

## INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE COM USO DA ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS PARA POPULAÇÕES DE SOJA SELECIONADAS PARA RESISTÊNCIA A INSETOS

Maria Clideana Cabral MAIA<sup>1</sup>  
Natal Antonio VELLO<sup>2</sup>  
Lúcio Borges de ARAÚJO<sup>3</sup>  
Carlos Tadeu dos Santos DIAS<sup>4</sup>  
Luís Cláudio de OLIVEIRA<sup>5</sup>  
Maurisrael de Moura ROCHA<sup>1</sup>

- RESUMO: O objetivo deste trabalho foi explorar a interação entre genótipos e ambientes em *Glycine max* com o uso do método de análise de componentes principais com múltiplas matrizes de dados. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados com duas repetições estratificadas em três conjuntos experimentais com testemunhas comuns. Os fatores considerados para a análise são: linhagens endogâmicas (G1, G2, ..., G44), ambientes, dados pela combinação entre locais, a saber, as Estações Experimentais de Anhembi (ANH) e Areão (AR), localizadas no município de Piracicaba, e a presença ou não de manejo. Implementou-se a análise por componentes principais generalizada feita por meio da decomposição das matrizes de componentes obtidas pelo software MATLAB. As linhagens experimentais 27 e 40 na Estação Experimental do Anhembi, na presença de manejo, foram tolerantes a sugadores e mastigadores e apresentaram alta produtividade além de apresentarem interações específicas podendo ser recomendadas para essa condição de cultivo. Os genótipos 6, 7, 12, 26, 30 são responsivos ao estímulo ambiental, apresentando previsibilidade específica na Fazenda Areão, na ausência de manejo. As linhagens experimentais: 2, 3, 6, 19, 23, 31 e 38 são bastante promissoras para produtividade considerando que se agrupa ao desempenho produtivo da linhagem testemunha (44) apresentando estabilidade específica para o local Anhembi na ausência de manejo. Os genótipos 3, 8, 13, 16, 22 e 23 podem ser indicados para Fazenda Areão na presença de manejo já que além da maior produtividade carregam em seus genomas genes que manifestam tolerância a insetos mastigadores e sugadores concomitantemente.

---

<sup>1</sup> EMBRAPA - Genética e Melhoramento de Plantas, CEP: 64006-220, Teresina, PI, Brasil. E-mail: [clideana@gmail.com](mailto:clideana@gmail.com) / [maurisrael.rocha@embrapa.br](mailto:maurisrael.rocha@embrapa.br).

<sup>2</sup> Universidade de São Paulo - USP, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - ESALQ, Departamento de Genética e Melhoramento de Plantas, CEP: 13418-900, Piracicaba, São Paulo, Brasil, E-mail: [natal.vello@usp.br](mailto:natal.vello@usp.br)

<sup>3</sup> Universidade Federal de Uberlândia - UFU, Faculdade de Matemática, CEP: 38400902, Uberlândia, MG, Brasil. E-mail: [lucio@famat.ufu.br](mailto:lucio@famat.ufu.br)

<sup>4</sup> Universidade de São Paulo - USP, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - ESALQ, Departamento de Ciências Exatas, CEP: 13418-900, Piracicaba, São Paulo, Brasil, E-mail: [ctsdias@usp.br](mailto:ctsdias@usp.br)

<sup>5</sup> EMBRAPA - Agrossilvicultura, CEP: 669900-970, Rio Branco, Acre, Brasil, E-mail: [luis.oliveira@embrapa.br](mailto:luis.oliveira@embrapa.br)

- PALAVRAS-CHAVE: *Glycine max*; interação tripla; múltiplas matrizes de dados.

## 1 Introdução

A soja (*Glycine Max* L. Merrill) é a espécie em que se conseguiu aproximar mais da maximização da produtividade, por meio da associação do uso racional e eficiente do ambiente com o melhoramento genético. O ponto relevante do melhoramento é o fato de o uso de novas cultivares não representarem custos adicionais aos agricultores.

O cultivo extensivo da soja, contemplando ambientes diversificados, provoca uma resposta diferencial dos genótipos. Neste sentido, a GE (interação de genótipo e ambiente) representa aspecto relevante no contexto do melhoramento. Assim sendo, DUARTE e VENCOVSKY (1999) afirmam que o entendimento deste fenômeno torna-se imprescindível aos programas de melhoramento que procuram minimizar a inconsistência das características relacionadas à produtividade frente à variação ambiental, para recomendações mais acertadas.

O comportamento de genótipos pode ser elucidado pelo estudo GE com sua partição em parâmetros de adaptabilidade (responsividade ao estímulo ambiental) e estabilidade produtiva (previsibilidade de comportamento). Em particular, a estabilidade específica de genótipos a multiambientes possibilita tirar proveito desse efeito estando, via de regra, associado a elevadas produtividades. Pela mesma razão, sob o ponto de vista de recursos genéticos, a exploração dessa interação feita por meio do zoneamento ecológico é interessante para manter a variabilidade genética da espécie, principalmente, porque a soja cultivada possui base genética estreita. Contudo, para que seja possível tirar proveito desses efeitos positivos, de acordo com DUARTE e ZIMMERMAN (1995) é preciso dispor de métodos estatísticas adequadas para se estimar e explorar a interação, permitindo assim recomendações regionalizadas.

Procedimentos genético-estatísticos mais robustos como o é a análise de componentes principais (ACP) com múltiplas matrizes de dados (arranjo de três entradas) podem ser idealmente utilizados para elucidar o fenômeno da interação cruzada e o comportamento produtivo de espécies com altos níveis de melhoramento genético como a soja nas etapas finais dos programas de melhoramento.

A representação gráfica dos dados em diagrama de dispersão multivariado, por exemplo, *joint plot* tem a importante propriedade de sumarizar os dados, permitindo uma melhor visualização da tendência da distribuição de dados e de pontos discrepantes, facilitando, conseqüentemente, sua interpretação.

Esta pesquisa visa estudar a GE e a adaptabilidade e estabilidade produtivas, com o emprego da modelagem biométrica de componentes principais para avaliação de linhagens experimentais de soja, tendo por finalidade identificar genótipos que reúnam características de produtividade e tolerância a insetos sugadores e mastigadores simultaneamente.

## 2 Material e métodos

O material genético envolve duas populações obtidas a partir de um dialelo parcial 4x4 desenvolvido com a finalidade de reunir os genes de tolerância/resistência a insetos presentes em quatro genitores (IAC-100, Crockett, Lamar e D72-9601-1), com genes para desempenho agrônomico favorável (principalmente, produtividade de grãos e precocidade) presentes em quatro cultivares adaptadas (BR-6, IAS-5, Davis, Ocepar-4). Genótipos dos 16 cruzamentos do dialelo parcial foram avaliados em multiambientes.

- População **RIS** (população selecionada para resistência a insetos sugadores): obtidas pela seleção feita para tolerância a insetos sugadores entre 72 plantas  $F_2$  de cada um dos 16 cruzamentos, em cultivo em covas em Mococa - SP (Estação Experimental do IAC); estas plantas receberam aplicações de inseticidas apenas durante o ciclo vegetativo, com a finalidade de controlar insetos mastigadores; a partir do florescimento, não foi feita nenhuma aplicação de inseticida, de maneira que os insetos sugadores pudessem se desenvolver, multiplicar e atacar as vagens e grãos produzidos pelas plantas  $F_2$ .
- **A população genética RIM (População selecionada para resistência a insetos mastigadores):** obtidas pela seleção feita para tolerância a insetos mastigadores (principalmente lagartas) realizada entre 72 plantas  $F_2$  de cada um dos 16 cruzamentos, em cultivo em covas em Mococa - SP (Estação Experimental do IAC); estas plantas não receberam aplicações de inseticidas durante o ciclo vegetativo, a partir do florescimento, foi feita a aplicações de inseticida, para o controle dos insetos sugadores.

Os experimentos conduzidos em 1999/00 incluíram 80 linhagens experimentais, na geração  $F_{10}$ , sendo 40 linhagens da população **RIS** e 40 linhagens da população **RIM**; os experimentos, conduzidos em 2000/01 envolveram um total de 20 linhagens para cada população  $F_{11}$  selecionadas com base nos resultados obtidos no ano agrícola anterior.

Dezesseis experimentos das combinações de duas populações (RIM e RIS), dois locais (Estação Experimental Anhembi e Fazenda Areão), dois anos (1999/00 e 2000/01) e dois sistemas de manejo (com controle intensivo de insetos e com controle ecológico de insetos) foram conduzidos em dois locais do município de Piracicaba, SP (Estação Experimental Anhembi e Fazenda Areão), durante dois anos agrícolas (1999/00, 2000/01) e em dois sistemas de manejo (com controle intensivo de insetos e com controle ecológico de insetos). Promoveu-se a aplicação de inseticidas apenas quando se observou a ocorrência de grande quantidade de danos nas folhas causadas por insetos mastigadores e ou quando a infestação natural atingiu quatro percevejos/m<sup>2</sup> por batida de pano. Utilizou-se o delineamento aleatorizado em blocos, com duas repetições estratificadas em três conjuntos experimentais com testemunhas comuns (IAC-100, Ocepar-4, IAS-5 e primavera) à semelhança dos blocos de Federer nos quais após isolar o efeito de conjuntos de dados foram analisados segundo o delineamento de blocos casualizados. Em cada local e ano agrícola, os dois experimentos correspondentes aos dois sistemas de manejo foram instalados em áreas contíguas no campo.

As variáveis avaliadas foram codificadas da seguinte forma: número de dias para o florescimento (X1), altura da planta na maturação em cm (X2), notas de 1 a 5 para acamamento (X3), notas de 1 a 5 para valor agrônomico (X4), notas de 1 a 3 para mastigadores (X5), peso de cem sementes em gramas (X6), percentagem de sementes

manchadas por amostra aleatória de 100 sementes (X7) e produtividade de grãos em gramas por parcela (X8).

Os fatores considerados para a análise foram: genótipos (G1, G2,..., G44), no ano 1999/2000, totalizando 40 linhagens endogâmicas e quatro testemunhas comuns e genótipos (G1, G2,..., G23) no total de 20 linhagens puras e três testemunhas comuns com exclusão da linhagem Primavera, no ano 2000/2001, e combinação de locais Anhembi e Areão com a presença ou não de manejo, totalizando 16 experimentos.

A análise dos dados foi feita pelo uso da generalização do modelo de componentes principais para dados de duas entradas. Assim, para um arranjo de três-entradas  $\underline{X}$ , cada

elemento  $x_{ijk}$  pode ser escrito como:  $x_{ijk} = \sum_{p=1}^P \sum_{q=1}^Q \sum_{r=1}^R a_{ip} b_{jq} c_{kr} g_{pqr} + e_{ijk}$ , sendo que  $e_{ijk}$

é um elemento do arranjo residual  $\underline{E}$  [ $I$  (genótipos)  $\times$   $J$  (locais)  $\times$   $K$  (variáveis)];  $a_{ip}$ ,  $b_{jq}$  e  $c_{kr}$  são elementos das matrizes de componentes  $A(I \times P)$ ,  $B(J \times Q)$  e  $C(K \times K)$ ; e  $g_{pqr}$  é um elemento do arranjo núcleo  $\underline{G}$  ( $P \times Q \times R$ ). Este é o modelo Tucker3 (1966) de  $\underline{X}$  ( $P, Q, R$ ), em que  $P, Q, R$  indicam o número de componentes em cada entrada.

A representação gráfica dos modelos de Tucker3 (1966) é apresentada por (KROONENBERG, 1983), que é denominado por *joint biplot*. Esta representação é semelhante a um *biplot* padrão (GABRIEL, 1971) e os princípios de interpretação do *joint biplot* podem ser encontrados em VARELA (2006) e ARAÚJO et al (2009). A diferença entre as representações gráficas esta na construção sendo que o *joint biplot* é construído como um *biplot* para dois fatores dada a **matriz** de componente do modelo Tucker3 (1966) referente ao terceiro fator (terceira entrada), ou seja, cada *joint biplot* é construído usando diferentes fatias do arranjo núcleo. Em outras palavras, para construir um *joint biplot* após ajustar um modelo de Tucker3 (1966) é necessário obter uma **matriz**  $\Delta_r = A G_r B^t = A_r^* B_r^{*t}$  de dimensão  $I \times J$ , com  $r = 1, 2, \dots, R$  e então, por meio da DVS (decomposição do valor singular), representa-se  $\Delta_r$  por meio de um *biplot*, obtendo-se então o *joint plot*. Para cada componente da **matriz**  $C$ , tem-se uma fatia  $G_r$  associada ao núcleo e, portanto, para cada componente na **matriz**  $C$  é necessário construir um *joint biplot* para a **matriz** de componentes.

Quanto à interpretação de um *joint plot* (VARELA, et al., 2006), suponha um gráfico que é proje-tado sobre o  $r$ -ésimo componente principal da terceira entrada, tal que no *joint plot* aparecem todos os níveis das duas primeiras entradas. Em seguida, selecione, a partir de matrizes  $C$ , os níveis desse fator com maior peso no  $r$ -ésimo componente (positivos ou negativos). Suponha que a matriz  $C$  tem um valor positivo e elevado associado ao  $k$ -ésimo nível da terceira entrada, então proximidades entre os níveis da primeira e da segunda entrada indicam que a interação tripla entre o  $i$ -ésimo nível da primeira entrada,  $j$ -ésimo nível da segunda entrada e  $k$ -ésimo nível da terceira entrada é positiva. Em contrapartida, se o  $i$ -ésimo nível do primeiro fator está muito longe do  $j$ -ésimo nível do segundo fator, isso indica que a interação tripla associada a esses três fatores é negativa. Caso a matriz  $C$  tenha um valor alto negativo associado ao  $k$ -ésimo nível do terceiro fator, as interações triplas serão o oposto de quando o valor é positivo. Em geral, os níveis de uma entrada localizada no centro do *joint plot* são considerados um conjunto que tem um desempenho médio em todos os outros modos.

Todas as análises foram implementadas utilizando o software MATLAB (2007), posto que este tem grande facilidade para trabalhar com arranjos de três entradas.

### 3 Resultados e Discussão

A melhor solução, segundo o método de TIMMERMAN e KIERS (2000) foi o modelo (5 x 3 x 3), que explica 51,67% da variabilidade total dos dados para a população **RIS** no ano agrícola de 2000. Variabilidade extraída da soma de quadrados total é considerada significativa uma vez que os atributos (as variáveis) têm natureza quantitativa sendo bastante influenciados por fatores estocásticos de sentido incerto e direção indeterminada.

Nas figuras 1(a) a 1(c) são apresentados os *Joint Biplot* dentro de cada um dos componentes da **matriz C**.

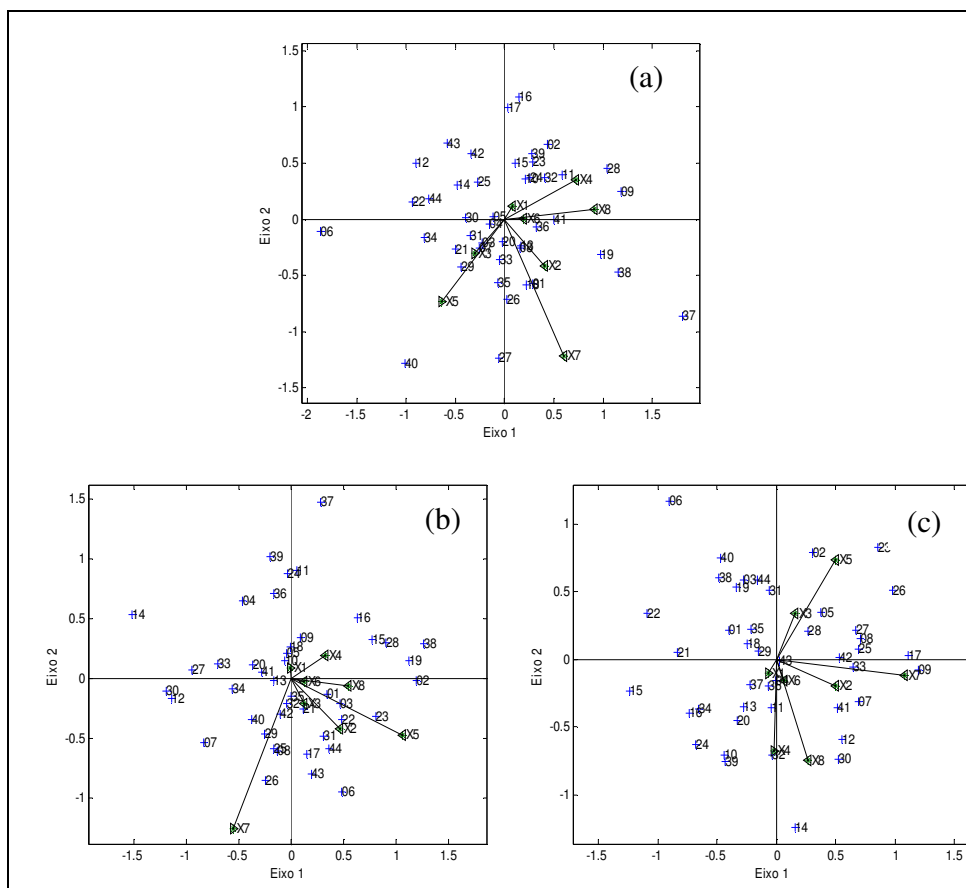


Figura 1 - Joint Biplot para a população **RIS** no ano 2000, projetado no: (a) primeiro componente, (b) segundo componente, (c) terceiro componente da matriz **C**.

O primeiro componente do terceiro modo é caracterizado pelo contraste entre os locais ANH\_COM (-0.6787) e AR\_COM (0.7306), o segundo componente é dominado pelo local AR\_SEM (-0.8552), enquanto que o terceiro componente é caracterizado pelo ANH\_SEM (-0.7592).

Na Figura 1(a), descreve-se a interação genótipos × atributos (variáveis) projetados dentro do primeiro componente da **matriz C**, que é dominado pelo contraste dos locais ANH\_COM e AR\_COM, sendo que este gráfico representa 17,54% da variabilidade total da interação genótipos × atributos × ambientes. Uma associação direta pode ser observada por meio de ângulos formados pelos vetores, por exemplo, o atributo X8 é associado positivamente como o atributo X4 e X7 e negativamente com X5. Pelo comprimento dos vetores, percebe-se que os atributos contribuem diferentemente para a interação tripla. Percebemos que X1, X2, X3 e X6 apresentam uma pequena contribuição para esta interação, enquanto que os atributos X4, X5, X7 e X8, apresentam uma contribuição em maior magnitude para a interação tripla, sendo que estas variáveis podem ser selecionadas para inferências sobre as interações genéticas para os multiambientes considerados nesse estudo.

Tem-se que o sinal do local ANH\_COM é negativo no primeiro componente, assim para genótipos próximos de um atributo, no *joint plot*, estão interagindo negativamente com ANH\_COM. Logo, os genótipos 9, 19, 28, 37 e 38, interagem negativamente com os atributos X8, X4 e X7 e positivamente com X5, já os genótipos 6, 12, 22, 34, 40 e 44 interagem positivamente com os atributos X8, X4 e X7 e negativamente com X5. Os genótipos 27 e 40 interagem negativamente com X5 e X7 e positivamente com X4 e X8. Para os genótipos 16 e 17 existe uma interação negativa com X4 e X8 e positiva com X5 e X7. As linhagens 27 e 40 no local ANH\_COM aparecem como tolerantes a sugadores e mastigadores e alta produtividade além de apresentarem interações específicas podendo ser recomendadas para essa condição de cultivo. Os demais genótipos não apresentam uma grande contribuição para a interação tripla. Para o local AR\_COM estas relações se invertem com a inversão do sinal que passa a ser positivo.

Na Figura 1(b) apresenta-se o gráfico *joint plot*, projetado dentro do segundo componente do terceiro fator que é dominado pelo local AR\_SEM (-0,8552). Podemos notar que a maioria dos atributos não contribuiu para a interação, com exceção de X5 e X7. Assim, primeiramente com relação ao atributo X5, que este tem interação negativa com os genótipos 2, 6, 15, 16, 19, 23, 28 e 38 e positiva com 4, 7, 12, 14, 27, 30 e 33. Percebe-se ainda que o genótipo 37 não interage com X5, pois o ângulo formado por estes vetores é próximo de 90°. Para o atributo X7 tem-se que os genótipos 6, 7, 12, 26, 30 e 43 interagem negativamente, confirmando a potencialidade desses genótipos sendo responsivos ao estímulo ambiental e apresentando previsibilidade específica no local AR\_SEM podendo ser recomendados para esta combinação de ambientes. Para as condições ambientais prevalentes dentro do local AR\_SEM e os genótipos 2, 4, 11, 15, 16, 19, 24, 28, 36, 37, 38 e 39 tem interação positiva com X7 apresentando suscetibilidade a insetos sugadores indicando que o processo seletivo não foi eficaz para estes materiais genéticos. Nota-se ainda que o genótipo 14 não interage com X5, pois o ângulo formado por estes vetores é quase perpendicular. Os demais genótipos são estáveis para o local AR\_SEM.

Na Figura 1(c) apresenta-se o gráfico *joint plot*, projetado dentro do terceiro componente do terceiro fator que é dominado pelo local ANH\_SEM (-0,7592). Inicialmente pode-se notar que os atributos X4 e X8 são associados positivamente entre si, sendo que estes se associam negativamente com X5 já que materiais genéticos mais suscetíveis também são menos produtivos na presença de insetos. Percebe-se ainda que X7 apresenta uma alta contribuição para a interação tripla que é função de sua variação de comportamento predominantemente aleatória. Os Atributos X1, X2, X3 e X6 não

contribuem para a interação tripla. Pode-se perceber assim que os genótipos 8, 9, 17, 23, 25, 26 e 27 interagem negativamente com o atributo X5 e X7 sendo simultaneamente tolerantes a lagartas e percevejos fato que mostra efetividade do processo seletivo adotado na eleição dessas linhagens endogâmicas. O genótipo 2 interage negativamente somente com o X5, visto que seu ângulo vetorial com o vetor X7 aproxima-se do ângulo de 90°, e os genótipos 6, 10, 15, 16, 21, 22, 24, 34 e 39 interagem positivamente com o atributo X5 e X7, podendo serem seletivamente descartados em decorrência de sua suscetibilidade a insetos mastigadores e sugadores respectivamente. Os genótipos 10, 12, 24, 30, 32 e 39 interagem negativamente com atributos X4 e X8 enquanto que genótipos 2, 3, 6, 19, 23, 31, 38, 40 e 44 têm interação positiva com estes atributos sendo potenciais materiais genéticos a serem indicados por apresentarem essas características desejáveis ao melhoramento para produtividade. Para o local ANH\_SEM as linhagens experimentais: 2, 3, 6, 19, 23, 31 e 38 são bastante promissoras para produtividade considerando que se agrupa ao desempenho produtivo da linhagem testemunha (44).

A melhor solução segundo o método de TIMMERMAN e KIERS (2000) foi o modelo (6 x 3 x 3), que explica 46,59% da variabilidade total dos dados considerando a população selecionada tolerância a insetos sugadores (**RIS**) no ano agrícola de 2001.

Nas Figuras 2(a), 2(b) e 2(c) são apresentados os gráficos *joint biplot* dentro de cada um dos componentes da **matriz** C. O primeiro componente do terceiro modo é caracterizado pelo local ANH\_SEM (0.7992), o segundo componente é dominado pelo local ANH\_COM (-0.8396) e o terceiro componente representa o contraste entre AR\_COM (-0.6408) contra AR\_SEM (0.6907).

A Figura 2(a), descreve a interação genótipos × atributos projetados dentro da primeira componente da **matriz** C, que é dominado pelo local ANH\_SEM. Um relacionamento direto pode ser observado por meio dos ângulos formados pelos vetores, quando o atributo X8 é associado negativamente com X7 tendo em vista que esta população foi melhorada para tolerância a percevejos e produtividade simultaneamente esta relação coexiste com o esperado. Têm-se ainda que X4 e X2 associam-se positivamente e estes associam-se negativamente com X3, portanto, o caráter X4 pode ser avaliado em detrimento de X2 pela facilidade de mensuração, menor custo e por ser menos factível de erro de medida. Avaliando-se o comprimento dos vetores, percebe-se que X1, X5 e X6 apresentam uma pequena contribuição para esta interação tripla podendo ser preteridos em estudos de interação cruzada.

O fato do primeiro componente ser dominado pelo local ANH\_SEM com sinal positivo, redundando que um genótipo e um atributo próximos, no *joint plot*, vão interagir positivamente com ANH\_SEM. Assim, com relação aos atributos X2 e X4 os genótipos 10, 14 e 15 interagem positivamente e negativamente com X3 e os genótipos 1, 5, 17, 18, 19 e 20 negativamente com X2 e X4 e positivamente com X3. Com relação ao atributo X7 tem-se que os genótipos 22 e 23 interagem positivamente e apresentam interação negativa com X8 e os genótipos 10, 14, 15, 16 e 17 apresentam interação negativa com X7 e interação positiva com X8. Nestas linhagens experimentais observa-se que o melhoramento evoluiu para altas produtividades de grãos e tolerância a insetos sugadores simultaneamente confirmando a eficácia do método seletivo. Os demais genótipos são estáveis para essa combinação de ambientes.

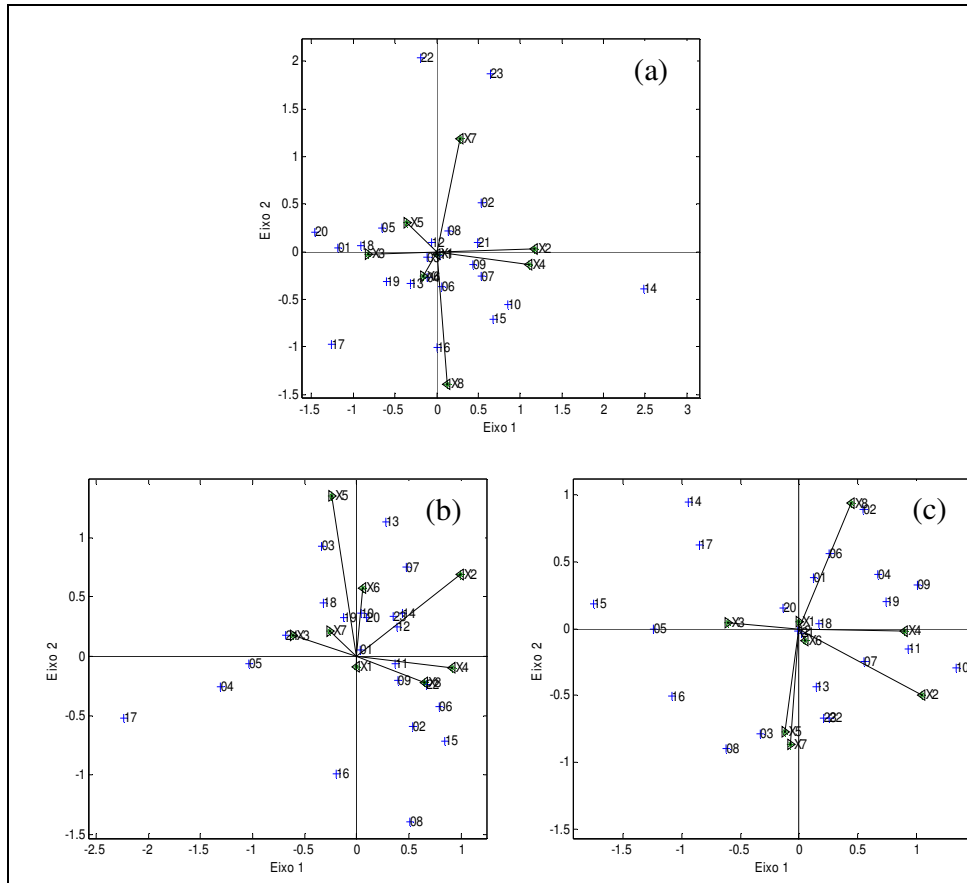


Figura 2 - Joint Biplot para a população RIS no ano 2001, projetado no: (a) primeiro componente, (b) segundo componente, (c) terceiro componente da matriz C .

Na Figura 2(b) apresenta-se o gráfico *joint plot*, projetado dentro do segundo componente do terceiro fator que é dominado pelo local ANH\_COM. Assim, primeiramente com relação ao atributo X5, que tem interação negativa com os genótipos 3, 7 e 13, e positiva com 2, 6, 8, 15 e 16 estes genótipos poderiam a rigor serem eliminados do programa de melhoramento por serem bastante atacados por insetos mastigadores uma vez que os genes para as características analisadas provavelmente encontram-se fixados sem oportunidades maiores de mudança no *pool gênico* dessa população ou ainda serem exploradas em retrocruzamentos como fonte de *clusters* portadores de tolerância a percevejos. Percebe-se ainda que os genótipos 4, 5 e 17 não interagem com X5, pois o ângulo formado por estes vetores é próximo de 90° garantindo que em seus genomas foi fixado genes para tolerância a insetos mastigadores e fazerem parte de gerações seletivas avançadas de endogâmica no sentido de alta produtividade constituindo-se em materiais genéticos promissores para o local ANH\_COM. Para os atributos X2, X4 e X8 tem-se que os genótipos 2, 6, 15 e 22 interagem negativamente. O



genótipo 13 não interage com X2 e apresenta interação negativa com X4 e X8, mas os genótipos 4, 5 e 17 interagem positivamente com estes atributos podendo ser recomendados para o local ANH\_COM. Os demais genótipos são estáveis promovendo segurança na recomendação para o local ANH\_COM.

Na Figura 2(c) apresenta-se o gráfico *joint plot*, projetado dentro do terceiro componente do terceiro fator que é dominado pelo contraste entre AR\_COM (-0.6408) e AR\_SEM (0.6907). Inicialmente pode-se notar que os atributos X2 e X4 são associados positivamente entre si constituindo um bloco gênico bastante desejável para o melhoramento genético, adicionalmente, a variável X4 pode ser usada para projetar inferências para X2 por se tratar de um atributo de fácil mensuração e de natureza genética menos complexa e também temos que os atributos X5 e X7 apresentam uma associação positiva entre si, mas negativa com X8. Geralmente, genes para resistência a insetos são mais frequentemente encontrados em materiais exóticos, comumente ligados a outros genes desfavoráveis do ponto de vista de caracteres adaptativos e agrônômicos. Isso obriga o uso de várias gerações adicionais, geralmente por meio de retrocruzamentos, para quebrar as mencionadas ligações genéticas, fato que desestimula a utilização de materiais exóticos e semi-exóticos nos programas de melhoramento.

Com o fim de melhorar o desempenho destes materiais, pode ser feito um pré-melhoramento (*pré-breeding*, NASS, 2001) visto que é bem conhecido na literatura que materiais genéticos selecionados para resistência/tolerância comumente apresentam menor produtividade, na ausência de pragas. Os demais atributos não apresentam uma grande contribuição para a interação.

Para o local AR\_COM os genótipos 4, 7, 9, 10, 11 e 19 interagem negativamente e os genótipos 5, 14, 15, 16 e 17 interagem positivamente com os atributos X4 e X2. Os genótipos 3, 8, 13, 16, 22 e 23 interagem negativamente com X5 e X7 e positivamente com X8 estes podem ser indicados para AR\_COM já que além da maior produtividade carregam em seus genomas genes que manifestam tolerância a insetos mastigadores e sugadores concomitantemente e os genótipos 2, 4, 6, 9 e 19 interagem negativamente com X8 e positivamente com X5 e X7 por outro lado estes materiais apresentariam um custo adicional para as avaliações na etapa final do programa de melhoramento onde normalmente vários experimentos são conduzidos em multiambientes. Os demais genótipos apresentam-se estáveis e estas relações descritas anteriormente invertem-se no local AR\_SEM. Estabilidade ampla propicia maior segurança na recomendação de uma cultivar.

A melhor solução do modelo para a população **RIM 2000**, segundo o método de TIMMERMAN e KIERS (2000) foi o modelo (7 x 4 x 3), que explica 65.95% da variabilidade total dos dados. Considerando a natureza quantitativa dos atributos estudados esta variabilidade padrão pode ser considerada significativa.

O primeiro componente do terceiro modo é caracterizado pelo local ANH\_SEM (0.8361), o segundo componente é caracterizado pelo contraste entre os locais AR\_SEM (-0.7833) e AR\_COM (0.5915), enquanto que o terceiro componente é caracterizado pelo ANH\_COM (-0.8416). Temos nas Figuras 3(a) a 3(c) os gráficos *joint biplot* dentro de cada dos componentes da **matriz C**.

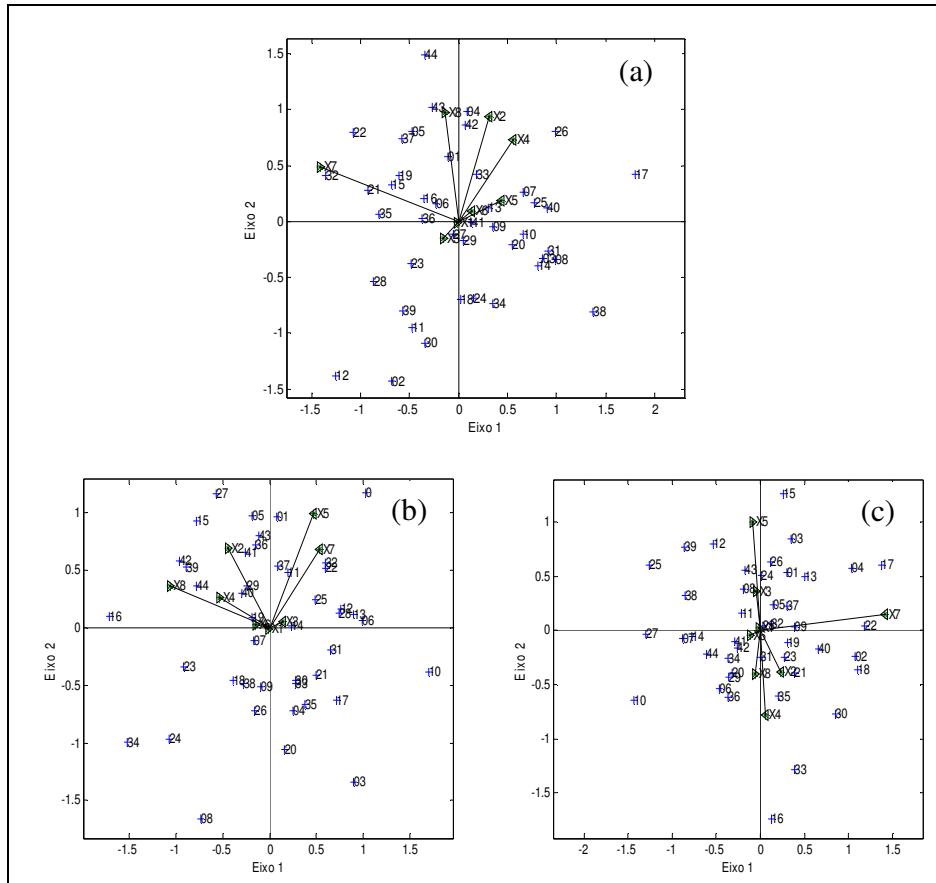


Figura 3 - Joint Biplot para a população **RIM** no ano 2000, projetado no: (a) primeiro componente, (b) segundo componente, (c) terceiro componente da matriz **C**.

A interação genótipos  $\times$  atributos projetados dentro da primeira componente da **matriz C**, que é dominado pelo local ANH\_SEM. Uma associação direta pode ser observada por meio dos ângulos formados pelos vetores, assim vemos que os atributos X8, X2 e X4 são associados positivamente entre si, mas estes não apresentam relação grande com X7 uma vez que a população RIM foi selecionada de forma simultânea para produtividade e tolerância a insetos mastigadores, pois o ângulo formado pelos vetores é quase perpendicular. Adicionalmente, os atributos X2 e X4 estão fortemente correlacionados com a produtividade oportunizando extrapolar resultados destas variáveis para o atributo produtividade. Pelos comprimentos vetoriais percebe-se ainda que nem todos os atributos apresentam uma contribuição igual para a interação tripla. Percebemos que X1, X3, X5 e X6 apresentam uma pequena contribuição para esta interação Figura 3(a). Os atributos X2, X4, X7 e X8 contribuem fortemente para a interação tripla podendo ser utilizados para gerar inferências em estudos de interação de genótipos com os ambientes considerados.

Tem-se que o sinal do local ANH\_SEM é positivo no primeiro componente, assim para genótipos próximos de um atributo, no *joint plot*, terão interação positiva com ANH\_SEM. Logo, os genótipos 04, 17, 26, 42, 43 e 44 interagem positivamente com os atributos X2 e X4 e os mesmos genótipos, com exceção do 17, também interagem positivamente com X8. Esses genótipos apresentam *cluster* reunindo as variáveis: boa altura da planta na maturação, alto valor agrônomico e alta produtividade características estas altamente desejáveis no melhoramento desta espécie. Já os genótipos 2, 11, 12, 18, 23, 24, 28, 30, 34, 38 e 39, interagem negativamente com X2, X4, e X8 em se tratando de gerações avançadas de endogâmica onde provavelmente as características estão teoricamente fixadas é oportuno descartar estes materiais genéticos do programa de melhoramento. O atributo X7 tem interação positiva com os genótipos 15, 19, 21, 22, 32, 35 e 44 e negativa com genótipos 03, 07, 08, 09, 10, 14, 17, 20, 25, 26, 31 e 40 indicando que a seleção para resistência a insetos mastigadores possibilitou reunir nestes últimos genótipos genes que conferem resistência também a insetos sugadores. Os demais genótipos não apresentam uma grande contribuição para a interação tripla apresentando, por conseguinte, adaptabilidade geral para essa combinação de ambientes.

Na Figura 3(b) apresenta-se o gráfico *joint plot*, projetado dentro do segundo componente do terceiro fator que é dominado pelo contraste entre os locais AR\_COM (0,5915) e AR\_SEM (-0,7833). Podemos notar os atributos X2, X5, X7 e X8 apresentam contribuição para a interação, e ainda que X5 e X7 se relacionam entre si e X2 e X8 também se relacionam entre si, isto é, as linhagens experimentais que apresentaram suscetibilidade a insetos mastigadores também o foram intolerantes a sugadores, adicionalmente, plantas altas na fase de maturação também foram as mais produtivas.

Logo podemos notar que, no local AR\_COM com relação ao atributo X5 e X7, os genótipos 1, 2, 22 e 32, apresentam uma interação positiva e os genótipos 3, 8, 20, 23, 24 e 34 apresentam uma interação negativa. Para os atributos X2 e X8, a interação positiva é com os genótipos 5, 15, 16, 27, 39, 42 e 44 e negativo com os genótipos 3, 4, 8, 10, 17, 20 e 35. Os demais genótipos são estáveis para o local AR\_COM. Para o local AR\_SEM esses últimos genótipos apresentam especificidade de comportamento produtivo podendo ser explorados comercialmente. No local AR\_SEM, estas relações descritas anteriormente para os atributos se invertem.

Na Figura 3(c) apresenta-se o gráfico *joint plot*, projetado dentro do terceiro componente do terceiro fator que é dominado pelo local ANH\_COM (-0,8416). Inicialmente pode-se notar que os atributos X4, X5 e X7 contribuem para a interação e que o atributo X5 é o oposto de X4 uma vez que notas maiores para valor agrônomico era atribuída considerando genótipos menos atacados, e ainda, X7 não tem relação com X4 e X5, pois o ângulo formado por estes vetores foi quase de 90°. Notamos ainda que os genótipos 3, 4, 12, 15, 17, 25 e 39, interagem negativamente com X5 e positivamente com X4, portanto, são simultaneamente resistentes a lagartas e apresentam destaque quanto ao aspecto agrônomico geral, já os genótipos 6, 10, 16, 30, 33, 35 e 36, contrariamente interagem positivamente com X5 e negativamente com X4. Já o atributo X7 tem interação negativa com os genótipos 2, 4, 17, 18, 22, 30 e 40 e relação positiva com os genótipos 7, 10, 12, 14, 25, 27, 38, 39 e 44. Os demais genótipos são estáveis para os esses multiambientes oportunizando recomendações mais gerais por contribuírem menos para a interação cruzada.

Para a população RIM (2001), a melhor solução, segundo o método de TIMMERMAN e KIERS (2000) foi o modelo (5 x 4 x 3), que explica 66,50% da variabilidade total dos

dados. Para esta população o modelo foi acurado considerando que uma alta porção da variância foi extraída da soma de quadrados total.

O primeiro componente do terceiro modo é caracterizado pelo local AR\_SEM (0.8249), o segundo componente é dominado pelo contraste entre o local ANH\_SEM (-0.5873) e AR\_COM (0.7733) e o terceiro componente representa o local ANH\_COM (0.7654).

Nas figuras 4(a), 4(b) e 4(c) são apresentados os gráficos *joint biplot* dentro de cada dos componentes da **matriz C**.

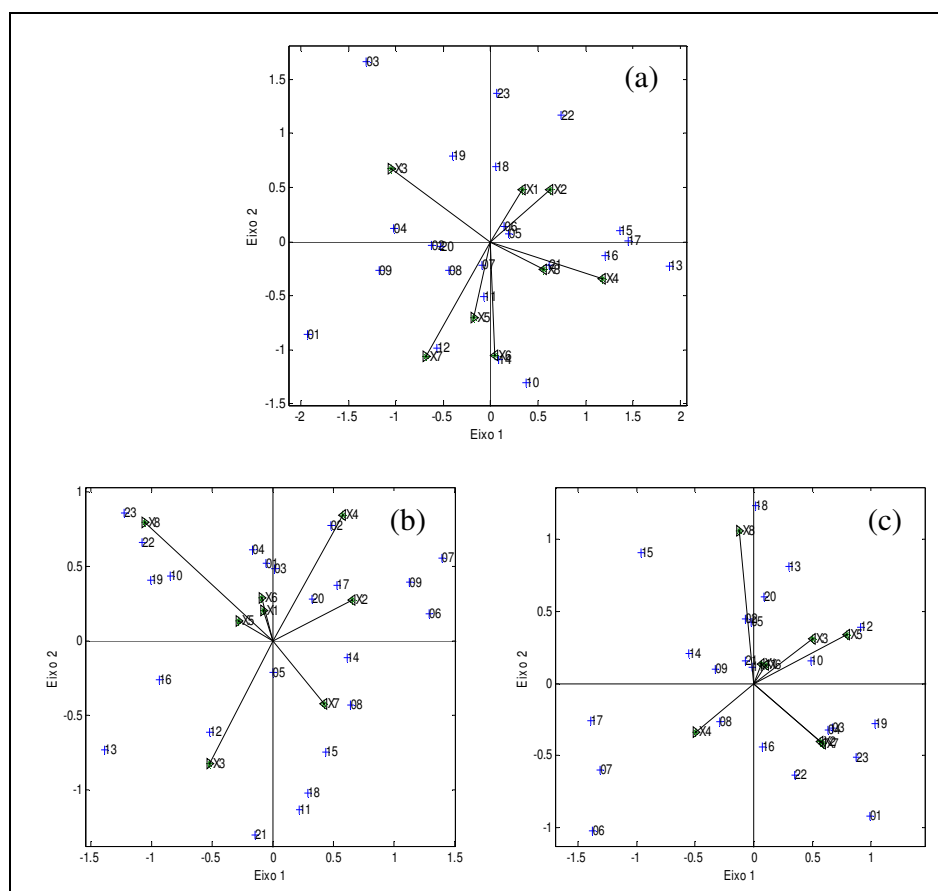


Figura 4 - Joint Biplot para a população **RIM** no ano 2001, projetado no: (a) primeiro componente, (b) segundo componente, (c) terceiro componente da matriz **C**.

A Figura 4(a), descreve a interação genótipos  $\times$  atributos projetados dentro do primeiro componente da **matriz C**, que é dominado pelo local ANH\_SEM. Por este gráfico, percebemos que a maioria dos atributos contribuiu para a interação, com exceção do atributo X1. Vemos ainda que X2, X4 e X8, são relacionados entre si como esperado e o X3 se opõe a estes permitindo inferir que plantas acamadas também apresentam baixo

valor agrônomo são concomitantemente menos produtivas. Percebemos também que X5, X6, e X7 são semelhantes entre si.

O fato do primeiro componente ser dominado pelo local AR\_SEM com sinal positivo, significa que um genótipo e um atributo próximo, no *joint plot*, vão interagir positivamente com AR\_SEM. Assim, com relação aos atributos X2, X4 e X8 os genótipos 13, 15, 16, 17, 21 e 22 interagem positivamente (negativamente com relação a X3) teoricamente estas linhas puras respondem positivamente aos estímulos multiambientais do local considerado. Os genótipos 1, 3, 4, 9 e 19 interagem negativamente com X2, X4 e X8 (positivamente com relação a X3) representando nas etapas finais do programa de melhoramento gasto adicional se mantidos nos ensaios. Já em relação aos atributos X5, X6 e X7 tem-se que os genótipos 1, 10, 11, 12, e 14 interagem positivamente e os genótipos 3, 18, 19, 22 e 23 apresentação negativa com X5, X6 e X7. Os demais genótipos são estáveis nessa condição ambiental.

Na Figura 4(b) apresenta-se o gráfico *joint plot*, projetado dentro do segundo componente do terceiro fator que é dominado pelo contraste entre ANH\_SEM (sinal negativo) e AR\_COM (sinal positivo). Os atributos X2 e X4 têm uma relação positiva entre si e negativa com X3, já o atributo X8 tem relação negativa com X7. Assim, para o ambiente ANH\_SEM os genótipos 2, 6, 9 e 17 têm interação negativa com os atributos X4 e X2 (positiva com relação a X3), os genótipos 11, 12, 13, 16 e 18 têm interação positiva com X4 e X2 (negativa com X3). Já os genótipos 10, 19, 22 e 23 têm interação negativa com X8 (positiva com X7) e os genótipos 8, 11, 15, 18 e 21 têm interação positiva com X8 (negativa com X7). Para o local AR\_COM, estas relações são invertidas. Os demais genótipos são estáveis para o local ANH\_SEM e AR\_COM. As linhagens puras 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 14, 17 e 20 apresentam ampla previsibilidade de comportamento e sua recomendação pode ser orientada para plantios comerciais nos dois macroambientes ANH\_SEM e AR\_COM.

Na Figura 4(c) apresenta-se o gráfico *joint plot*, projetado dentro do terceiro componente do terceiro fator que é dominado pelo local ANH\_COM (sinal positivo). Inicialmente pode-se notar que os atributos X3 e X5 são associados positivamente entre si e relação negativa com X4. Temos também que X2 e X7 são relacionados positivamente entre si e negativamente com X8. E ainda X8 tem relação negativa com X4. Ao observar os genótipos temos que os genótipos 10, 12, 13, 18 e 19, são relacionados positivamente com X3 e X5 (negativamente com X4) e os genótipos 06, 07 e 17 interagem negativamente com X3 e X5 (positivamente com X4). Por outro lado os genótipos 01, 03, 4, 16, 19, 22 e 23 tem interação positiva com X2 e X7 (e interação negativa com X8) e os genótipos 15 e 18 têm interação negativa com X2 e X7 (e interação positiva com X8). Os demais genótipos apresentam-se com ampla previsibilidade produtiva fato que possibilita sua indicação para esse macroambiente.

## Conclusões

- As linhagens experimentais 27 e 40 no local ANH\_COM aparecem como tolerantes a sugadores e mastigadores e alta produtividade além de apresentarem interações específicas podendo ser recomendadas para essa condição de cultivo.

- Os genótipos 6, 7, 12, 26, 30 são responsivos ao estímulo ambiental e apresentando previsibilidade específica no local AR\_SEM podendo ser recomendados para esta combinação de ambientes.
- Para o local ANH\_SEM as linhagens experimentais: 2, 3, 6, 19, 23, 31 e 38 são bastante promissoras para produtividade considerando que se agrupa ao desempenho produtivo da linhagem testemunha (44).
- Nos genótipos 10, 14, 15, 16 e 17 observa-se que o melhoramento evoluiu para altas produtividades de grãos e tolerância a insetos sugadores simultaneamente confirmando a eficácia do método seletivo.
- Os genótipos 3, 8, 13, 16, 22 e 23 podem ser indicados para AR\_COM já que além da maior produtividade carregam em seus genomas genes que manifestam tolerância a insetos mastigadores e sugadores concomitantemente.
- Os genótipos 4, 5 e 17 interagem positivamente com os atributos X4 e X8 sendo recomendados para o local ANH\_COM.
- As linhagens puras 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 14, 17 e 20 apresentam ampla previsibilidade de comportamento e sua recomendação pode ser orientada para plantios comerciais nos dois macroambientes ANH\_SEM e AR\_COM.

MAIA, M. C. C.; VELLO, N. A.; ARAÚJO, L. B.; DIAS, C. T. S.; OLIVEIRA, L. C.; ROCHA, M. M. Genotype x Environment interaction with use of principal components analysis in soybean populations selected for insect resistance. *Rev. Bras. Biom.*, São Paulo, v.31, n.1, p. 13-27, 2013.

- *ABSTRACT: The objective of this study was to exploit the interaction among genotypes and environments in Glycine max using principal components analysis with multiple arrays of data. The experiment was a randomized block design with two replications stratified in three groups maintaining a common control. . The factors considered for analysis are: inbred lines (G1, G2,..., G44), environments, given by the combinations between localities, namely Experimental Stations Anhembi (ANH) and Areão (AR), both located at Piracicaba, and presence or absence of cultural practices. Principal component analysis was performed by general matrix components decomposition obtained via MATLAB software. Lines 27 and 40 at the Experimental Station Anhembi in presence of cultural practices, were tolerant to sucking and chewing insects and showed high productivity. As well as present specific interactions and may be recommended for this condition of cultivation. The genotypes 6, 7, 12, 26, 30 are responsive to environmental stimulation, presenting specific predictability at Fazenda Areão, in the absence of cultural practices. The experimental lines 2, 3, 6, 19, 23, 31 and 38 are very promising for yield considering that they group the control strain (44) productive performance presenting specific stability in Anhembi locality in the absence of management. The genotypes 3, 8, 13, 16, 22 and 23 might be recommended to Areão locality in the presence of cultural practices, since they are highly productive and carry genes in their genome that express tolerance to chewing and sucking insects, simultaneously.*

*KEYWORDS: Glycine max, triple interaction, multiple arrays of data.*

## Referências

- ARAÚJO, L. B. de; NUALLES, M. V.; ARAÚJO, M. F. C.; DIAS, C. T. S. dos. Gráficos *biplot* e *joint plot* para o estudo da interação tripla. *Cienc. Rural*, Santa Maria, v.40, n.4, p.833-839, 2009.
- DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. *Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60p. (Série Monografias, 9).
- DUARTE, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. Correlation among yield stability parameters in common bean. *Crop Sci.*, Madison, v.35, n.3, p.905-912, 1995.
- GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with applications to principal components analysis. *Biometrika*, Oxford, v.58, n.3, p.453-467, 1971.
- KROONENBERG, P. M. *Three-mode principal components analysis: theory and applications*. Leiden: DSWO, 1983. 398p.
- MATLAB. *The Language of technical Computing R2007a*. São Paulo, 2007.
- NASS, L. L. *Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento*. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). *Recursos genéticos & melhoramento de plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 27-55.
- VARELA, M.; CROSSA, J.; RANE, J.; JOSHI, A. K.; TRETOWAN, R., Analysis of a three-way interaction including multi-attributes. *Austr. J. Agric. Res.*, Collingwood, v.57, n.11, p.1185-1193, 2006.
- TIMMERMAN, M. E.; KIERS, H. A. L. Three-mode principal components analysis. Choosing the numbers of components and sensitivity to local optima. *Brit. J. Math. Stat. Psychol.*, Chichester, v.53, n.1, p.1-16, 2000.
- TUCKER, L. R. Some mathematical notes on three-mode factor analysis. *Psychometrika*, New York, v.31, n.3, p. 279-311, 1966.

Recebido em 24.05.2013

Aprovado após revisão em 12.08.2013