



Interação genótipo-ambiente em soja via análise de componentes principais com múltiplas matrizes de dados

Genotype by environment interaction in soybean using three-mode principal component analysis

Maria Clideana Cabral Maia^{*1}, Natal Antonio Vello², Lúcio Borges de Araújo³,
Carlos Tadeu dos Santos Dias⁴, Luís Cláudio de Oliveira⁵, Maurisrael de Moura Rocha⁶

Resumo – O melhoramento da soja (*Glycine max*) está avançado, porém, não se obteve atingir o seu limiar produtivo, a despeito de sua base genética restrita é esperado avanço significativo com o melhoramento genético na obtenção de novos cultivares com altos níveis produtivos. Objetivou-se com este trabalho investigar a interação genótipo x ambiente em soja por meio da análise de componentes principais com múltiplas matrizes de dados. Foram avaliados 44 e 23 genótipos, nos anos agrícolas 2000 e 2001, respectivamente. Utilizou-se o delineamento de blocos aos acaso, com duas repetições estratificadas em três conjuntos experimentais com testemunhas comuns (IAC 100, Ocepar 4, IAS 5 e Primavera). Os fatores considerados para a análise foram: genótipos (G1, G2, G3..., G44), ambientes (combinação dos locais Anhemi-AN e Areão-AR com o controle intensivo-COM e ecológico-SEM de insetos) e atributos (produção e componentes). O estudo foi implementado por meio de análise de componentes principais com arranjo de três entradas (genótipo x ambiente x variáveis). Os genótipos 2, 3, 23, 28, 36, 38 e 44 apresentam tolerância a percevejos e boa produtividade no ambiente AN_COM. Os genótipos 7, 17, 21, 29, 35, 37 e 40 interagem positivamente com o ambiente AR_SEM com adaptabilidades e estabilidades específicas redundando em produtividades elevadas.

Palavras-chave - *Glycine max*. Estabilidade produtiva. Joint plot. Interação genótipos x ambiente x atributos (IGEA).

Abstract - The soybean (*Glycine Max*) genetic improvement is advanced, however, its maximal productivity could not be reached. Despite their restricted genetic base, it is expected improvement in breeding to obtain new cultivars with high production levels. The aim of this work was to investigate the genotype by environment interaction in soybean using three-mode principal component analysis. A total of 44 and 23 genotypes were evaluated, respectively, in 2000 and 2001 agricultural years. A randomized block design with two replications stratified into three experimental groups with common checks (IAC 100, Ocepar 4, IAS 5 e Primavera) was used. The following factors were considered for analysis: genotypes (G1, G2, G3..., G44), environments (combination of the Anhemi-AN and Areão-AR localities with the intensive-COM and ecological-SEM insect control), and attributes (yield and components). Three-mode principal component analysis was implemented. The genotypes of numbers 2, 3, 23, 28, 36, 38, and 44 showed good tolerance to bugs and yield in AN_COM environment. The genotypes of numbers 7, 17, 21, 29, 35, 37, and 40, interact positively with AR_SEM environment with specific adaptability and stability resulting in high yields.

Key words - *Glycine max*. Yield stability. Joint plot. Interaction genetics x environmental x main (IGEA).

*Autor Correspondente.

Enviado para publicação em 22/08/2013 e aprovado em 12/02/2014

¹Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa, Teresina, Piauí, Brasil, clideana.maia@embrapa.br

²Genética e Melhoramento de Plantas, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, São Paulo, Brasil, naavello@usp.br

³Estatística, Faculdade de Matemática, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil, lucio@famat.ufu.br

⁴Ciências Exatas, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, São Paulo, Brasil, ctsdias@usp.br

⁵Agronegócio, Rio Branco, Acre, Brasil, luis.oliveira@embrapa.br

⁶Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa, Teresina, Piauí, Brasil, maurisrael.rocha@embrapa.br

Introdução

Uma etapa anterior à indicação de uma cultivar para os agricultores é a avaliação dos genótipos em vários ambientes representativos do local de recomendação do material selecionado. Para tanto, nas etapas finais dos programas de melhoramento utiliza-se, normalmente, delineamentos mais refinados e procedimentos mais complexos para a seleção de genótipos superiores.

O fenômeno da interação cruzada entre genótipos e ambientes (IGE) pode ser pesquisado com sua partição em parâmetros de adaptabilidade (responsividade) e estabilidade (previsibilidade). Adicionalmente, a produtividade pode, conjuntamente, ser analisada para interpretações e inferências mais acertadas e, conseqüentemente, obter melhores resultados com o aproveitamento deste efeito. No que concerne à contribuição dos diferentes ambientes para a IGE, sua variância é atribuída a uma porção previsível (fixa) e outra imprevisível (aleatória). A parte fixa é a variação que pode ser medida em magnitude e em direção, sendo seu caráter sistemático, o que facilita razoável controle. A parte aleatória é a variação experimental não controlada e de natureza indeterminada, isto é, de sentido e direção incertos. Teoricamente, uma porção deste fator de variância é captado tornando-se variância (desvio) padrão dos conjuntos experimentais (blocos menores repetidos).

Na maioria dos estudos, em razão da falta de uma ferramenta adequada para estudar a interação entre genótipos, locais e anos, os pesquisadores combinam os fatores locais e anos (criando outro fator, denominado ambiente) e estudam a IGE utilizando uma decomposição em valores singulares (ARAÚJO *et al.*, 2010). No entanto, essa combinação leva a uma perda de informação quando se ajusta um modelo de duas entradas e quando se faz a estimação da IGE (VARELA *et al.*, 2009). Então, faz-se necessário o uso de ferramentas que permitam o desdobramento e a interpretação da interação tripla (ARAÚJO *et al.*, 2010).

No melhoramento genético, quando se tem várias matrizes e o objetivo é descrever os aspectos mais importantes das observações mediante gráficos, pode-se utilizar a técnica da Análise de Componentes Principais (ACP) com múltiplas matrizes de dados (arranjo de três entradas) e então construir os *joint plots*. Incorpora-se ainda o conceito de correlação e os aspectos mais importantes das informações que poderão ser resumidos com poucos componentes. O gráfico *joint plot* facilita o entendimento da interação tripla e traz ao pesquisador informações mais reais do que a modelagem AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) com arranjo de duas entradas (ARAÚJO *et al.*, 2010).

A ACP generalizada é feita por meio da decomposição do arranjo com matrizes, resultando em

três matrizes de componentes (generalização das matrizes com autovetores) e um arranjo núcleo (generalização da matriz com autovalores). Para os dados organizados em três arranjos, alguns modelos podem ser usados para analisá-los, como por exemplo, os modelos propostos por Tucker (1966). O número de componentes a serem retidos nessas matrizes pode ser determinado pelo processo de Timmerman e Kiers (2000).

Situações práticas em que os dados estão organizados em várias matrizes, como é o caso de avaliação de diferentes atributos em multiambientes, e se o objetivo é descrever os aspectos mais importantes dos dados, mediante gráficos, não é possível aplicar a ACP clássica, pois o conceito de decomposição em valores e vetores singulares é aplicável somente no caso de uma matriz. Neste contexto, a abordagem da ACP com arranjo de três entradas proposta por Kroonenberg e De Leeuw (1980) é mais adequada. Trata-se de uma generalização da ACP e *biplot* clássicos.

Aplicações do *biplot* clássico (arranjo de duas entradas), por meio das metodologias AMMI e GGE *biplot*, têm sido implementadas em estudos de IGE em soja (ZHE *et al.*, 2010; MEOTTI *et al.*, 2012), no entanto, o *joint plot* (arranjo de três entradas) ainda é pouco explorado e sua aplicação tem sido observado apenas em trigo (VARELA *et al.*, 2009) e feijão-comum (ARAÚJO *et al.*, 2010).

Objetivou-se com este trabalho investigar a interação genótipo x ambiente x variáveis em uma população de soja por meio da análise de componentes principais com múltiplas matrizes de dados.

Material e métodos

O material genético envolveu uma população de soja obtida 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 os genes para desempenho agrônômico favorável (principalmente, produtividade de grãos e precocidade) presentes em quatro cultivares adaptadas (BR-6, IAS-5, Davis, Ocepar-4). Os cruzamentos foram realizados na Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz em Piracicaba – SP (ESALQ/USP). Na geração S_2 , as plantas passaram por um controle intensivo de insetos, aplicando-se inseticidas durante o ciclo total para o controle de mastigadores e sugadores. A partir dessa população, em gerações avançadas de endogamia, foram abertas linhagens que foram objeto do presente estudo onde as variâncias genéticas aditivas e aditivas x aditivas foram acrescidas tendendo para 2 e 4, respectivamente no decorrer do avanço de autofecundações.

Foram avaliados 44 genótipos na geração S_{10} (40 linhagens experimentais, resultantes desses cruzamentos, e 4 cultivares testemunhas) no ano agrícola de 2000 e 23 genótipos na geração S_{11} (20 linhagens experimentais, resultantes desses cruzamentos, e 3 cultivares testemunhas) no ano agrícola seguinte.

Os experimentos foram conduzidos em dois locais do município de Piracicaba, SP (Estação Experimental Anhembi–AN e Fazenda Areão–AR–condições climáticas significativamente constantes e solos significativamente distintos, sendo AN predominantemente argilo-areno e AR predominantemente arenoso), durante dois anos agrícolas (2000, 2001) e em dois sistemas de manejo: com o controle intensivo de insetos (COM); e com o controle ecológico de insetos (SEM), onde se promoveu 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^{-2} por batida de pano.

Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso, com duas repetições estratificadas em três conjuntos experimentais propiciando maior controle local, com testemunhas comuns, semelhante ao látice (IAC-100, Ocepar-4, IAS-5 e Primavera). Em cada local e ano agrícola, os dois experimentos correspondentes aos dois sistemas de manejo foram instalados em áreas contíguas no campo.

Os fatores considerados para a análise foram: genótipos (G1, G2,..., G44, no ano agrícola 2000; e G1, G2,..., G23, no ano agrícola 2001), ambientes (a combinação dos locais Anhembi e Areão com a presença ou não de manejo: AN_COM, AN_SEM, AR_COM e AR_SEM), neste ano agrícola a testemunha Primavera foi suprimida e atribuídos as medições (X1: número de dias para o florescimento, X2: altura da planta na maturação em cm, X3: notas de 1 a 5 para acamamento, X4: notas de 1 a 5 para valor agrônomico, X5: notas de 1 a 3 para insetos mastigadores, X6: peso de cem sementes em gramas, X7: porcentagem de sementes manchadas por amostra aleatória de 100 sementes e X8: produtividade de grãos em gramas por parcela).

A análise dos dados foi feita através da generalização do modelo de componentes principais (ACP) para dados de duas entradas. Para um arranjo de três entradas \underline{X} , cada elemento pode ser escrito como:

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

é um elemento do arranjo residual \underline{E} ($[I$ (genótipos) $\times J$ (locais) $\times K$ (variáveis)]; c_{kr} , 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 de \underline{X} (P, Q, R), em que P, Q, R indicam o número de componentes em cada entrada.

Para os dados organizados em arranjo de três entradas, existem alguns modelos para analisá-los, como, por exemplo, os modelos propostos por Tucker (1966), que fornecem uma decomposição trilinear dos dados organizados no arranjo. Dentre os modelos de Tucker, o modelo Tucker3 é uma generalização da ACP para um arranjo de três entradas. Para selecionar o melhor modelo de Tucker3, utilizou-se o procedimento de Timmerman e Kiers (2000). Os modelos de Tucker3 são representados graficamente por um *joint biplot* (Kroonenberg, 1983). Esta representação é semelhante a um *biplot* padrão (GABRIEL, 1971) e os princípios de interpretação do *joint plot* podem ser encontrados em Varela *et al.* (2006; 2009) e Araújo *et al.* (2010). A diferença entre os gráficos *joint biplot* e *joint plot* está na construção, sendo que o primeiro é construído como um *biplot* para dois fatores, dada a matriz de componentes do modelo Tucker3 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 é necessário obter uma matriz $\Delta_r = A G_r B' = A_r^* B_r^{*t}$ de dimensão $I \times J$, com $r = 1, 2, \dots, R$ e então, via DVS (decomposição por valor singular), representa-se Δ por meio de um *biplot*, obtendo-se então o *joint plot*. Para cada componente da matriz C , tem-se uma fatia G_r associada no núcleo e, portanto, para cada componente na matriz C é necessário construir um *joint biplot* para a matriz de componentes. A interpretação do *joint plot* foi de acordo com Varela *et al.*, (2006) e Araújo *et al.*, (2010). Todas as análises foram implementadas utilizando o software Matlab (2007).

Resultados e discussão

No ano agrícola de 2000, o modelo Tucker3 que apresentou a melhor solução, segundo o método de Timmerman e Kiers (2000), foi o (7 x 4 x 3), que explicou 61,93% da variabilidade total dos dados. Essa modelagem oportuniza extrair 61,93% da soma de quadrados totais, o que era de se esperar para todas as variáveis de natureza genética complexa e com alta interação com os fatores ambientais. Essa porcentagem foi maior do que a encontrada por Araújo *et al.* (2010), utilizando os modelos de regressão de ambientes e AMMI com multiatributos em milho, também baseado em arranjo de três entradas, onde a melhor solução do modelo explicou 44,92% e 52,70% do total da variabilidade, respectivamente, pelo modelo de regressão de ambientes AMMI, ambos com multiatributos. Porcentagens maiores foram obtidas por Kronenberg e Basford (1989) em soja (72,0%), Varela

et al. (2006 e 2009), em milho (68,49%) e batata inglesa (90,43%). Sendo esta hipoteticamente mais homozigota na maioria de seus locos.

Os coeficientes para os dois primeiros componentes: R1 e R2 para o fator ambiente, no ano agrícola 2000 (A) e no ano 2001 (B) estão apresentados na Tabela 1. Os gráficos *joint plot* dentro de cada um dos componentes (R1, R2 e R3) da matriz C, são apresentados nas Figuras 1 e 2 e (Tabela 1).

O R1 do terceiro modo (arranjo) caracteriza-se pela combinação do ambiente Anhembi com manejo (AN_COM), com coeficiente -0,8614 (Figura 1). O R2 do terceiro modo é caracterizado pelo contraste da combinação do ambiente Anhembi sem manejo (AN_SEM) com o ambiente Areão sem manejo (AR_SEM), com coeficientes -0,7608 e 0,6083, respectivamente (Tabela 1 e Figura 2). O R3 do terceiro modo (Figura 3) é caracterizado pelo contraste da combinação do ambiente Areão com manejo (AR_COM), com coeficiente -0,7708 (Tabela 1).

A interação genótipos × ambientes × atributos projetada dentro do R1 da matriz C é dominada pelo ambiente AN_SEM (Figura 1). Uma associação direta pode ser observada por meio dos ângulos formados pelos vetores. Neste caso, o atributo X8 é negativamente associado com X7 como esperado em que plantas mais produtivas são aquelas mais resistentes/tolerantes a insetos sugadores e X4, provavelmente, por não ter se estabelecido um relacionamento bivariante entre os atributos X4 e X8 que tiveram unidades de medida diferentes. Pelos tamanhos dos vetores, percebe-se ainda que nem todos os atributos apresentam igual contribuição para a interação tripla. Percebe-se que X1, X2, X3 e X6 apresentam pequena contribuição para esta interação e estão positivamente associados à produtividade de grãos, enquanto que os atributos X4, X5, X7 e X8, apresentam contribuição maior para a interação tripla. Esses atributos podem ser selecionados para estudos da IGE devido a sua contribuição significativa para a interação cruzada e menos quantitativos que X8. Para Oladejo *et al.* (2011), esse tipo de análise fornece informações que ajudam a detectar atributos menos importante que apresentam redundância

e que podem ser descartados na análise, e identificam aqueles que são apropriado para seleção indireta para uma variável alvo.

O fato do R1 ser dominado pelo ambiente AN_COM com sinal negativo (-0,8614) (Tabela 1B), significa que um genótipo e um atributo próximo, no *joint plot*, estão interagindo negativamente com o ambiente AN_COM. Assim, os genótipos 1, 10, 12, 14 e 31, interagem negativamente com os atributos X8 e positivamente com X7 e X4. Percebe-se também que os genótipos 7, 18, 20, 29, 35 e 37 apresentam interação negativa com os atributos X4 e X5 e uma interação positiva com os atributos X8 e X3. Observa-se, ainda, que os genótipos 2, 3, 23, 28, 36, 38 e 44 interagem negativamente com X7 e positivamente com X8. Logo, estes genótipos apresentam no ambiente AN_COM potencialidade produtiva e, adicionalmente, aparecem como tolerantes a insetos sugadores, o que é esperado, tendo em vista que a população em estudo passou por seleção para produtividade de grãos. Estes genótipos, pelo seu estado avançado de endogamia, podem ser recomendados para o ambiente AN_COM. Já os genótipos 13, 15, 22 e 26 interagem negativamente com X6 e positivamente com X4 e X5.

A correlação entre atributos, segundo Yan *et al.* (2007), no biplot convencional, é função do co-seno do ângulo entre os vetores de qualquer dois atributos que aproxima o coeficiente de correlação (grau de associação) entre as características. Os vetores de variáveis que apresentam aproximadamente em ângulo reto não se apresentam intimamente relacionados e características que estão a partir do ângulo 180° são negativamente correlacionadas.

Segundo Yan e Kang (2003), a interação genótipos × atributos é uma poderosa ferramenta estatística para estudar as relações entre variáveis, avaliando genótipos com base em múltiplas características, e identificar os genótipos superiores em certos caracteres simultaneamente. Estes genótipos podem ser candidatos a genitores em um programa de melhoramento ou serem diretamente liberados para produção comercial.

Tabela 1 - Coeficientes para os dois primeiros componentes: R1 e R2 para o fator ambiente, no ano agrícola 2000 (A) e no ano 2001 (B)

A	R1	R2	R3	B	R1	R2
AN_COM	-0,8614	-0,0643	-0,0625	AN_COM	-0,3351	0,5822
AN_SEM	0,3288	-0,7608	0,2511	AN_SEM	-0,3214	-0,7837
AR_COM	0,3300	0,2168	-0,7708	AR_COM	0,8616	-0,0145
AR_SEM	0,2026	0,6083	0,5822	AR_SEM	-0,2051	0,2160

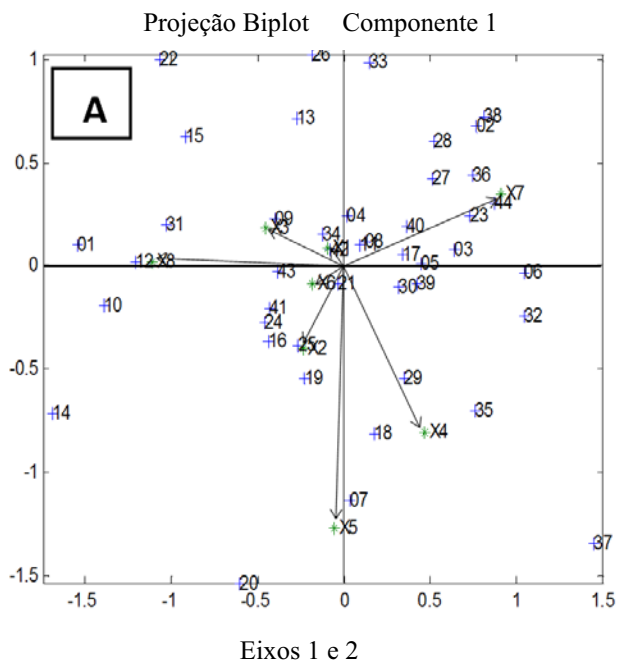


Figura 1 - *Joint plot* da interação representada pelos escores dos dois primeiros componentes de 44 genótipos de soja (1 a 44) e oito atributos (X1: número de dias para o florescimento, X2: altura da planta na maturação em cm, X3: notas de 1 a 5 para acamamento, X4: notas de 1 a 5 para valor agrônômico, X5: notas de 1 a 3 para insetos mastigadores, X6: peso de cem sementes em gramas, X7: percentagem de sementes manchadas por amostra aleatória de 100 sementes e X8: produtividade de grãos em gramas por parcela) projetado dentro do primeiro (A) componente da matriz C (arranjo ambiente), no ano agrícola 2000.

A interação genótipos x ambientes x atributos projetada dentro do R2 do terceiro fator é dominada pelo contraste entre os ambientes AN_SEM (-0,7608) e AR_SEM (0,6083) (Tabela 1B e Figura 2). Inicialmente pode-se notar que os atributos X2, X4 e X8 estão associados positivamente entre si, sendo que estes se associam negativamente com X3 uma vez que plantas acamadas prejudicam a expressão da máxima produtividade de grãos do genótipo da planta. Este caráter, como observado, associa-se positivamente com a altura da planta na maturação e o valor agrônômico. Estes, associados entre si, teoricamente, formam um cluster e possibilitam utilizar medidas destes para extrapolar mensurações para a produtividade de grãos, que tem sua medição mais custosa e mais factível de erros de medida.

Percebe-se, ainda, que X7 apresenta uma alta contribuição para a interação tripla devido a sua natureza

predominantemente estocástica, com ocorrência errática da presença de insetos sugadores sendo associado negativamente aos atributos X3 e X5 (Figura 2). Os Atributos X1 e X6 não contribuem para a interação tripla. Nota-se que os genótipos 2, 10, 28 interagem positivamente com AR_SEM com o atributo X5 e negativamente com o atributo X7, sendo que estas relações invertem no ambiente AN_SEM. Os genótipos 7, 17, 21, 29, 35, 37 e 40 interagem positivamente com AR_SEM, com adaptabilidades e estabilidades específicas redundando via de regra em produtividades elevadas, e interagem negativamente com AN_SEM para os atributos X2, X4 e X8. Já os genótipos 5, 8, 9, 11, 14, 18, 33, 36 e 44, interagem negativamente com AR_SEM e positivamente com AN_SEM para os atributos X2, X4 e X8. Estes genótipos poderiam ser recomendados para o ambiente AN_SEM, visto que expressariam teoricamente melhores produtividades de grãos por meio dessa IGE positiva e específica.

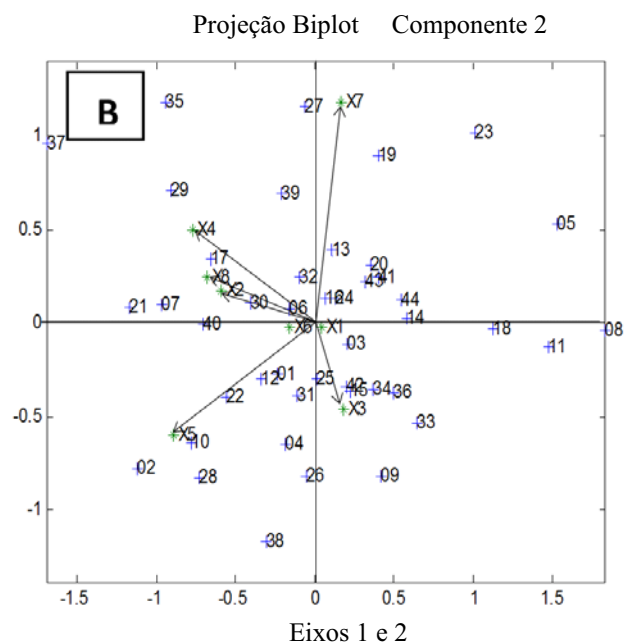


Figura 2 - *Joint plot* da interação representada pelos escores dos dois primeiros componentes de 44 genótipos de soja (1 a 44) e oito atributos (X1: número de dias para o florescimento, X2: altura da planta na maturação em cm, X3: notas de 1 a 5 para acamamento, X4: notas de 1 a 5 para valor agrônômico, X5: notas de 1 a 3 para insetos mastigadores, X6: peso de cem sementes em gramas, X7: percentagem de sementes manchadas por amostra aleatória de 100 sementes e X8: produtividade de grãos em gramas por parcela) projetado dentro do segundo (B) componente da matriz C (arranjo ambiente), no ano agrícola 2000.

Os Genótipos 19, 23 e 27 têm uma IGE positiva com AR_SEM e negativa com AN_SEM para o atributo X7 e estas relações invertem para o atributo X5. Os demais genótipos (1, 3, 6, 12, 13, 15, 16, 20, 22, 24, 25, 30, 31, 32, 34, 41, 42 e 43) são estáveis para os ambientes AN_SEM e AR_SEM, para todos os atributos, com estabilidades amplas redundando em recomendações mais seguras. Para Yan e Racjan (2002), a IGE tem um impacto negativo sobre a herdabilidade de caracteres, que quando significativa, pode prejudicar seriamente os esforços para a seleção de genótipos superiores na introdução de culturas e programas de desenvolvimento de cultivares.

A interação genótipos x ambientes x atributos projetada dentro do R3 do terceiro fator (Figura 3) é dominada pelo ambiente AR_COM (-0,7708). Inicialmente pode-se notar que nem todos os atributos contribuem para a interação tripla neste local, com exceção de X4 e X8, sendo que estes estão associados positivamente entre si. O valor agrônomo reflete a potencialidade produtiva além de ser de mais fácil mensuração podendo ser utilizada como medida de produtividade neste ambiente. Também nota-se que a maioria dos genótipos são estáveis neste local, com exceção dos genótipos 5, 13, 14, 29 e 36 que interagem negativamente com relação atributo X8, os genótipos 4, 9, 18 21 que interagem positivamente com relação ao atributo X8. Já os genótipos 21, 28 e 34 interagem negativamente, em relação ao atributo X4 e os genótipos 9, 10 e 17 interagem positivamente, em relação a esse atributo, esse resultado fornece coerência com o esperado, para o genótipo 9.

No ano agrícola 2001, a melhor solução em termos do modelo Tucker3, segundo o método de Timmerman e Kiers (2000) é o 4 x 2 x 2, que explicou 46,59% da variabilidade total dos dados. O primeiro componente (R1) do terceiro modo é caracterizado pelo ambiente AR_COM (Figura 4), com coeficiente 0,8616 e o segundo componente (R2) do terceiro modo é caracterizado pelo contraste dos ambientes AN_COM e AN_SEM, com coeficientes 0,5822 e -0,7837, respectivamente (Tabela 1). A porcentagem da variabilidade explicada pelo melhor modelo Tucker3 foi menor que no modelo selecionado no ano agrícola 2000, sendo menor que encontrado por Araújo *et al.* (2010) e Varela *et al.* (2006), em estudos conduzidos com milho e trigo, respectivamente.

A interação genótipos x ambientes x atributos projetada dentro do R1 da matriz C (Figura 4) é dominada pelo ambiente AR_COM. Uma associação direta pode ser observada por meio dos ângulos formados pelos vetores, por exemplo, o atributo X8 é associado negativamente com X7 evidenciando que a seleção para produtividade foi efetiva também para tolerância a insetos sugadores (percevejos). As variáveis X5 e X3 associaram-se positivamente onde se infere que plantas acamadas são

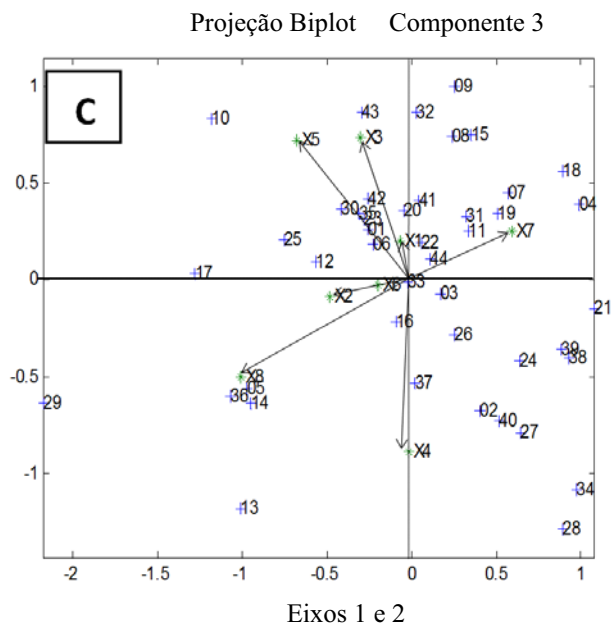


Figura 3 - Joint plot da interação representada pelos escores dos dois primeiros componentes de 44 genótipos de soja (1 a 44) e oito atributos (X1: número de dias para o florescimento, X2: altura da planta na maturação em cm, X3: notas de 1 a 5 para acamamento, X4: notas de 1 a 5 para valor agrônomo, X5: notas de 1 a 3 para insetos mastigadores, X6: peso de cem sementes em gramas, X7: porcentagem de sementes manchadas por amostra aleatória de 100 sementes e X8: produtividade de grãos em gramas por parcela) projetado dentro do primeiro terceiro (C) componentes da matriz C (arranjo ambiente), no ano agrícola 2000.

mais atacadas por insetos mastigadores (lagartas) e estes se associam negativamente com X4 já que para tomada de dados para valor agrônomo plantas acamadas e atacadas atribuía-se notas menores. Pelos tamanhos dos vetores, percebe-se ainda que os atributos apresentaram uma contribuição desigual para a interação tripla. Percebe-se que X1, X2 e X6 apresentam uma pequena contribuição para esta interação, enquanto que os atributos X3, X4, X5, X7 e X8, apresentam uma contribuição para a interação tripla, principalmente, para a produtividade de grãos que é governada por vários complexos gênicos e muito influenciada pelo ambiente de cultivo, fato esperado. De acordo com Badu-Apraku e Akinwale (2011), na identificação de um cultivar ideal, no contexto da análise genótipos x atributos, esta tem sido definida como aquela que combina várias características desejáveis em sua composição genética.

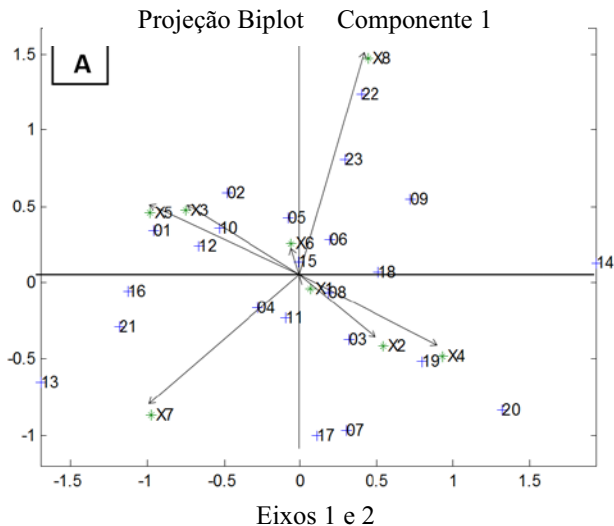


Figura 4 - Joint plot da interação representada pelos escores dos dois primeiros componentes de 23 genótipos de soja (1 a 23) e oito atributos (X1: número de dias para o florescimento, X2: altura da planta na maturação em cm, X3: notas de 1 a 5 para acamamento, X4: notas de 1 a 5 para valor agrônomo, X5: notas de 1 a 3 para insetos mastigadores, X6: peso de cem sementes em gramas, X7: porcentagem de sementes manchadas por amostra aleatória de 100 sementes e X8: produtividade de grãos em gramas por parcela) projetado dentro do primeiro (A) componentes da matriz C (arranjo ambiente), no ano agrícola 2001.

O fato do R1 ser dominado pelo ambiente AR_COM com sinal positivo (0,8616) (Tabela 1A e Figura 4), significa que um genótipo e um atributo próximo, no *joint plot*, irão interagir positivamente com AR_COM. Assim, os genótipos 22 e 23 interagem positivamente com os atributos X8 e negativamente com X7 para ambiente AR_COM. Estes genótipos se sobressaíram em estabilidade produtiva e tolerância a insetos sugadores simultaneamente, fato que possibilita sua indicação para esse ambiente. Já os genótipos 13, 16 e 21 interagem positivamente com X7 e negativamente com X2, X4 e X8. Percebe-se ainda que os genótipos 7, 14, 17, 19 e 20 interagem positivamente com X2 e X4. Os demais genótipos apresentam estabilidade fenotípica de produção podendo ter sua recomendação para esse ambiente de cultivo. De acordo com Aremu *et al.*, (2008), a elevada magnitude da IGE em relação ao G (SQG) justifica a predominância da IGE na resposta dos genótipos a ambientes específicos.

A interação genótipos x ambientes x atributos projetada dentro do R2 do terceiro fator (Tabela 1B e Figura

5) é caracterizada pelo contraste entre os ambientes AN_SEM (-0,7837) e AN_COM (0,5822). Inicialmente pode-se notar que a grande maioria dos genótipos e atributos não contribui igualmente para a interação tripla neste ambiente, sendo que os atributos X7 e X8 e genótipos 10, 15, 18, 19 e 23 apresentaram as maiores contribuições e, particularmente, estes genótipos exploram os benefícios da IGE. Para Akande e Balogun (2009) é importante compreender a natureza da IGE, a fim de ser capaz de conceber estratégias eficazes para avaliar e selecionar genótipos superiores.

Observa-se que o genótipo 10 e 23 interagem positivamente com o atributo X8 e negativamente com X7 no ambiente AN_COM e o oposto ocorre com estes genótipos no ambiente AN_SEM (Figura 5). O genótipo 2, 9, 12, 14, 18 e 19 tem interação positiva com X7 e negativa com X8 no ambiente AN_COM e o oposto acontece no ambiente AN_SEM. Já os genótipos 4, 15 e 18 interagem negativamente, em relação ao atributo X4 e os genótipos 6, 10 e 11, interagem positivamente, em relação ao atributo X4, no ambiente AN_SEM. Os genótipos 10 e 23

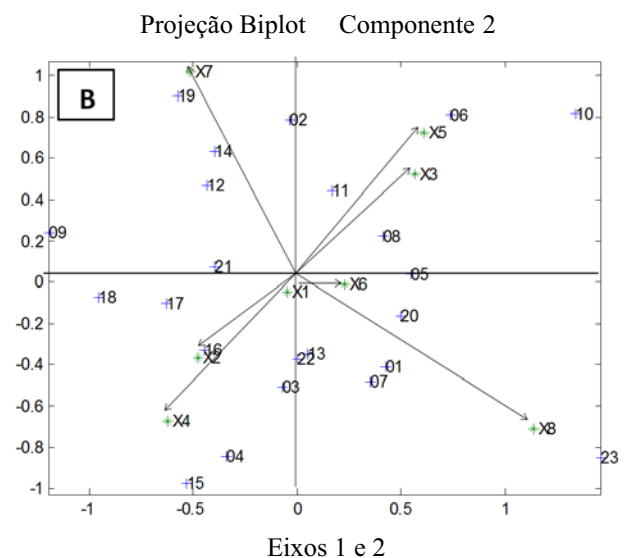


Figura 5 - Joint plot da interação representada pelos escores dos dois primeiros componentes de 23 genótipos de soja (1 a 23) e oito atributos (X1: número de dias para o florescimento, X2: altura da planta na maturação em cm, X3: notas de 1 a 5 para acamamento, X4: notas de 1 a 5 para valor agrônomo, X5: notas de 1 a 3 para insetos mastigadores, X6: peso de cem sementes em gramas, X7: porcentagem de sementes manchadas por amostra aleatória de 100 sementes e X8: produtividade de grãos em gramas por parcela) projetado dentro do segundo (B) componentes da matriz C (arranjo ambiente), no ano agrícola 2001.

apresentam tolerância a percevejos e boa produtividade no ambiente AN_COM e, teoricamente, com essas variáveis já fixadas. Os genótipos 9, 18 e 19 também apresentam no seu genoma esses caracteres com alto grau de endogamia podendo ser indicados para o ambiente AN_SEM.

A análise de componentes principais com múltiplas matrizes de dados foi eficaz em explorar a IGE no que diz respeito a captar melhor uma estrutura de dados do tipo genótipos x ambientes x atributos, o que corrobora com os estudos conduzidos em feijão comum por Araújo (2009), Varela *et al.* (2009) e em soja por Zhe *et al.* (2010) e Meotti *et al.* (2012).

Conclusões

Os genótipos 2, 3, 23, 28, 36, 38 e 44 apresentam tolerância a percevejos e boa produtividade no ambiente Anhembi com o manejo intensivo de insetos;

Os genótipos 7, 17, 21, 29, 35, 37 e 40 interagem positivamente com o ambiente Areão sem o manejo intensivo de insetos, com adaptabilidades e estabilidades específicas redundando em produtividades elevadas;

Os genótipos 1, 3, 6, 12, 13, 15, 16, 20, 22, 24, 25, 30, 31, 32, 34, 41, 42 e 43 são estáveis aos ambientes Anhembi e Areão sem o manejo intensivo de insetos, com estabilidades amplas resultando em recomendações mais seguras e em produções sub-ótimas.

Literatura científica citada

AKANDE, S. R.; BALOGUN, M. O. Multi-locational evaluation of cowpea grain yield and other reproductive characters in the Forest and southern Guinea Savana agroecologies of Nigeria. **Electronic Journal of Environmental, Agricultural and Food Chemistry**, v.7, p.526-533, 2009.

ARAÚJO, L. B.; NUALLES, M. V.; ARAÚJO, M. F. C.; DIAS, C. T. S. Gráficos biplot e joint plot para o estudo da interação tripla. **Ciência Rural**, v. 40, p.833-839, 2010.

AREMU, C. O.; ADEBAYO, M. A.; ADENIJI, O. T. Seasonal performance of cowpea (*Vigna unguiculata*) in humid tropics using GGE biplot analysis. **World Journal of Biological Research**, v.1, p.8-13, 2008.

BADU-APRAKU, B.; AKINWALE, R. O. Cultivar evaluation and trait analysis of tropical early maturing maize under Strigainfested and Striga-free environments. **Field Crops Research**, v.121, p.186-194, 2011.

Baton Rouge: Louisiana Agricultural Experiment Station, 1989. p.145-151. (Southern Cooperative Series Bulletin, 343).

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

KROONENBERG, P. M.; DE LEEUW, J. Principal Component Analysis of Three-Mode Data by means of Alternating Least Squares Algorithms. **Psychometrika**, v. 45, p. 69-97, 1980.

KROONENBERG, P. M. Three-mode principal components analysis: theory and applications. Leiden: DSWO, 1983. 398p.

MATLAB. The Language of technical Computing. v. R2007a. São Paulo, 2007.

OLADEJO, R. O.; AKINWALE; OBISESAN, I. O. Interrelationships between grain yield and other physiological traits of cowpea cultivars. **African Crop Science Journal**, v.19, p.189-200, 2011.

MEOTTI, G. V.; BENIN, G.; SILVA, R. R.; BECHE, E.; MUNARO, L. B. Épocas de semeadura e desempenho agrônomo de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p.14-21, 2012.

TIMMERMAN, M. E.; KIERS, H. A. L. Three-mode principal components analysis. Choosing the numbers of components and sensitivity to local optima. **British Journal of Mathematical and Statistical Psychology**, v. 53, p.1-16, 2000.

TUCKER, L. R. Some mathematical notes on three-mode factor analysis. **Psychometrika**, v. 31, n. 3, p. 279-311, 1966.

VARELA, M.; CROSSA, J.; RANE, J.; JOSHI, A. K.; CORNELIUS, P. L.; MANES, Y. Generalizing the sites regression model to three-way interaction including multi-attributes. **Crop Science**, v.49, p.2043-2057, 2009.

VARELA, M.; CROSSA, J.; RANE, J.; JOSHI, A. K.; TRETOWAN, R. Analysis of a three-way interaction including multi-attributes. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.57, p.1185-1193, 2006.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, S.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v.47, p.596-605, 2007.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis**: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Boca Raton: CRC Press, 2003. 271p.

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

ZHE, Y.; LAUER, J. G.; BORGES, R.; LEON, N. Effects of genotype x environment interaction on agronomic traits in soybean. **Crop Science**, v.50, p.696-702, 2010.