campo Mourão-II foram os que mais contribuíram para a referida interação.

A Figura 2 contém a disposição de genótipos e ambientes em relação a CPI<sub>1</sub> e CPI<sub>2</sub>. Os genótipos posicionados próximo à origem dos eixos contribuíram pouco para a interação total em relação àqueles mais afastados à origem, podendo, então, serem considerados mais estáveis (Chaves, 2001). Poderiam, ainda, serem consideradas linhagens de adaptabilidade mais generalizada, por interagirem menos com os ambientes. No presente caso, OC 95 (10)-3441 e IAS 5 foram as mais estáveis. A estabilidade de CD 97-1243 (Figura 1) não foi confirmada com a inclusão do CPI<sub>2</sub>. No entanto, CD 97-1243 revelou maior estabilidade que vários outros materiais (CD 98-3118, OC 95-3152, CD 96-437, OC 95-2806, CD 97-945 e CD 97-922). Com relação a CD 97-945, sua estabilidade aparente (Figura 1) não foi confirmada na Figura 2, provavelmente em função de a Figura 1 representar a simplificação de um conjunto multidimensional de dados num espaço de dimensão mais reduzida. Essa discordância é comum nos casos em que resta uma razoável variabilidade no sentido dos eixos desconsiderados na representação (Duarte e Vencovsky, 1999), confirmando, portanto, que o segundo eixo contém informação relevante para a interação GxE, uma vez que o problema não teria surgido se a variabilidade nessa dimensão fosse diminuta.



**Figura 1.** Biplot AMMI 1 para rendimento de grãos em soja (10 genótipos e 22 ambientes).



**Figura 2.** Biplot AMMI 2 para rendimentos de grãos e soja (10 genótipos e 22 ambientes).

genótipos e 22 ambientes).

Os resultados da Figura 2 coincidem com os da Figura 1 com relação aos genótipos CD 98-3118 e CD 96-437, ambos relativamente instáveis, mas contribuindo para a interação de forma contrária um ao outro, ao se situarem em extremidades opostas. A linhagem CD 98-3118 contribuiu muito para a interação GxE, mas, como sua média está próxima à média geral, isto permite supor que seus desvios estariam associados a interações positivas e negativas que terminam anulando-se umas às outras. Quanto à adaptação específica, as Figuras 1 e 2 coincidem quando apontam para a interação entre CD 96-437 e Santa Rosa-II. Há também interações negativas identificadas pela grande distância entre genótipos e ambientes, como no caso do desempenho particularmente negativo de OC 95-3006 no ambiente Cascavel-II e de CD 96-437 em Campo Mourão-II.

A técnica AMMI foi satisfatória na identificação das linhagens de maior estabilidade, pois seus resultados coincidem com os resultados dos demais métodos, particularmente com os da ecovalência. No entanto, pelo alto número de eixos requeridos e pelo fato de a análise estar restrita a apenas 2 ou 3 eixos, houve uma baixa precisão na identificação das interações de menor magnitude.

A rigor, cada um dos métodos propostos deu a sua contribuição para um melhor entendimento da interação GxE. Os métodos tradicional e da ecovalência forneceram informações de estabilidade, mas não de adaptabilidade dos genótipos estudados. Essa demanda informativa foi atendida pelos métodos baseados em regressão, os quais, ao fornecerem informações de adaptabilidade e estabilidade, facilitaram a caracterização dos genótipos. Por último, a metodologia AMMI, apesar dos problemas já comentados, foi capaz de fornecer informações quanto à estabilidade e também sugeriu associações específicas entre determinados genótipos e ambientes.

## Conclusão

A coincidência de resultados utilizando diferentes métodos de avaliação de adaptabilidade e estabilidade foi maior no caso das linhagens de comportamento extremo, havendo algumas divergências entre as metodologias no julgamento dos genótipos intermediários. Neste sentido, cada uma das metodologias forneceu sua contribuição para um melhor entendimento da interação GxE. A análise dos resultados, segundo os distintos métodos, mostrou

que CD 97-922 e CD 98-3118 são responsivas em ambientes desfavoráveis, CD 97-1243, OC 95-3006, OC 95(10)-3441 e IAS 5 possuem ampla adaptação e boa estabilidade e que OC 95-2806, CD 96-437, CD 97-945 e OC 95-3152 possuem adaptação ampla, mas estabilidade apenas razoável.

## Referências

- CHAVES, L.J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L.L. *et al.* (Ed.). *Recursos genéticos e melhoramento: plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. cap. 22, p. 673-714.
- CROSSA, J. *et al.* Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international wheat yield trial. *Theor. Appl. Genet.*, Berlin, v. 81, n.1, p.27-37, 1991.
- CRUZ, C.D. *Programa Genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa-Imprensa Universitária, 2001.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2003.
- CRUZ, C.D. *et al.* An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. *Rev. Bras. Genét.*, Ribeirão Preto, v.12, n.2, p.567-580, 1989.
- DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. *Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999.
- EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. *Crop. Sci.*, Madison, v. 6, p.36-40, 1966.
- GOMES, F.P. *Curso de estatística experimental*. 11.ed. Piracicaba: Nobel, 1987.
- LIN, C.S. *et al.* Stability analysis. Where do we stand? *Crop Sci.*, Madison, v. 26, p.894-899, 1986.
- PINTO, R. J. B. *Introdução ao melhoramento genético de plantas*. Maringá: Eduem, 1995.
- STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. *SAS/STAT software: changes and enhancements through release 6.12 (software)*. Cary: SAS INSTITUTE, 1997.
- WRICKE, G; WEBER, E.W. *Quantitative genetics and selection in plant breeding*. Berlin: Walter de Gruyter, 1986.
- YATES, F.; COCHRAN, W.G. The analysis of groups of experiments. *J. Agric. Sci.*, Cambridge, v.28, p.556-80, 1938.
- ZOBEL, R.W. *et al.* Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.*, Madison, v.80, n.3, p.388-393, 1988.

Received on October 16, 2003.

Accepted on August 31, 2004.