

ZONEAMENTO E ADAPTAÇÃO PRODUTIVA DE GENÓTIPOS DE SOJA DE CICLO MÉDIO DE MATURAÇÃO PARA GOIÁS¹

Roberto Miranda Pacheco², João Batista Duarte², Maurício da Silva Assunção³, José Nunes Júnior⁴ e Alexandre Augusto Pessoa Chaves²

ABSTRACT

AGRO-ECOLOGICAL SUBDIVISION AND PRODUCTIVE ADAPTATION OF MEDIUM CYCLE SOYBEAN GENOTYPES TO GOIÁS STATE-BRAZIL

In this paper, it was evaluated soybean germplasm test in the central Brazilian savannah, in Goiás State, aiming to identify key-locations to establish genetic improvement programs, as well as to establish agronomical zones (mega-environments) for cultivar recommendation. It was identified genetic material showing broad and specific adaptation using data from regional yield trials. Twenty-eight lines were evaluated at seven locations. The statistical analysis was based on the AMMI model (additive main effects and multiplicative interactions). Four agronomic zones were identified: (Rio Verde and Anápolis 1), (Mineiros and Senador Canedo 1), (Anápolis 2 and Senador Canedo 2) and Chapadão do Céu. The first group, with a lower contribution to the genotype by environment interaction, is appropriated for conducting the earlier phases of the programs. There was a lack of genotypes adapted to Chapadão do Céu, Anápolis 2 and Senador Canedo 1, the most contrasting locations, mainly to Chapadão do Céu, next-to-last in the productivity ranking, and Senador Canedo 1, the most productive environment. Regarding genotypes, Pintado, Conquista and BRAS97-72, with a small interaction, showed broad adaptation. Generally, the genotypes showed adaptation to median environments. The line GOBR96-004186, while also expressing this pattern, was the genotype most adapted to the Chapadão do Céu location.

KEY WORDS: GE interaction, environmental stratification, AMMI analysis, agronomical zoning, mega-environments.

INTRODUÇÃO

Ensaio finais de avaliação de linhagens de soja para recomendação comercial de cultivares são normalmente conduzidos em ambientes distintos e com número expressivo de genótipos. Nessa situação, é comum que diferentes genótipos sejam superiores

RESUMO

Neste trabalho avaliou-se um germoplasma experimental de soja, no Estado de Goiás, visando identificar locais-chave para condução de programas de melhoramento e zonas agrônomicas para recomendação de cultivares. Buscou-se também identificar genótipos de adaptação produtiva ampla e específica. Utilizaram-se dados de produtividade de grãos obtidos em ensaios finais de avaliação de linhagens, delineados em blocos casualizados. Foram testadas vinte e oito linhagens, em sete locais da região produtora de soja no Estado, na safra de 2000-2001. A análise estatística baseou-se no modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI). Os locais divergiram quanto à interação genótipos x ambientes, permitindo identificar quatro zonas agrônomicas: (Rio Verde e Anápolis 1), (Mineiros e Senador Canedo 1), (Anápolis 2 e Senador Canedo 2) e Chapadão do Céu. O primeiro grupo, com menor contribuição para a interação, revelou-se apropriado às fases preliminares dos programas. Os locais Chapadão do Céu, Anápolis 2 e Senador Canedo 1 caracterizaram-se como os mais contrastantes quanto às interações com os genótipos avaliados. Houve carência de genótipos adaptados a essas condições, sobretudo a Chapadão do Céu, penúltimo colocado em produtividade, e a Senador Canedo 1, o local mais produtivo. Destacaram-se como de adaptação ampla, revelando pequena interação, os cultivares Pintado e Conquista e a linhagem BRAS97-72. Os genótipos apresentaram adaptação preferencial aos ambientes medianos. A linhagem GOBR96-004186, embora também expressasse essa tendência, revelou-se adaptada a Chapadão do Céu.

PALAVRAS-CHAVE: interação GE, estratificação de ambientes, análise AMMI, zoneamento agrônomico, rede de ensaios.

nos diferentes ambientes, caracterizando a chamada interação genótipos com ambientes (GE). A possibilidade de otimização da produção de uma dada região onde se identifica esse tipo de interação, em que nenhum genótipo é o melhor em todas as localidades, está ligada à possibilidade de que essa

1. Parte da tese do primeiro autor, em desenvolvimento na Universidade Federal de Goiás. Trabalho recebido em ago./2002 e aceito para publicação em jan./2003 (registro nº 514).

2. Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, C. Postal. 131, CEP 74001-970, Goiânia, GO.

3. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisa de Soja (Embrapa Soja). Londrina, PR.

4. Centro Tecnológico de Pesquisa Agropecuária (CTPA) / Agência Rural do Estado de Goiás. Goiânia, GO.

região possa ser subdividida em sub-regiões relativamente homogêneas do ponto de vista da interação de genótipos com ambientes. Há ainda, nesse caso, a possibilidade de que os genótipos que demonstrem superioridade em cada uma dessas zonas sejam a elas destinados. Tais sub-regiões, neste trabalho referidas como "zonas agronômicas", são áreas não necessariamente contínuas de uma região de cultivo, que apresentam um conjunto de condições ambientais que possibilitam aos mesmos genótipos serem sempre os melhores nesse conjunto de locais.

Gauch & Zobel (1997) argumentam que, sem a subdivisão em zonas, somente uma adaptação ampla pode ser explorada; mas, com a subdivisão, podem ser exploradas também adaptações específicas. Adicionalmente, ressaltam que a subdivisão de uma região de cultivo comercial de uma espécie vegetal, embora possa implicar um volume maior de trabalho para melhoristas e produtores de sementes, também implica em herdabilidades mais elevadas e, portanto, progresso mais rápido dentro de um programa de melhoramento genético. Além disso, leva a uma maior capacidade competitiva dos produtores de sementes e, também, produtividades mais altas aos agricultores.

A proposta deste trabalho foi analisar a similaridade e diversidade entre locais de teste de germoplasma de soja, de ciclo médio de maturação no Estado de Goiás, com base em informações da interação GE. A partir desta avaliação, buscou-se também identificar, no conjunto dos genótipos avaliados (linhagens experimentais e cultivares comerciais), materiais genéticos de adaptação produtiva ampla, bem como aqueles adaptados a condições ambientais mais específicas. Tais objetivos relacionam-se com a seleção de locais-chave para o teste de germoplasma, com a identificação de zonas agronômicas para recomendação de cultivares e com a caracterização dos genótipos quanto à estabilidade e adaptabilidade fenotípicas.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de produtividade de grãos provenientes de ensaios finais de avaliação de linhagens de soja, plantados em blocos casualizados com quatro repetições. Os experimentos foram conduzidos em sete localidades representativas da região produtora dessa cultura no Estado de Goiás, em 2000-2001, a saber: Anápolis-1; Anápolis-2; Chapadão do Céu; Mineiros; Rio Verde; Senador Canedo-1 e Senador Canedo-2, sendo que os números

1 e 2 indicam uma defasagem de 30 dias na semeadura. No contexto da interação GE, cada ensaio representou um ambiente de cultivo, tendo sido avaliadas vinte e oito linhagens, incluindo quatro cultivares testemunhas (Conquista, Pintado, EMGOPA-315 e Monsoy-8411).

A análise estatística baseou-se no modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa, conhecido como modelo de análise AMMI – *additive main effects and multiplicative interactions* – cuja expressão matemática é:

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \left[\sum_{k=1}^N \lambda_k \gamma_{gk} \eta_{ek} + \rho_{ge} \right] + \varepsilon_{ger}$$

em que: Y_{ger} é a produção do genótipo g no ambiente e , repetição r ; μ é a média geral, α_g é o efeito genotípico principal (média do genótipo menos a média geral); β_e é o efeito ambiental principal; N é o número de eixos considerados significativos no modelo; λ_k é o valor singular do eixo k ; γ_{gk} é o g -ésimo elemento do vetor singular genotípico associado ao eixo k ; η_{ek} é o e -ésimo elemento do vetor singular ambiental associado ao eixo k ; ρ_{ge} é o resíduo AMMI não significativo; e ε_{ger} é o termo do erro. Uma detalhada descrição da metodologia AMMI é encontrada em Gauch (1992), Ebdon & Gauch (2002) e Duarte & Vencovsky (1999).

O agrupamento de locais foi realizado com base na matriz de interações resultante do modelo $AMMI_N$ escolhido pelo critério estatístico (Cornelius *et al.* 1992). Nesta matriz observa-se um valor de interação GE para cada genótipo em cada ambiente. Considerando que a similaridade da grandeza da interação de dois locais com cada genótipo é uma medida do grau de semelhança entre estes locais, no que diz respeito aos aspectos que influenciam a característica sob estudo, pode-se dizer que a soma de quadrados das diferenças entre as interações de cada par de ambientes, para todos os genótipos, oferece uma medida de distância ($D_{ee'}^2$) entre os dois ambientes:

$$D_{ee'}^2 = \sum_g (\hat{GE}_{ge} - \hat{GE}_{ge'})^2$$

em que: \hat{GE}_{ge} e $\hat{GE}_{ge'}$ são estimativas $AMMI_N$ das interações do genótipo g com o ambiente e e com o ambiente e' , respectivamente.

Para o presente conjunto de dados, o valor obtido de $D_{ee'}^2$ foi multiplicado pelo fator 10^{-6} para melhor operacionalização da análise de agrupamento. Com os valores obtidos, gerou-se uma matriz de distâncias entre todos os locais. Essa matriz foi

utilizada para produzir um dendrograma, a fim de possibilitar uma pronta visualização das distâncias relativas entre os locais.

Gráficos "biplot" gerados a partir das coordenadas obtidas como resultado da análise AMMI foram utilizados para uma melhor visualização e compreensão da estrutura da interação GE existente. A partir de tais gráficos é possível identificar interações positivas de genótipos com ambientes específicos, que podem ser aproveitados na seleção. Tais interações, no gráfico, correspondem às combinações de genótipos e ambientes com coordenadas de mesmo sinal (Duarte & Vencovsky, 1999). Além disso, a representação gráfica permite uma rápida identificação de ambientes mais produtivos e com menor contribuição para a interação GE (escores próximos de zero), os quais podem representar situações favoráveis ao estabelecimento das fases preliminares de um programa de melhoramento genético de plantas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise AMMI (Tabela 1) mostram que o modelo AMMI₂ foi altamente significativo, enquanto seu resíduo não alcançou significância a 5% de probabilidade. Isso indica a escolha do modelo AMMI₂ como o que melhor representa o padrão da interação GE existente, relegando o restante a um ruído que pode ser descartado no contexto da análise do conjunto de dados em estudo.

Na Tabela 2 são apresentadas as distâncias quadráticas obtidas a partir da matriz com as novas estimativas de interação GE, estimativas estas provenientes do processamento do modelo AMMI₂. Esses resultados expressam as similaridades e dissimilaridades entre os locais considerados no estudo, além de possibilitar a implementação de uma análise de agrupamento.

Tabela 1. Análise conjunta de variância, incluindo o desdobramento para os dois primeiros termos AMMI da interação GE

Fonte de Variação (Modelo)	GL	QM	F	P>F
Genótipo (G)	27	174956,5360	1,45	0,0834
Ambiente (E)	6	1637958,3190	13,57	<0,0001
Interação GE	162	120747,1400	2,21	<0,0001
AMMI ₁	32	288556,5562	5,27	<0,0001
Resíduo AMMI ₁	130	79440,2039	1,45	0,0023
AMMI ₂	30	116023,8327	2,12	0,0006
Resíduo AMMI ₂	100	68465,1153	1,25	0,0631
Erro médio	567	54756,40	-	-

Tabela 2. Matriz de distâncias quadráticas entre os locais (x10⁻⁶), relacionadas às estimativas de interação GE e obtidas a partir do modelo AMMI₂

Local	Anápolis1	Anápolis2	C. do Céu	Mineiros	R. Verde	S.Canedo1	S.Canedo2
Anápolis-1	0	-	-	-	-	-	-
Anápolis-2	2,98	0	-	-	-	-	-
C. do Céu	4,90	14,85	0	-	-	-	-
Mineiros	1,31	3,53	9,13	0	-	-	-
Rio Verde	0,04	3,00	5,34	0,89	0	-	-
S.Canedo-1	4,02	6,00	13,67	0,75	3,24	0	-
S.Canedo2	0,76	1,14	9,50	0,75	0,61	2,61	0

O dendrograma resultante dessa análise (Figura 1) permite identificar a formação de três grupos: a) Anápolis-1, Rio Verde, Senador Canedo-2 e Anápolis-2; b) Mineiros e Senador Canedo-1; c) Chapadão do Céu. Entretanto, combinando-se a informação desse gráfico àquela proveniente da representação "biplot" (Figura 2), verifica-se que os locais Senador Canedo-2 e Anápolis-2 apresentam escores de mesmo sinal para os dois eixos de interação aproveitados. Isso indica que esses locais interferem de modo similar sobre o comportamento genotípico em geral. O mesmo pode ser constatado acerca dos locais Anápolis-1 e Rio Verde. Assim, a proposta de agrupamento final aqui apresentada é: a) Anápolis-1 e Rio Verde; b) Senador Canedo-2 e Anápolis-2; c) Mineiros e Senador Canedo-1; d) Chapadão do Céu, isoladamente. O fato de duas épocas de semeadura em um mesmo local, Anápolis e Senador Canedo, terem sido agrupadas em zonas agrônomicas distintas é um indicador de que efetivamente, em soja, épocas devem ser tratadas como ambientes distintos.

Diante dos resultados, conclui-se que, no momento de eleger locais para o teste desse germopl

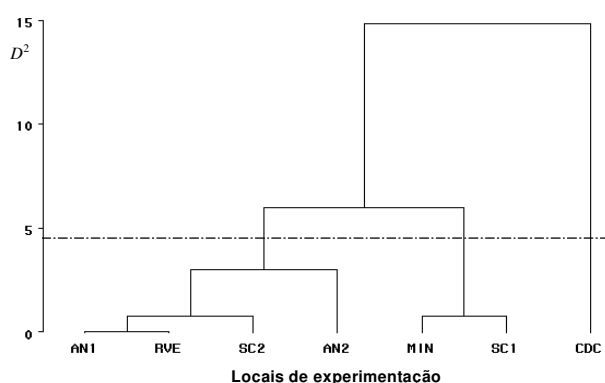


Figura 1. Dendrograma com o agrupamento hierárquico dos locais em função da distância quadrática (D²) entre estimativas AMMI₂ de interação GE. (AN1: Anápolis1, AN2: Anápolis2, CDC: Chapadão do Céu, MIN: Mineiros, RVE: Rio Verde, SC1: Senador Canedo1, SC2: Senador Canedo2).

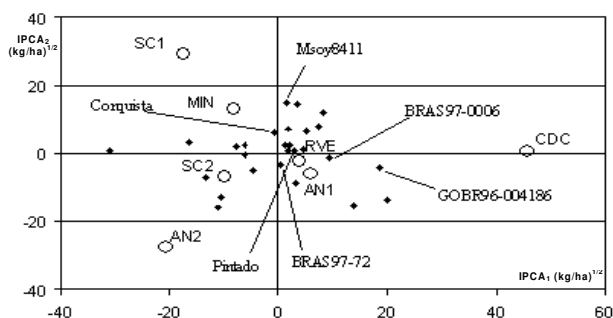


Figura 2. *Biplot* AMMI₂ com os dois primeiros eixos principais de interação ($IPCA_1$ e $IPCA_2$), correspondente à representação de vinte e oito genótipos (losangos), seis destes identificados, e sete locais (círculos). (AN1: Anápolis1, AN2: Anápolis2, CDC: Chapadão do Céu, MIN: Mineiros, RVE: Rio Verde, SC1: Senador Canedo1, SC2: Senador Canedo2).

plasma, na região, deve-se priorizar, inicialmente, um local de cada grupo ou zona agrônômica e, só depois de garantido o material e as condições para estes, se dependerá recursos para a instalação de ensaios em outros locais dentro de cada zona. Deve-se salientar que, somente com a continuidade desses estudos se poderá assegurar uma melhor caracterização das zonas agrônômicas aqui identificadas e, assim, garantir maior eficácia da capacidade preditiva do modelo implementado.

O gráfico *biplot* (Figura 2), gerado pelos eixos $IPCA_1$ e $IPCA_2$, mostra ainda que os locais com menor contribuição para a interação GE foram

Anápolis-1 e Rio Verde. Isso pode ser constatado pela maior proximidade dos pontos correspondentes a esses locais em relação à origem do sistema cartesiano, onde a magnitude da intersecção GE é teoricamente nula.

Na Figura 2 verifica-se também que há um forte contraste entre os ambientes Chapadão do Céu, Senador Canedo-1 e Anápolis-2, no que tange à interação desses ambientes com os genótipos testados. Chapadão do Céu tem sua contribuição para a interação GE capturada basicamente pelo primeiro eixo de interação. Os outros dois ambientes, embora mostrem alguma interação relacionada ao primeiro eixo, apresentam-na com sinal inverso de Chapadão do Céu. Já os locais Senador Canedo-1 e Anápolis-2, embora mostrem valores de interação de mesma magnitude e sinal no primeiro eixo de interação, distanciam-se no segundo eixo, apresentando valores de interação semelhantes, porém, com sinal invertido.

Com respeito à adaptabilidade produtiva dos genótipos, pode-se constatar claramente uma falta de genótipos adaptados a esses ambientes contrastantes (Figura 2), principalmente a Chapadão do Céu e Senador Canedo-1. Por outro lado, verifica-se que alguns genótipos apresentaram uma pequena contribuição para a interação GE (pontos próximos à origem dos eixos $IPCA$), enquanto outros tiveram uma contribuição maior.

O *biplot* construído com os dois eixos de interação ($IPCA_1$ e $IPCA_2$) mais um eixo de produtividade média (Figura 3) mostra que há um

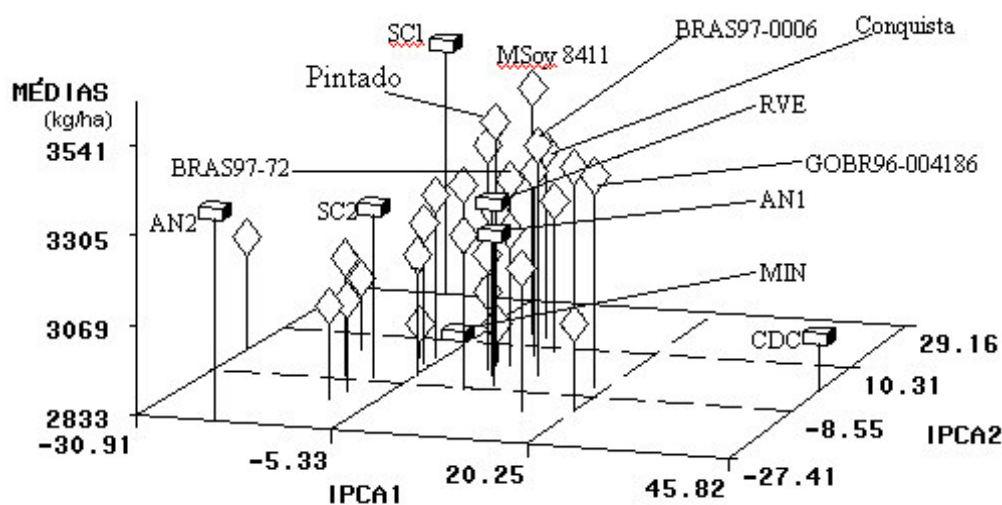


Figura 3. *Biplot* AMMI₂ com os dois primeiros eixos principais de interação ($IPCA_1$ e $IPCA_2$) e um eixo de produtividade média (kg/ha), correspondente à representação de vinte e oito genótipos (losangos), seis destes identificados, e sete locais (cubos). (AN1: Anápolis1, AN2: Anápolis2, CDC: Chapadão do Céu, MIN: Mineiros, RVE: Rio Verde, SC1: Senador Canedo1, SC2: Senador Canedo2).

conjunto de genótipos com adaptação geral, ou seja, de maior estabilidade e com produtividades relativamente satisfatórias (acima de 3.300 kg/ha). Esses genótipos são as cultivares Pintado, Conquista (MGBR-46), além da linhagem experimental BRAS97-72.

Observando-se a Figura 3, nota-se também uma concentração de genótipos na região central do *biplot*, o que demonstra uma tendência dos genótipos a se adaptarem a ambientes intermediários no que tange à produtividade, por exemplo, Anápolis-1, Rio Verde e Senador Canedo-2. As linhagens BRAS97-0006 e GOBR96-004186, embora também tenham expressado essa tendência, revelaram-se, dentre as mais produtivas, mais bem adaptadas do que os demais genótipos ao local Chapadão do Céu. Isso pode ser percebido pelas posições dos pontos dessas linhagens nas Figuras 2 e 3, os quais se encontram mais próximos ao ponto correspondente a Chapadão do Céu, comparativamente às demais linhagens.

CONCLUSÕES

1. Os locais apresentaram divergências quanto à interação GE, permitindo identificar quatro zonas agrônomicas: (Anápolis-1 e Rio Verde), (Senador Canedo-2 e Anápolis-2), (Mineiros e Senador Canedo-1) e, isoladamente, Chapadão do Céu.
2. O grupo formado por Anápolis-1 e Rio Verde mostrou menor contribuição para a interação GE, revelando-se apropriado para o desenvolvimento de fases preliminares do programa de seleção.
3. Os locais Chapadão do Céu, Anápolis-2 e Senador Canedo-1 caracterizaram-se como os mais contrastantes do conjunto. Esse fato foi acompanhado de uma carência de genótipos adaptados a tais condições, sobretudo a Chapadão do Céu, um dos ambientes mais desfavoráveis, e a Senador Canedo-1, o ambiente mais favorável.
4. Destacaram-se como estáveis e produtivos, com adaptação geral aos ambientes de cultivo, os cultivares Pintado e Conquista, bem como a linhagem BRAS97-72.
5. Os genótipos, em geral, mostraram comportamentos adaptativos similares, com adaptação preferencial aos ambientes de produtividade média intermediária.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Convênio Goiás, integrado pelo Centro Tecnológico de Pesquisa Agropecuária (CTPA), pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) e pela Agência Rural do Estado de Goiás, pela cessão dos dados utilizados neste estudo.

REFERÊNCIAS

- Cornelius, P.L.; Seyedsadr, M.; Crossa, J. 1992. Using the shifted multiplicative model to search for separability in crop cultivar trials. *Theor. Appl. Genet* 84: 161-172.
- Duarte, J.B. & R. Vencovsky. 1999. Interação Genótipos x ambientes: Uma Introdução à Análise "AMMI". Sociedade Brasileira de Genética. Série Monografias. Ribeirão Preto. 60 p.
- Ebdon, J.S. & H.G. Gauch Jr. 2002. Additive Main Effect and Multiplicative Interaction Analysis of National Turfgrass Performance Trials: II. Cultivar Recommendations. *Crop Science*, 42(2): 497-506.
- Gauch, H.G. 1992. Statistical Analysis of regional Yield trials: AMMI Analysis of Factorial Designs. Elsevier Science Publishers, Netherlands. 277 p.
- Gauch Jr., H.G & R.W. Zobel. 1997. Identifying Mega-Environments and Targeting Genotypes. *Crop Science*, 37(2): 311-326.