

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE PONTA GROSSA
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E DE TECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA
CURSO DE DOUTORADO EM AGRONOMIA

DANILO FERNANDO GUIMARÃES SILVA

ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE
PRODUTIVA DE GENÓTIPOS DE SOJA A PARTIR DE ENSAIOS MULTIAMBIENTAIS

PONTA GROSSA

2020

DANILO FERNANDO GUIMARÃES SILVA

ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE
PRODUTIVA DE GENÓTIPOS DE SOJA A PARTIR DE ENSAIOS MULTIAMBIENTAIS

Tese apresentada à Universidade Estadual de Ponta Grossa para obtenção do título de Doutor em Agronomia - Área de concentração: Agricultura. Linha de pesquisa: Fisiologia, Melhoramento e Manejo de culturas.

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello

PONTA GROSSA

2020

S586 Silva, Danilo Fernando Guimarães
Estratificação ambiental, estabilidade e adaptabilidade produtiva de
genótipos de soja a partir de ensaios multiambientais / Danilo Fernando
Guimarães Silva. Ponta Grossa, 2020.
69 f.

Tese (Doutorado em Agronomia - Área de Concentração: Agricultura),
Universidade Estadual de Ponta Grossa.

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello.

1. Rendimento. 2. Glicine Max. 3. AMMI. 4. REML/BLUP. I. Matiello, Rodrigo
Rodrigues. II. Universidade Estadual de Ponta Grossa. Agricultura. III.T.

CDD: 633

**PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

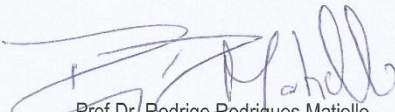
CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

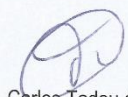
Título da Tese: **Estratificação ambiental, estabilidade e adaptabilidade produtiva de genótipos de soja a partir de ensaios multiambientais.**

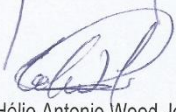
Nome: Danilo Fernando Guimarães Silva

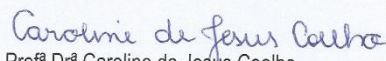
Orientador: Rodrigo Rodrigues Matiello

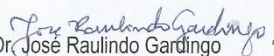
Aprovado pela Comissão Examinadora:


Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello


Prof. Dr. Carlos Tadeu dos Santos Dias


Dr. Hélio Antonio Wood Joris


Profª Drª Caroline de Jesus Coelho


Prof. Dr. José Raulindo Gardingo

Data da Realização: 27 de fevereiro de 2020

AGRADECIMENTOS

À Deus primeiramente pela saúde, sabedoria, coragem e determinação a mim concedidos.

À Universidade Estadual de Ponta Grossa e ao curso de Pós-Graduação em Agronomia.

Ao meu orientador Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello pelo acolhimento, dedicação, conselhos e conhecimentos compartilhados, os quais possibilitaram a conclusão desta Tese.

A minha Família pelo incentivo e amor incondicional durante minha trajetória pessoal e acadêmica.

A Prof^a Dr^a Caroline Coelho pela ajuda e amizade que foram fundamentais para a conclusão deste trabalho.

A empresa BASF S. A. por ter possibilitado a execução deste estudo juntamente ao ambiente de trabalho.

RESUMO

A soja (*Glicine max* L. Merrill) é a principal *commoditie* agrícola produzida e exportada pelo Brasil, sendo o segundo maior produtor da cultura. Em razão disso, os programas de melhoramento têm focado no desenvolvimento de cultivares com elevada produtividade de grãos, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade. O processo de seleção e posicionamento de genótipos superiores envolve uma complexa rede de experimentação e um alto custo no processo, tendo como principal objetivo avaliar o potencial produtivo de novas linhagens que estão na fase final de desenvolvimento e refinar a recomendação técnica de produtos pré-comerciais e comerciais. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi estabelecer um processo consistente de sumarização de dados de ensaios multiambientes visando identificar locais redundantes na rede de experimentação, estabelecer estratos ambientais onde a interação G x A (Genótipo x Ambiente) seja de baixa magnitude e identificar genótipos com estabilidade e adaptabilidade produtiva para os estratos estabelecidos. Os experimentos foram conduzidos nas safras de 2015/2016, onde foram avaliados 36 genótipos de soja (29 linhagens + sete cultivares comerciais) em 27 locais e 2017/2018, sendo avaliados 30 genótipos de soja (22 linhagens + oito cultivares comerciais) em 17 locais. Todos os experimentos foram conduzidos no delineamento de blocos aleatorizados com três repetições e a variável analisada foi o rendimento de grãos em kg ha⁻¹. Os dados coletados foram submetidos inicialmente à análise de variância individual visando confirmar a precisão experimental em todos os locais de experimentos. Posteriormente, a estratificação ambiental foi realizada a partir de duas metodologias. Na primeira realizou-se o agrupamento dos ambientes pelo método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Average*) sendo a construção do dendrograma estabelecida pelos ambientes com interação G x A semelhantes. E na segunda foi realizada a análise de variância conjunta com decomposição AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction analysis*). A partir da estratificação ambiental obtida pelo método AMMI foram identificados os genótipos de maior estabilidade e mais adaptados aos diferentes estratos baseando-se na predição do desempenho dos genótipos através da metodologia de modelos mistos REML/BLUP. Os resultados para a safra de 2015/2016 demonstraram para a metodologia de agrupamento UPGMA a formação de dois grupos (dois e quatro locais, respectivamente) permanecendo o restante dos ambientes (21) isolados. Por outro lado, os resultados obtidos para a metodologia AMMI demonstraram que os 27 locais foram reduzidos à seis estratos ambientais. A partir desta estratificação foram identificados os genótipos mais promissores, com melhor adaptação e estabilidade, com destaque para a linhagem L4 que esteve ranqueada entre os melhores genótipos nos estratos II, III e IV. O agrupamento UPGMA na safra de 2017/2018 também demonstrou a formação de dois grupos com dois locais agrupados em cada um. Em contrapartida, a segunda metodologia evidenciou a redução dos 17 locais em seis estratos ambientais a partir dos quais foi possível a predição dos genótipos mais promissores. Destaque positivo foi observado para a linhagem de soja L19 que obteve a 1^a posição em dois estratos, e permanecendo entre os melhores genótipos nos demais agrupamentos. A partir dos resultados obtidos para ambas as safras de avaliação, foi possível confirmar que o agrupamento de ambientes via UPGMA foi pertinente na identificação de locais redundantes. Por outro lado, a metodologia AMMI demonstrou maior eficiência na redução dos locais de ensaios em estratos ambientais consistentes. Adicionalmente, a predição do rendimento de grãos via REML/BLUP possibilitou a identificação de genótipos geneticamente superiores e associado a análise AMMI a exploração de adaptação ampla e específica dos genótipos de soja.

Palavras-chave: Rendimento. *Glicine max*. AMMI. REML/BLUP.

ABSTRACT

The soybean (*Glicine max* L. Merrill) is the main agricultural commodity produced and exported by Brazil, being the second major crop producer. Because of this, the breeding programs has focused in developing cultivars with high grain yield, production stability and broad adaptability. The process of selection and positioning of superior genotypes involves a complex experimentation net and a high cost in the process, with the main goal to evaluate the productive potential of new lines that are at the final level of development and refine the technical knowledge about pre commercial products. In this sense, the objective of this study was to establish a consistent process of data summarization of multienvironment experiments aiming to identify redundant locations at the experimentation net, and to establish environment strata where the interaction G x E (Genotype x Environment) is of low magnitude and identify genotypes with productive adaptability and stability for the established strata. The experiments were conducted at 2015/2016 growing season, were evaluated 36 genotypes (29 inbred lines + seven commercial cultivars) at 27 locations and 2017/2018 growing season, being evaluated 30 genotypes (22 inbred lines + eight commercial cultivars) at 17 locations. The experiments were conducted in randomized block design with three replications and the variable analyzed was the grain yield in kg ha^{-1} . The collected data were submitted firstly to individual variance analysis aiming to confirm the experimental precision in all the locations. After that, the environment strata was realized from two methodologies. The first was conducted from the grouping of the environments by the UPGMA method (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Average*) being the dendrogram construction from the environments with similar G x E interaction. At the second was conducted the joint variance analysis with AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction analysis*) decomposition. From the environment strata by AMMI analysis were identified the genotypes with major stability and more adapted to the different strata based on prediction of the genotypes performance from the mixed models methodology REML/BLUP. The results for the 2015/2016 growing season showed for the UPGMA grouping methodology the formation of two groups (with two and four locations, respectively) remaining the rest of the environments (21) isolated. On the other hand, the results for the AMMI methodology showed that the 27 locations were reduced to six environment strata. From this stratification were identified the most promising genotypes, with the better adaptation and stability, highlighting the line L4 that was ranked between the better's genotypes at the strata II, III and IV. The UPGMA grouping at 2017/2018 growing season also evidenced the formation of two groups with two locations grouped in each one. In contrast, the second methodology showed the reduction of the 17 locations in six environment strata from which was possible to predict the most promising genotypes. Positive feature was observed to the line L19 ranked in first place in two strata, and being among the best genotypes in the others. From the results obtained for the both evaluation growing seasons, it was possible to confirm that the grouping of environments via UPGMA was relevant in the identification of redundant locations. On the other hand, the AMMI methodology demonstrated greater efficiency in the reduction of the test locations in consistent environmental strata. In addition, the grain yield prediction via REML / BLUP enabled the identification of superior genetic genotypes and associated with AMMI analysis the exploration of broad and specific adaptation.

Key Words: Yield. *Glicine max*. AMMI. REML/BLUP.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Agrupamento de 27 ambientes pelo método UPGMA a partir do desdobramento da interação entre 36 genótipos x 27 ambientes avaliados na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.....	37
Figura 2 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja avaliadas em 27 ambientes na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.....	41
Figura 3 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato I na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.....	42
Figura 4 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato II na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.....	44
Figura 5 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato III na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.....	45
Figura 6 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato IV na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.....	46
Figura 7 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato V na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.....	47
Figura 8 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato VI na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.....	48
Figura 9 - Agrupamento de 17 ambientes pelo método UPGMA a partir do desdobramento da interação entre 30 genótipos x 17 ambientes avaliados na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.....	50
Figura 10 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja avaliadas em 27 ambientes na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.....	54
Figura 11 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 30 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato I na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.....	55
Figura 12 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 30 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato II na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.....	57

Figura 13 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 30 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato III na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.....	57
Figura 14 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 30 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato IV na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.....	58

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Ambientes de ensaios instalados na Safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.....	29
Tabela 2. Ambientes de ensaios instalados na Safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.....	30
Tabela 3. Esquema da análise AMMI, pelo critério de Gollob (1968) para atribuição de graus de liberdade aos componentes principais da interação.....	33
Tabela 4. Resumo da análise de variância conjunta com desdobramento dos efeitos da interação genótipo x ambiente para o rendimento de grãos (kg ha ⁻¹) de soja, safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.....	38
Tabela 5. Autovalores (λ_k^2) e percentagens individual (PI) e acumulada (PA), da soma de quadrados total ($SQ_{G \times A}$) associada aos quatro primeiros eixos principais da interação (CP's), estimados pela análise AMMI para o rendimento de grãos (REND) em genótipos de soja. Ponta Grossa, 2020.....	39
Tabela 6. Composição dos estratos ambientais da análise AMMI via modelo AMMI2 a partir do desdobramento a interação Genótipo x Ambiente. Ponta Grossa, 2020..	40
Tabela 7. Médias de REND ajustadas (M.A. – kg ha ⁻¹) pela metodologia REML/BLUP e ranqueamento em ordem decrescente (Rank) de 36 genótipos de soja nos estratos ambientais estabelecidos pela decomposição da interação via metodologia AMMI. Ponta Grossa, 2020.....	43
Tabela 8. Resumo da análise de variância conjunta com desdobramento dos efeitos da interação genótipo x ambiente para o rendimento de grãos (kg ha ⁻¹) de soja, safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.....	52
Tabela 9. Autovalores (λ_k^2) e percentagens individual (PI) e acumulada (PA), da soma de quadrados total ($SQ_{G \times A}$) associada aos quatro primeiros eixos principais da interação (CP's), estimados por análise AMMI para o rendimento de grãos (REND) em genótipos de soja na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.	53
Tabela 10. Composição dos estratos ambientais da análise AMMI via modelo AMMI2 a partir do desdobramento a interação Genótipo x Ambiente na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.....	53
Tabela 11. Médias de REND ajustadas (M.A. – kg ha ⁻¹) através da metodologia REML/BLUP e ranqueamento em ordem decrescente (Rank) de 30 genótipos de soja nos estratos ambientais estabelecidos pela decomposição da interação via metodologia AMMI na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.....	56

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	10
2 OBJETIVOS	12
2.1 OBJETIVOS GERAIS	12
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	12
3 HIPÓTESE	13
4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
4.1 IMPORTÂNCIA E EVOLUÇÃO DO MELHORAMENTO GENÉTICO NA CULTURA DA SOJA	14
4.2 INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS E AMBIENTES (G x A)	15
4.3 ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES	17
4.4 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA	21
4.5 MODELOS MISTOS: EFEITOS FIXOS E ALEATÓRIOS	23
4.6 MELHOR PREDIÇÃO LINEAR NÃO-VIESADA (BLUP- BEST LINEAR UNBIASED PREDICTION) E ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA VIA MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA RESTRITA (REML- RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD)	25
5 MATERIAL E MÉTODOS	29
5.1 CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS A CAMPO E AVALIAÇÃO.....	30
5.2 ANÁLISE DE VARIÂNCIA INDIVIDUAL	31
5.3 ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES VIA MÉTODO UPGMA	31
5.4 ANÁLISE DE VARIÂNCIA CONJUNTA COM DECOMPOSIÇÃO AMMI DA INTERAÇÃO E ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES	32
5.5 MELHOR PREDIÇÃO LINEAR NÃO-VIESADA (BLUP) E ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA VIA MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA RESTRITA (REML)	33
6 RESULTADOS E DISCUSSÃO	35
6.1 SAFRA 2015/2016	35
6.1.1 Identificação de Locais Redundantes por meio das Distâncias entre Locais pelo Método UPGMA.....	35
6.1.2 Estratificação Ambiental Baseada na Decomposição AMMI da Interação G x A.....	36
6.1.3 Estabilidade e Adaptabilidade Produtiva.....	42
6.2 SAFRA 2017/2018	48
6.2.1 Identificação de Locais Redundantes por meio da Distância entre Locais pelo Método UPGMA.....	49
6.2.2 Estratificação Ambiental Baseada na Decomposição AMMI da Interação G x A.....	51
6.2.3 Estabilidade e Adaptabilidade Produtiva.....	55
7 CONCLUSÕES	60
REFERÊNCIAS	61
Anexo A - Resumo da análise de variância individual para os 36 genótipos avaliados em 27 ambientes para a variável Rendimento (REND) na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.	68
Anexo B - Resumo da análise de variância individual para os 30 genótipos avaliados em 17 ambientes para a variável Rendimento (REND) na safra 2017/18. Ponta Grossa, 2020.	69

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glicine max* L. Merrill) apresenta destaque no cenário econômico global como a maior fonte de óleo e proteína vegetal produzida mundialmente. Sendo a principal *commoditie* agrícola produzida e exportada pelo Brasil, mantém o país em posição de destaque como o segundo maior produtor, atrás apenas dos Estados Unidos da América e seguido pela Argentina (CONAB, 2019; FAO, 2019).

Novas estratégias de manejo fitotécnico associadas à evolução genética de cultivares com maior potencial produtivo e maior tolerância a fatores bióticos e abióticos, contribuem para os acréscimos no rendimento da cultura a cada safra agrícola. Estimativas sugerem que o ganho genético anual dos genótipos cultivados pelos maiores países produtores (EUA, Brasil e Argentina) é de 1,1% (DE FELIPE et al., 2016). Entretanto, para suprir a demanda por proteína de soja tanto no consumo humano quanto animal projetada para 2055 (10 bilhões de pessoas no mundo e aumento do poder de compra de países em desenvolvimento) a produção de soja deverá aumentar cerca de 55%, sendo necessária uma produção mundial de 700 milhões de toneladas (EMBRAPA, 2018).

A partir do exposto, verifica-se o esforço aplicado pelos programas de melhoramento da cultura para o desenvolvimento de novas cultivares que apresentem além de elevada produtividade de grãos, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes existentes nas regiões de cultivo. Neste sentido, primeiramente é necessário o conhecimento da demanda de cultivares da região agrícola para estabelecer as características que serão o foco do processo de seleção. Posteriormente, deve ser estabelecida uma plataforma de cruzamentos artificiais de forma a aumentar a variabilidade genética para as características de interesse na seleção. Visando maximizar as chances de sucesso na seleção é necessário que as gerações iniciais sejam selecionadas prioritariamente nas regiões foco do programa, dessa forma aumenta-se a probabilidade de obter genótipos superiores e adaptados para as diferentes regiões de cultivo dentro de um microambiente.

O processo de seleção e posicionamento de genótipos superiores envolve uma complexa rede de experimentação, tendo como principal objetivo avaliar o potencial produtivo de novas linhagens que estão na fase final de desenvolvimento e refinar o conhecimento técnico de produtos pré-comerciais. No entanto, esta etapa dos programas de melhoramento envolve um alto custo em função do elevado número de genótipos e locais de implantação dos experimentos de avaliação da adaptação agrônômica (BRANQUINHO et al., 2014).

Devido a diversidade dos ambientes agrícolas, como tipo de solo, temperatura, fotoperíodo e precipitação pluviométrica, é necessário a identificação de estratos ambientais semelhantes no qual seja possível explorar adaptações específicas, com a possibilidade do desenvolvimento e recomendação de genótipos geneticamente superiores neste conjunto de ambientes (YAN et al., 2007). A identificação de estratos ambientais está diretamente relacionada ao zoneamento agroclimático e pode ser alterado principalmente por fatores climáticos e também por tendências de mercado, como, por exemplo, a resposta de genótipos com a antecipação da semeadura em função do cultivo de uma segunda safra. Neste sentido, torna-se importante a revisão constante de estratos ambientais estabelecidos, em função da complexidade das interações envolvidas (BRANQUINHO et al., 2014; NEGASH et al., 2013; YAN et al., 2007).

Após a definição de estratos ambientais semelhantes com baixa ou nula interação Genótipo x Ambiente (G x A) pode-se estimar o desempenho genético dos genótipos, elevando as chances de seleção de constituições genéticas superiores, contabilizando apenas o efeito genético e desconsiderando o efeito do ambiente e dos ruídos da análise (PIEPHO et al., 2008). Para isto, a metodologia de modelos mistos do tipo REML/ BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction*) tem sido amplamente utilizada na estimativa de valores genéticos, facilitando a seleção de genótipos superiores em diferentes fases do programa de melhoramento (PIEPHO et al., 2008; RESENDE, 2016).

Várias metodologias estatísticas multivariadas têm auxiliado a identificação de genótipos superiores, a região de adaptação e a estabilidade a partir de um complexo conjunto de dados que envolvem a resposta de centenas de genótipos, em diferentes locais e épocas de semeadura. A partir deste conjunto de dados é possível gerar informações com base em técnicas estatísticas multivariadas, de forma a otimizar a rede de ensaios, identificando locais redundantes, diminuindo os custos e esforços durante o processo de experimentação agrícola dos novos genótipos melhorados.

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVOS GERAIS

Estabelecer um processo consistente de sumarização de dados de ensaios multiambientais visando identificar locais redundantes na rede de experimentação, estabelecer estratos ambientais onde a interação G x A seja de baixa magnitude e identificar genótipos com adaptabilidade e estabilidade produtiva para os estratos estabelecidos.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Identificar locais de ensaios para a seleção de genótipos de soja que sejam redundantes com a possibilidade de serem excluídos reduzindo os custos com a rede de experimentação;
- Estabelecer a formação de estratos ambientais semelhantes, onde a interação G x A (Genótipo x Ambiente) em soja é nula ou de baixa magnitude a partir de dados de avaliações de genótipos obtidos de experimentos multiambientais em dois anos de avaliação;
- Identificar genótipos de soja com estabilidade e adaptabilidade produtiva dentro de estratos ambientais estabelecidos, utilizando o método AMMI;
- Utilizar a metodologia de modelos mistos REML/BLUP para predição do desempenho genotípico, visando a seleção dos melhores dos genótipos de soja dentro de estratos ambientais semelhantes para o rendimento de grãos.

3 HIPÓTESE

A seleção e desenvolvimento de novas cultivares de soja envolve a avaliação de um alto número de genótipos em diferentes condições edafoclimáticas (ambientes), resultando num elevado custo financeiro. Neste sentido, verifica-se a necessidade de se estabelecer um processo eficiente de sumarização de dados, identificando locais redundantes e estabelecendo estratos ambientais onde a interação $G \times A$ é nula ou de baixa magnitude. Estes agrupamentos permitirão identificar genótipos de soja com estabilidade produtiva e adaptação ampla e/ou específica aos locais de avaliação, elevando as chances de sucesso na seleção e posicionamento de genótipos melhorados superiores.

4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

4.1 IMPORTÂNCIA E EVOLUÇÃO DO MELHORAMENTO GENÉTICO NA CULTURA DA SOJA

A cultura da soja (*Glicine max* L. Merrill) destaca-se no cenário internacional como a principal fonte de óleo e proteína vegetal produzida, com produção mundial de grãos em 2019 de 362 milhões de toneladas (FAO, 2019). O Brasil encontra-se entre os principais países produtores, ocupando a segunda posição, com produção aproximada em 2018/19 de 115 milhões de toneladas, atrás apenas dos Estados Unidos da América com 123,7 milhões de toneladas (FAO, 2019). Os maiores produtores nacionais do grão são os estados do Mato Grosso, Rio Grande do Sul e Paraná, os quais obtiveram produção de 32,5; 19,2 e 16,3 milhões de toneladas, respectivamente (CONAB, 2019).

No cenário nacional, a soja foi primeiramente introduzida no estado da Bahia em 1882, migrando para o estado de São Paulo, em 1891, e, em seguida, para o Rio Grande do Sul. No entanto, somente na década de 20 iniciou-se o processo de seleção visando o melhoramento genético da cultura no país, com a introdução de linhagens endogâmicas oriundas dos Estados Unidos (CALVO; KIIHL, 2006). A partir da década de 70, a criação da EMBRAPA Soja possibilitou o desenvolvimento de pesquisas científicas que garantiram o incremento da área agrícola da oleaginosa, principalmente para o cerrado brasileiro, buscando a seleção artificial de novos genótipos de porte alto, ciclo tardio e com período juvenil longo, adaptadas para o cultivo em baixas latitudes, entre 15°S e 23°S (SEDIYAMA et al., 2005). Posteriormente, com a seleção voltada para o cultivo da soja no cerrado, buscou-se a adaptação agrônômica a outras regiões agrícolas, como aos Estados do Maranhão, Piauí, Tocantins, Bahia e Alagoas (FREITAS, 2011).

A partir de 1997, com a Lei de Proteção de Cultivares (nº 9.456/97), empresas privadas de melhoramento intensificaram o desenvolvimento de cultivares adaptadas às regiões de cultivo com resistência genética a doenças e pragas, o que possibilitou um aumento no potencial produtivo, bem como a seleção de genótipos mais precoces que possibilitaram o plantio de uma segunda safra agrícola (PIPOLO et al., 2007).

A seleção de genótipos superiores de soja é um processo complexo, uma vez que, normalmente os caracteres agrônômicos de importância econômica são de natureza quantitativa, ou seja, altamente influenciados pelo ambiente. Além disso, alguns caracteres são altamente correlacionados entre si e a seleção de um pode levar à alteração do outro. Em razão

disso, a utilização de um critério de seleção mais eficiente torna-se necessário (PATHAN et al., 2013; TENG et al., 2017). Para o desenvolvimento de cultivares melhoradas, os programas comerciais de melhoramento de espécies autógamas têm optado pela obtenção de um elevado número de populações segregantes anualmente, nas quais são selecionados os indivíduos com características de interesse. Posteriormente, estes genótipos mais uniformes fenotipicamente são avaliados em linhas individuais ou dão origem a novas progênes (RESENDE et al., 2016). A partir da uniformidade fenotípica é possível fazer a primeira avaliação do potencial produtivo, característica foco dos programas de seleção, associada às demais variáveis adaptativas e à resistência obrigatória de determinadas doenças.

Nas fases finais de um programa de melhoramento, os indivíduos selecionados são testados numa série de ambientes, com características edafoclimáticas diferentes das quais os genótipos foram selecionados (PACHECO et al., 2017; OLIVEIRA et al., 2018). Este fato causa impacto na recomendação de novos cultivares, uma vez que genótipos que são adaptados a determinado ambiente, poderão não obter a mesma performance em outra condição de desenvolvimento (OLIVEIRA et al., 2018). Para a soja, em razão das diferenças edafoclimáticas dos ambientes de cultivo e da contínua liberação de cultivares, são necessários estudos regionalizados para que se possa avaliar melhor o efeito da interação genótipo x ambiente (G x A), nos diferentes locais e safras de avaliação (YOKOMIZO et al., 2013; SOUZA et al., 2015).

Atualmente, alguns pesquisadores têm lançado mão de novas ferramentas, como a seleção genômica, visando a redução do tempo requerido para completar os ciclos de melhoramento. A cultura da soja é bastante favorável à esta metodologia, em razão do tamanho moderado do genoma e do rápido progresso no sequenciamento do mesmo (MATEI et al., 2018). Inicialmente, os métodos de seleção genômica focavam em análises univariadas baseadas em um único ambiente. Entretanto, como um dos maiores desafios dos melhoristas é a interação G x A, novas modelagens genético-estatísticas vêm sendo propostas visando caracterizar a resposta média dos genótipos nos diferentes ambientes de avaliação (MONTEVERDE et al., 2018).

4.2 INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS E AMBIENTES (G x A)

As respostas diferenciais de genótipos às variações de ambientes são comumente avaliadas por meio da interação genótipo x ambiente (G x A), sendo que, no melhoramento de plantas, esta interação dificulta a recomendação dos melhores genótipos para uma ampla gama

de regiões (PACHECO et al., 2017; OLIVEIRA et al., 2018). Segundo Robertson (1959), citado por Carvalho et al. (2002), a interação pode ser simples ou cruzada. Simples quando o desempenho fenotípico dos genótipos implica em mudança na amplitude de variação do caráter nas diferentes localidades, não influenciando o ordenamento dos genótipos; e cruzada quando se verifica inconsistência na superioridade de um genótipo frente às mudanças ambientais.

Devido a diversidade de condições edafoclimáticas de cultivos, do sul ao norte do Brasil, os efeitos da interação G x A são especialmente importantes para a cultura da soja. Do ponto de vista do melhoramento genético, dificilmente um mesmo genótipo será superior em toda a gama de ambientes testados (ALLARD; BRADSHAW, 1964; EBERHART; RUSSELL, 1966), fato que dificulta a seleção de uma única cultivar para todos os ambientes de cultivo comercial (PACHECO, 2004). Neste contexto, a baixa eficiência na análise da interação genótipo por ambiente (G x A) pode representar problemas aos melhoristas, por reduzir a precisão de seleção de um ambiente para outro. Assim, a presença da interação G x A resulta em um aumento do desvio padrão fenotípico, reduzindo a herdabilidade ao longo dos ambientes e, conseqüentemente, diminuindo os ganhos genéticos potenciais (PELUZIO et al., 2012).

A cultura da soja, particularmente, tem o desempenho muito influenciado pelo fotoperíodo, e, por esse motivo, acaba interagindo fortemente com os locais de cultivo, apresentando adaptações muito específicas em função da latitude. Por este aspecto, as linhagens de soja devem ser avaliadas em diversos locais e por anos consecutivos (GERALDI, 2006). Em alguns estudos tem sido comum a divisão do material genético em subgrupos, de acordo com o ciclo de maturação (LIMA et al., 2008; PACHECO et al., 2009). Essa prática pode ser justificada pelos diferentes padrões de resposta aos estímulos ambientais, que se observam entre genótipos de soja com diferentes ciclos de maturação.

Kang, Harville e Gorman (1989) estudaram a contribuição de algumas variáveis (precipitação pluviométrica, temperatura máxima e mínima e umidade relativa do ar) sobre a soma de quadrados da interação G x A em soja. Os autores verificaram que os grupos de maturação contribuíram diferentemente para o montante da interação e, em alguns grupos, a precipitação foi a variável ambiental mais importante em remover a heterogeneidade associada à soma de quadrados da interação. Em estudo similar na região central do Brasil, Oliveira et al. (2006) também avaliaram a influência de algumas variáveis ambientais sobre a interação genótipo x ambiente em soja. Os resultados ratificaram a importância do número de dias para a maturação sobre a magnitude da interação, ao mesmo tempo em que identificaram contribuição destacada da altitude, temperatura máxima, pluviosidade e fertilidade do solo, mais fortemente associadas ao padrão da interação G x A.

Lima et al. (2008) compararam os efeitos da interação G x A em cultivares de soja convencionais e transgênicas, de diferentes ciclos de maturação, e constataram que os locais afetaram mais intensamente a produtividade das linhagens, independentemente do grupo comercial (convencional ou transgênico). Toledo et al. (2006) estudaram o efeito da interação entre genótipos de soja e localidades do Estado do Mato Grosso, em seis anos de avaliação. Para a avaliação de linhagens, concluíram que os locais foram relativamente mais importantes do que os anos agrícolas. Entretanto, com relação à formação de estratos ambientais, embora os efeitos de locais fossem mais acentuados, ambos os estudos não demonstraram vantagens na estratificação dos ambientes de avaliação.

Os programas de melhoramento genético de plantas têm como demanda o lançamento de novas cultivares constantemente. Entretanto, para atingir este objetivo os genótipos têm permanecido pouco tempo nos ensaios de avaliação, ao passo que o número de locais tem aumentado (CHAVES, 2001). Essa prática tem sido corroborada pelos resultados de alguns estudos. Alliprandini et al. (1994) e Branquinho et al. (2014) avaliaram o efeito da interação G x A em soja e concluíram que o período de avaliação dos genótipos pode ser reduzido, desde que, um grande número de locais seja incluído na rede experimental.

A recomendação de um cultivar em um conjunto de locais com elevado efeito de interação G x A pode implicar em uma redução da produtividade geral (ROCHA; VELLO, 1999; RAMALHO et al., 2005). Por outro lado, através da utilização de procedimentos estatísticos multivariados é possível a identificação de ambientes com características edafoclimáticas semelhantes onde os indivíduos avaliados obtiveram interação G x A de baixa magnitude, facilitando a recomendação de genótipos superiores e a exclusão de ambientes redundantes (SILVA; DUARTE, 2006; PACHECO et al., 2017).

4.3 ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES

A estratificação de uma região de cultivo comercial pode ser inicialmente estabelecida por meio do registro e mapeamento eficiente dos principais fatores agrícolas. Estes podem ser pertinentes às características edafoclimáticas, como o tipo de solo, os padrões de precipitação e temperatura, a localização geográfica (latitude, longitude e altitude) ou a outros aspectos, como o tipo de vegetação natural (EBERHART; RUSSELL, 1966; GAUCH; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008).

A identificação de ambientes similares nos experimentos de competição de cultivares é de grande importância, uma vez que reduz ou minimiza a interação G x A, pela alocação dos

ambientes semelhantes em um mesmo grupo, chamados de estratos ambientais. Segundo Gauch e Zobel (1997), estratos ambientais podem ser definidos como grupo de locais, pertencentes a uma mesma região de cultivo, dentro do qual a interação $G \times A$ é pequena ou não significativa, o que pode ser verificado pela homogeneidade no desempenho dos genótipos sob avaliação. A identificação destes estratos pode auxiliar na destinação de recursos para o desenvolvimento dos programas de melhoramento, uma vez que permite ao melhorista eliminar os ambientes semelhantes dentro de cada grupo, sem que haja perda da eficiência ou precisão do processo seletivo, permitindo também avaliar um maior número de cultivares por experimento (OLIVEIRA et al., 2004; CRUZ; REGAZZI, 2007).

O processo de agrupamento de locais semelhantes tem sido feito ao longo dos últimos cinquenta anos, conforme diferentes abordagens genético-estatísticas. Pacheco (2004) elenca alguns dos principais procedimentos de agrupamento de locais baseados na interação $G \times A$: método de Horner e Frey (1957), método de Lin (1982), método de Abou-El-Fittouth et al. (1969), Cruz e Castoldi (1991), entre outros.

O método de Horner e Frey (1957) é descrito como o mais antigo. Neste procedimento, são feitas análises de variância conjuntas envolvendo todos os pares de locais; e, o par de localidades cuja magnitude da interação $G \times A$ for não significativa pode ser agrupado no mesmo estrato ambiental. Em procedimento análogo, Lin (1982) agrupou pares de locais com interação $G \times A$ não significativa, posteriormente, estimou as somas de quadrados entre genótipos e grupos de três ambientes (formados pelo par de locais agrupado no primeiro momento), sendo adicionado cada um dos locais remanescentes. Assim, o conjunto de três locais com interação $G \times A$ não significativa foi obtido. Este procedimento pode ser continuado em etapas posteriores, na tentativa de inclusão de outras localidades no modelo. O método de Cruz e Castoldi (1991), embora semelhante, oferece uma possibilidade adicional, pois, além do agrupamento de ambientes com interação $G \times A$ não significativa, possibilita a união de ambientes cuja interação, mesmo com magnitude significativa, seja de natureza predominantemente simples, isto é, sem mudanças no ordenamento dos genótipos frente aos locais/ambientes de avaliação.

Carneiro (1998) propôs uma metodologia (método Annicchiarico) de estratificação ambiental implementada por Annicchiarico (1992), que consiste na decomposição de índices para os ambientes, classificando-os como favoráveis e desfavoráveis. Os índices são obtidos pela diferença entre a média dos genótipos em cada ambiente e a média geral. Assim, índices maiores ou iguais a zero indicam ambientes favoráveis, enquanto, índices negativos classificam o ambiente como desfavorável (SHMILDT; CRUZ, 2005). Outra metodologia de estratificação

ambiental que confere índices aos diferentes ambientes (+ favorável; - desfavorável) é a análise de fatores. Este é um modelo baseado em uma técnica de análise multivariada que tem como princípio a formação de cargas fatoriais através da rotação de fatores (CARVALHO et al., 2015). Ferrari et al. (2018) avaliaram a resposta de 11 genótipos de soja em quatro regiões principais produtoras do estado do Rio Grande do Sul através destas duas metodologias. Os autores observaram que o método Annicchiarico e a análise de fatores foram semelhantes na estratificação de ambientes, uma vez que demonstraram o mesmo padrão de agrupamento e similaridade entre os ambientes.

A diversidade de métodos de análise e a busca constante de aprimoramentos decorrem, principalmente, da ineficiência de tais abordagens em produzir estratificações ambientais que sejam mais consistentes ao longo dos anos. Com essa preocupação, Gauch e Zobel (1997) introduziram uma abordagem prática e bastante objetiva no contexto da formação de estratos ambientais. Os autores sugeriram que o agrupamento de ambientes fosse realizado através dos resíduos obtidos na decomposição da matriz de interações multiplicativas oriundos no modelo AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction analysis*) e submetidos à uma análise de agrupamento. Dessa forma, os estratos ambientais são agrupados de acordo com interações semelhantes, sendo mais preciso do que a utilização de médias de desempenho e posterior agrupamento.

É de suma importância a revisão dos estratos ambientais já estabelecidos para culturas de relevância econômica e estabelecer zoneamento para culturas menos estudadas a fim de refinar o posicionamento técnico de cultivares de forma a explorar o potencial genético produtivo desses produtos. Neste sentido, a partir de dados de 559 ensaios de competição de linhagens de soja realizados em 57 localidades na região central do Brasil, durante sete safras agrícolas (2002/2003 a 2008/2009), Branquinho et al. (2014) utilizaram a metodologia AMMI via genótipos vencedores para avaliar a consistência da rede de experimentação e a estratificação de ambientes semelhantes. Os autores demonstraram que os locais de teste agruparam de modo diferente de acordo com os grupos de maturação, com redundância em 20% dos locais, indicando a possibilidade de otimização da rede de ensaios, via eliminação ou substituição dessas localidades. Os autores concluíram que as regiões de avaliação devem receber estratificações distintas de acordo com cada grupo de maturação, e podem ser divididas em 22 (ciclo precoce), 23 (médio) e 21 (tardio) estratos ambientais.

Sousa et al. (2015) procuraram comparar a eficiência das metodologias AMMI, GGE *biplot* (*Genotype x Environment Interaction Biplot*) e análise de fatores na estratificação de ambientes e no estudo da adaptabilidade e estabilidade produtiva de linhagens de soja de ciclo

precoce avaliadas no estado do Mato Grosso nas safras 2011/12 e 2012/13. A metodologia AMMI apresentou maior eficiência, retendo a maior parte da variação nos primeiros dois componentes (61,46%), seguido do GGE *Biplot* (57,90%) e da análise de fatores (54,12%). Os clusters de ambientes identificados foram semelhantes entre as metodologias. A análise do *biplot* das três metodologias evidenciou que um dos genótipos avaliados obteve elevado rendimento de grãos e alta adaptabilidade e estabilidade nos ambientes avaliados.

Pacheco et al. (2017) avaliaram a eficiência de diferentes metodologias no estudo da estratificação de ambientes para a cultura da soja na região Centro Oeste do Brasil. A base de dados foi composta de um conjunto de linhagens de três grupos de ciclo (precoce, médio e tardio) em três safras agrícolas (2000, 2001 e 2002) avaliadas em 18 locais. Foram utilizadas as metodologias de Horner e Frey (1957), AMMI e abordagem de genótipos vencedores via metodologia AMMI. Os autores verificaram que as estratificações obtidas no método de Horner e Frey (1957) apresentaram-se inconsistentes, com baixa repetibilidade entre os anos de avaliação. O método AMMI obteve estratos um pouco superior ao método de Horner e Frey com alguns locais permanecendo nos mesmos clusters nos diferentes anos de avaliação, no entanto, não foi eficiente em fornecer uma recomendação confiável do zoneamento ambiental para a região alvo. A estratificação obtida via abordagem do genótipo vencedor mostrou-se mais eficiente, com a formação de três estratos para os ciclos precoce e médio e quatro para o ciclo tardio, mantendo repetibilidade entre os anos de avaliação. Os autores ressaltam que a utilização de diferentes genótipos ao longo dos anos de avaliação eleva o impacto ambiental na estratificação estabelecida, sendo necessário uma revisão constante dos clusters obtidos.

Yokomizo et al. (2013) avaliaram o desempenho de linhagens de soja selecionadas para tolerância a ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) em diferentes locais, safras e manejo de fungicidas. Os dados foram submetidos a análise AMMI, sendo que os autores verificaram via análise dos scores obtidos no IPC 1 a formação de dois clusters, um com os ambientes da safra 2004/05 e outro com os locais da safra 2005/06. Já no IPC 2 ocorreu a formação de três clusters com os ambientes agrupados de acordo com o manejo de fungicidas utilizado. Analisando o *biplot* obtido por meio da dispersão do CP1 x CP2 os autores identificaram linhagens com ampla adaptabilidade e estabilidade produtiva nos ambientes avaliados, podendo ser recomendadas para avanço nas etapas seguintes do programa de melhoramento.

4.4 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA

Na literatura os conceitos de adaptabilidade e estabilidade fenotípica são descritos de diversas maneiras. Vencovsky e Barriga (1992) conceituam o termo adaptabilidade como a capacidade do genótipo obter melhor performance a medida em que a condição ambiental é melhorada. Para o termo estabilidade, os autores referem-se como a capacidade do genótipo em apresentar resposta previsível frente às variações ambientais. A adaptabilidade deve ser considerada sob duas perspectivas: de adaptação ampla ou específica. O objetivo do melhoramento para adaptação ampla é obter cultivares com bom desempenho na maioria dos locais de cultivo. Já para a adaptação específica, o objetivo é obter cultivares que se desempenhem bem em nichos específicos de ambientes de cultivo.

Devido à baixa eficácia da análise estatística univariada e do avanço das ferramentas estatísticas e computacionais, os procedimentos de análise nessa área têm experimentado forte reorientação para técnicas que combinem procedimentos univariados e multivariados (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Nesse sentido, as análises AMMI e GGE *Biplot* têm recebido crescente aceitação por partes dos pesquisadores da área de melhoramento genético vegetal. Conforme Gauch; Piepho e Annicchiarico (2008), ambas as técnicas combinam análise da variância para os parâmetros aditivos e análise de componentes principais (decomposição em valores singulares – DVS) para os parâmetros multiplicativos. Basicamente, a diferença entre os dois métodos está no modelo estatístico utilizado.

Na análise AMMI, os efeitos genotípicos e ambientais são subtraídos da matriz de médias e, só posteriormente, é realizada a análise de componentes principais. Diferentemente, na análise GGE *Biplot*, somente os efeitos ambientais são subtraídos, depois de realizar-se a análise de componentes principais. Assim, na metodologia AMMI, são analisados os principais eixos da dispersão dos dados de uma matriz de interações G x A. No modelo GGE *Biplot*, são analisados os principais eixos da variação em uma matriz contendo os efeitos genotípicos e da interação G x A. Em outras palavras, apenas a interação G x A recebe tratamento multiplicativo na análise AMMI, enquanto a análise GGE *Biplot* trata como multiplicativos os efeitos conjuntos de genótipos e da interação G x A.

Pesquisas realizadas com diversas culturas vêm utilizando a metodologia AMMI para o estudo da adaptabilidade e estabilidade de genótipos, identificando adaptações específicas e cultivares estáveis de forma a explorar o máximo potencial genético dos produtos desenvolvidos.

Paderewski et al. (2015) objetivaram efetuar a recomendação de genótipos de trigo com melhor adaptação para cada região específica, dentro de mega ambientes divergentes na Polônia. Os autores avaliaram um conjunto de 24 genótipos em 120 experimentos em diferentes locais, anos de avaliação e sistemas de manejo. Os dados obtidos foram submetidos a análise AMMI e foi possível identificar a partir da dispersão dos scores obtidos no IPC1 a formação de dois *clusters* divergentes, com o cluster 1 agrupando locais da região sudeste com temperaturas superiores ao cluster 2, o qual agrupou os locais do nordeste da Polônia com temperaturas mais amenas. De acordo com os dados brutos de rendimento, 19 dos 24 genótipos venceram em pelo menos um ambiente. Essa complexidade dos dados é resultante na presença de ruídos na análise. A partir da análise dos *scores* obtidos no AMMI1 foi possível identificar os genótipos vencedores para cada mega ambiente, os quais foram superiores em média de 0,226 t ha⁻¹ ou 2,64% a média geral.

Oliveira et al. (2018) estudaram o efeito da interação genótipo x ambiente em café com o objetivo de recomendar os melhores genótipos na região Centro Oeste do Brasil. Os autores utilizaram dados obtidos em seis experimentos compostos por 17 linhagens e três testemunhas comerciais alocados em ambientes representativos da região. Por meio da análise AMMI via inferência bayesiana os autores identificaram dois genótipos com maiores valores genéticos entre os indivíduos avaliados. A análise dos scores evidenciou que estes genótipos contribuíram significativamente para interação G x A apresentando adaptação específica nos ambientes Dourados-MS e Primavera do Leste-MT. Os autores ressaltam que não é possível realizar uma recomendação geral de genótipos para todos os locais visando altos rendimentos, e que, para isso é necessário explorar genótipos com adaptação específica.

Tukamuhabwa et al. (2012) estudaram a adaptabilidade e estabilidade produtiva num conjunto de 15 genótipos (13 linhagens + duas testemunhas), selecionados para resistência a ferrugem asiática da soja em quatro regiões da Uganda por quatro safras consecutivas. Pela metodologia AMMI os autores identificaram as linhagens com alta estabilidade e com menor interação com o ambiente. Estas linhagens superaram em mais de 300 kg ha⁻¹ as testemunhas utilizadas, sendo que a linhagem MNG 8.10 obteve alta adaptabilidade nos locais avaliados com o maior potencial produtivo entre as três linhagens, sendo recomendada para avanço comercial.

Por meio de avaliações em cinco locais no norte do Paraná, Silveira et al. (2018) estudaram a adaptabilidade e estabilidade de seis cultivares de soja em três épocas de semeadura em cada local, totalizando 15 ambientes. Por meio da metodologia AMMI, os autores puderam identificar os genótipos mais estáveis e melhor adaptados aos diferentes ambientes de cultivo,

não sendo possível identificar genótipos com adaptação ampla aos 15 ambientes avaliados. Três cultivares avaliadas destacaram-se por apresentar maior estabilidade quando comparadas às outras utilizadas na análise.

Freiria et al. (2018) analisaram dez linhagens, pertencentes ao Programa de Melhoramento de Soja para o Consumo Humano da Universidade Estadual de Londrina, além de duas cultivares comerciais, quanto à adaptabilidade e estabilidade do rendimento de grãos em oito ambientes de cultivo (quatro locais no Paraná e duas épocas de semeadura em cada local) pela metodologia AMMI. Os resultados demonstraram que dos genótipos analisados quatro linhagens de soja apresentaram maior estabilidade fenotípica. Além disso, a análise possibilitou identificar três genótipos (Cultivar BMX Potência RR e as linhagens UEL 112 e UEL 113) com baixa estabilidade e adaptação específica aos ambientes de Londrina e Ponta Grossa na 1ª época e Ponta Grossa na 2ª época de semeadura, respectivamente.

Após o estabelecimento de estratos ambientais semelhantes e a identificação de genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade produtiva é possível utilizar a metodologia de modelos mistos para a predição dos valores genéticos dos indivíduos elevando as chances de êxito na seleção, visto que o modelo considera apenas o mérito genético dos genótipos, desconsiderando o efeito do ambiente e os ruídos da análise (CARVALHO et al., 2008).

4.5 MODELOS MISTOS: EFEITOS FIXOS E ALEATÓRIOS

Os modelos estatísticos para dados experimentais consistem em descrições matemáticas de como os dados podem ser produzidos e referem-se a uma parte relativa das respostas para todos as variáveis explanatórias (efeitos), e outra, uma descrição da distribuição de probabilidade assumida para caracterizar a variação aleatória que afeta a resposta observada (LITTELL et al., 2006).

Um efeito é chamado de fixo se os níveis no estudo representam todos os possíveis níveis de um fator, ou, pelo menos todos os níveis sobre qual a inferência está para ser feita (LITTELL et al., 2006). Estes efeitos são constantes ao invés de variáveis aleatórias. Exemplos de efeitos fixos são a média geral, os efeitos de diferentes tipos de solos ou de um transgene. Em melhoramento de plantas um ambiente individual é considerado de efeito aleatório, mas a média de um grupo de ambientes usada no caso de testes de performance, é considerada um efeito fixo (BERNARDO, 1996).

As diferenças entre as médias dos conjuntos de ambientes são tratadas como fatores de impedimento que precisam ser levados em consideração antes de comparar genótipos.

Suponhamos que, linhagens de soja das populações 1 e 2 foram avaliadas em quatro e seis locais diferentes, respectivamente. Supondo uma menor precipitação para os locais de avaliação da população 1, dessa forma as observações precisam ser corrigidas para quaisquer efeitos de precipitação antes de comparar a performance de uma linhagem da população 1 e uma linhagem da população 2 (ARANTES, 2013).

Os fatores são aleatórios se eles são usados no estudo para representar uma amostra de um conjunto maior de níveis em potencial. Efeitos aleatórios, então, representam uma amostragem verdadeira e assume-se haver uma distribuição de probabilidade (LITTELL et al., 2006). Estes efeitos têm uma estrutura de covariância enquanto efeitos fixos não tem. Por exemplo, um parental passa metade do valor genético para suas progênes, que causa uma covariância ou correlação entre os dois. Efeitos genéticos tais como: valores genéticos e desvio de dominância, efeitos de *testcross*, e o efeito da habilidade de combinação geral e específica no melhoramento de populações tem uma estrutura de covariância e são, portanto, considerados aleatórios.

Um modelo misto contém efeitos tanto fixos quanto efeitos aleatórios. Uma das principais características que distingue esta metodologia de métodos de modelos lineares convencionais é a habilidade para estimar "valores reais de variáveis aleatórias", ou seja, efeitos aleatórios específicos ou funções lineares de efeitos aleatórios (LITTELL et al., 2006).

No melhoramento clássico a seleção de indivíduos promissores é realizada com base na média fenotípica total, a qual pode induzir ao erro por estar sob o efeito de variáveis ambientais e de ruídos da análise. Neste sentido, a seleção de indivíduos superiores é facilitada pela utilização da metodologia de modelos mistos através do método REML/BLUP, que considera apenas o desempenho genético do indivíduo, eliminado da expressão fenotípica o efeito ambiental e os ruídos da análise (PIEPHO et al., 2008). Adicionalmente, pode ser inserido no modelo desta análise os efeitos dos indivíduos nas diferentes gerações, das populações em todas as gerações, os dados dos parentais e das gerações F_1 e F_2 simultaneamente, gerando uma estrutura de covariância na análise e elevando a acurácia no processo seletivo (RESENDE et al., 2016).

4.6 MELHOR PREDIÇÃO LINEAR NÃO-VIESADA (BLUP- BEST LINEAR UNBIASED PREDICTION) E ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA VIA MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA RESTRITA (REML- RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD)

Nos programas de melhoramento o processo de seleção vem sendo realizado por meio da avaliação de indivíduos/famílias em diferentes locais, épocas de semeadura e anos. Entretanto, a interação genótipo x ambiente provoca alterações no desempenho fenotípico, dificultando o trabalho do melhorista, sendo necessária a utilização de metodologias de análise de dados mais eficientes, visando identificar indivíduos geneticamente superiores na ampla base de avaliação (CRUZ et al., 2012; REZENDE et al., 2017). Neste contexto, a metodologia REML/BLUP tem sido utilizada com sucesso na predição de valores genéticos de indivíduos, famílias e populações avaliadas em diferentes condições ambientais, visto que no modelo estatístico deduz da fonte de variação tratamento (genótipo) o efeito de ambientes, da interação G X A e do erro experimental associado.

A combinação da metodologia de melhor predição linear não-viesada (BLUP) proposta por Henderson (1974) com a da máxima variância restrita (REML) proposta por Patterson e Thompson (1971) compõem um método flexível e poderoso de predição de valores genéticos (VIANA et al., 2011). Esta metodologia tem sido amplamente utilizada em programas de melhoramento animal e de espécies florestais, e recentemente em culturas anuais de interesse econômico.

Em condições de experimentos balanceados e desbalanceados, essa abordagem permite a predição acurada e não viesada dos valores genéticos, propicia informações específicas sobre o mérito da progênie, de indivíduos nas progênies e considera até mesmo o ambiente da repetição onde está localizado um genótipo (RESENDE, 2007). Assim, as propriedades do BLUP permitem a maximização da acurácia seletiva, minimização do erro de predição, estimativa não viciada de valores genéticos, elevando os ganhos genético por ciclo de seleção e aumentando a probabilidade de seleção do melhor entre dois ou vários genótipos (RESENDE et al., 2015).

A utilização da metodologia BLUP pelos modelos mistos vem sendo amplamente utilizada no melhoramento animal e vegetal e é considerada uma propriedade estatística de predição e estimação. "Best" indica que a variância da amostra do que está sendo estimado ou predito é minimizada. "Linear" significa que as estimativas ou predições são funções lineares das observações. "Unbiased" indica que as predições têm uma expectativa de zero (RESENDE et al., 2015).

Adicionalmente a metodologia de modelos mistos permite considerar erros correlacionados dentro de locais, fornece valores genéticos já descontados da instabilidade; e pode ser aplicado a qualquer número de ambientes. Além disso, gera resultados na própria unidade ou escala do caráter avaliado, que podem ser interpretados diretamente como valores genéticos, o que os demais métodos não permitem (ROSADO et al., 2012).

Em vários trabalhos tem sido verificada a eficiência desta metodologia na predição de valores genéticos e nos ganhos obtidos com a seleção. Adicionalmente, os autores vêm propondo variações dos modelos de forma que se adequem melhor aos dados obtidos, melhorando a interpretação dos resultados.

Oliveira et al. (2013) avaliaram 80 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar por meio do delineamento de blocos incompletos e submeteram os dados a metodologia de modelos mistos para comparar a eficiência da seleção precoce via procedimento BLUP e BLUP individual simulado (BLUPIS). O procedimento BLUPIS indicou a seleção de 30 famílias com um total de 344 indivíduos para a variável toneladas de colmos por hectare e ganho com a seleção de 28%. A correlação entre o BLUPIS e BLUP foi de 0,83; 0,93 e 0,91 para porcentagem de sólidos solúveis do caldo de cana (Brix), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de brix por hectare (TBH), respectivamente. Neste trabalho os autores verificaram que o procedimento BLUPIS demonstrou vantagem na seleção de famílias, pois se baseia na colheita total de parcela, diferente do procedimento BLUP que exige a mensuração de todos os indivíduos presentes na parcela.

Pimentel et al. (2014) utilizaram a metodologia REML/BLUP para estimar parâmetros genéticos e predizer o valor genotípico de indivíduos oriundos de 36 populações segregantes de trigo avaliadas na geração F₃. Foram obtidas herdabilidades estimadas de médias de populações de 39,15; 79,41; 67,78 e 92,78% para produtividade de grãos, índice de colheita, número de perfilhos e altura de planta, respectivamente. Utilizando intensidade de seleção de 10%, os autores obtiveram ganhos genéticos de 7,3% para a produtividade de grãos, 12,5% para o índice de colheita e 9,1% para o número de perfilhos e para a altura de planta. Adicionalmente, os autores verificaram sete populações com valores genéticos aditivos superiores para dois ou mais caracteres.

Batista et al. (2017) avaliaram 380 famílias de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) nas gerações F_{2:3} a F_{2:4} e F_{2:6} em diferentes locais, épocas de semeadura e anos de cultivo. Para a seleção das melhores famílias foi utilizado a melhor predição não viesada da média (BLUP) sendo que para uma análise foi ajustado um modelo estatístico que contemplava as múltiplas gerações, e para a outra apenas as informações da geração F_{2:6}. Os valores genéticos foram

preditos desconsiderando os efeitos da interação com locais e datas de semeadura. Os autores compararam a eficiência da seleção realizada em múltiplas gerações com a seleção efetuada apenas na geração F_{2:6} e verificaram um ganho genético em percentagem de 21; 28 e 3 % para as variáveis arquitetura de planta, rendimento de grãos e aparência de grãos, respectivamente. Os autores concluíram que o índice que contemplava no modelo estatístico as múltiplas gerações foi mais eficiente para a seleção das melhores famílias de feijão comum.

Bornhofen et al. (2018) utilizaram a metodologia de modelos mistos para estimar o ganho genético obtido ao longo dos anos num programa de melhoramento de trigo. Os autores utilizaram dados de 836 ensaios de valor de cultivo e uso, obtidos em 40 locais de avaliação entre os anos de 2004 à 2013, os quais foram, para fins de análises estatísticas agrupados em quatro regiões com características edafoclimáticas semelhantes denominadas regiões 1, 2, 3 e 4. O ganho genético total obtido no programa foi de 61,59 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (1,68%). Os maiores ganhos genéticos foram obtidos na região 1 (115,33 kg ha⁻¹ ano⁻¹; 3,14 %), região 3 (51,67 kg ha⁻¹ ano⁻¹; 1,66 %), região 2 (47,97 kg ha⁻¹ ano⁻¹; 1,34 %) e região 4 (31,38 kg ha⁻¹ ano⁻¹; 0,57%). Os autores ressaltam os ganhos genéticos do programa, com destaque para a região sul (região 1) visto que os ganhos de rendimento obtidos para as cultivares comerciais lançadas no Brasil de 1998 e 2014 evidenciou ganhos genéticos para o rendimento de grãos de 34,8 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (1% ano⁻¹).

Carvalho, Fritsche Neto e Geraldi (2008) utilizaram a metodologia de modelos mistos para estimar os parâmetros genéticos e valores genéticos em progênies de soja. Foram avaliados o rendimento de grãos de 100 progênies F_{2:3} e 100 progênies F_{4:6} em dois locais. A partir da abordagem utilizada, os autores puderam concluir que a seleção em gerações precoces apresenta maior eficiência na discriminação das melhores linhagens a partir da geração F₄.

Follman et al. (2019) avaliaram o desempenho agrônômico de 18 cultivares de soja cultivadas em segunda safra em três locais no estado do Rio Grande do Sul (Barra do Guarita, Vista Gaúcha e Tenente Portela) pela metodologia de modelos mistos. Os autores observaram que quatro cultivares destacaram-se com boa performance apresentando elevado rendimento de grãos, indicando que as mesmas apresentam potencial para o cultivo em segunda safra. Além disso, duas destas cultivares (FPS Iguaçu RR e BMX Turbo RR) foram identificadas como geneticamente distantes, baseando-se na avaliação de caracteres qualitativos e quantitativos, indicando a possibilidade de futuramente serem utilizadas em esquemas de cruzamentos artificiais em programas de melhoramento da cultura.

Utilizando a metodologia REML/BLUP, Resende et al. (2016) desenvolveram um índice de seleção incluindo no modelo estatístico o efeito de parentais, gerações e progênies.

Os autores denominaram este índice de seleção com pais, populações, progênes e gerações (SIPPPG). Este índice também permite quantificar a contribuição de cada efeito na predição do valor genético das linhagens a serem obtidas ao final do processo de seleção, bem como a herdabilidade indireta e a precisão seletiva. Os resultados obtidos demonstraram que o índice proposto obteve ganhos em eficiência de seleção variando entre 5 a 28%, dependendo da magnitude da variação genética relativa entre as populações. Com base nos resultados, verificou-se que o novo índice é especialmente recomendado para uso em programas de seleção recorrentes em espécies autógamas, onde é realizada a seleção já em gerações iniciais, obtendo ganhos consideráveis na eficiência de seleção.

5 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos de competição agrônômica foram desenvolvidos nas safras agrícolas 2015/2016 e 2017/18 nas principais regiões sojicultoras do Sul do Brasil, a partir do programa de melhoramento genético da Empresa BASF S.A. Foram avaliadas 29 linhagens (L) + sete cultivares comerciais (T) na safra 2015/16 e 22 linhagens (L) + oito cultivares comerciais (T) na safra 2017/18, sendo as linhagens e parte das cultivares comerciais oriundas do programa de melhoramento genético de soja da empresa BASF S.A. (Tabelas 1 e 2).

Tabela 1. Ambientes de ensaios instalados na Safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.

Safra	*REC	Ambiente	Estado	Abreviação	Data de semeadura	Altitude	Longitude	Latitude
2015/2016	REC 101	Cachoeira do Sul	RS	CCS	24/11/2015	144	-53.21177	-30.27868
2015/2016	REC 101	São Gabriel	RS	SGB	19/11/2015	152	-54.07787	-30.28094
2015/2016	REC 101	Santa Maria	RS	SMA	01/12/2015	105	-54.12478	-29.85423
2015/2016	REC 102	Santo Ângelo	RS	STA	05/11/2015	322	-54.263	-28.299
2015/2016	REC 102	Realeza	PR	RLZ	18/10/2015	445	-53.527	-25.767
2015/2016	REC 102	Salto do Jacuí	RS	SDJ	18/11/2015	389	-53.213	-29.088
2015/2016	REC 102	Abelardo Luz	SC	ABL	30/10/2015	826	-52.28774	-26.58551
2015/2016	REC 102	Cruz Alta - 1ª época	RS	CZAI	20/10/2015	433	-53.606	-28.639
2015/2016	REC 102	Cruz Alta - 2ª época	RS	CZAI	10/11/2015	433	-53.606	-28.639
2015/2016	REC 102	Pato Branco	PR	PBR	20/10/2015	817	-52.671	-26.229
2015/2016	REC 102	Passo Fundo	RS	PFU	15/11/2015	569	-52.407	-28.263
2015/2016	REC 103	Ponta Grossa	PR	PGR	20/11/2015	800	-50.34014	-25.08975
2015/2016	REC 103	Arapoti	PR	ARP	10/11/2015	915	-50.08687	-24.26922
2015/2016	REC 103	Guarapuava	PR	GPV	27/11/2015	1000	-51.85441	-25.44398
2015/2016	REC 103	Tibagi	PR	TBG	13/11/2015	799	-50.4361	-24.46342
2015/2016	REC 201	Itaipulândia	PR	ITL	02/10/2015	240	-54.42225	-25.07711
2015/2016	REC 201	Juranda	PR	JUR	15/10/2015	630	-52.75627	-24.36433
2015/2016	REC 201	Londrina - 1ª época	PR	LDNI	03/10/2015	430	-51.072	-23.1962
2015/2016	REC 201	Londrina - 2ª época	PR	LDNII	28/10/2015	430	-51.072	-23.1962
2015/2016	REC 201	Campo Mourão	PR	CAM	15/10/2015	630	-52.35384	-24.10188
2015/2016	REC 201	Cascavel	PR	CCV	29/09/2015	677	-53.51221	-24.91013
2015/2016	REC 201	Palotina	PR	PLT	15/09/2015	356	-53.80466	-24.28353
2015/2016	REC 202	Naviraí	MS	NVR	25/09/2015	369	-54.03872	-23.07445
2015/2016	REC 204	Maracaju	MS	MCJ	10/10/2015	594	-55.04944	-21.63194
2015/2016	REC 204	Dourados	MS	DRD	17/10/2015	453	-54.90254	-22.19344
2015/2016	REC 204	Rio Brilhante	MS	RBR	01/10/2015	359	-54.62611	-21.65444
2015/2016	REC 204	Sidrolândia	MS	SDL	03/10/2015	582	-55.18833	-21.03139

*Região edafoclimática 3ª aproximação (EMBRAPA, 2011)

Tabela 2. Ambientes de ensaios instalados na safra 2017/2018, Ponta Grossa, 2020.

Safra	*REC	Ambiente	Estado	Abreviação	Data de semeadura	Altitude	Longitude	Latitude
2017/2018	REC 101	São Gabriel	RS	SGB	09/11/2017	125	-54.09983	-30.27076
2017/2018	REC 102	Pato Branco	PR	PBR	16/10/2017	715	-52.20093	-26.56223
2017/2018	REC 102	Tupancireta	RS	TPC	18/10/2017	444	-53.67671	-29.07744
2017/2018	REC 102	Salto do Jacuí	RS	SDJ	22/10/2017	346	-53.23953	-28.99046
2017/2018	REC 102	Cruz Alta	RS	CZAI	28/10/2017	429	-53.6715	-28.60485
2017/2018	REC 102	Passo Fundo	RS	PFU	02/11/2017	707	-52.39833	-28.20583
2017/2018	REC 102	São Luiz Gonzaga	RS	SLG	07/11/2017	171	-55.11984	-28.31261
2017/2018	REC 102	Tapera	RS	TAP	14/11/2017	400	-52.90762	-28.65893
2017/2018	REC 102	Cruz Alta	RS	CZAI	23/11/2017	432	-53.67045	-28.60746
2017/2018	REC 102	Palmeira das Missões	RS	PMS	23/11/2017	541	-53.56134	-28.01884
2017/2018	REC 103	Ponta Grossa	PR	PGR	25/10/2017	925	-50.21709	-25.08174
2017/2018	REC 103	Guarapuava	PR	GPV	02/11/2017	983	-51.58827	-25.37218
2017/2018	REC 201	Cascavel	PR	CCV	02/10/2017	675	-53.51694	-24.90458
2017/2018	REC 201	Palotina	PR	PLT	06/10/2017	418	-53.86083	-24.42492
2017/2018	REC 201	Londrina	PR	LDN	16/10/2017	435	-51.072	-23.1962
2017/2018	REC 201	Mauá da Serra	PR	MDS	01/11/2017	778	-51.39161	-23.98999
2017/2018	REC 204	Dourados	MS	DRD	17/10/2017	440	-54.90492	-22.18211

*Região edafoclimática 3ª aproximação (EMBRAPA, 2011)

5.1 CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS A CAMPO E AVALIAÇÃO

Os experimentos foram implantados no delineamento aleatorizado em blocos com três repetições entre os meses de setembro a dezembro dos anos 2015 e 2017. A parcela experimental foi constituída de quatro linhas de 5 m de comprimento com 0,5 m na entrelinha. A densidade de semeadura utilizada foi variável de acordo com o experimento nos respectivos locais de avaliação.

As áreas experimentais foram inicialmente dessecadas com glifosato (Trop[®] SL) na dose de 3,0 L de p. c. ha⁻¹, acrescido de 0,3 L ha⁻¹ de óleo mineral (Dash[®] HC CE). A semeadura mecanizada foi realizada por uma semeadora/adubadora de parcelas com sistema de distribuição a vácuo (SB Máquinas). A adubação de base/pós emergência foi efetuada de acordo com o padrão utilizado pelo produtor de cada área experimental.

O manejo fitossanitário adotado nos experimentos seguiu a recomendação oficial da pesquisa (EMBRAPA, 2015) a fim de evitar a interferência de pragas e doenças na performance produtiva dos genótipos sob avaliação agrônômica.

No estágio de maturação fisiológica da cultura foram colhidas as duas linhas centrais das unidades experimentais para a determinação do rendimento de grãos (REND) em kg ha⁻¹ corrigido para 13% de umidade.

5.2 ANÁLISE DE VARIÂNCIA INDIVIDUAL

Os dados coletados para a variável rendimento de grãos (REND) dos multiexperimentos foram submetidos primeiramente à análise de variância individual, sendo realizada de acordo com o modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \bar{\epsilon}_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : observação referente ao genótipo i no bloco j ;

μ : é uma constante inerente a todas as observações;

g_i : efeito de genótipo i ($i = 1, 2, \dots, i$);

b_j : efeito do bloco j ($j = 1, 2$ e 3);

$\bar{\epsilon}_{ij}$: é o erro aleatório associado à observação Y_{ij} .

Adicionalmente, a partir da esperança matemática dos quadrados médios dos genótipos, foi estimada a herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_a^2) para a variável REND em cada um dos locais avaliados (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

5.3 ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES VIA MÉTODO UPGMA

Visando identificar a presença de locais redundantes para a otimização da rede de ensaios, realizou-se o agrupamento dos ambientes pelo método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Average*) aplicado aos desvios da matriz de resíduos obtidos via técnica de decomposição singular de matrizes (DVS) da interação $G \times A$. A construção do dendrograma foi estabelecida pelos ambientes com interação $G \times A$ semelhantes, sendo que a distância entre um ambiente k e um grupo, formado pelos tratamentos i e j , é dada por:

$$d_{(ij)k} = \text{média}\{d_{ik}; d_{jk}\} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

em que:

$d_{(ij)k}$ é a média do conjunto das interações dos pares de ambientes (i e k) e (j e k).

A distância entre dois grupos formados pelos ambientes (i e j) e (k e l), é dada pela média do conjunto, cujos elementos são as distâncias entre os pares de locais (i e k), (i e l), (j e k) e (j e l):

$$d_{(ij)(kl)} = \text{m\u00e9dia}\{d_{ik}; d_{il}; d_{jk}; d_{jl}\} = \frac{d_{ik} + d_{il} + d_{jk} + d_{jl}}{4}$$

5.4 AN\u00c1LISE DE VARI\u00c2NCIA CONJUNTA COM DECOMPOSI\u00c7\u00c3O AMMI DA INTERA\u00c7\u00c3O E ESTRATIFICA\u00c7\u00c3O DE AMBIENTES

Para estabelecer a forma\u00e7\u00e3o de estratos ambientais semelhantes onde a intera\u00e7\u00e3o G x A (gen\u00f3tipo x ambiente) \u00e9 nula ou de baixa magnitude, realizou-se inicialmente a an\u00e1lise de vari\u00e2ncia conjunta com decomposi\u00e7\u00e3o AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction analysis*) (GAUCH, 1992), conforme o modelo estat\u00edstico sugerido por Zobel, Wright e Gauch (1988), descrito a seguir:

$$Y_{ij} = \underbrace{\mu + b_{k(j)} + g_i + a_j}_{\text{Parte aditiva}} + \underbrace{\sum_{c=1}^q \sqrt{\lambda_c} \alpha_{ic} \gamma_{jc}}_{\text{Parte multiplicativa}} + \delta_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

Y_{ij} : m\u00e9dia observada para a vari\u00e1vel resposta, do gen\u00f3tipo i no ambiente j;

μ : m\u00e9dia geral;

$b_{k(j)}$: efeito do bloco k (k = 1, 2 e 3) dentro do ambiente j (j = 1, 2, 3...,a);

g_i : efeito de gen\u00f3tipo i, i = 1,2,3..., g;

a_j : efeito de ambiente j, j = 1,2,3..., a;

λ_c : autovalor do c-\u00e9simo componente principal relacionado \u00e0 intera\u00e7\u00e3o G x A;

α_{ic} : autovalor do c-\u00e9simo componente principal relacionado ao gen\u00f3tipo i;

γ_{jc} : autovalor do c-\u00e9simo componente principal relacionado ao ambiente j;

δ_{ij} : res\u00edduo ou ru\u00eddo n\u00e3o explicado pelos componentes principais

e_{ij} : erro experimental m\u00e9dio.

A estima\u00e7\u00e3o dos termos multiplicativos do modelo, associados \u00e0 intera\u00e7\u00e3o G x A, foi realizada pela an\u00e1lise de componentes principais (ACP) e a atribui\u00e7\u00e3o dos graus de liberdade as somas de quadrados foi realizado pelo crit\u00e9rio de GOLLOB et al. (1968) conforme a Tabela 3.

Tabela 3- Esquema da análise AMMI, pelo critério de Gollob (1968) para atribuição de graus de liberdade aos componentes principais da interação.

Fontes de variação	Graus de Liberdade (GL)	Soma de Quadrados (SQ)	Quadrado Médio (QM)	F
Blocos/Ambientes	(k-1)j	SQ (B)	QM _B	QM _B / QM(erro médio)
Genótipos (G)	g-1	SQ(G)	QM _G	QM _G / QM(erro médio)
Ambientes (A)	j-1	SQ(A)	QM _A	QMA/ QM(erro médio)
Interação (G x A)	(g-1) (j-1)	SQ(G×A)	QM _{G×A}	QM _{G×A} / QM(erro médio)
CP1	g+j+1-(2x1)	λ_1^2	QM _{CP1}	QM _{CP1} / QM(erro médio)
CP2	g+j+1-(2x2)	λ_2^2	QM _{CP2}	QM _{CP2} / QM(erro médio)
CP3	g+j+1-(2x3)	λ_3^2	QM _{CP3}	QM _{CP3} / QM(erro médio)
CP...
CPP	g+j+1-(2xp)	$\lambda \frac{2}{p}$	QM _{CPP}	QM _{CPP} / QM(erro médio)
RESÍDUO	gj (k -1)	SQ (erro médio)	QM(erro médio)	
TOTAL	gjk - 1	SQ (total)	QM (total)	

g: número de genótipos; j: número de ambientes; p: λ : valor singular (escalar) da matriz de interação GA; posto de GA: mínimo (g-1, e-1); CP: eixo da interação da análise de componentes principais.

A interpretação dos resultados foi realizada por meio de gráficos *biplot* pela dispersão dos scores de genótipos e ambientes (GABRIEL, 1971).

5.5 MELHOR PREDIÇÃO LINEAR NÃO-VIESADA (BLUP) E ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA VIA MÁXIMA VEROSSIMILHANÇA RESTRITA (REML)

Estabelecidos os estratos ambientais onde a interação G x A foi de baixa magnitude, foram preditos os valores genéticos dos genótipos para a característica rendimento de grãos em kg ha⁻¹, via modelos mistos REML/BLUP, de acordo com o modelo estatístico:

$$y = Aj + Bk + Gi + GAij + e$$

em que: y é o vetor das observações, j é o vetor dos efeitos de ambientes (assumidos como fixos) somados à média geral, k é o efeito de bloco dentro de ambientes (assumidos como aleatórios), i é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), ij é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e “e” é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Por meio desse modelo foram obtidos os preditores BLUP (BLUP ou REML/BLUP) dos valores genotípicos livres da interação, dados por $\hat{\mu} + \hat{g}_i$, em que $\hat{\mu}$ é a média de todos os locais e \hat{g}_i é o efeito genotípico livre da interação genótipo x ambiente. Para cada estrato ambiental j, os valores genotípicos (VG) foram preditos por $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + (\hat{ge})_{ij}$, em que $\hat{\mu}_j$ é a média do estrato j, \hat{g}_i é o efeito genotípico do genótipo i, no estrato j, e $(\hat{ge})_{ij}$ é o efeito da interação genótipo x ambiente relativo ao genótipo i.

A partir destas estimativas as linhagens e cultivares de soja foram ranqueadas em função do valor genético dentro de grupos de ambientes similares identificados pela análise AMMI.

Todas as análises genéticas e estatísticas foram realizadas utilizando o software R versão 2.15.2 (R CORE TEAM, 2013).

6 RESULTADOS E DISCUSSÃO

6.1 SAFRA 2015/2016

Na safra de 2015/2016 foram realizados experimentos em 27 localidades diferentes (Tabela 1), sendo avaliados 36 genótipos de soja para a variável rendimento de grãos em kg ha⁻¹ (REND). Inicialmente, realizou-se a análise de variância individual de cada experimento visando estabelecer os coeficientes de variação (CV %) para cada um dos locais avaliados, os quais variaram de 3,4 em PLT a 14,3% para ARP (ANEXO 3). É importante destacar que dos 27 locais onde foram realizados os experimentos, 20 apresentaram CV abaixo de 10%, sendo que nos outros sete ambientes oscilaram de 10,3 a 14,3%. Estes valores são considerados adequados para experimentos de competição agrônômica de genótipos de soja para a variável rendimento de grãos (LÚCIO et al., 1999; PIMENTEL GOMES, 2000; CARVALHO et al., 2002). A análise de variância demonstrou diferenças altamente significativas ($p \leq 0,01$) entre os genótipos em cada um dos experimentos (ambientes), com exceção apenas de ARP, evidenciando variabilidade genética para o rendimento de grãos entre os genótipos de soja estudados. Adicionalmente, foi estimada a herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_a^2) para a variável em estudo (REND) (ANEXO 1). Para a maioria dos locais (19) as estimativas de \hat{h}_a^2 foram superiores à 70%, confirmando que a maior proporção da variabilidade observada foi devido à efeitos genéticos, indicando possibilidade de sucesso na seleção de genótipos com maior rendimento de grãos. Elevadas estimativas de herdabilidade estão também correlacionadas com variâncias residuais mais baixas, obtidas por meio da uniformização do ambiente experimental de avaliação (VENCOVSKY, 1987; RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMAN, 1993).

6.1.1 Identificação de Locais Redundantes por meio das Distâncias entre Locais pelo Método UPGMA

O sucesso de um programa de melhoramento depende, dentre muitos fatores, da precisão na condução dos experimentos, bem como da escolha criteriosa dos ambientes de avaliação. Neste sentido, infere-se que quanto maior for o número de locais em que os genótipos são avaliados maior será a segurança no momento da seleção. Entretanto, esta etapa envolve altos custos para implantação dos experimentos em vários locais, onerando os programas de melhoramento genético.

Com o intuito de identificar a presença de locais redundantes para a otimização da rede de ensaios, foi obtido o dendrograma via método UPGMA pela matriz de interação Genótipo x

Ambiente (Figura 1). O ponto de corte na distância de 0,52 foi determinado pela topologia do dendrograma. A partir do corte, foram obtidos dois grupos de locais redundantes, os quais apresentam possibilidade de exclusão de um ou outro local, uma vez que, possuem elevada similaridade pela análise. Os demais locais permaneceram isolados, confirmando a discrepância dos ambientes na expressão do rendimento de grãos.

No grupo I, os locais DRD e RBR foram agrupados, uma vez que os mesmos possuem similaridades no que diz respeito ao desempenho dos genótipos de soja em função de estarem localizados na mesma REC (204) (Região Edafoclimática) e possuírem altitudes próximas. Assim a exclusão de qualquer um destes locais pode ser realizada sem prejuízos à rede de ensaios. Por outro lado, no grupo II foram agrupados os ambientes PFU, SGB, SDJ e STA indicando a possibilidade de exclusão de três destes. Com exceção de SGB os demais locais estão situados dentro da mesma REC (102) com condições edafoclimáticas semelhantes, dessa forma justifica-se a possibilidade de exclusão e/ou substituição dos ambientes.

Apesar dos resultados obtidos para esta safra, vale ressaltar que as chances de acerto na tomada de decisão de exclusão e/ou alteração de locais redundantes, são maximizadas pela consistência dos resultados em mais de um ano de avaliação. Pacheco (2004), aplicando esta mesma metodologia em soja concluiu que ela não oferecia resultados práticos por falta de consistência ao longo dos anos de avaliação. Outros autores, como por exemplo, Johnson e Wichern (1998) contestam os agrupamentos formados com base em dendrogramas, principalmente no que diz respeito ao ponto de corte. Tal crítica se deve principalmente à falta de apoio estatístico que possa indicar a margem de erro desses agrupamentos e à falta de critério no teste para inclusão ou não de um local em um grupo de locais. Neste sentido, quando a estratificação ambiental tem como objetivo o estudo da adaptabilidade e estabilidade de genótipos, há uma tendência favorável de se considerar o agrupamento de ambientes obtidos por meio de análise AMMI.

6.1.2 Estratificação Ambiental Baseada na Decomposição AMMI da Interação G x A

Visando estabelecer a formação de estratos ambientais semelhantes onde a interação G x A (genótipo x ambiente) é nula ou de baixa magnitude, inicialmente realizou-se a análise de variância conjunta com decomposição AMMI da interação G x A, a qual evidenciou efeito significativo ($p \leq 0,01$) para as fontes de variação ambientes, genótipos e para a interação G x A do caráter rendimento de grãos (Tabela 4).

Figura 1 - Agrupamento de 27 ambientes pelo método UPGMA a partir do desdobramento da interação entre 36 genótipos x 27 ambientes avaliados na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.

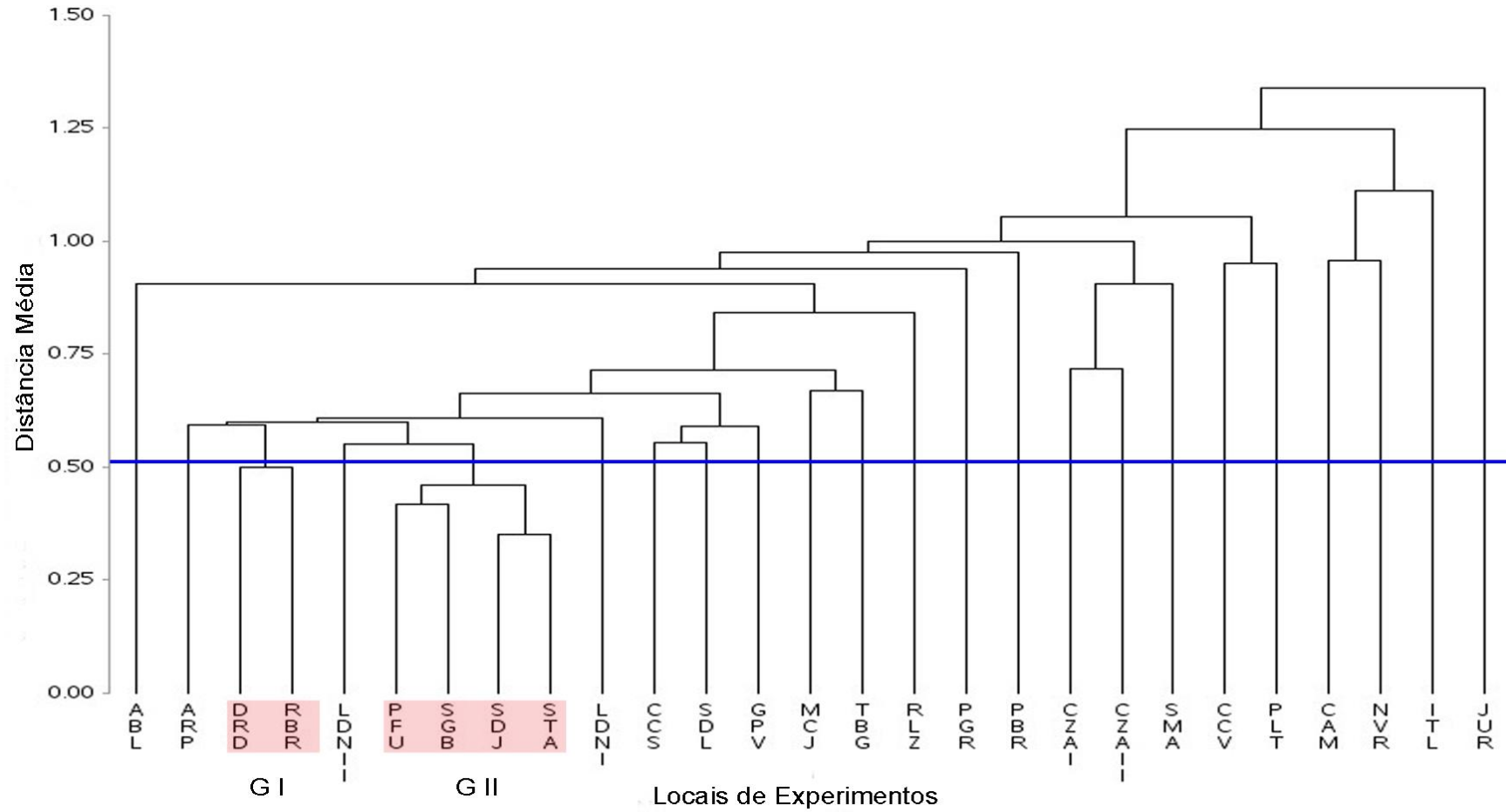


Tabela 4- Resumo da análise de variância conjunta com desdobramento dos efeitos da interação genótipo x ambiente para o rendimento de grãos (kg ha⁻¹) de soja, safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.

Fontes de Variação	G.L.	Q.M. (REND kg ha ⁻¹)
Blocos (Ambientes)	54	389632,00
Ambientes (A)	26	66461359,00**
Genótipos (G)	35	8821128,00**
Interação (G x A)	910	493376,00**
CP 1	60	1583894,83**
CP 2	58	1347747,69**
CP 3	56	731644,76**
CP 4	54	663306,43**
CP 5	52	612743,19**
CP 6	50	503319,97**
CP 7	48	481164,91**
CP 8	46	427533,39**
CP 9	44	412771,50**
CP 10	42	387794,88**
CP 11	40	294656,57**
CP 12	38	252789,07*
CP 13	36	260831,40*
CP 14	34	190240,14 ^{ns}
CP 15	32	181274,14 ^{ns}
CP 16	30	158148,71 ^{ns}
CP 17	28	134646,08 ^{ns}
CP 18	26	115138,02 ^{ns}
CP 19	24	98820,54 ^{ns}
CP 20	22	85963,14 ^{ns}
CP 21	20	82427,43 ^{ns}
CP 22	18	81277,03 ^{ns}
CP 23	16	86602,12 ^{ns}
CP 24	14	45198,09 ^{ns}
CP 25	12	45253,53 ^{ns}
CP 26	10	24327,47 ^{ns}
Resíduo	1890	175855,00
Total	2915	-
Média (kg ha ⁻¹)	-	4583,48
CV (%)	-	9,02

(G.L.) graus de liberdade; (Q.M.) quadrado médio; (C.V.) coeficiente de variação; ^{ns} Não significativo, **, * Significativo à 1 e 5% de probabilidade, respectivamente pelo teste de F de Gollob (1968).

Este resultado indica a possibilidade de se selecionar genótipos superiores e que os ambientes de teste foram consideravelmente discrepantes na expressão do caráter. No geral, os ambientes foram responsáveis por 61% da soma de quadrados, seguido da interação G x A (15,9%) e do efeito de genótipos com 10,9%. Esta menor contribuição da fonte de variação

genótipos para a soma de quadrados deve-se em grande parte a proximidade de grupos de maturação entre os genótipos avaliados.

Ao analisar a decomposição da interação G x A via componentes principais observou-se efeito altamente significativo ($p \leq 0,01$) até o 11º componente principal (Tabela 4). Entretanto, a percentagem da variância fenotípica acumulada nos quatro primeiros componentes principais é considerada adequada (Tabela 5), levando-se em consideração o elevado número ambientes, bem como o grande número de genótipos avaliados, sendo muito superior a diversos trabalhos relatados na literatura especializada (EDBON; GAUCH, 2011; YOKOMIZO et al., 2013; PACHECO et al., 2017; MALIK et al., 2018). De acordo com o percentual da variância explicada para cada componente pode-se verificar que o CP 1, CP 2, CP 3 e CP 4 agruparam 21,2; 17,4; 9,1 e 8,0% da variação, respectivamente (Tabela 5). Juntos, os dois primeiros termos explicaram 38,6% da $SQ_{G \times A}$, porção considerada adequada quando associada à interação G x A, para o conjunto de dados e do modelo analisado (MALIK et al., 2018). Segundo Gauch (1988), os primeiros termos AMMI captam a maior percentagem de “padrão” e, com o subsequente acúmulo de dimensões (eixos), ocorre diminuição na percentagem de “padrão” e um acréscimo de “ruídos”. Com isso, apesar da seleção de apenas dois eixos, com menor porção da $SQ_{G \times A}$ original, espera-se estar captando maior percentagem do “padrão”. Por conseguinte, infere-se que os 61,4% restantes da $SQ_{G \times A}$ provavelmente contenham pouca informação relevante, isto é, grande porção de “ruídos”, por estarem distribuídos num elevado número de componentes principais. Resultados semelhantes 27,1% foram relatados por Crossa et al. (1991), 44,6% por Pereira e Costa (1998) e 36% por Oliveira et al. (2003).

Tabela 5- Autovalores (λ_k^2) e percentagens individual (PI) e acumulada (PA), da soma de quadrados da interação ($SQ_{G \times A}$) associada aos quatro primeiros eixos principais da interação (CP's), estimados pela análise AMMI para o rendimento de grãos (REND) em genótipos de soja. Ponta Grossa, 2020.

Eixos	λ_k^2	PI (%)	PA (%)
CP 1	95033689,6	21,2	21,2
CP 2	78169365,9	17,4	38,6
CP 3	40972106,6	9,1	47,7
CP 4	35818547,2	8,0	55,7
$SQ_{G \times A}$	448972533,0		

A acurácia do modelo AMMI a ser utilizado pode ser inferida comparando-se a percentagem do “padrão” da interação com a magnitude total da interação G x A. De maneira geral, é possível observar com frequência, na literatura especializada, modelos AMMI de ordem menos elevada capturando uma proporção considerável do “padrão” da interação G x A. Gauch

e Zobel (1997) demonstraram, por exemplo, que o modelo AMMI1 (CP1 x Médias de rendimento de grãos, kg ha⁻¹) foi o de maior acurácia preditiva, capturando cerca de 80% do padrão da interação G x A. Contudo, no presente trabalho, o modelo AMMI de ordem mais elevada (AMMI2, CP 1 e CP 2) foi necessário para explicar esse padrão da interação G x A. A partir deste modelo, a análise do biplot (Figura 2) possibilitou a estratificação das regiões de cultivo em seis estratos ambientais com os locais agrupados conforme descrito na Tabela 6.

Tabela 6- Composição dos estratos ambientais da análise AMMI via modelo AMMI2 a partir do desdobramento a interação Genótipo x Ambiente. Ponta Grossa, 2020.

Estrato	N	Ambientes	C. V. %	\hat{h}_a^2
I	3	PFU, SGB, SDJ	8,96	0,73
II	5	TBG, CZI, CZII, SMA, ABL	10,94	0,85
III	4	CCS, GPV, ARP, PGR	11,19	0,86
IV	4	PBR, RLZ, CCV, STA	6,83	0,74
V	6	CAM, LDNI, LDNII, MCJ, ITL, NVR	6,78	0,91
VI	5	JUR, PLT, DRD, SDL, RBR	6,43	0,75

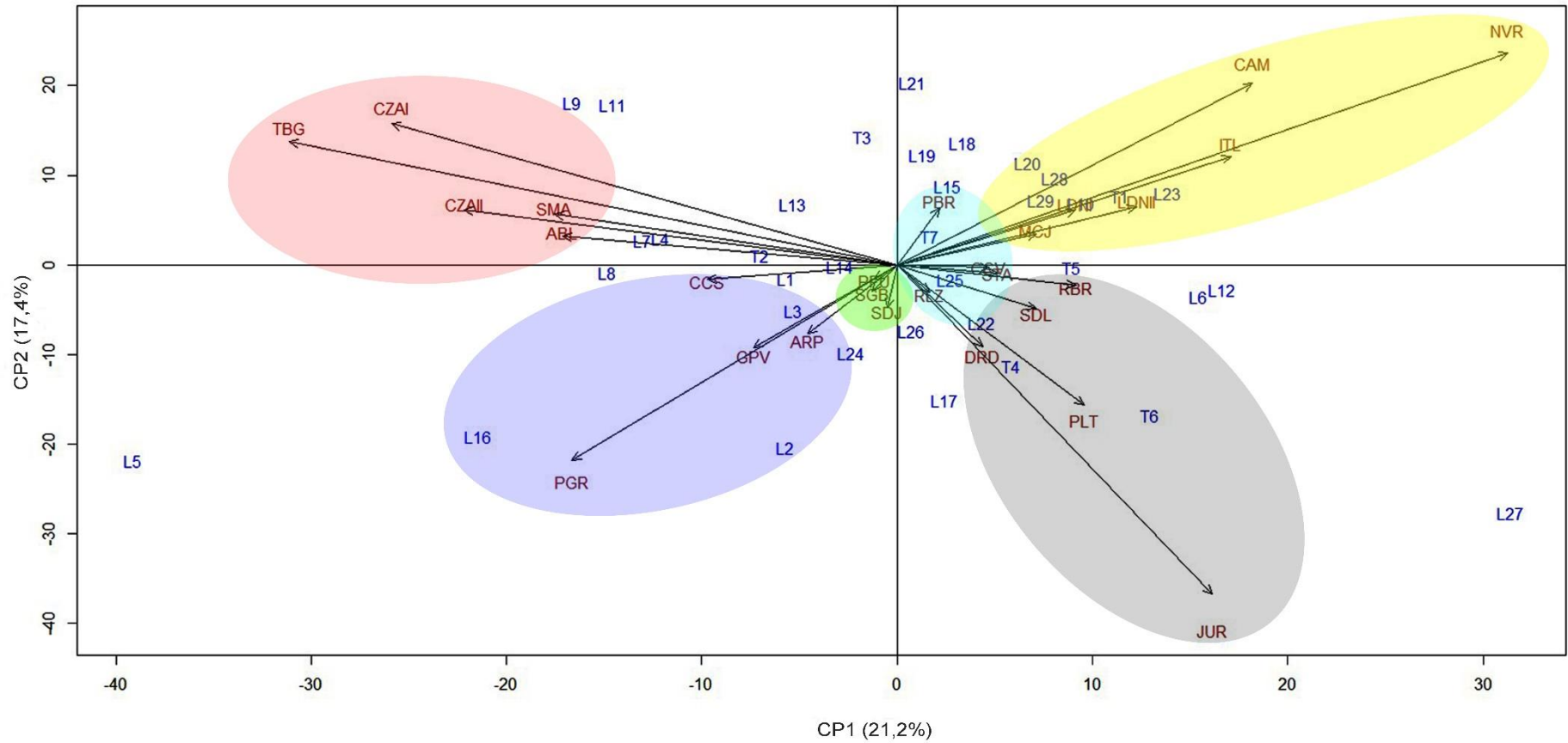
(N) número de ambientes nos respectivos grupos; (C.V.) coeficiente de variação; (\hat{h}_a^2) herdabilidade no sentido amplo.

De modo semelhante, Pacheco et al. (2017) desenvolveram um estudo de estratificação de 18 ambientes da região central do Brasil, avaliando de 23 a 28 genótipos de soja em três safras consecutivas. Os autores observaram, a partir desta mesma metodologia, a formação de três estratos ambientais, os quais foram constantes ao longo das três safras avaliadas.

A análise dos vetores de ambientes evidenciou baixa contribuição para a interação dos locais PFU, SGB, SDJ, RLZ, CCV, STA e PBR (estratos I e IV), uma vez que estes apresentaram maior estabilidade (Figura 2). Os ambientes CCS, GPV, ARP, DRD, SDL, RBR, PLT, MCJ, LDNI e LDNII obtiveram média contribuição para a interação. Por outro lado, os locais que mais contribuíram foram CAM, ITL, JUR, PGR, ABL, SMA, CZAI, CZAI e TBG (Figura 2).

Verifica-se que os ambientes avaliados individualmente tenderam a contribuir mais para a interação G x A do que os genótipos de soja. Este fato pode ser confirmado pela maior dispersão dos vetores de ambientes, em relação aos dos genótipos (Figura 2). Essa tendência pode ser observada em diversas outras pesquisas, o que justifica estudos que identifiquem fatores ambientais específicos envolvidos na manifestação desse tipo de interação.

Figura 2 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja avaliadas em 27 ambientes na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.

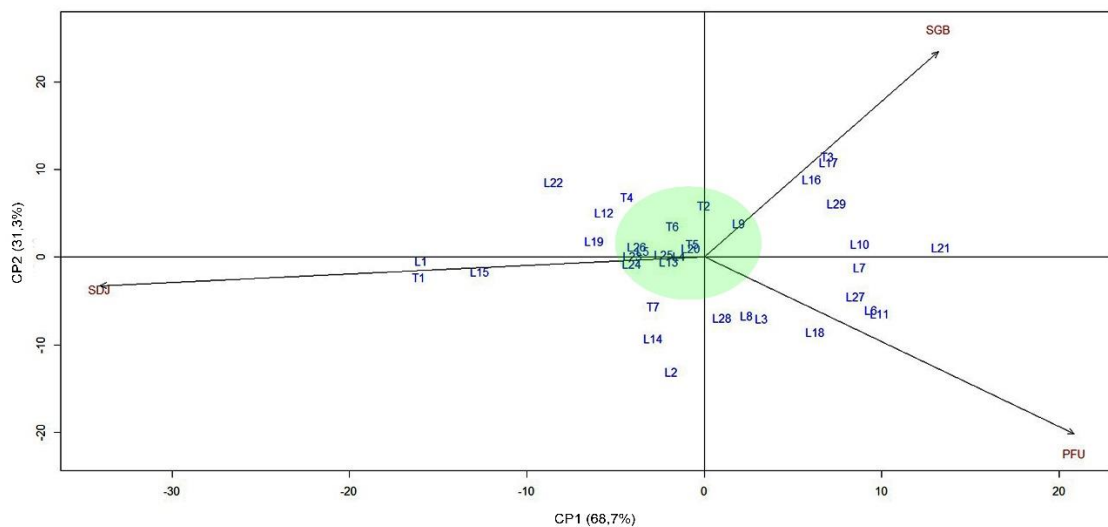


Desta maneira, os efeitos indesejáveis dos ambientes poderão ser mitigados, possibilitando explorar os efeitos positivos de modo mais eficiente (YAN, 2007; OLIVEIRA et al., 2006; MARTINS et al., 2012; MEOTTI et al., 2012).

6.1.3 Estabilidade e Adaptabilidade Produtiva

A partir do agrupamento de ambientes obtidos pela estratificação ambiental foram construídos biplots pelo modelo AMMI2 para cada estrato. Adicionalmente, a identificação dos genótipos com aptidão para avanço e recomendação foi realizada via médias de rendimento (REND) ajustadas pela metodologia REML/BLUP (Figura 3 e Tabela 7). É importante evidenciar que os genótipos e/ou ambientes cujos pontos estão mais próximos à origem das coordenadas do gráfico biplot são considerados os mais estáveis (DUARTE; VENCOVSKY, 1999; LAVORANTI, 2003).

Figura 3 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato I na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.



O biplot obtido para os ambientes agrupados no estrato I capturou 100% da variabilidade no CPs 1 e 2, e, evidenciou interação de baixa magnitude com a maior parte dos genótipos dispersos próximos ao centro do eixo de coordenadas, demonstrando um indício de baixa interação com os ambientes, ou seja, estabilidade produtiva (Figura 3).

Tabela 7- Médias de REND ajustadas (M.A. – kg ha⁻¹) pela metodologia REML/BLUP e ranqueamento em ordem decrescente (Rank) de 36 genótipos de soja nos estratos ambientais estabelecidos pela decomposição da interação via metodologia AMMI. Ponta Grossa, 2020.

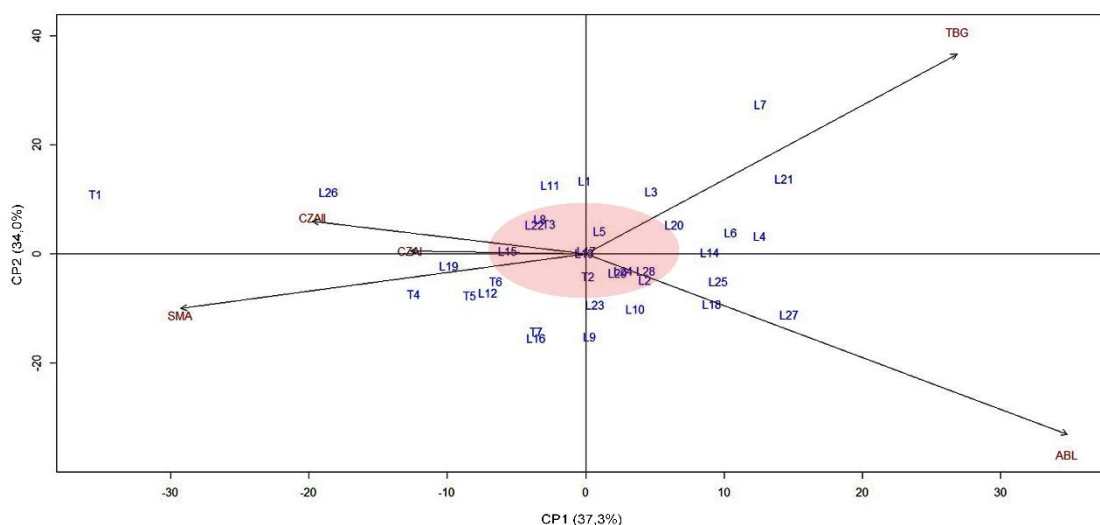
Genótipos	Estrato I		Estrato II		Estrato III		Estrato IV		Estrato V		Estrato VI	
	M.A.	Rank	M.A.	Rank	M.A.	Rank	M.A.	Rank	M.A.	Rank	M.A.	Rank
T1	5034	1	6158	11	5269	7	5271	2	6436	1	4975	2
T2	4184	16	6309	9	5685	1	5063	3	5102	14	4133	19
T3	4990	2	6958	2	5543	3	5783	1	6184	2	4484	7
T4	4141	18	5077	29	4732	18	3534	32	4440	26	4416	10
T5	3900	27	5761	16	4206	30	4488	12	4930	16	4567	4
T6	4227	15	5220	28	5086	9	4545	9	5135	13	5110	1
T7	4370	12	5956	15	4886	12	4350	15	5086	15	4046	23
L1	4028	22	5727	17	5066	10	3828	24	4461	24	4084	21
L2	4397	10	5456	22	5617	2	4121	18	4179	28	4570	3
L3	4104	20	5605	18	4268	27	3803	26	4178	29	4261	17
L4	4330	13	6991	1	5468	4	4767	6	5171	12	4382	12
L5	4064	21	6383	8	4820	14	3687	29	2148	36	3345	31
L6	4626	3	4759	32	4264	28	4376	14	5204	11	4413	11
L7	4152	17	6393	7	5336	6	3801	27	4738	19	4269	15
L8	4571	5	6885	3	4980	11	4101	20	4627	21	4550	5
L9	4481	8	6194	10	4596	20	4020	21	4442	25	2665	36
L10	3900	26	5534	20	4550	23	4563	8	5342	8	4262	16
L11	4511	7	6584	6	4827	13	4608	7	4727	20	3793	28
L12	3809	29	4541	33	4242	29	3963	23	4821	17	4210	18
L13	4010	23	6793	4	4779	16	4539	10	5210	10	4367	13
L14	3892	28	5420	23	4806	15	4296	16	4481	23	3745	29
L15	4374	11	6658	5	4763	17	4927	5	5732	3	4482	8
L16	3661	31	5520	21	4539	24	3472	33	2911	34	3339	32
L17	3994	24	4923	31	4465	25	3680	30	4144	30	4294	14
L18	4305	14	6116	13	3865	33	3815	25	5353	6	4047	22
L19	3933	25	6033	14	4563	21	4235	17	5306	9	3866	26
L20	4542	6	5570	19	4552	22	5021	4	5343	7	3872	25
L21	4605	4	6156	12	4200	31	4106	19	5476	5	3645	30
L22	3614	32	5259	27	5455	5	4385	13	4788	18	4539	6
L23	4119	19	5318	25	4454	26	4529	11	5483	4	4124	20
L24	3799	30	5265	26	4612	19	3570	31	4128	31	3962	24
L25	3557	33	5057	30	4124	32	3759	28	4342	27	3795	27
L26	4446	9	5407	24	5194	8	3969	22	4590	22	4465	9
L27	2659	36	1420	36	2293	36	2534	36	2497	35	3104	33
L28	3090	34	4294	34	2817	35	2856	35	3706	33	2839	34
L29	2962	35	4244	35	3174	34	2901	34	4003	32	2736	35

Adicionalmente, foi possível verificar que os genótipos L4, L20, T5, L13, L25, L5, L23, L24, L26, T6, L9 e T2 apresentaram a menor dispersão no gráfico (Figura 3), permanecendo muito próximos à origem das coordenadas do biplot. Conseqüentemente, esses genótipos devem ser considerados mais estáveis, uma vez que demonstraram baixa interação G x A em

suas respostas fenotípicas. Dentre os genótipos citados, as linhagens L20 e L9, ranqueadas para REND na 6ª e 8ª posições, respectivamente, podem ser consideradas adaptadas e estáveis aos ambientes agrupados neste estrato (SDJ, SGB e PFU) (Figura 3 e Tabela 7). Para os genótipos de soja analisados neste estrato, o ajuste de médias obtido via metodologia REML/BLUP evidenciou maior potencial produtivo em kg ha⁻¹ para as testemunhas T1 (5034) e T3 (4990), seguida das linhagens L6 (4626), L21 (4605), L8 (4571), L20 (4542) e L11 (4511) (Tabela 7). Entretanto, como demonstraram maior dispersão no biplot, os genótipos L8, L6 e L11 apresentaram tendência de melhor adaptação para o ambiente PFU, já a L21 e a T3 demonstraram adaptação específica ao ambiente SGB, enquanto a T1 para o ambiente SDJ (Figura 3).

A análise das médias obtidas no estrato II, o qual agrupou os ambientes SMA, CZAI, CZAI, ABL e TBG, evidenciou que os genótipos L4, T3, L8, L13, L15, L11 e L7 foram superiores em rendimento quando comparados aos demais genótipos avaliados, com valores oscilando de 6392 (L7) à 6990 kg ha⁻¹ (L4) (Tabela 7). A variação concentrada nos dois primeiros componentes principais do biplot AMMI2 do estrato II superou 70% da variação total, indicando valores satisfatórios para o estudo da estabilidade e adaptabilidade de genótipos de soja (OLIVEIRA et al., 2003; ROCHA et al., 2004; MAIA et al., 2006; OLIVEIRA et al., 2006). A maior parte dos genótipos apresentaram dispersão concentrada ao centro do biplot, no entanto alguns deles tenderam a dispersão nas extremidades dos quadrantes, indicando presença de interação com os ambientes avaliados (Figura 4).

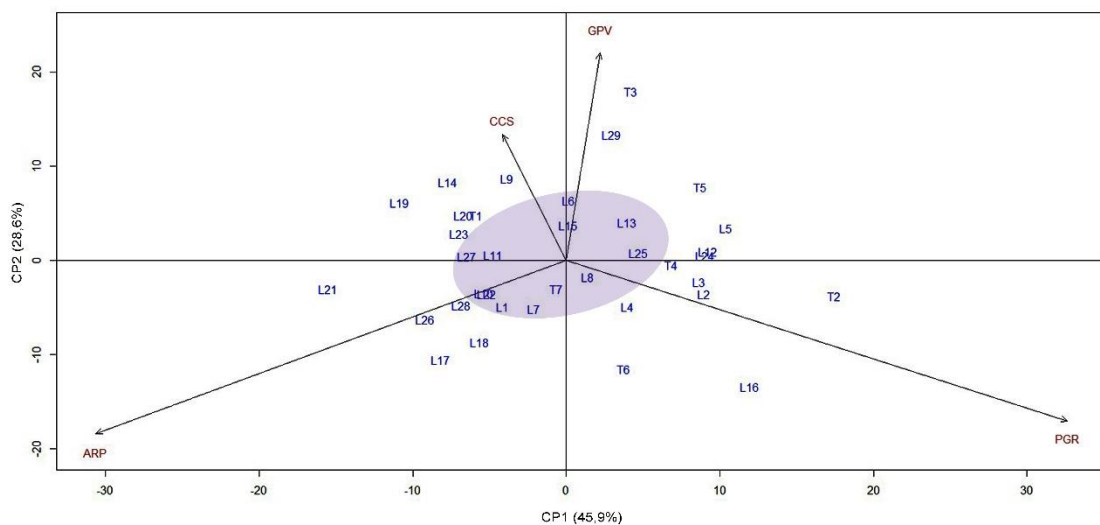
Figura 4 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato II na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.



Os genótipos L13, L17, T2, L5, L29, L24, L15, L28, T3, L2, L22, L14, L8 e L23 apresentaram maior estabilidade produtiva neste estrato. A testemunha T3 pode ser recomendada, em geral, com sucesso para estes ambientes de cultivo, pois obteve elevada performance produtiva (6958 kg ha^{-1}) associada a estabilidade de produção. Destaque positivo para as linhagens L8 (3º) e L13 (4º) identificadas como estáveis, superando a maioria das testemunhas comerciais, com exceção apenas do T3. Estas linhagens podem ser recomendadas para o avanço técnico no conjunto de ambientes agrupados neste estrato. A linhagem L4 (6991 kg ha^{-1}) superou todos os genótipos avaliados e obteve melhor adaptação para os ambientes de TBG e ABL.

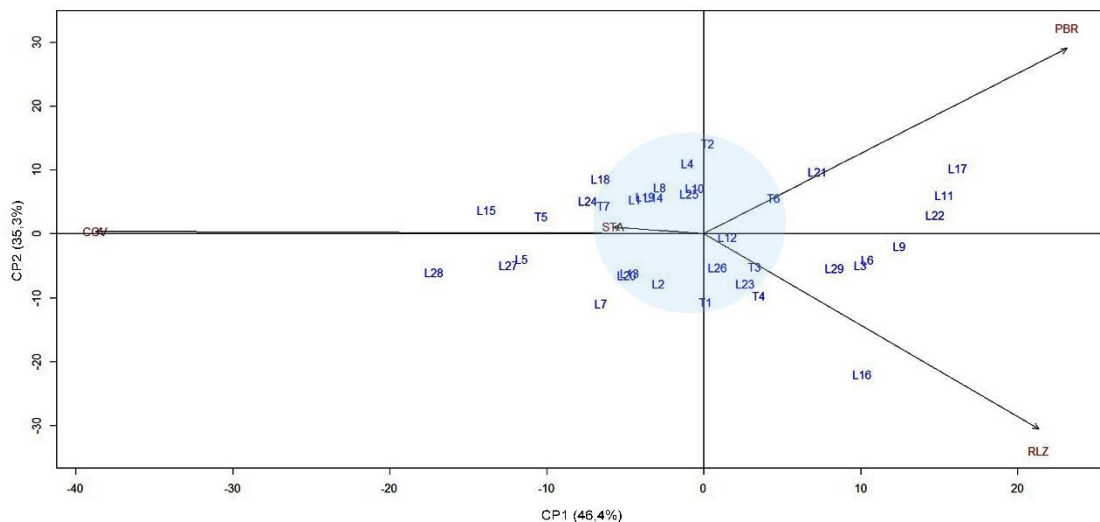
O estrato ambiental III formado pelos locais ARP, CCS, GPV e PGR demonstrou elevada variação no rendimento de grãos para os genótipos analisados, oscilando de 2293 (L27) à 5685 (T2) kg ha^{-1} (Tabela 7). A obtenção do biplot possibilitou a identificação dos genótipos L8, L7, L15, L11, L25, L6, L27, T4, L13, L22, L10, L4 e L1 com melhor estabilidade produtiva, agrupando nos dois primeiros CPs 74,5 % da variabilidade (Figura 5). Dentre estes, destacam-se com maior estabilidade aos ambientes testados as linhagens L4 (4º), L22 (5º) e L7 (6º) com rendimentos médios ajustados de 5468, 5488 e 5336 kg ha^{-1} , respectivamente (Tabela 5). A testemunha T2 (1º) e a linhagem L2 (2º) apresentaram tendência de adaptação específica ao ambiente PGR, já a T3 (3º) obteve proximidade de dispersão no ambiente GPV, indicando que ao capturar adaptações específicas a ambientes de cultivo possibilita incrementos de rendimento satisfatórios. O genótipo T1 (7º) apesar de dispersão próximo ao eixo do gráfico obteve tendência de adaptação ao ambiente CCS (Tabela 7).

Figura 5 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato III na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.



O biplot obtido para o estrato ambiental que agrupou os locais CCV, STA, PBR e RLZ (IV) evidenciou que os genótipos L12, L26, L25, L10, T3, L14, L19, L1, T6, L8, L23, L2, T1, L13, T7, L20, L4 e L24 obtiveram melhor estabilidade produtiva, sendo que os CPs 1 e 2 agruparam 46,4 e 35,3 % da variabilidade, respectivamente (Figura 6). Além disso, as testemunhas T3 (1°), T1 (2°) e T2 (3°), juntamente com as linhagens L20 (4°) e L4 (6°) também demonstraram alta adaptabilidade para este conjunto de ambientes, com rendimentos de grãos de 5783, 5271, 5063, 5021 e 4767 kg ha⁻¹, respectivamente. Os genótipos L15 (5°) e L11 (7°) apresentaram tendência de adaptação para os ambientes CCV e PBR, respectivamente. Uma vez que o vetor que representa o ambiente de STA permaneceu muito próximo à origem das coordenadas do biplot, é possível considerar a estabilidade deste local. Segundo Oliveira et al. (2003) a estabilidade ambiental demonstra confiabilidade no ordenamento dos genótipos num dado ambiente de teste, em relação à classificação para a média dos ambientes testados. Neste sentido, o teste de genótipos em STA deve resultar em um ordenamento mais consistente e confiável para fins de seleção de novas linhagens.

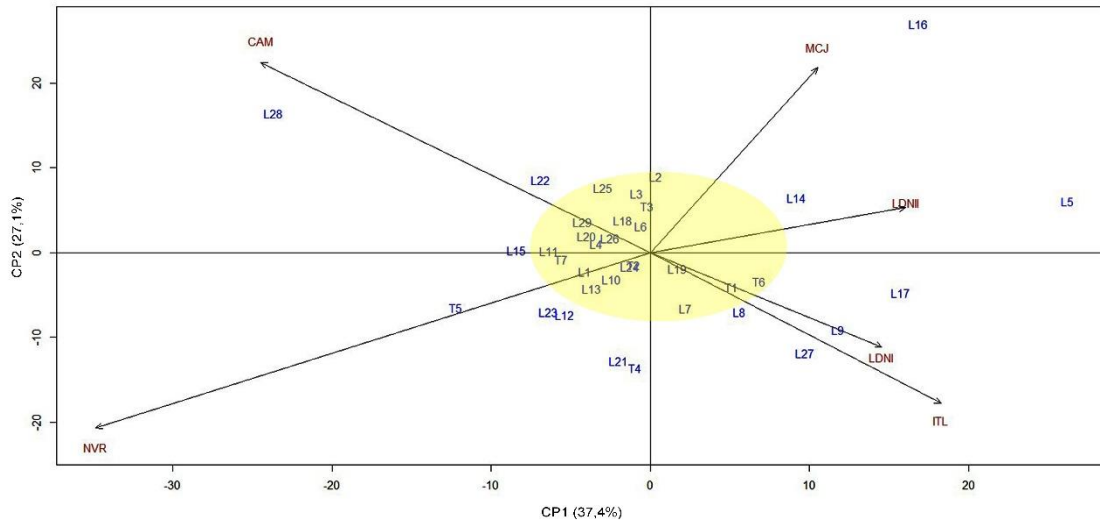
Figura 6 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato IV na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.



O biplot obtido para o estrato ambiental composto pelos ambientes CAM, LDNI, LDNII, MCJ, ITL e NVR (V) evidenciou elevado número de genótipos agrupados próximo ao eixo de coordenadas, no entanto, alguns genótipos apresentaram dispersão próximo as extremidades dos quadrantes, indicando adaptações específicas. O percentual de variância agrupadas nos dois primeiros CPs foi de 64,5%, valor considerado adequado em função do número de genótipos e ambientes analisados. Os genótipos de soja que apresentaram maior

estabilidade foram: T2, L24, L19, L6, L26, L4, L18, L10, T3, L20, L1, T7, L11, L3, L29, L13, L15, L7, T1 e L2 (Figura 7).

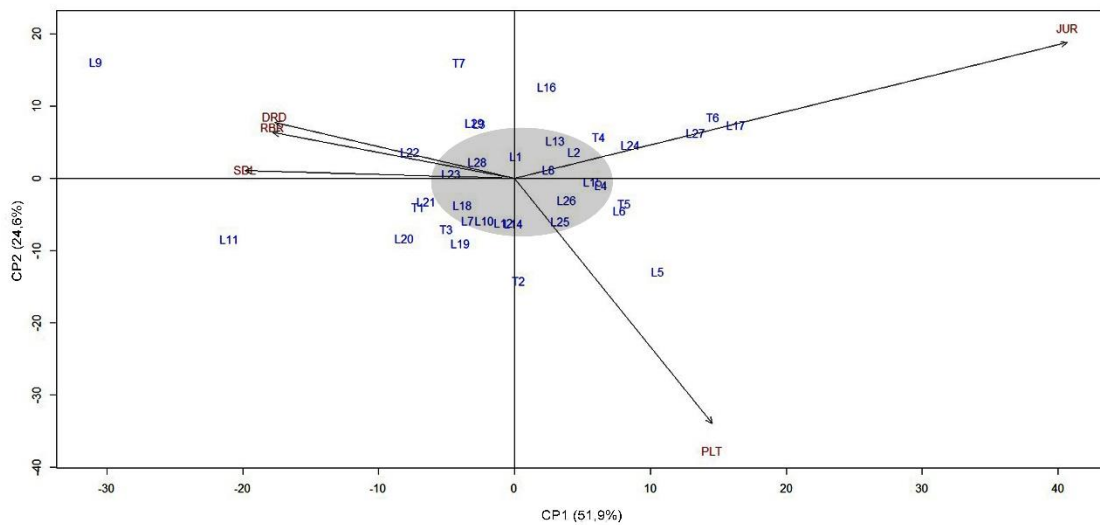
Figura 7 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato V na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.



Dentre estes genótipos, as testemunhas T1 (1°) e T3 (2°), seguidas das linhagens L15 (3°), L18 (6°) e L20 (7°) demonstraram alto desempenho produtivo nestes locais, associado à melhor adaptação à estas condições de cultivo. As linhagens L23 (4°) e L21 (5°) apresentaram adaptação específica ao ambiente NVR. Este estrato apresentou ampla variação no rendimento de grãos para os genótipos analisados, oscilando de 2148 kg ha⁻¹ (L5) à 6436 kg ha⁻¹ (T1), o que indica possibilidade de seleção de genótipos superiores e adaptados (Tabela 7).

Por fim, no estrato ambiental VI composto pelos locais JUR, PLT, DRD, SDL e RBR, o biplot gerado possibilitou identificar as linhagens de soja L1, L8, L28, L23, L15, L14, L26, L12, L4, L18, L10, L2, L13, L7 e L25 com elevada estabilidade produtiva, capturando 76,5 % da variância nos primeiros CPs (Figura 8). As linhagens L2 (3°) e L8 (5°) além de estabilidade apresentaram adaptabilidade aos ambientes de cultivo, com rendimentos médios ajustados de 4570 e 4550 kg ha⁻¹, respectivamente. Apesar de apresentarem elevado potencial produtivo, nenhuma testemunha demonstrou ampla estabilidade para os cinco ambientes deste estrato. Entretanto, para a T6 (1°) foi observado desempenho superior associado à adaptação específica ao ambiente JUR (Figura 8 e Tabela 7). Já os genótipos T1 (2°), L22 (6°) e T3 (7°) apresentaram estabilidade média e tendência de adaptação aos ambientes DRD, SDL e RBR e o T5 (4°) ao ambiente PLT.

Figura 8 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato VI na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.



Os resultados obtidos nos ensaios multiambientes da safra 2015/2016, evidenciaram que a estratificação baseada nos modelos AMMI permitiu um entendimento integrado das performances genotípicas e ambientais. Sendo assim, o objetivo de identificar estratos ambientais foi alcançado, possibilitando a redução da complexidade dos dados de 27 locais para seis estratos ambientais. Além disso, a análise de cada estrato de forma isolada possibilitou identificar genótipos superiores com estabilidade produtiva e também adaptações específicas com ganhos em rendimento expressivos. Neste sentido, a análise de genótipos via médias ajustadas pela metodologia REML/BLUP possibilitou melhor acurácia na identificação de indivíduos geneticamente superiores.

6.2 SAFRA 2017/2018

Na safra 2017/2018 os experimentos foram implantados em 17 locais diferentes (Tabela 2), com 30 genótipos de soja avaliados para o rendimento de grãos em kg ha^{-1} (REND). A análise de variância individual evidenciou coeficientes de variação (CV %) entre 4,8 (PLT) a 16,3% (TAP) (ANEXO 2). Apesar dos coeficientes serem um pouco superior aos da safra de 2015/2016, os mesmos são considerados adequados para experimentos de competição agrônômica em soja (LÚCIO et al., 1998; PIMENTEL GOMES, 2000; CARVALHO et al., 2002). A análise de variância demonstrou diferenças altamente significativas ($p \leq 0,01$) para a fonte de variação genótipos na maior parte dos ambientes de avaliação com exceção dos ambientes PMS e PGR, com diferenças significativas a 5% ($p \leq 0,05$). Estes resultados

confirmam a presença de elevada variabilidade genética para o rendimento de grãos entre os genótipos de soja. A herdabilidade no sentido amplo estimada foi superior a 60% em 11 locais, indicando a possibilidade de ganho genético na seleção de genótipos com maior rendimento de grãos (ANEXO 2).

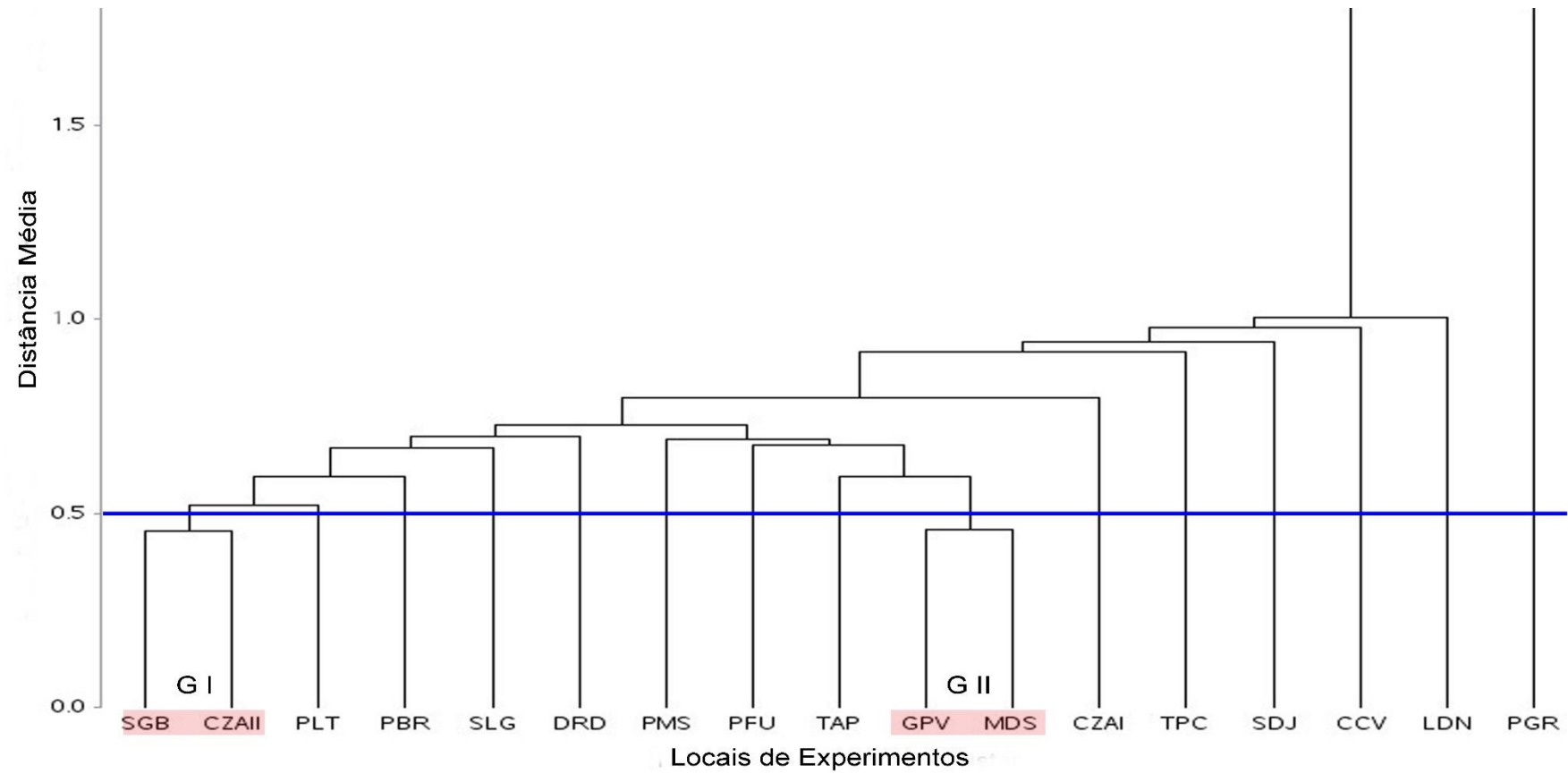
6.2.1 Identificação de Locais Redundantes por meio da Distância entre Locais pelo Método UPGMA

O agrupamento de ambientes baseado nas distâncias a partir da interação G x A também foi realizada visando caracterizar locais redundantes na rede de ensaios. A identificação dos estratos foi obtida via dendrograma e o ponto de corte foi determinado pela topologia da árvore na distância de 0,50, a partir do qual, foram obtidos dois grupos de locais redundantes (Figura 9). Os demais locais permaneceram isolados, confirmando a discrepância dos ambientes na expressão do caráter em estudo.

Foram agrupados no GI os ambientes SGB e CZA II que consistem em locais com altas temperaturas no verão e altitudes abaixo de 500 metros, indicando a possibilidade de exclusão de um destes locais, sem prejuízos à rede de ensaios de competição. Por outro lado, no G II foram agrupados os ambientes GPV (REC 103) e MDS (REC 201), apesar de MDS estar zoneada na REC 201 apresenta características semelhantes a GPV com altitudes superiores a 750 metros, condição raramente encontrada na REC 201 (Figura 9).

O agrupamento de ambientes por meio das distâncias a partir da interação G x A possibilita com sucesso a identificação de locais redundantes os quais podem ser excluídos e/ou substituídos na rede de avaliação. A exclusão de locais redundantes possibilita a otimização da rede experimental com maximização de recursos financeiros e físicos pela diminuição de ambientes de testes ou escolha de novos locais mais informativos para a avaliação de genótipos. Entretanto, conforme já discutido, as decisões devem ser tomadas, baseando-se num período maior de avaliações. Em função da alta variabilidade da fonte de variação ambiente e levando em consideração que os genótipos envolvidos na análise são variáveis entre os anos, ruídos desnecessários são carregados, podendo inclusive inflacionar a interação G x A com genótipos discrepantes. Adicionalmente, o desempenho de genótipos pode ser alterado com a mudança da época de semeadura e/ou da localização física de um experimento dentro de um município ou de uma determinada região, dessa forma pode ocorrer alterações no padrão de agrupamento de ambientes comparado aos obtidos em anos anteriores.

Figura 9 - Agrupamento de 17 ambientes pelo método UPGMA a partir do desdobramento da interação entre 30 genótipos x 17 ambientes avaliados na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.



Neste sentido, há uma tendência favorável a se considerar agrupamentos de ambientes obtidos por meio da análise AMMI. Pacheco (2004) utilizou dados de três anos de avaliação de linhagens de soja, com três ciclos de maturação, em 18 localidades. O autor comparou o método de agrupamento UPGMA, com método de estratificação da análise AMMI, aplicando-se as estimativas de interação provenientes dos modelos AMMI1, AMMI2, AMMI3 e AMMI4. A partir dos resultados obtidos, o autor concluiu que o primeiro método não apresentava aplicabilidade prática por suas inconsistências, enquanto que o segundo método mostrou-se consistente ao longo do período de estudo.

6.2.2 Estratificação Ambiental Baseada na Decomposição AMMI da Interação G x A

A análise de variância conjunta com decomposição AMMI da interação G x A evidenciou efeito significativo ($p \leq 0,01$) do REND para as fontes de variação ambientes, genótipos e para a interação G x A (Tabela 8). Este resultado indica a possibilidade da seleção de genótipos superiores e que os ambientes de avaliação apresentaram diferenças na expressão do caráter. Para os experimentos realizados nesta safra, os ambientes dominaram a variação associada aos tratamentos (combinação de genótipos e ambientes) e representaram 59% da soma de quadrados, seguido da interação G x A (18%) e do efeito de genótipos com 4,3%. Semelhantemente à safra 2015/2016, a menor contribuição da fonte de variação genótipos para a soma de quadrados está correlacionada à maior proximidade dos grupos de maturação aos quais os genótipos avaliados pertencem.

A decomposição da interação G x A via componentes principais demonstrou efeito altamente significativo ($p \leq 0,01$) até o 6º componente principal (Tabela 8). Levando-se em consideração o elevado número ambientes, bem como o grande número de genótipos avaliados, a percentagem da variância fenotípica acumulada nos quatro primeiros componentes principais é considerada adequada (Tabela 9), estando de acordo com o observado na safra de 2015/2016 e superior aos demais trabalhos relatados na literatura especializada (EDBON; GAUCH, 2011; YOKOMIZO et al., 2013; PACHECO et al., 2017; MALIK et al., 2018). O percentual da variância explicada para cada componente agrupou 20,5; 17,1; 13,5 e 12,1% da variação, respectivamente para o CP 1, CP 2, CP 3 e CP 4 (Tabela 7).

O número de eixos principais retidos para explicar e representar graficamente o padrão da interação G x A pode ser variável. Rharrabti et al. (2003), em trigo duro (*Triticum durum* L.), obtiveram entre dois e quatro eixos, conforme o caráter considerado na análise. Vicente et al. (2004) relataram que, de nove eixos estimados para descrever a interação G x A em soja, quatro foram significativos. No entanto, Oliveira et al. (2003), Pacheco (2004) e Maia et al. (2006) optaram por selecionar apenas o primeiro eixo principal, em soja. Neste caso, os eixos explicaram entre 30 e 40% da $SQ_{G \times A}$.

Tabela 8- Resumo da análise de variância conjunta com desdobramento dos efeitos da interação genótipo x ambiente para o rendimento de grãos ($kg\ ha^{-1}$) de soja, safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.

Fontes de Variação	G.L.	Q.M. (REND $kg\ ha^{-1}$)
Blocos (Ambientes)	34	656661,00
Ambientes (A)	16	41990019,00**
Genótipos (G)	29	1713484,00**
Interação (G x A)	464	455304,00**
CP1	44	982394,68**
CP2	42	860248,35**
CP3	40	710535,1**
CP4	38	674438,03**
CP5	36	506648,22**
CP6	34	360460,74**
CP7	32	300266,14*
CP8	30	307931,29*
CP9	28	290234,24*
CP10	26	199617,51ns
CP11	24	195727,49ns
CP12	22	191721,27ns
CP13	20	146104,6ns
CP14	18	98617,98ns
CP15	16	57875,68ns
CP16	14	47030,69ns
Resíduo	986	191530
Total	1529	-
Média ($kg\ ha^{-1}$)	-	4824,29
CV (%)	-	9,07

(G.L.) graus de liberdade; (Q.M.) quadrado médio; (C.V.) coeficiente de variação; ^{ns} Não significativo, **, * Significativo à 1 e 5% de probabilidade, respectivamente pelo teste de F de Gollob (1968).

Para os resultados obtidos na safra 2017/2018, os dois primeiros termos juntos foram responsáveis por explicar 37,6% da $SQ_{G \times A}$, valor muito próximo do observado na safra anterior, considerado adequado para o conjunto de dados e ao modelo utilizado (MALIK et al., 2018). Com a seleção destes dois eixos, espera-se estar captando maior porcentagem do “padrão” de resposta de rendimento, visando excluir a grande porção de “ruídos” presentes nos 62,6% restantes da $SQ_{G \times A}$ (GAUCH, 1988).

Tabela 9- Autovalores (λ_K^2) e percentagens individual (PI) e acumulada (PA), da soma de quadrados da interação (SQ_{GXA}) associada aos quatro primeiros eixos principais da interação (CP's), estimados por análise AMMI para o rendimento de grãos (REND) em genótipos de soja na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.

Eixos	Autovalores (λ_K^2)	PI (%)	PA (%)
CP 1	43225366,0	20,5	20,5
CP 2	36130430,7	17,1	37,6
CP 3	28421403,8	13,5	51,0
CP 4	25628645,2	12,1	63,1
SQ_{GXA}	211260900,0		

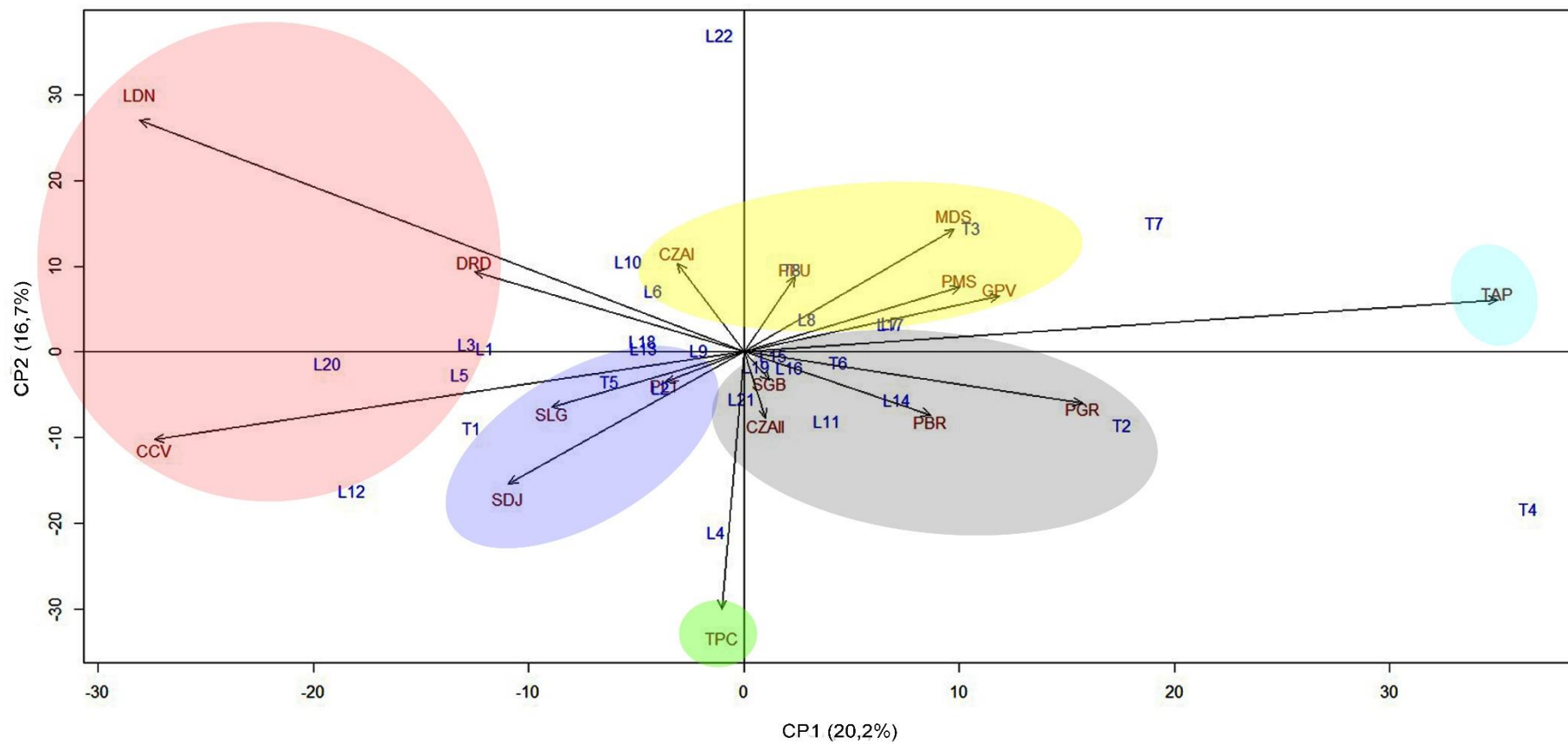
De maneira análoga aos resultados obtidos para a safra 2015/2016, o modelo AMMI de ordem mais elevada (AMMI2, CP 1 e CP 2) foi necessário para explicar o padrão da interação G x A. A análise do biplot (Figura 10), a partir do modelo utilizado, evidenciou a estratificação das regiões de cultivo em seis estratos ambientais agrupando de três a cinco locais por estrato, sendo que os ambientes TAP e TPC permaneceram isolados (Tabela 10).

Tabela 10- Composição dos estratos ambientais a partir da análise AMMI via modelo AMMI2 a partir do desdobramento a interação Genótipo x Ambiente na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.

Estratos	N	Ambientes	C. V. %	\hat{h}_a^2
I	3	LDN, DRD, CCV	8,71	10,52
II	3	PLT, SLG, SDJ	9,28	61,55
III	5	CZAI, PFU, MDS, PMS, GPV	8,27	68,43
IV	4	SGB, CZAIL, PBR, PGR	9,14	77,28
V	1	TAP	16,28	52,54
VI	1	TPC	5,48	88,97

A identificação de estratos ambientais por este tipo de metodologia, tem sido considerada consistente e mais indicada para aplicação nos programas de melhoramento (PACHECO, 2004; YOKOMIZO et al., 2013; PACHECO et al., 2017). Segundo Maranh (2005) a análise AMMI fornece um entendimento integrado entre o agrupamento de ambientes e a estabilidade e adaptabilidade produtiva de genótipos. O biplot evidenciou que os ambientes individualmente contribuíram mais para a interação G x A do que os genótipos de soja, uma vez que os vetores associados aos ambientes estão mais dispersos no gráfico (Figura 10). Além disso, demonstrou que os locais CZAI, PFU, MDS, PMS, GPV, SGB, CZAIL, OBR e PGR (estratos III e IV) apresentaram baixa contribuição para a interação, uma vez que estes apresentaram maior estabilidade. Por outro lado, os locais que mais contribuíram foram TAP, TAC, LDN, DRD e CCV (Figura 10).

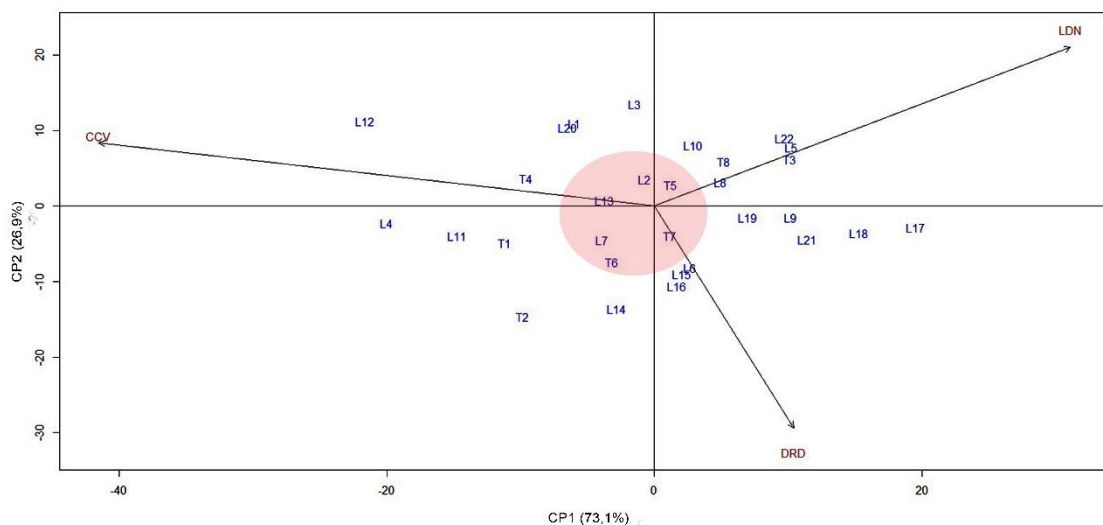
Figura 10 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 36 genótipos de soja avaliadas em 27 ambientes na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.



6.2.3 Estabilidade e Adaptabilidade Produtiva

A partir das análises individuais de cada estrato, foi possível identificar os genótipos melhor adaptados e com maior estabilidade produtiva. Além disso, foi possível a identificação dos genótipos com aptidão para avanço e recomendação por meio da análise das médias de REND ajustadas pela metodologia REML/BLUP (Figura 11 e Tabela 11).

Figura 11 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 30 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato I na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.



Uma vez que os genótipos e/ou ambientes cujos pontos estão mais próximos à origem das coordenadas do gráfico biplot são considerados os mais estáveis, o biplot obtido para os ambientes agrupados no estrato I, evidencia interação de média magnitude e agrupou 100% da variabilidade nos dois primeiros CPs. Os genótipos apresentaram-se dispersos, entretanto com maior proximidade ao eixo do CP1, indicando estabilidade produtiva (Figura 11). As linhagens L2, L7 e L13 juntamente com as testemunhas T5, T6 e T7 podem ser considerados os genótipos mais estáveis, pois permaneceram muito próximos à origem das coordenadas do biplot, demonstrando baixa interação G x A em suas respostas fenotípicas.

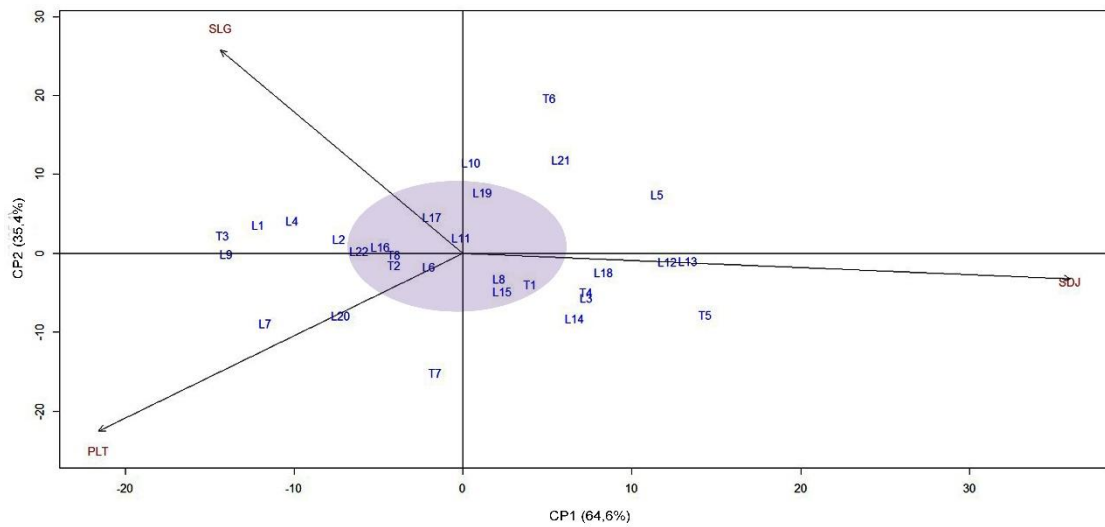
Apesar da elevada estabilidade, estes genótipos apresentaram baixa adaptação à estes ambientes de cultivo com rendimento médio de grãos variando de 4057 (L7 – 27^a) à 4667 kg ha⁻¹ (T6 – 7^a) (Figura 11 e Tabela 9). O genótipo T1 obteve melhor performance produtiva neste estrato ambiental (5229 kg ha⁻¹), com tendência de melhor adaptação para o ambiente de CCV, seguido da linhagem L6 (5134 kg ha⁻¹) que obteve relativa estabilidade e pode juntamente com a L1 (5074 kg ha⁻¹) ser recomendada para avanço técnico e avaliação na safra subsequente em função de terem obtido rendimento próximo ao melhor genótipo e acima de 5000 kg ha⁻¹.

Tabela 11- Médias de REND ajustadas (M.A. – kg ha⁻¹) pela metodologia REML/BLUP e ranqueamento em ordem decrescente (Rank) de 30 genótipos de soja nos estratos ambientais estabelecidos pela decomposição da interação via metodologia AMMI na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.

Genótipos	Estrato I		Estrato II		Estrato III		Estrato IV		Estrato V		Estrato VI	
	M.A.	Rank	M.A.	Rank	M.A.	Rank	M.A.	Rank	M.A.	Rank	M.A.	Rank
T1	5229	1	4835	9	5361	11	5798	2	3040	28	5993	10
T2	3565	29	4452	20	4937	18	4853	16	5104	2	5291	19
T3	4604	11	3714	30	5668	6	5325	6	4679	8	5826	11
T4	3325	30	5542	2	5730	4	6268	1	7030	1	6684	1
T5	4377	17	5270	5	4680	24	4102	28	4314	13	5273	20
T6	4667	7	5325	4	5688	5	5457	3	4916	5	5462	15
T7	4379	16	3842	29	5801	2	5333	5	4922	4	4913	26
T8	4619	9	4632	13	5597	8	4647	20	4617	10	5370	17
L1	5074	3	4393	21	4505	28	4444	23	4190	15	5446	16
L2	4324	21	4636	12	4785	21	5087	13	3431	24	5367	18
L3	4494	14	4573	14	4642	25	4414	24	3232	26	4686	29
L4	4082	25	5115	7	4749	23	5024	14	4270	14	6670	2
L5	4328	20	4932	8	4469	29	4519	22	3021	29	5152	21
L6	5134	2	4056	27	5106	15	5231	10	4074	19	5140	22
L7	4057	27	4330	23	5137	14	4805	17	4174	16	4766	28
L8	4839	4	4569	15	5645	7	5242	9	4617	9	5804	13
L9	4184	24	4315	25	4862	20	4723	19	3539	23	6234	5
L10	4576	12	4352	22	5079	16	4274	27	3969	22	4810	27
L11	4331	19	4319	24	5440	9	5014	15	4413	12	6222	6
L12	4313	22	4661	11	4627	26	4295	26	2535	30	5819	12
L13	4241	23	4023	28	4528	27	3719	30	3999	21	5065	24
L14	3835	28	4212	26	5307	12	4734	18	4051	20	6322	4
L15	4343	18	4494	18	5060	17	4603	21	4084	18	5542	14
L16	4617	10	4770	10	5415	10	5296	7	4167	17	6121	9
L17	4072	26	5361	3	4762	22	5285	8	4560	11	5059	25
L18	4619	8	4539	16	5143	13	5143	12	3344	25	6205	8
L19	4746	6	5780	1	5804	1	5162	11	4815	6	6491	3
L20	4805	5	4463	19	4390	30	4384	25	3107	27	5069	23
L21	4570	13	5253	6	4927	19	5368	4	4756	7	6207	7
L22	4432	15	4518	17	5735	3	3909	29	4946	3	1582	30

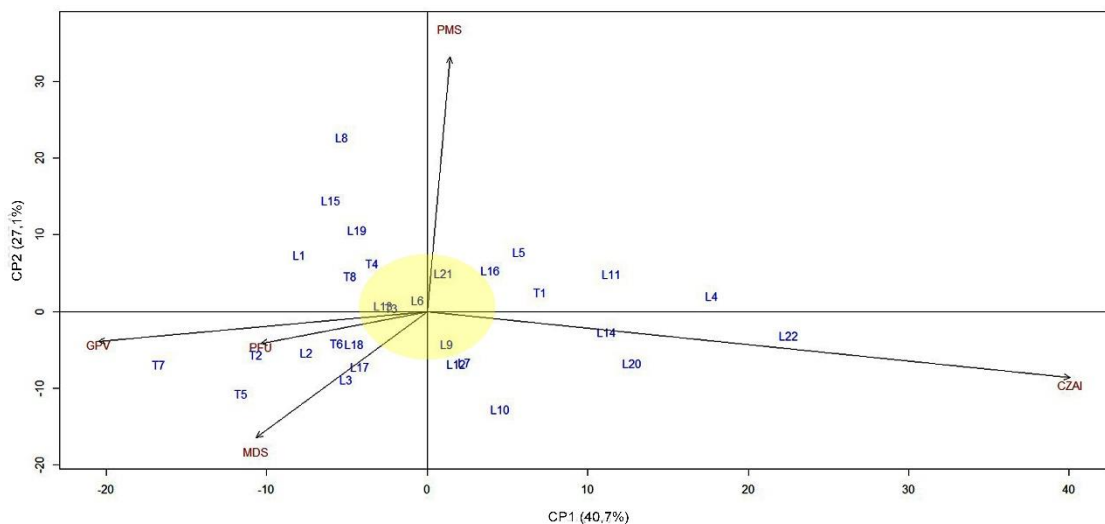
O biplot do estrato II agrupou 100% da variabilidade e evidenciou que os genótipos L19 (1), T1 (7), L17 (8), L16 (10), T8 (13), L8 (15), L22 (17), L15 (18), T2 (20), L11 (25) e L6 (27) apresentaram maior estabilidade produtiva nos três ambientes agrupados. Destaque positivo deve ser dado à linhagem L19 que além de estabilidade obteve média de rendimento de 5780 kg ha⁻¹, sendo ranqueada em 1º lugar, superando em 238 kg ha⁻¹ a melhor testemunha T4 (2º) e podendo ser recomendada para o avanço técnico no conjunto de ambientes agrupados neste estrato (Figura 12 e Tabela 11).

Figura 12 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 30 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato II na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.



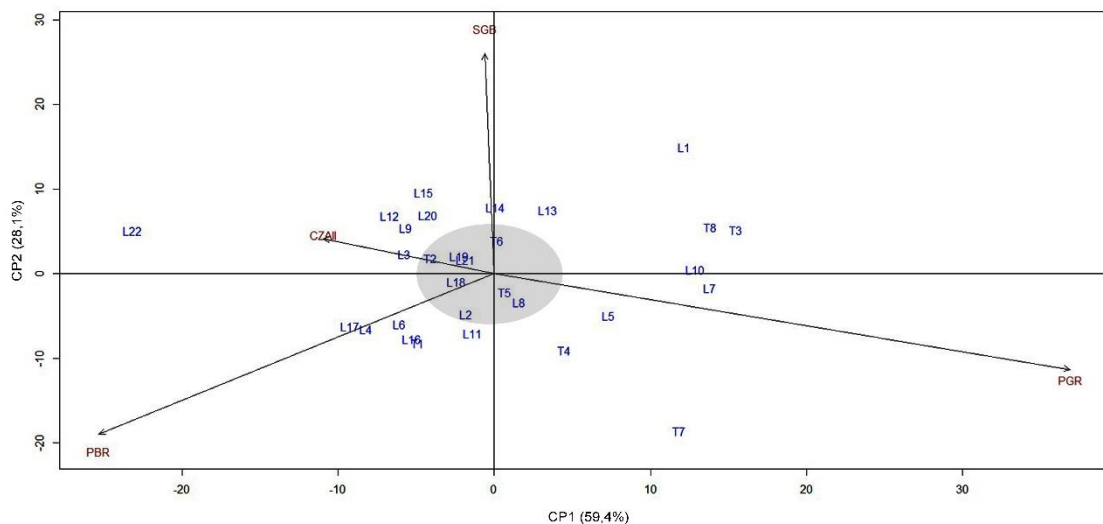
O estrato ambiental III formado pelos locais CZA I, PFU, MDS, PMS e GPV agrupou 67,8 % da variância nos dois primeiros CPs, demonstrando rendimento de grãos variando de 4390 (L20) à 5804 (L19) kg ha⁻¹ (Tabela 11). O biplot possibilitou a identificação dos genótipos L9, L21, L6, L13 e T3 com melhor estabilidade produtiva (Figura 13). A L19 (1^o) mais uma vez destacou-se com maior rendimento de grãos (5804 kg ha⁻¹) dentre as linhagens, entretanto demonstrou maior tendência de adaptação específica ao ambiente PMS, o T7 (2^o) obteve desempenho produtivo semelhante a L19 (5801 kg ha⁻¹), estando mais adaptado aos ambientes de MDS, PFU e GPV (Tabela 11).

Figura 13 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 30 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato III na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.



O biplot obtido para o estrato ambiental IV agrupou os locais SGB, CZA II, PBR e PGR capturando 87,5 % da variabilidade total nos CPs 1 e 2, e, evidenciou que os genótipos T2, L19, L21, L2, L18, T5, L8 e T6 obtiveram melhor estabilidade produtiva (Figura 14). Além disso, a linhagem L21 (4°) e a testemunha T6 (5°), também demonstraram maior adaptabilidade a este conjunto de ambientes, com rendimento de grãos de 5368 e 5333 kg ha⁻¹, respectivamente (Tabela 11). As testemunhas T4 (1°) e T1 (2°) evidenciaram melhor performance produtiva com rendimentos ajustados de 6268 e 5798 kg ha⁻¹, respectivamente, estando melhor adaptadas às condições dos ambientes de PGR e PBR, sendo boas opções visando elevado potencial produtivo nestes locais.

Figura 14 - Biplot AMMI2 (CP1 vs. CP2) a partir da decomposição da interação de 30 genótipos de soja nos ambientes agrupados no estrato IV na safra 2017/2018. Ponta Grossa, 2020.



Em função dos estratos V e VI alocarem apenas os locais TAP e TPC, respectivamente, vale destacar que os genótipos com melhor rendimento apresentam adaptação específica a estes ambientes de cultivo. No local TAP foi observada a maior variação de REND para os genótipos avaliados, oscilando de 2535 (L12) à 7030 kg ha⁻¹ (T4). As testemunhas comerciais T4, T2, T7 e T6 (7030; 5104; 4922 e 4916 kg ha⁻¹, respectivamente) foram as que apresentaram melhor adaptação ao ambiente (Tabela 11). Entretanto, a linhagem L22, ranqueada com o 3° melhor rendimento neste ambiente, também demonstrou elevada adaptação com 4946 kg ha⁻¹.

No ambiente TPC, dentre as testemunhas, apenas a T4 (1) demonstrou melhor adaptação com rendimento de 6684 kg ha⁻¹. Por outro lado, as linhagens L4 (2), L19 (3), L14 (4) e L5 (5),

destacaram-se neste ambiente com REND de 6670, 6491, 6322 e 6234 kg ha⁻¹, respectivamente (Tabela 9).

De maneira geral, verifica-se que a linhagem L19 obteve desempenho positivo na maioria dos estratos avaliados, podendo ser selecionada para o avanço técnico na rede de ensaios. Por outro lado, outras linhagens que foram destaques em estratos ou locais específicos podem continuar fazendo parte destes ensaios regionalizados.

A metodologia AMMI possibilitou a formação de estratos ambientais baseados em critérios estatísticos de fácil entendimento e apresentação gráfica clara, informando de maneira integrada a recomendação de genótipos de adaptação específica para cada estrato de ambientes (MARANHA, 2005). A partir disso, baseando-se nos dados da safra 2017/2018, a análise possibilitou a redução em 65% da complexidade dos dados, passando de 17 ambientes para seis estratos ambientais. Adicionalmente, a análise dos biplots dos estratos, associada à análise via médias ajustadas pela metodologia REML/BLUP, possibilitou identificar genótipos superiores com estabilidade produtiva e também adaptações específicas com ganhos expressivos para o rendimento de grãos. Estas análises contribuíram de forma significativa na sumarização dos dados no que diz respeito à avaliação de ensaios multiambientes, demonstrando ser um processo consistente que pode ser utilizado pelos programas de melhoramento da cultura da soja, visando maximizar a eficiência da rede de ensaios, reduzindo custos e refinando a recomendação técnica de produtos pré-comerciais e comerciais.

7 CONCLUSÕES

- A metodologia de estratificação baseada na metodologia AMMI demonstrou maior eficiência na redução dos locais de ensaios em estratos ambientais consistentes em ambas as safras de avaliação, quando comparada com a metodologia de agrupamento pelo método UPGMA;

Safra 2015/2016

- O agrupamento de ambientes via UPGMA identificou a formação de dois grupos com dois e quatro locais, respectivamente, os quais podem ser excluídos e/ou substituídos por estarem explicando o mesmo padrão de informação;

- Os resultados obtidos para a metodologia AMMI demonstraram que os 27 locais foram reduzidos à seis estratos ambientais, possibilitando a identificação de genótipos mais promissores, com melhor adaptação e estabilidade a cada um dos estratos estabelecidos;

- A metodologia REML/BLUP possibilitou ranquear a linhagem L4 entre os melhores genótipos nos estratos II, III e IV.

Safra 2017/2018

- O agrupamento obtido via UPGMA evidenciou a formação de dois grupos com dois locais agrupados em cada um, com possibilidade de exclusão e/ou substituição de 1 local por grupo;

- A metodologia AMMI evidenciou a redução dos 17 locais em seis estratos ambientais a partir dos quais foi possível a predição dos genótipos mais promissores;

- A linhagem L19 destacou-se com melhor potencial produtivo pela metodologia REML/BLUP, sendo ranqueada em 1º lugar nos estratos II e III, permanecendo entre os melhores genótipos nos demais estratos ambientais avaliados.

REFERÊNCIAS

- ABOU-EL-FITTOUH, A. H.; RAWLINGS, J. O.; MILLER, P. A. Classification of environments to control genotype x environment with application to cotton. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 1, p. 135-140, 1969.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 2, p. 503-508, 1964.
- ALLIPRANDINI, L. F. et al. Efeitos da interação genótipos x ambiente sobre a produtividade da soja no estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 9, p. 1433-1444, 1994.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v. 46, p. 269-278, 1992.
- ARANTES, F. C. Interação genótipo x ambiente, adaptabilidade e estabilidade em genótipos de cana-de-açúcar. 2013. 94 f. Tese (Doutorado), Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal, 2013.
- BATISTA, L. G. et al. Multigeneration index in the selection of common bean inbred families. **Crop Science**, Madison, v. 57, n. 5, p. 2354-2360, 2017.
- BERNARDO, R. Best Linear Unbiased Prediction of Maize Single-Cross Performance Given Erroneous Inbred Relationships. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 4, p. 862-866, 1996.
- BORNHOFEN, E. et al. Wheat yield improvements in Brazil roles of genetics and environment. **Crop Science**, Madison, v. 58, n. 3, p. 1082-1093, 2018.
- BRANQUINHO, R. G. et al. Estratificação ambiental e otimização de rede de ensaios de genótipos de soja no Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 10, p. 783-795, 2014.
- CALVO, E. S.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento genético: de onde partimos e para onde vamos. **Visão agrícola**, v. 5, n. 5, p. 50-53, 2006.
- CARNEIRO, P. C. S. **Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 168 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1998.
- CARVALHO, I. C. et al. Associations phenotypic between physiological traits of soybean contrasting growth habits. **Global Science Technology**, v. 8, p. 30-40, 2015.
- CARVALHO, A.D.F. de; FRITSCH NETO, R.F.; GERALDI, I.O. Estimation and prediction of parameters and breeding values in soybean using REML/BLUP and least squares. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 219-224, 2008.
- CARVALHO, C. G. P. de et al. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 989-1000, 2002.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos & melhoramento: Plantas**, Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos, nono levantamento**. Publicação mensal, 178 p. junho, 2019. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em 12 jun. 2019.

CORNELIUS, P. L. et al. Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trial. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 84, n. 2, p. 161-172, 1992.

CROSSA, J. et al. AMMI adjustment for statistical analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v. 12, p. 576-580, 1991.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v. 38, n. 219, p. 422-430, 1991.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4ª edição, Editora UFV, Viçosa, 2012, 668 p.

CRUZ, C. D; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Imprensa Universitária, 2007, 480 p.

DE FELIPE, M. et al. Soybean genetic gain in maturity groups III to V in Argentina from 1980 to 2015. **Crop Science**, Madison, v. 56, n. 6, p. 3066–3077, 2016.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise "AMMI"**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p.

EBDON, J. S.; GAUCH, H. G. Direct validation of AMMI predictions in turfgrass trials. **Crop Science**, v. 51, p. 862-869, 2011.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

FAO, Food and Agriculture Organization of the United Nations. Production quantities of Soybeans by country 2019. Disponível em: <<http://ref.data.fao.org/database?entryId=262b79ca-279c-4517-93de-ee3b7c7cb553>>. Acesso em 12 jun. 2019.

FERRARI, M. et al. Path analysis and phenotypic correlation among yield components of soybean using environmental stratification methods. **Australian Journal of Crop Science**, v.12, n. 2, p. 193-202, 2018.

FOLLMANN, D. N. et al. Agronomic performance and genetic dissimilarity of second-harvest soybean cultivars using REML/BLUP and Gower’s algorithm. **Bragantia**, v. 78, p.197-207, 2019.

FREIRIA, G. H. et al. Statistical methods to study adaptability and stability in breeding lines of food-type soybeans. **Bragantia**, v. 77, n. 2, p. 253-264, 2018.

FREITAS, I. L. de J. et al. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/BLUP em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 11, p. 1464-1471, nov. 2013.

FREITAS, M. C. M. A cultura da soja no Brasil: o crescimento da produção brasileira e o surgimento de uma nova fronteira agrícola. **Enciclopédia Biosfera**, v. 7, n. 12, 2011.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.

GAUCH, H. G. J.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science**, v. 48, n. 2, p. 866-889, 2008.

GAUCH, H. G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**, v. 44, p. 705-715, 1988.

GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI Analysis of Factorial Designs**. New York: Elsevier Science Publishers B. V., 1992. 278 p.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Identifying mega-environment and targeting genotypes. **Crop Science**, v. 37, n. 2, p. 311-326, 1997.

GERALDI, I. O. O processo de seleção e avaliação de linhagens. **Visão agrícola**, v. 5, n. 5, p. 54-55, 2006.

GOLLOB, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, v. 33, n. 1, p. 73-145, 1968.

HATFIELD, J. L.; WALTHALL C. L. Meeting global food needs: realizing the potential via genetics \times environment \times management interactions. **Agronomy Journal**, v. 107, n. 4, p. 1215-1226, 2015.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection 30 model. **Biometrics**, v. 31, p. 423-447, 1974.

HORNER, T. W.; FREY, Y. J. de O. Selection of location for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Agronomy Journal**, v. 49, n. 6, p. 313-315, 1957.

KANG, M. S.; HARVILLE, B. G.; GORMAN, D. P. Contribution of weather variables to genotype \times environment interaction in soybean. **Field Crops Research**, v. 21, n. 2, p. 297-300, 1989.

LAVORANTI O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “Bootstrap” no modelo AMMI**. 2003. 166 f. Tese (Doutorado), Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz, Piracicaba, 2003.

LIMA, W. F. et al. Interação genótipo-ambiente de soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 6, p. 729-736, 2008.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. Genetic properties of four types of stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 82, n. 4, p. 505-509, 1982.

LITTELL, R. C. et al. **SAS® for Mixed Models**, Second Edition. Cary, NC: SAS Institute Inc, 2006.

LUCIO, A. D.; STORCK, L.; BANZATTO, D. A. Classificação de experimentos de competição de cultivares quanto a sua precisão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 5, p. 99-103, 1999.

MAIA, M. C. C. et al. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agrônômicos através do método uni-multivariado. **Bragantia**, v.65, p. 215-226, 2006.

MALIK, W. A. et al. Nonparametric resampling methods for testing multiplicative terms in AMMI and GGE models for multi-environment trials. **Crop Science**, v. 58, p. 752-761, 2018.

MARANHA, F. G. C. B. **Estratificação ambiental para a avaliação de genótipos de algodoeiro no Estado de Mato Grosso**. 2005. 63 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

MARTINS, J. A. S.; JULIATTI, F. C. Adaptability and stability of soybean lines of semi early for rust resistance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, p. 43-51, 2012.

MATEI, G. et al. Genomic selection in soybean: accuracy and time gain in relation to phenotypic selection. **Molecular Breeding**, v. 38, n. 117, 2018.

MEOTTI, G. V. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, p.14-21, 2012.

MONTEVERDE, E. et al. Multi-environment Models Increase Prediction Accuracy of Complex Traits in Advanced Breeding Lines of Rice. **Crop Science**, Madison, v. 58, n. 4, p. 1519-1530, 2018.

NEGASH, A.W. et al. Additive main effects and multiplicative interactions model (AMMI) and genotype main effect and genotype by environment interaction (GGE) *biplot* analysis of multi-environmental wheat variety trials. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, p. 1033-1040, 2013.

OLIVEIRA, A. B.; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, p. 357-364, 2003.

OLIVEIRA, A. M. S. et al. Estabilidade fenotípica de cultivares de soja no Brasil central. **Bioscience Journal**, v. 20, n. 2, p. 9-19, 2004.

OLIVEIRA, L. A. de et al. Performance of Cowpea Genotypes in the Brazilian Midwest Using the Bayesian Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Model. **Agronomy Journal**, v. 110, n. 1, p. 147-154, 2018.

OLIVEIRA, R. et al. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, n. 4, p. 426-434, 2006.

OLIVEIRA; R. A. de et al. Early selection in sugarcane family trials via BLUP and BLUPIS procedures. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 4, p. 427-434, 2013.

PACHECO, R. M. **Estratificação de ambientes em cerrados do Brasil Central para fins de seleção e recomendação de cultivares de soja**. 2004. 173 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2004.

PACHECO, R. M. **Estratificação de ambientes em cerrados do Brasil Central para fins de seleção e recomendação de cultivares de soja**. 2004. 170 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2004.

PACHECO, R. M. et al. Environmental stratifications for soybean cultivar recommendation and its consistency over time. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 1-4, 2017.

PACHECO, R. M. et al. Key locations for soybean genotype assessment in Central Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 5, p. 478-486, 2009.

PADEREWSKI, J. et. al. AMMI Analysis of Four-Way Genotype x Location x anagement x Year Data from a Wheat Trial in Poland. **Crop Science**, vol. 55, n. 5, p. 1-8, 2015.

PATHAN, S. M. et al. Genetic mapping and confirmation of quantitative trait loci for seed protein and oil contents and seed weight in soybean. **Crop Science**, v. 53, n. 3, p. 765-774, 2013.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

PELUZIO, J. M. et al. Estratificação e dissimilaridade ambiental para avaliação de cultivares de soja no estado de Tocantins. **Biosciences Journal**, v. 28, n. 3, p. 332-337, 2012.

PEREIRA, A. S.; COSTA, M. D. Análise de estabilidade de produção de genótipos de batata no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, p. 105-409, 1998.

PIEPHO H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, p. 209–228, 2008.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15ª Ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

PIMENTEL, A. J. P. et al. Estimção de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.

PIPOLO, A. E. et al. **Desenvolvimento de germoplasma e cultivares de soja**. Circular Técnica 52. Embrapa Soja, Londrina, 2007.

R DEVELOPMENT CORE TEAM (2011). **R**: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2005. 322 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RESENDE, M. D. V. de et al. Multigeneration Index in the Within- Progenies Bulk Method for Breeding of Self-pollinated Plants. **Crop Science**, v. 55, p. 1202-1211, 2015.

RESENDE, M. D. V. de et al. Selection Index with Parents, Populations, Progenies, and Generations Effects in Autogamous Plant Breeding. **Crop science**, v. 56, p. 530-546, 2016.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas. 2007. 561p.

RHARRABTI, Y. et al. Durum wheat quality in Mediterranean environments III. Stability and comparative methods in analyzing G x E interaction. **Field and Crops Research**, v. 80, p. 141-146, 2003.

ROBERTSON, A. Weighting in the estimation of variance components in the unbalanced single classification. **Biometrics**, v. 18, p. 413-417, 1959.

ROCHA, M. M.; VELLO, N. A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 1, p. 69-81, 1999.

ROCHA, M. de M. et al. Yield stability of soybean lines using additive main effects and multiplicative interaction analysis – AMMI. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, p. 391-398, 2004.

ROSADO, A. M. et al. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 7, p. 964-971, 2012.

SCHMILDT, E. R.; CRUZ, C. D. Adaptability and stability of maize using Eberhart/ Russell and Annicchiarico methods. **Revista Ceres**, v. 52, n. 299, p. 45-58, 2005.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2005. v. 1, p. 553-604.

SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 1, p. 23-30, 2006.

SILVEIRA, D. A. et al. Adaptability and stability of grain yield in soybean. **Australian Journal of Crop Science**, v. 12, n. 04, p. 717-725, 2018.

SOUSA, L. B. et al. Evaluation of soybean lines and environmental stratification using the AMMI, GGE biplot, and factor analysis methods. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 12660-12674, 2015.

TENG, W et al. Dissection of the genetic architecture for soybean seed weight across multiple environments. **Crop Pasture Science**, v. 68, n. 4, p. 358–365, 2017.

TOLEDO, J. F. F. de et al. Genotype and environment interaction on soybean yield in Mato Grosso state, Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 5, p. 785-791, 2006.

TUKAMUHABWA, P. et al. Yield stability of rust-resistant soybean lines at four mid-altitude tropical locations. **Euphytica**, v. 183, n. 1, p. 1-10, 2012.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P.; **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 486p.

VIANA, J. M. S. et al. BLUP for genetic evaluation of plants in non-inbred families of annual crops. **Euphytica**, v. 174, p. 31-39, 2011.

VICENTE, D. et al. Análise de adaptabilidade e estabilidade de linhagens elite de soja. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 26, p. 301-307, 2004.

YAN, W. et al. GGE *biplot* vs. AMMI analysis of genotype by environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 643-653, 2007.

YOKOMIZO, G. K. et al. Análise AMMI da produtividade de grãos em linhagens de soja selecionadas para resistência à ferrugem asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.48, n.10, p.1376-1384, 2013.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, p. 388-393, 1988.

Anexo A - Resumo da análise de variância individual para os 36 genótipos avaliados em 27 ambientes para a variável Rendimento (REND) na safra 2015/2016. Ponta Grossa, 2020.

Fontes de Variação	Quadrado Médio (QM)									
	G. L.	CCS	SGB	SMA	ABL	CZAI	CZAI	PBR	PFU	RLZ
Blocos	2	513593,30	135005,62	1195053,75	90799,78	727038,20	287737,01	26013,54	406860,00	346397,69
Genótipos	35	547985,56**	299951,94**	1316964,16**	973045,95**	1521769,45**	1328227,96**	917509,33**	347868,09*	672077,61**
Resíduo	70	84781,95	82556,09	174276,58	370862,55	436422,48	180123,65	52323,13	213966,11	58298,92
Média		4325,96	3388,89	4910,11	4772,10	6287,28	5875,98	4265,09	4204,12	3133,15
C.V.(%)		6,73	8,48	8,50	12,76	10,51	7,22	5,36	11,00	7,71
\hat{h}_a^2		0,85	0,72	0,87	0,62	0,71	0,86	0,94	0,38	0,91
Continuação										
Fontes de Variação	Quadrado Médio (QM)									
	G. L.	SDJ	STA	ARP	GPV	PGR	TBG	CAM	CCV	ITL
Blocos	2	105147,23	17221,39	2766671,47	251091,99	237383,53	690523,81	167098,43	660567,85	226556,43
Genótipos	35	301947,28**	371940,35**	603806,1 ^{ns}	626415,28**	869358,72**	1808983,89**	1153656,09**	731895,34**	1157033,25**
Resíduo	70	94098,32	160726,68	504576,13	249960,49	226382,75	720739,23	60618,64	49175,06	18968,71
Média		4698,05	5060,14	4962,82	5252,87	3913,27	6202,15	5005,86	4126,78	4766,15
C.V.(%)		6,53	7,92	14,31	9,52	12,16	13,69	4,92	5,37	2,89
\hat{h}_a^2		0,69	0,57	0,16	0,60	0,74	0,60	0,95	0,93	0,98
Continuação										
Fontes de Variação	Quadrado Médio (QM)									
	G. L.	JUR	LDNI	LDNII	PLT	NVR	DRD	MCJ	RBR	SDL
Blocos	2	203417,72	286264,43	13265,00	125651,89	92008,19	240800,54	154431,72	48065,28	505397,80
Genótipos	35	928997,5**	592433,16**	527194,17**	764606,06**	1503076,32**	466988**	542134,27**	313592,98**	459455,9**
Resíduo	70	44280,23	173585,14	170957,03	22979,60	128205,35	89628,50	55139,81	87909,03	106919,19
Média		3279,66	4927,47	4006,40	4424,19	4676,97	4007,68	4758,26	3834,07	4688,53
C.V.(%)		6,42	8,46	10,32	3,43	7,66	7,47	4,93	7,73	6,97
\hat{h}_a^2		0,95	0,71	0,68	0,97	0,91	0,81	0,90	0,72	0,77

^{ns} não significativo, **, * significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente

Anexo B - Resumo da análise de variância individual para os 30 genótipos avaliados em 17 ambientes para a variável Rendimento (REND) na safra 2017/18. Ponta Grossa, 2020.

Fontes de Variação	Quadrado Médio (QM)									
	G. L.	CCV	CZAI	CZAI	DRD	GPV	LDN	MDS	PMS	PLT
Blocos	2	58519,34	23090,63	7365,52	242880,89	220516,17	706346,66	411629,69	74469,45	39408,07
Genótipos	35	632296,23**	519333,54**	404783,12**	367376,95**	364149,17**	730852,09**	433702,16**	610202,36*	204196,14**
Resíduo	70	87165,63	189453,59	178194,22	130054,23	128147,44	230332,82	171445,47	312921,62	56006,68
Média		3483,72	6023,56	5197,41	5122,55	5396,57	4671,60	4758,36	5090,42	4930,74
C.V.(%)		8,47	7,23	8,12	7,04	6,63	10,27	8,70	10,99	4,80
\hat{h}_a^2		0,86	0,64	0,56	0,65	0,65	0,68	0,60	0,49	0,73
Continuação										
Fontes de Variação	Quadrado Médio (QM)									
	G. L.	PFU	PBR	PGR	SDJ	SGB	SLG	TAP	TPC	
Blocos	2	153550,49	271844,73	914851,77	14420,87	375610,88	4991897,64	2419206,89	237629,16	
Genótipos	35	277712,80**	604988,74**	754833,37*	702050,75**	178092,98**	476961,66**	984730,59**	752080,39**	
Resíduo	70	93864,62	169404,33	402697,83	337552,72	47572,97	163459,14	467267,60	90477,18	
Média		4327,02	4848,01	5801,52	4569,41	3680,84	4427,73	4197,18	5486,29	
C.V.(%)		7,08	8,49	10,94	12,71	5,93	9,13	16,29	5,48	
\hat{h}_a^2		0,66	0,72	0,47	0,52	0,73	0,66	0,53	0,88	

^{ns} não significativo, **, * significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente.