

USO DE FERRAMENTAS DE GEOPROCESSAMENTO PARA PRODUÇÃO DE MAPAS DE RECOMENDAÇÃO DE CULTIVARES DE SOJA EM GOIÁS

Luiz Antonio CARDOSO JÚNIOR¹; João Batista DUARTE²;
Odilon Lemos de MELLO FILHO³.

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos UFG – luizantonio.cj@gmail.com

² Orientador/ Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos / UFG - jbduarte@agro.ufg.br

³ Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa-Soja)

Palavras Chaves: Interação genótipo-ambiente; adaptabilidade; estabilidade; inferência espacial; SIG.

1 INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético de plantas, em geral, enfrentam problemas relacionados à liberação comercial de cultivares. Um deles é a interação de genótipos com ambientes (GxA), que faz com que os genótipos vegetais expressem diferentes fenótipos frente à variação de locais e épocas de plantio. Esta interação ocorre quando a expressão fenotípica de determinado genótipo é dependente do ambiente específico onde ele é cultivado. Assim, a existência desta interação pode resultar na modificação do ordenamento das médias genotípicas com a variação dos ambientes (Martins, 2004).

Com o avanço das técnicas de sensoriamento remoto, os pesquisadores têm à sua disposição uma ampla quantidade de informações acerca do ambiente terrestre. Satélites captam diariamente imagens do mundo todo, com várias finalidades. Essas imagens, uma vez tratadas por algoritmos específicos, produzem informações acerca de variáveis ou fatores ambientais de diversas naturezas. Atualmente são monitorados por esse tipo de tecnologia fatores como: temperatura, fotoperíodo, evapotranspiração, radiação solar, nebulosidade, precipitação pluviométrica potencial, entre outros menos erráticos, como latitude, longitude e altitude. Variáveis como estas podem ser utilizadas cientificamente para o melhor entendimento de fenômenos complexos como a interação GxA. Assim, com o uso de recursos dos chamados “sistemas de informações geográficas” (SIG), as previsões de comportamento produtivo de cultivares podem ser estimadas, ou interpoladas, com maior precisão, para outros locais, além daqueles de teste. Essas aplicações ainda tem sido pouco exploradas pelos melhoristas de plantas, que, na maioria das vezes, se restringem às variáveis coletadas diretamente no campo experimental.

Atualmente a recomendação de cultivares de soja no Brasil ainda é feita de maneira uniforme, para toda a extensão geográfica da região que cada local de teste representa. Porém, existe a possibilidade de refinamento desta recomendação, mediante o uso de variáveis ambientais georreferenciadas e que tenham influência significativa sobre a interação GxA. Neste caso, o comportamento variável da resposta genotípica, dentro da região, pode ser estimado para cada posição geográfica em que houver informação específica das variáveis ambientais explicativas do fenômeno. Assim, sobretudo no que tange à interação GxA do tipo cruzada (troca de classificação genotípica com a mudança dos locais de teste), há perspectivas muito animadoras de ganhos no processo de recomendação, com o emprego desse tipo de informação e tecnologia.

O objetivo geral deste trabalho é, portanto, estudar e melhor caracterizar as interações GxA, com o propósito de prever, com maior acurácia, as respostas genótípicas frente à variação ambiental. Especificamente, enfocará o uso de ferramentas de geoprocessamento para a construção de mapas de predição das produtividades médias de grãos, para linhagens experimentais e cultivares de soja, sob avaliação no Estado de Goiás.

2 METODOLOGIA

Os genótipos a serem estudados fazem parte de programa de melhoramento de soja desenvolvido em parceria entre a EMATER (Agência Goiana de Assistência Técnica, Extensão Rural e Pesquisa Agropecuária), o CTPA (Centro Tecnológico para Pesquisas Agropecuárias) e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Soja). Os genótipos já se encontram em testes avançados, nos chamados ensaios de valor de cultivo e uso (VCU). Serão utilizados dados de experimentos conduzidos no ano agrícola 2010/2011, em dez localidades (Tabela 1).

Os ensaios serão divididos em dois grupos quanto ao tipo de cultivares, convencionais ou transgênicos (RR), e cada tipo é subdividido por ciclo de maturação. O tipo convencional apresenta três subgrupos de maturação: superprecoce, precoce/médio e tardio. Já o tipo transgênico possui quatro subgrupos: superprecoce, precoce, médio e tardio. Cada subgrupo forma um experimento, o qual é instalado no delineamento de blocos completos casualizados, com quatro repetições (blocos) e 25 tratamentos. Estes são compostos por 21 linhagens do programa e quatro testemunhas (cultivares comerciais). Nem todos os

experimentos são implantados em todos os locais, pois algumas regiões não utilizam todos os ciclos de maturação, pois isto não seria viável economicamente.

Tabela 1. Locais de avaliação com as discriminações da macrorregião sojícola, tipo de linhagem plantada, ciclos de maturação, altitude, latitude e longitude.

Macrorregião sojícola	Local	Conv ¹	RR	Altitude(m)	Latitude	Longitude
301	Itumbiara	o (pr)	o p r	495	18°24'31"S	49°11'29"O
301	Goiatuba	o (pr)	o p r	815	17°58'45"S	49°21'46"O
302	Piracanjuba	o (pr)	o p r	777	17°35'20"S	48°46'2"O
303	Goiânia	o (pr) t	o p r t	762	16°38'4"S	49°12'14"O
303	Smpq	o (pr)	o p r	1026	16°55'58"S	48°40'50"O
303	Anápolis	o (pr)	o p r	1017	16°20'15"S	48°52'58"O
401	Rio Verde	o (pr)	o p	760	17°47'16"S	50°57'36"O
401	Jataí	o (pr)	o p r	683	17°55'31"S	51°42'47"O
402	Uruaçu	t	t	556	14°33'22"S	49°06'52"O
402	Porangatu	t	r t	368	13°21'42"S	49°7'54"O

¹ ciclos: o = superprecoce, pr = precoce e médio, p = precoce, r = médio, t = tardio.

A parcela experimental constitui-se de quatro fileiras de 5,0 m de comprimento. Na colheita, desprezam-se as duas fileiras laterais e 0,50 m na extremidade das fileiras, resultando em área útil de 4,0 m² por parcela. A determinação da produção por parcela é realizada obtendo-se o peso dos grãos colhidos na área útil, seguindo-se a padronização para 13% de umidade. Também são obtidas as datas de floração e de maturação, em cada parcela, bem como o número de plantas colhidas por parcela (estande final).

Serão utilizadas variáveis ambientais quantitativas, para que se possa avaliar o seu efeito sobre a interação dos genótipos com os locais (GxA). A princípio, as principais variáveis a serem utilizadas serão altitude, latitude e longitude, já que estas são de mais fácil implantação em um sistema de informações geográficas (SIG), para o propósito de produção de mapas. Para a captação de outras variáveis (ex. temperatura, fotoperíodo, radiação solar, evapotranspiração, nebulidade etc.), potencialmente úteis para o refinamento das predições espaciais (mapas), serão aplicadas técnicas de sensoriamento remoto. Após obtenção desses dados, será criado um banco de dados com tais informações geográficas, formando-se os planos de informação de cada variável, a serem explorados estatisticamente, no que tange à contribuição de cada uma para a interação GxA.

Serão realizadas análises de variância individuais para os dados de produtividade de grãos, para se avaliar a existência de diferenças entre os tratamentos dentro de cada local. Depois, será realizada análise conjunta dos dados, envolvendo todos os ambientes. Nesta análise será possível avaliar a existência de interação dos genótipos com os ambientes (GxA), além dos efeitos principais dos genótipos e ambientes. O modelo estatístico para tal avaliação é o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + (ga)_{ij} + \bar{e}_{ijk}$$

em que: Y_{ij} é o valor observado do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, g$) no ambiente j ($j = 1, 2, \dots, a$); μ é a média geral; g_i é o efeito do genótipo i ; a_j é o efeito do ambiente j ; $(ga)_{ij}$ é efeito da interação do genótipo i com o ambiente j ; e \bar{e}_{ijk} é o erro aleatório.

Caso a interação GxA seja significativa, determinar-se-á o efeito das variáveis explicativas (latitude, longitude e altitude) sobre esta interação. O modelo descritivo que contempla a contribuição de cada variável explicativa é dado por:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \beta_i z_j + (ga)'_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

em que: $\beta_i z_j + (ga)'_{ij} = (ga)_{ij}$, sendo β_i o coeficiente de regressão que mede a resposta linear dos efeitos de interação do genótipo i com a co-variável Z , descrita por seus desvios ($z_j = Z_j - \bar{Z}$); $(ga)'_{ij}$ é o efeito residual da interação original, após a remoção do efeito da co-variável Z . O coeficiente de regressão é estimado por $\hat{\beta}_i = b_i = \sum_j (ga)_{ij} z_j / \sum_j z_j^2$, com a respectiva soma de quadrados associada à variável Z determinada $SQ_Z = \sum_i b_i^2 \sum_j z_j^2$.

Após determinar o efeito das variáveis sobre a soma de quadrados da interação GxA, estas serão ordenadas decrescentemente pelas suas somas de quadrados (SQ_Z). Isso porque, quanto maior SQ_Z mais a respectiva variável explica a variação associada à interação, SQ_{GxA} . Após o ordenamento, remove-se o efeito da primeira variável, diminuindo-se SQ_Z da soma de quadrados SQ_{GxA} . Se a soma de quadrados restante ($SQ_{GxA} - SQ_Z$), correspondente ao termo $(\widehat{ga})'_{ij}$ do modelo, ainda apresentar-se significativa, estimam-se as interações residuais, isto é, $(\widehat{ga})'_{ij} = (\widehat{ga})_{ij} - \hat{\beta}_i z_j$; ou seja, desconta-se da interação original o efeito linear associado à primeira variável no ordenamento das somas de quadrados.

Em seguida, recalculam-se as somas de quadrados associadas às variáveis remanescentes, procedendo-se novamente ao seu ordenamento decrescente pelas somas de quadrados resultantes. Na sequência, remove-se da interação residual o

efeito da variável mais explicativa nesse ciclo de análise. Assim, procede-se sucessivamente, enquanto houver efeito significativo na variação associada à interação residual, e, no máximo, até o limite de (a-1) variáveis (Martins, 2004). No final deste processo de regressão *stepwise*, serão identificadas e selecionadas as variáveis ambientais explicativas da interação GxA.

Para a produção dos mapas em ambiente SIG, serão utilizadas as estimativas da média geral ($\hat{\mu} = \bar{Y}_{..}$), do efeito genotípico médio ($\hat{g}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}$), dos coeficientes de regressão das variáveis explicativas selecionadas, bem como as informações geográficas relativas a estas variáveis, em cada posição *s* da região de interesse, z_{is} . Assim, a medida espacial da adaptabilidade do genótipo *i* na posição geográfica *s*, denotada ad_{is} , é estimada por (Martins, 2004):

$$ad_{is} = \hat{\mu} + \hat{g}_i + \sum_{l=1}^v \beta_{il} z_{ls}$$

O resultado da espacialização da estatística ad_{is} , no ambiente de um SIG, para cada genótipo, resultará no respectivo mapa de adaptabilidade do genótipo. Este será utilizado para indicar classes de melhor, pior ou média adaptação produtiva dos genótipos aos locais que compreendem a região de recomendação.

3 RESULTADOS ESPERADOS

Com a realização das análises, esperam-se efeitos significativos de certas variáveis explicativas e, conseqüentemente, a obtenção de mapas de recomendação que impliquem em refinamento das predições de adaptabilidade das linhagens e cultivares em estudo, relativamente a análises usuais sem emprego desses recursos. Com isso, espera-se subsidiar, de modo mais efetivo, o processo de recomendação de cultivares de soja para região de abrangência da pesquisa.

4 REFERÊNCIAS

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.675-712.

MARTINS, A. S. **Aplicação de sistema de informações geográficas no estudo da interação de genótipos com ambientes**. 2004. 156 p. Dissertação (Mestrado)– Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2004.