

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

**Integração de Variáveis Climáticas via Decomposição em Valores Singulares
para Predição da Interação Genótipo por Ambiente em Trigo**

Carla Galvão Fernandes
Doctor Scientiae

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2026**

CARLA GALVÃO FERNANDES

**Integração de Variáveis Climáticas via Decomposição em Valores Singulares
para Predição da Interação Genótipo por Ambiente em Trigo**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

Orientador: Moyses Nascimento

Coorientadores: Camila Ferreira Azevedo
Ivan Ricardo Carvalho

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

F363i
2026
Fernandes, Carla Galvão, 1994-
Integração de variáveis climáticas via decomposição em
valores singulares para predição da interação genótipo por
ambiente em trigo / Carla Galvão Fernandes. – Viçosa, MG,
2026.

1 tese eletrônica (39 f.): il. (algumas color.).

Texto em português e inglês.

Orientador: Moysés Nascimento.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Biologia Geral, 2026.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2026.477>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Trigo - Genética. 2. Interação genótipo-ambiente - Efeito
das mudanças climáticas. I. Nascimento, Moysés, 1979-.
II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia
Geral. Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 584.914

CARLA GALVÃO FERNANDES

**Integração de Variáveis Climáticas via Decomposição em Valores Singulares
para Predição da Interação Genótipo por Ambiente em Trigo**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 28 de maio de 2026.

Assentimento:

Carla Galvão Fernandes
Autora

Moyses Nascimento
Orientador

Essa tese foi assinada digitalmente pela autora em 26/08/2026 às 18:35:37 e pelo orientador em 27/08/2026 às 17:14:19. As assinaturas têm validade legal, conforme o disposto na Medida Provisória 2.200-2/2001 e na Resolução nº 37/2012 do CONARQ. Para conferir a autenticidade, acesse <https://siadoc.ufv.br/validar-documento>. No campo 'Código de registro', informe o código **WZ93.8PA1.QURN** e clique no botão 'Validar documento'.

AGRADECIMENTOS

A Deus e à Nossa Senhora, pela vida, pela proteção, pela força e por guiarem meus passos em todos os momentos.

Ao meu esposo, José Enrique Espitia, ao meu filho, Antônio Enrique, aos meus pais, Rita Galvão e Carlos Antônio Fernandes, e aos meus padrinhos, em especial ao padrinho Paulo e à madrinha Penha, pelo amor, incentivo e apoio incondicional ao longo desta caminhada. Vocês foram meu porto seguro em todos os momentos.

Aos demais padrinhos e madrinhas, familiares e amigos, pelo carinho, incentivo e apoio ao longo dessa trajetória, especialmente à Giovanna Aparecida, que esteve ao meu lado nos momentos mais difíceis da conclusão deste trabalho. Sua amizade e seu apoio fizeram toda a diferença.

A todos os professores que contribuíram para minha formação acadêmica, em especial ao meu orientador, Moyses Nascimento, e aos meus coorientadores, Camila Azevedo e Ivan Carvalho, pelos ensinamentos, pela orientação, pela confiança e pela oportunidade de aprendizado.

Ao Professor Fabyano Fonseca (in memoriam), por todo o conhecimento compartilhado, pelos ensinamentos e pelo exemplo de dedicação à pesquisa. Sua inspiração permanece presente em minha trajetória e em cada conquista alcançada. À Universidade Federal de Viçosa (UFV), pela oportunidade de realizar o curso de pós-graduação no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. Agradeço, em especial, ao secretário do Programa, Odilon, pela disponibilidade, atenção e auxílio ao longo dessa jornada.

Este trabalho foi realizado com o apoio das seguintes agências de pesquisa brasileiras: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

“Entre o semear e o colher, estão a fé em Deus, a persistência e o trabalho contínuo.”

RESUMO

FERNANDES, Carla Galvão, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2026. **Integração de Variáveis Climáticas via Decomposição em Valores Singulares para Predição da Interação Genótipo por Ambiente em Trigo.** Orientador: Moyses Nascimento. Coorientadores: Camila Ferreira Azevedo e Ivan Ricardo Carvalho.

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é uma das culturas agrícolas mais importantes para a segurança alimentar global e para a economia de diversos países. O desempenho dos genótipos é influenciado por fatores genéticos e ambientais, bem como pela interação entre esses componentes. Assim, compreender a interação genótipo $\times$ ambiente ($G \times E$) é essencial para o desenvolvimento e a recomendação de cultivares mais produtivas, adaptadas e resilientes. Entretanto, a elucidação dos mecanismos que estruturam essa interação requer a incorporação de covariáveis climáticas capazes de caracterizar quantitativamente os ambientes de cultivo e explicar os fatores ambientais associados ao desempenho diferencial dos genótipos, especialmente em um cenário de crescente variabilidade climática. Embora métodos tradicionais permitam detectar e quantificar a interação $G \times E$, os ambientes são frequentemente tratados como fatores categóricos, limitando a interpretação biológica dos mecanismos ambientais associados ao desempenho dos genótipos. Nesse contexto, este estudo propôs uma abordagem gráfica baseada na decomposição em valores singulares (SVD) de covariáveis climáticas para caracterizar quantitativamente os ambientes e interpretar os padrões da interação $G \times E$ em trigo. Foram utilizados dados de 42 genótipos de trigo avaliados em dez ambientes, definidos pela combinação de dois anos agrícolas e cinco locais do estado do Rio Grande do Sul, em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. As covariáveis climáticas, incluindo temperatura do ar, umidade relativa e precipitação, foram obtidas a partir do banco de dados NASA POWER, considerando os anos agrícolas e as coordenadas geográficas de cada ambiente experimental. A interação $G \times E$ foi investigada por meio do modelo AMMI, enquanto a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos foram avaliadas utilizando o índice WAASY. Adicionalmente, a abordagem baseada em SVD permitiu caracterizar os ambientes e identificar gradientes climáticos associados aos padrões de produtividade. Os resultados evidenciaram que os ambientes E6 e E8 apresentaram maior produtividade e foram caracterizados por condições associadas à maior umidade relativa do ar e à precipitação, enquanto ambientes menos produtivos estiveram associados a variáveis relacionadas à temperatura. A abordagem proposta permitiu identificar

gradientes climáticos, agrupamentos de ambientes semelhantes e fatores meteorológicos relacionados ao desempenho diferencial dos genótipos. Conclui-se que a integração de covariáveis climáticas via SVD amplia a interpretação biológica da interação $G \times E$ ao permitir a caracterização quantitativa dos ambientes experimentais, evidenciando gradientes climáticos e associando padrões de produtividade a variáveis específicas de temperatura, umidade relativa e precipitação, fornecendo subsídios para estratégias de seleção e recomendação de cultivares mais adaptadas às condições ambientais.

Palavras-chave: Palavras-chave: adaptabilidade e estabilidade fenotípica; índice WAASY; caracterização ambiental; SVD.

ABSTRACT

FERNANDES, Carla Galvão, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2026. **Integration of Climatic Variables via Singular Value Decomposition for Predicting Genotype-by-Environment Interaction in Wheat.** Adviser: Moyses Nascimento. Co-advisers: Camila Ferreira Azevedo and Ivan Ricardo Carvalho.

Wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the most important agricultural crops for global food security and the economies of several countries. The performance of genotypes is influenced by genetic and environmental factors, as well as by their interaction. Therefore, understanding the genotype $\times$ environment ($G \times E$) interaction is essential for the development and recommendation of more productive, adapted, and resilient cultivars. However, elucidating the mechanisms underlying this interaction requires the incorporation of weather covariates capable of quantitatively characterizing growing environments and explaining environmental factors associated with differential genotype performance, particularly in the context of increasing weather variability. Although traditional methods allow the detection and quantification of $G \times E$ interaction, environments are often treated as categorical factors, limiting the biological interpretation of the underlying environmental mechanisms. In this context, this study proposes a graphical approach based on singular value decomposition (SVD) of climatic covariates to quantitatively characterize environments and interpret $G \times E$ interaction patterns in wheat. Data from 42 wheat genotypes evaluated in ten environments, defined by the combination of two growing seasons and five locations in the state of Rio Grande do Sul, Brazil, were analyzed in a randomized complete block design with four replications. Weather covariates, including air temperature, relative humidity, and precipitation, were obtained from the NASA POWER database, considering the growing seasons and geographic coordinates of each experimental site. The $G \times E$ interaction was investigated using the AMMI model, while genotype adaptability and stability were assessed using the WAASY index. Additionally, the SVD-based approach enabled the characterization of environments and the identification of climatic gradients associated with yield patterns. Results showed that environments E6 and E8 exhibited higher grain yield and were characterized by climatic conditions associated with higher relative humidity and precipitation, whereas lower-yielding environments were associated with temperature-related variables. The proposed approach allowed the identification of climatic gradients, clustering of similar environments, and meteorological drivers of differential genotype performance. It is concluded that the integration of climatic covariates via

SVD enhances the biological interpretation of the $G \times E$ interaction by enabling the quantitative characterization of experimental environments, revealing climatic gradients and associating yield patterns with specific variables such as temperature, relative humidity, and precipitation, thereby supporting breeding strategies for the selection and recommendation of cultivars better adapted to environmental conditions.

Keywords: phenotypic adaptability and stability; WAASY index; environmental characterization; SVD

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	10
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	12
2.1. Contexto da cultura do trigo e os desafios impostos pela variabilidade climática	12
2.2. Conceitos e importância biológica da interação genótipo × ambiente	12
2.2.1. A Análise de Variância (ANOVA)	16
2.2.2. Biplots e decomposição em valores singulares aplicados à interação genótipo × ambiente	17
2.2.3. AMMI	18
2.2.4. Índices baseados nas análises AMMI	19
2.2.4.1. Weighted Average of Absolute Scores - WAAS	19
2.2.4.2. Índice WAASY	20
2.3. Covariáveis climáticas e caracterização ambiental	21
2.4. Relações entre fenologia, variáveis climáticas e produtividade do trigo: uma abordagem fisiológica da interação genótipo × ambiente	22
3. REFERÊNCIAS	25
4. ARTIGO CIENTÍFICO.....	29
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	38

1. INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é um dos cereais de maior importância econômica e alimentar em escala global, constituindo uma das principais fontes de calorias e proteínas para a população mundial ([OECD-FAO, 2025](#)). No Brasil, a cultura do trigo tem apresentado expansão significativa sendo historicamente concentrada na região Sul, mas com avanço crescente para áreas do Cerrado ([Nóia Júnior et al., 2024](#)). No entanto, o aumento sustentável da produção de trigo é condicionado pela interação entre fatores bióticos e ambientais ([Nóia Júnior et al., 2024](#)).

A interação genótipo x ambiente ($G \times E$) é o componente central dessa dinâmica, refletindo a sensibilidade diferencial dos materiais genéticos frente às variações do ambiente. Tal fenômeno compromete a estabilidade do rendimento e impõe desafios significativos à seleção de genótipos com desempenho consistente em diferentes cenários de cultivo. Dessa forma, a compreensão e a quantificação da interação $G \times E$ são essenciais para orientar estratégias de melhoramento genético e subsidiar a expansão produtiva da cultura ([Jędzura; Bocianowski; Matysik, 2023](#)).

A presença da interação $G \times E$ pode ser identificada por meio de métodos estatísticos que estimam e avaliam a significância do componente de variância associado a essa interação. Uma vez constatada sua significância, torna-se necessário empregar metodologias capazes de detalhar o comportamento dos genótipos nos ambientes avaliados, permitindo sua classificação quanto à adaptabilidade e à estabilidade fenotípica ([Olivoto et al., 2019a](#); [Singamsetti et al., 2021](#)).

Entre as abordagens mais utilizadas para esse fim, destaca-se o modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI), que é amplamente utilizada na análise da interação $G \times E$ em ensaios multiambientais ([Zobel et al., 1988](#); [Gauch et al., 2008](#); [Jędzura; Bocianowski; Matysik, 2023](#)). Esse modelo combina a análise de variância dos efeitos principais com a análise de componentes principais aplicada ao termo de interação, possibilitando a representação gráfica dos padrões de $G \times E$ por meio de biplots obtidos pela decomposição em valores singulares ([Gauch & Zobel, 1990](#); [Kempton, 1984](#)). Essa abordagem permite identificar genótipos com ampla adaptação, bem como padrões de adaptação específica a determinados ambientes ([Crossa, 1990](#)).

Com o objetivo de aprimorar a tomada de decisão em programas de melhoramento, diversos índices baseados no modelo AMMI foram propostos para integrar as informações do desempenho produtivo e estabilidade em uma única métrica. Nesse contexto [Olivoto et al. \(2019b\)](#) propuseram o índice *Weighted Average of Absolute Scores* (WAASY), bem como o WAASBY, que pondera simultaneamente a estabilidade e a produtividade (especialmente quando fundamentado em valores BLUP), oferecendo uma ferramenta de seleção robusta e de fácil interpretação. Esse índice apresenta vantagens em relação a abordagens que consideram o rendimento ou a estabilidade de forma isolada, como o modelo de regressão linear de [Eberhart & Russell \(1966\)](#). Além disso, apresenta vantagens complementares em relação a métodos essencialmente gráficos, a exemplo dos biplots GGE ([Yan et al., 2000](#)) e da Metodologia dos Múltiplos Centroides ([Nascimento et al., 2009](#)), ao fornecer uma métrica

quantitativa única que integra a performance produtiva à estabilidade baseada em modelos mistos.

Entretanto, análises tradicionais da interação $G \times E$ frequentemente consideram os ambientes como unidades categóricas, desconsiderando os fatores ambientais subjacentes que também podem influenciar o desempenho dos genótipos. Diante do aumento da variabilidade climática e da ocorrência mais frequente de eventos extremos, a incorporação de covariáveis meteorológicas (CM) em estudos de $G \times E$ torna-se cada vez mais relevante. O uso dessas covariáveis possibilita uma caracterização ambiental mais precisa, contribuindo para uma melhor interpretação das interações, maior acurácia na predição do desempenho genotípico e o desenvolvimento de estratégias de melhoramento mais direcionadas às condições climáticas ([Azevedo et al., 2023](#)).

Além da resposta dos genótipos, a avaliação das relações entre os ambientes com base em suas características climáticas fornece informações adicionais sobre similaridade e diferenciação ambiental. Abordagens gráficas que integram a produtividade média padronizada com componentes principais derivados de matrizes de covariáveis meteorológicas permitem uma compreensão mais abrangente da interação entre genótipos, ambientes e fatores climáticos ([Azevedo et al., 2023](#)).

Diante desse contexto, este estudo teve como objetivo propor uma abordagem gráfica baseada na decomposição em valores singulares (SVD) aplicada às covariáveis meteorológicas, visando caracterizar quantitativamente os ambientes experimentais e explorar sua relação com os padrões da interação genótipo $\times$ ambiente em trigo, bem como identificar genótipos com elevada adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Para a classificação dos genótipos, foi utilizado o índice WAASY, por ser compatível com a abordagem de efeitos fixos adotada pelo modelo AMMI neste estudo, integrando simultaneamente o desempenho médio e a estabilidade fenotípica estimada a partir dos escores da interação. Diferentemente do WAASBY, cuja aplicação está fundamentada em modelos mistos e na utilização de BLUPs para a estimação da estabilidade, o WAASY mostrou-se mais coerente com os objetivos da pesquisa, que consistiram na interpretação dos padrões da interação $G \times E$ e sua associação com covariáveis meteorológicas em um conjunto específico de genótipos e ambientes experimentais, fornecendo subsídios para a seleção e recomendação de cultivares em condições ambientais contrastantes.

Este trabalho está estruturado em dois capítulos. No Capítulo 1, é apresentada uma revisão de literatura abordando os principais conceitos relacionados à cultura do trigo, à interação $G \times E$, aos métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade, bem como à incorporação de covariáveis meteorológicas. No Capítulo 2, são apresentados os resultados da tese na forma de um artigo científico, no qual se propõe e aplica uma abordagem baseada na decomposição em valores singulares (SVD) de covariáveis climáticas para caracterizar ambientes e interpretar a interação $G \times E$ em trigo, considerando também sua relação com o desempenho produtivo dos genótipos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Contexto da cultura do trigo e os desafios impostos pela variabilidade climática

O trigo (*Triticum aestivum* L.) constitui uma das principais culturas agrícolas em escala global, desempenhando papel central na segurança alimentar em virtude de sua expressiva contribuição para o fornecimento de energia, proteínas e outros nutrientes essenciais à dieta humana. Sua ampla utilização na alimentação, por meio de diferentes produtos derivados, como pães, massas e biscoitos, reforça sua relevância nutricional e social. Além disso, trata-se de uma cultura de elevada importância econômica, uma vez que sustenta cadeias produtivas complexas e altamente integradas, com impacto direto na geração de renda e na dinâmica do mercado de grãos em nível internacional ([OECD-FAO, 2025](#)).

No Brasil, o trigo apresenta importância estratégica no contexto agrícola, embora a produção nacional ainda seja insuficiente para atender integralmente à demanda interna, resultando na necessidade de importações para complementação do abastecimento ([Nóia Júnior et al., 2024](#)). A produção está concentrada principalmente na região Sul, com destaque para os estados do Rio Grande do Sul e Paraná, responsáveis pela maior parcela da produção nacional, além de contribuições pontuais de outras regiões em sistemas de cultivo específicos ([CONAB, 2026](#)). Apesar dos avanços tecnológicos incorporados aos sistemas de produção, a cultura ainda apresenta desafios relacionados à sua expansão e consolidação em diferentes ambientes edafoclimáticos ([Nóia Júnior et al., 2024](#)). Nesse contexto, o melhoramento genético assume papel central no aumento da competitividade da triticultura brasileira, por meio do desenvolvimento de cultivares mais produtivas, adaptadas e responsivas às condições de cultivo predominantes no país.

A produtividade do trigo está diretamente associada às condições ambientais predominantes ao longo de seu ciclo de desenvolvimento, sendo fortemente influenciada por variáveis climáticas como temperatura do ar, precipitação e umidade relativa. Esses fatores exercem efeitos diretos sobre processos fisiológicos essenciais da cultura, incluindo germinação, crescimento vegetativo, florescimento e enchimento de grãos, determinando, em grande medida, o desempenho final das cultivares ([Jiang et al., 2025](#); [Becker et al., 2025](#)). Entretanto, a magnitude e o sentido desses efeitos podem variar conforme o estágio fenológico da planta, o que torna a resposta da cultura altamente dinâmica ao longo do ciclo produtivo. Dessa forma, a variabilidade climática não apenas influencia a produtividade do trigo, mas também contribui para a complexidade da interação $G \times E$, evidenciando a necessidade de abordagens analíticas capazes de integrar essas informações de forma quantitativa.

Nesse contexto, a interação genótipo $\times$ ambiente representa um dos principais mecanismos responsáveis pela variabilidade observada no desempenho produtivo dos genótipos, sendo fundamental sua compreensão para o desenvolvimento de estratégias de melhoramento mais eficientes.

2.2. Conceitos e importância biológica da interação genótipo $\times$ ambiente

O desempenho fenotípico de um genótipo resulta da ação conjunta dos efeitos genéticos,

ambientais e da interação estabelecida entre esses componentes. Dessa forma, além das diferenças atribuídas ao genótipo (G) e ao ambiente (E), a expressão de uma determinada característica pode ser modificada pela maneira como cada genótipo responde às condições ambientais às quais é submetido. Esse fenômeno é denominado interação genótipo $\times$ ambiente ($G \times E$) e representa um dos principais fatores responsáveis pela variação observada no desempenho de cultivares avaliadas em diferentes locais, anos agrícolas ou sistemas de cultivo ([Allard & Bradshaw, 1964](#); Falconer & Mackay, 1996; [Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012](#)).

A interação $G \times E$ ocorre quando diferentes genótipos apresentam respostas distintas diante das variações ambientais, fazendo com que o comportamento relativo dos materiais genéticos não permaneça constante entre os ambientes avaliados. Assim, um genótipo que apresenta superioridade em determinada condição ambiental pode não manter o mesmo desempenho quando submetido a outro ambiente. Essa resposta diferencial está associada às diferenças fisiológicas, bioquímicas e genéticas existentes entre os genótipos, as quais determinam sua capacidade de utilização dos recursos disponíveis e de adaptação às condições ambientais, incluindo variações de temperatura, disponibilidade hídrica, radiação solar, fertilidade do solo e ocorrência de fatores bióticos ([Allard & Bradshaw, 1964](#); Falconer & Mackay, 1996; [Piepho, 1998](#)).

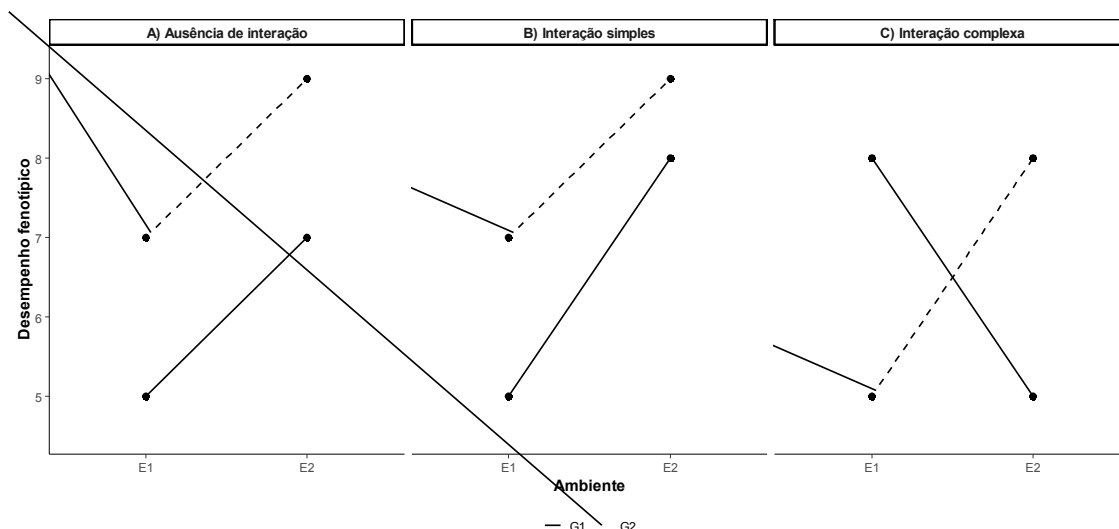
Sob a perspectiva estatística, o efeito principal do genótipo representa as diferenças médias entre os materiais genéticos considerando todos os ambientes avaliados, enquanto o efeito principal do ambiente corresponde às diferenças médias entre ambientes, refletindo a influência conjunta dos fatores edafoclimáticos e de manejo. A interação $G \times E$ representa, portanto, a parcela da variação fenotípica decorrente da resposta diferencial dos genótipos aos ambientes, indicando que o desempenho relativo dos materiais não pode ser explicado exclusivamente pelos efeitos médios de genótipo e ambiente ([Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012](#); [Piepho, 1998](#)).

Nos programas de melhoramento genético, a interação $G \times E$ apresenta grande importância, pois interfere diretamente na eficiência da seleção e na recomendação de cultivares. Quando significativa, pode provocar alterações na classificação dos genótipos entre ambientes, reduzindo a eficiência da seleção baseada em avaliações conduzidas em poucos locais ou anos agrícolas. Nessas situações, torna-se necessário avaliar não apenas o potencial produtivo dos genótipos, mas também sua adaptabilidade e estabilidade fenotípica, permitindo identificar materiais com ampla adaptação ou aqueles adaptados a ambientes específicos ([Allard & Bradshaw, 1964](#); [Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012](#); [Jędzura, Bocianowski & Matysik, 2023](#)).

A adaptabilidade refere-se à capacidade de um genótipo expressar desempenho favorável sob determinadas condições ambientais, enquanto a estabilidade está relacionada à consistência e previsibilidade dessa resposta diante das variações ambientais. Embora sejam conceitos distintos, ambos são complementares e constituem critérios fundamentais para a recomendação de cultivares, especialmente em regiões caracterizadas por elevada heterogeneidade ambiental ou por maior

variabilidade climática ([Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012](#); [Jędzura, Bocianowski & Matysik, 2023](#)).

Figura 1 Representação esquemática dos padrões de resposta de genótipos em diferentes ambientes: (A) ausência de interação genótipo $\times$ ambiente; (B) interação simples; e (C) interação complexa.



Fonte: Adaptado de Cruz e Castoldi (1991).

A representação esquemática apresentada na Figura 1 ilustra os principais padrões de resposta dos genótipos frente às variações ambientais. Na ausência de interação $G \times E$ (Figura 1A), a diferença de desempenho entre os genótipos permanece constante em todos os ambientes, indicando que o ambiente influencia a magnitude média da característica avaliada, sem modificar a superioridade relativa dos materiais. Nessa situação, a seleção pode ser realizada com base no desempenho médio dos genótipos, uma vez que sua classificação permanece inalterada.

Na interação simples (Figura 1B), embora a magnitude das diferenças entre os genótipos varie entre os ambientes, a ordem de classificação permanece a mesma. Assim, o genótipo de melhor desempenho continua superior em todos os ambientes, diferindo apenas na intensidade de sua vantagem produtiva. Esse tipo de interação possui menor impacto sobre os programas de melhoramento, pois não compromete significativamente a recomendação de cultivares.

Por outro lado, na interação complexa (Figura 1C), observa-se a inversão da classificação dos genótipos entre os ambientes, caracterizando o fenômeno conhecido como *crossover interaction*. Nesse caso, um genótipo pode apresentar desempenho superior em determinado ambiente e inferior em outro, dificultando a identificação de materiais amplamente adaptados e tornando a recomendação de cultivares dependente das condições ambientais em que serão cultivadas. Esse tipo de interação possui maior relevância prática para o melhoramento genético, pois reduz a eficiência da seleção baseada apenas no desempenho médio e evidencia a necessidade de métodos capazes de quantificar a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos em diferentes ambientes (Cruz & Castoldi, 1991).

Dessa forma, a correta caracterização da interação $G \times E$ constitui uma etapa essencial na avaliação de ensaios multiambientais. Entretanto, sua simples identificação não é suficiente para

compreender os padrões de adaptação dos genótipos ou os fatores responsáveis pelas diferenças observadas entre ambientes. Por essa razão, diferentes metodologias estatísticas foram desenvolvidas para detectar, quantificar e interpretar essa interação.

A evolução dessas metodologias acompanhou o desenvolvimento dos programas de melhoramento genético e a crescente realização de ensaios em múltiplos ambientes. Um dos primeiros avanços ocorreu com os trabalhos de [Fisher e Mackenzie \(1923\)](#), que introduziram a análise de variância (ANOVA) aplicada à genética quantitativa. A decomposição da variação fenotípica nos componentes de genótipo (G), ambiente (E) e interação genótipo $\times$ ambiente (G $\times$ E) representou um marco para a experimentação agrícola, pois permitiu quantificar estatisticamente a contribuição relativa de cada fonte de variação para o desempenho dos genótipos.

Com a ampliação dos ensaios conduzidos em diferentes locais e anos agrícolas, tornou-se evidente que apenas detectar a existência da interação G $\times$ E não era suficiente para explicar o comportamento diferencial dos genótipos. Nesse contexto, [Finlay e Wilkinson \(1963\)](#) propuseram um modelo de regressão linear baseado em índices ambientais para descrever a resposta dos genótipos às variações ambientais. Posteriormente, [Eberhart e Russell \(1966\)](#) aperfeiçoaram essa abordagem ao incorporar uma medida de estabilidade associada aos desvios da regressão, permitindo avaliar simultaneamente a adaptabilidade e a previsibilidade do desempenho dos genótipos.

O avanço das técnicas multivariadas proporcionou uma nova perspectiva para a interpretação da interação G $\times$ E. [Gabriel \(1971\)](#) introduziu o conceito de *biplot*, técnica baseada na decomposição em valores singulares (SVD), que possibilita representar, em um único gráfico, os genótipos e os ambientes. Essa abordagem tornou mais intuitiva a visualização dos padrões de adaptação, da similaridade entre ambientes e da estabilidade dos genótipos.

Com base nesses avanços, [Kempton \(1984\)](#) aplicou métodos multivariados à análise de ensaios agrícolas, propondo a separação explícita da interação G $\times$ E em componentes multiplicativos, ideia que posteriormente fundamentou o desenvolvimento do modelo AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*). A consolidação desse modelo ocorreu com os trabalhos de [Zobel et al. \(1988\)](#), que demonstraram sua superioridade em relação à ANOVA tradicional, à análise de componentes principais aplicada aos dados brutos e aos modelos de regressão linear, como os propostos por [Finlay e Wilkinson \(1963\)](#) e [Tukey \(1949\)](#). O modelo AMMI combina os efeitos principais aditivos de genótipos e ambientes com a decomposição multiplicativa da interação, permitindo concentrar grande parte da variação em poucos componentes principais de fácil interpretação.

Dessa forma, a correta caracterização da interação G $\times$ E constitui uma etapa essencial na avaliação de ensaios multiambientais. Entretanto, sua simples identificação não é suficiente para compreender os padrões de adaptação e estabilidade dos genótipos. Por essa razão, diversas metodologias estatísticas foram desenvolvidas ao longo das últimas décadas para detectar, quantificar e interpretar essa interação.

As primeiras abordagens basearam-se na análise de variância (ANOVA), introduzida por [Fisher e Mackenzie \(1923\)](#), que possibilitou decompor a variação fenotípica em efeitos de genótipos, ambientes e da interação entre ambos. Posteriormente, modelos de regressão, como os propostos por [Finlay e Wilkinson \(1963\)](#) e [Eberhart e Russell \(1966\)](#), passaram a descrever a resposta dos genótipos às variações ambientais, incorporando os conceitos de adaptabilidade e estabilidade.

O desenvolvimento de métodos multivariados representou um importante avanço na interpretação da interação $G \times E$. Nesse contexto, destacam-se o modelo AMMI, que combina a ANOVA com a análise de componentes principais ([Zobel et al., 1988](#)), o GGE *biplot*, que considera conjuntamente os efeitos do genótipo e da interação ([Yan & Tinker, 2006](#)), e, mais recentemente, os índices WAAS e WAASY, propostos por [Olivoto et al. \(2019b\)](#), que integram informações de estabilidade e desempenho médio em um único critério de seleção.

Essas metodologias diferem quanto aos pressupostos estatísticos, à forma de interpretar a interação $G \times E$ e às informações fornecidas para a recomendação de cultivares. Nas seções seguintes, são apresentados os métodos que servem de base para este estudo, incluindo a análise de variância (ANOVA), a decomposição em valores singulares (SVD) e sua representação por biplots, o modelo AMMI e os índices WAAS e WAASY.

2.2.1. A Análise de Variância (ANOVA)

A análise de variância (ANOVA) constitui o procedimento estatístico inicial para avaliar a presença e a magnitude da interação $G \times E$ em ensaios multiambientais ([Gauch, 1988](#)). Esse método permite decompor a variação total observada em diferentes componentes associados aos efeitos de genótipos, ambientes e à interação entre esses fatores.

O modelo linear clássico para experimentos multiambientais pode ser expresso como:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + E_j + B_{k(j)} + (G \times E)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que: Y_{ij} é a resposta observada do genótipo i no ambiente j e bloco K ; μ é a média geral do experimento; G_i é o efeito do genótipo i ; E_j é o efeito do ambiente j ; $B_{k(j)}$ é o efeito do bloco k dentro do ambiente j ; $(G \times E)_{ij}$ é o efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j ; ε é o erro aleatório, $\varepsilon_{ijk} \xrightarrow{i.i.d.} N(0, \sigma^2)$.

A partir da decomposição da variância total em seus componentes conhecidos, é possível testar a significância estatística dos efeitos principais e da interação. Considerando o modelo de efeitos fixos, estabelecem-se as seguintes hipóteses testadas:

- Para o efeito de genótipo (G):

$$H_{0G}: G_i = 0, \forall i$$

$$H_{1G}: G_i \neq 0, \text{ para pelo menos um } i$$

- Para o efeito de ambiente (E)

$$H_{0A}: E_i = 0, \forall j$$

$$H_{1A}: E_i \neq 0, \text{ para pelo menos um } j$$

- Para a interação genótipo x ambiente ($G \times E$):

$$H_{0G \times E}: (G \times E)_{ij} = 0, \forall i, j$$

$$H_{1G \times E}: (G \times E)_{ij} \neq 0, \text{ para pelo menos uma combinação } (i, j)$$

A estrutura da análise de variância para ensaios multiambientais é apresentada na Tabela 1.

Tabela 1. Esquema da análise de variância (ANOVA) conjunta para ensaios multiambientais em delineamento em blocos casualizados (DBC), sob o modelo de efeitos fixos.

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F cal.
Genótipos	$G - 1$	SQG	QMG	QMG/QMGE*
Ambientes	$E - 1$	SQE	QME	QME/QMB(E)*
Blocos/ambientes	$E(r - 1)$	SQB(E)	QMB(E)	
Genótipos x Ambiente	$(G - 1)(E - 1)$	SQGE	QMGE	QMGE/QMErro
Erro	$E(G - 1)(r - 1)$	SQErro	QMErro	
Total	$GEr - 1$	SQTotal		

Em que **G** representa o número de genótipos avaliados, **E** o número de ambientes, **r** o número de blocos (repetições), **GL** os graus de liberdade, **SQ** a soma de quadrados e **QM** o quadrado médio.

O valor calculado (F cal.) é confrontado com o valor crítico da distribuição F de Snedecor (F crítico), considerando-se os respectivos graus de liberdade do numerador e do denominador para um nível de significância pré-estabelecido (geralmente, $\alpha = 0,05$). A tomada de decisão baseia-se no seguinte critério: Se $F_{\text{calc}} > F_{\text{crítico}}$, rejeita-se a hipótese nula ao nível de significância estabelecido, indicando evidência estatística de efeito significativo para a fonte de variação avaliada.

A rejeição da hipótese nula associada à interação $G \times E$ confirma que o desempenho dos genótipos não é consistente através dos ambientes, o que limita a eficiência da seleção baseada apenas nas médias gerais. Dessa forma, apesar de sua utilidade para detectar a existência da interação, a ANOVA apresenta limitações quanto à interpretação biológica da interação $G \times E$, uma vez que o termo de interação é tratado de forma agregada (Gauch, 1988). Por essa razão, métodos multivariados baseados na decomposição da matriz de interação foram desenvolvidos para explorar a estrutura dessa variabilidade, permitindo identificar padrões de associação entre genótipos e ambientes.

2.2.2. Biplots e decomposição em valores singulares aplicados à interação genótipo $\times$ ambiente

Os biplots constituem ferramentas gráficas baseadas na decomposição em valores singulares (*Singular Value Decomposition* – SVD), permitindo a representação simultânea de linhas e colunas de uma matriz em um espaço de baixa dimensão (Gabriel, 1971). No contexto da interação $G \times E$, os biplots possibilitam a visualização conjunta do desempenho dos genótipos e da discriminação dos ambientes, facilitando a identificação de padrões de adaptação e similaridade ambiental (Zobel et al., 1988).

Seja **Z** a matriz de interação de dimensão $G \times E$, cujos elementos z_{ij} representam os desvios da média geral associados ao genótipo i no ambiente j . A decomposição em valores singulares pode ser

expressa como:

$$\mathbf{Z} = \mathbf{U}\mathbf{\Lambda}\mathbf{V}^T,$$

em que: $\mathbf{U}$ é a matriz ortogonal de dimensão $G \times E$, cujas colunas são os autovetores de $\mathbf{Z}\mathbf{Z}^T$, associada aos escores dos genótipos; $\mathbf{V}$ é a matriz ortogonal de dimensão $E \times E$, cujas colunas são os autovetores de $\mathbf{Z}^T\mathbf{Z}$ associada aos escores dos ambientes; $\mathbf{\Lambda}$ é uma matriz diagonal contendo os valores singulares λ_k que correspondem à raiz quadrada dos autovalores de $\mathbf{Z}\mathbf{Z}^T$ ou $\mathbf{Z}^T\mathbf{Z}$, ordenados de forma decrescente.

A aproximação em baixa dimensão, utilizada para a construção do biplot, é obtida retendo-se apenas os primeiros k primeiros componentes:

$$\hat{\mathbf{Z}} = \mathbf{U}_k\mathbf{\Lambda}_k\mathbf{V}_k^T$$

Essa decomposição permite a construção de gráficos bidimensionais nos quais a proximidade entre pontos pode indicar padrões semelhantes de resposta, bem como associações entre genótipos e ambientes, de acordo com o modelo e a parametrização adotados. Dessa forma, os biplots favorecem a interpretação da estrutura da interação $G \times E$ ao condensar grande parte da variabilidade nos primeiros componentes principais. Adicionalmente, a interpretação dos biplots não se restringe à proximidade entre os pontos. Em biplots baseados na decomposição em valores singulares, relações geométricas entre os vetores podem auxiliar na interpretação da associação entre genótipos e ambientes. Dependendo do modelo empregado e da forma de escalonamento utilizada, o ângulo entre os vetores pode fornecer informações sobre a direção e a intensidade da associação entre os elementos representados, enquanto o comprimento dos vetores pode refletir sua contribuição para a variabilidade capturada pelos componentes principais ou sua capacidade discriminatória. No entanto, a interpretação dessas propriedades geométricas depende das características do método utilizado e da proporção de variância explicada pelos eixos retidos, devendo ser realizada com cautela para evitar conclusões baseadas em representações excessivamente simplificadas.

2.2.3. AMMI

O modelo AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction*) integra a análise de variância dos efeitos principais de genótipos e ambientes com a decomposição multiplicativa da interação GE por meio da análise de componentes principais (PCA) ou, de forma equivalente, pela SVD. Essa combinação permite separar o padrão sistemático da interação do ruído experimental, concentrando a informação relevante em poucos eixos interpretáveis.

Matematicamente, o modelo AMMI para o rendimento do genótipo i no ambiente j é expresso por:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + E_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij}.$$

Em que: λ_k é o valor singular associado ao componente principal da interação k ($IPCA_k$ – *Interaction Principal Component Axes*); α_{ik} e γ_{jk} são os escores do genótipo i e do ambiente j no

componente k , respectivamente; n é o número de eixos retidos no modelo; ρ_{ij} representa o resíduo da interação não explicado pelos n eixos; ε_{ij} é o erro experimental médio.

Os IPCAs, por serem ortogonais entre si, permitem a identificação de genótipos com ampla adaptação, caracterizados por escores próximos de zero, bem como daqueles com adaptação específica, associados a escores de maior magnitude. A representação gráfica por meio de biplots AMMI facilita a interpretação desses padrões, possibilitando a análise conjunta da estabilidade e do desempenho produtivo. A precisão do modelo depende da escolha criteriosa do número de componentes principais da interação a serem retidos no modelo (n), frequentemente determinada por testes de significância como o de [Gollob \(1968\)](#) ou por métodos de validação cruzada, com objetivo de maximizar a acurácia preditiva e evitar o sobre ajuste (overfitting) aos dados, conforme descrito por [Zobel et al. \(1988\)](#).

2.2.4. Índices baseados nas análises AMMI

A seleção de genótipos superiores em ensaios multiambientais foi aprimorada com o desenvolvimento de índices derivados do modelo AMMI, destacando-se o índice WAAS (*Weighted Average of Absolute Scores*).

Proposto por [Olivoto et al., \(2019b\)](#), o WAAS baseia-se nos escores absolutos dos componentes principais da interação $G \times E$, ponderados pela proporção da variância explicada por cada eixo, permitindo a quantificação objetiva da estabilidade fenotípica a partir das médias observadas nos ambientes avaliados.

De forma complementar, o índice WAASY (*Weighted Average of Absolute Scores and Yield*) possibilita a ponderação simultânea entre estabilidade (WAAS) e desempenho médio (Y), oferecendo uma ferramenta de seleção flexível e ajustável aos objetivos específicos dos programas de melhoramento genético ([Olivoto & Lúcio, 2020](#); [Pour-Aboughadareh et al., 2022](#)).

Assim, o uso conjunto desses índices permite identificar genótipos que conciliam elevado rendimento médio e comportamento produtivo estável em diferentes condições ambientais. A seguir serão descritos os índices WAAS e WAASY.

2.2.4.1. Weighted Average of Absolute Scores - WAAS

O índice WAAS (*Weighted Average of Absolute Scores*) foi proposto por [Olivoto et al. \(2019b\)](#) como uma medida de estabilidade fenotípica derivada do modelo AMMI, baseada nos escores absolutos dos componentes principais da interação $G \times E$ (IPCAs).

Diferentemente de abordagens que consideram apenas um único eixo da interação, o WAAS sintetiza a contribuição conjunta de múltiplos IPCAs, ponderando cada componente pela proporção da variância da interação por ele explicada.

O índice é calculado como a média ponderada dos valores absolutos dos escores IPCA associados a cada genótipo, sendo os pesos definidos pela fração da soma de quadrados da interação explicada por cada componente. Desta forma, genótipos com menores valores de WAAS apresentam menor contribuição para a interação $G \times E$ e, consequentemente, maior estabilidade fenotípica ao longo

dos ambientes avaliados.

Uma vantagem central do WAAS em relação a índices clássicos de estabilidade é sua capacidade de capturar a estrutura multidimensional da interação $G \times E$, sem depender de modelos de regressão específicos ou pressupostos de linearidade entre desempenho e ambiente. Além disso, por ser diretamente derivado do modelo AMMI, o WAAS é particularmente adequado para análises baseadas em médias fenotípicas.

O índice é definido como:

$$WAAS_i = \sum_{k=1}^K w_k |\alpha_{ik}|.$$

Em que: α_{ik} é o escore do i -ésimo genótipo no k -ésimo componente principal da interação (IPCA); w_k é o peso associado ao k -ésimo componente, definido como: $w_k = \frac{\lambda_k^2}{\sum_{k=1}^K \lambda_k^2}$; λ_k^2 corresponde à soma de quadrados explicada pelo k -ésimo IPCA; K é o número de componentes de componentes principais da interação retidos no modelo.

Assim, genótipos com menores valores de $WAAS_i$ apresentam maior estabilidade fenotípica, por contribuírem menos para a interação $G \times E$.

2.2.4.2. Índice WAASY

E Embora a estabilidade seja um atributo essencial, a seleção de genótipos superiores deve considerar simultaneamente o desempenho médio e a previsibilidade da resposta produtiva. Com esse propósito, [Olivoto et al. \(2019b\)](#) propuseram o índice WAASY (Weighted Average of Absolute Scores and Yield), que integra a produtividade média (Y) e a estabilidade fenotípica estimada pelo WAAS em uma única métrica de seleção.

O WAASY combina esses dois critérios por meio de ponderações definidas pelo pesquisador, permitindo ajustar a importância relativa entre rendimento e estabilidade de acordo com os objetivos do programa de melhoramento ou com as condições ambientais alvo. Assim, genótipos com alto rendimento médio e baixa contribuição para a interação $G \times E$ tendem a apresentar valores superiores de WAASY, sendo considerados mais desejáveis do ponto de vista agrônomo.

Do ponto de vista metodológico, o WAASY preserva a coerência com o modelo AMMI clássico, uma vez que tanto a produtividade média quanto o WAAS são estimados a partir das médias fenotípicas dos ensaios multiambientais.

Seja Y_i a média do genótipo i ao longo dos ambientes e $WAAS_i$ o índice de estabilidade fenotípica. Para Possibilitar a combinação dessas medidas, ambas são padronizadas para o intervalo $[0,1]$, de modo que:

$$Y_i^* = \frac{Y_i - \min(Y)}{\max(Y) - \min(Y)}$$
$$WAAS_i^* = \frac{\max(WAAS) - WAAS_i}{\max(WAAS) - \min(WAAS)}$$

Em que a ponderação de $WAASY_i$ é realizada de forma inversa, de modo que maiores valores correspondam a maior estabilidade. O índice combinado é então calculado como:

$$WAASY_i = \theta Y_i^* + (1 - \theta) WAAS_i^*$$

Em que:

- $\theta \in [0,1]$ representa o peso atribuído ao rendimento médio;
- $1 - \theta$ representa o peso atribuído à estabilidade

Assim, Valores elevados de $WAASY_i$ indicam genótipos simultaneamente produtivos e estáveis.

De forma integrada, o uso conjunto do AMMI, do índice WAAS e do índice WAASY permite explorar a estrutura da interação GE, quantificar estabilidade fenotípica e construir rankings equilibrados de seleção. Essa abordagem viabiliza a identificação de genótipos amplamente adaptados, bem como aqueles materiais com adaptação específica, além de apoiar decisões estratégicas de recomendação, estratificação ambiental e direcionamento de cruzamentos em programas de melhoramento.

2.3. Covariáveis climáticas e caracterização ambiental

Além da complexidade inerente à interação genótipo $\times$ ambiente ($G \times E$), as mudanças climáticas têm intensificado a variabilidade ambiental e ampliado a incerteza nos programas de melhoramento genético. Nesse contexto, abordagens recentes têm incorporado covariáveis climáticas à análise da interação $G \times E$, possibilitando uma compreensão mais abrangente da adaptação genotípica, da delimitação de mega ambientes e da otimização das estratégias de seleção.

Nesse cenário, bases meteorológicas globais, como o **NASA POWER** (Prediction of Worldwide Energy Resources), têm ampliado a disponibilidade de séries históricas espacialmente contínuas para a obtenção de dados agrometeorológicos de alta resolução ([Sparks, 2018](#)). O pacote **nasapower** atua como uma interface de programação de aplicações (*Application Programming Interface* – API) para essa base de dados da NASA, permitindo o acesso automatizado a variáveis climáticas, como temperatura do ar, precipitação, radiação solar, umidade relativa, velocidade do vento e outras informações meteorológicas, que podem ser integradas diretamente às análises estatísticas conduzidas em ensaios multiambientais.

A disponibilidade dessas informações possibilita a construção de índices ambientais específicos para as diferentes fases do desenvolvimento das culturas, permitindo que a caracterização dos ambientes deixe de se basear apenas na localização geográfica dos ensaios e passe a considerar as condições climáticas efetivamente experimentadas pelas plantas ao longo do ciclo de cultivo. Dessa forma, a caracterização ambiental torna-se mais dinâmica e biologicamente representativa, favorecendo a identificação dos fatores responsáveis pelas diferenças observadas entre os ambientes.

Estudos recentes têm demonstrado o potencial da integração entre covariáveis climáticas e métodos de análise da interação $G \times E$ [Jędzura; Bocianowski; Matysik, \(2023\)](#), por exemplo, combinaram o modelo AMMI, análises de agrupamento e covariáveis climáticas, como temperatura e

precipitação, para explicar os padrões da interação genótipo $\times$ ambiente e delimitar mega ambientes, aproximando a modelagem estatística dos processos ambientais que governam o desempenho das culturas.

Nesse contexto, uma das principais vantagens das metodologias baseadas na Decomposição em Valores Singulares (Singular Value Decomposition – SVD), empregadas em modelos como o AMMI, consiste na possibilidade de relacionar os escores dos Componentes Principais da Interação (Interaction Principal Component Axes – IPCAs) às variáveis ambientais. Essa abordagem permite investigar quais fatores meteorológicos, como temperatura, precipitação e radiação solar, estão associados à estrutura da interação $G \times E$, contribuindo para compreender as causas da sensibilidade diferencial dos genótipos entre os ambientes.

Assim, a incorporação de covariáveis climáticas representa um importante avanço na interpretação da interação $G \times E$, pois permite associar padrões estatísticos de adaptabilidade e estabilidade aos processos ambientais que os originam. Ao integrar informações meteorológicas às análises multivariadas baseadas na decomposição em valores singulares, torna-se possível identificar não apenas genótipos superiores, mas também compreender quais fatores climáticos exercem maior influência sobre seu desempenho em diferentes ambientes. Dessa forma, a caracterização ambiental deixa de possuir caráter exclusivamente descritivo e passa a contribuir para a explicação biológica da interação genótipo $\times$ ambiente, fornecendo subsídios para interpretações mais robustas e para estratégias de seleção mais eficientes em programas de melhoramento genético.

2.4. Relações entre fenologia, variáveis climáticas e produtividade do trigo: uma abordagem fisiológica da interação genótipo $\times$ ambiente

A produtividade do trigo é resultado da interação entre o potencial genético dos genótipos e as condições ambientais predominantes durante os diferentes estádios de desenvolvimento da cultura. Nesse contexto, a resposta produtiva não depende exclusivamente da disponibilidade média de recursos ambientais, mas também da ocorrência temporal de condições favoráveis ou adversas ao longo do ciclo da cultura. Dessa forma, a caracterização das condições climáticas associadas às fases fenológicas do trigo constitui uma abordagem fundamental para compreender os mecanismos ambientais envolvidos na expressão diferencial dos genótipos e na manifestação da interação genótipo $\times$ ambiente ($G \times E$).

O ciclo de desenvolvimento do trigo é composto por diferentes fases fenológicas, incluindo germinação e emergência, perfilhamento, alongamento do colmo, espigamento, florescimento e enchimento de grãos. Cada uma dessas etapas apresenta exigências ambientais específicas e diferentes níveis de sensibilidade aos fatores climáticos. Assim, alterações na temperatura, disponibilidade hídrica e umidade relativa do ar ao longo do ciclo podem modificar processos fisiológicos determinantes para a formação do rendimento, influenciando componentes como número de espigas por área, número de grãos por espiga e massa de grãos ([Slafer & Rawson, 1994](#); [Fischer, 2011](#)).

A temperatura constitui um dos principais fatores ambientais que regulam o desenvolvimento do trigo, influenciando a duração das fases fenológicas, a taxa de crescimento e a definição do potencial produtivo. Temperaturas inadequadas durante a fase inicial podem comprometer processos relacionados à emergência e ao estabelecimento da cultura, enquanto temperaturas elevadas durante o período reprodutivo podem acelerar o desenvolvimento e reduzir o período disponível para a acumulação de biomassa. Particularmente, o período compreendido entre o espigamento e o enchimento de grãos apresenta elevada sensibilidade ao estresse térmico, uma vez que temperaturas acima da faixa ótima podem reduzir a fertilidade das espiguetas, afetar a síntese e translocação de fotoassimilados e comprometer a massa final dos grãos ([Fischer, 2011](#); [Asseng et al., 2015](#)).

Além da temperatura, a disponibilidade hídrica exerce papel determinante na produtividade do trigo, principalmente em ambientes sujeitos à ocorrência de déficit hídrico durante estádios críticos. A deficiência de água durante o florescimento pode reduzir a formação e a fertilização dos grãos, enquanto o déficit durante o enchimento limita a deposição de assimilados e reduz características associadas ao rendimento final, como peso de mil grãos. Por outro lado, condições adequadas de precipitação e disponibilidade hídrica favorecem a manutenção da atividade fotossintética e prolongam o período de enchimento dos grãos, contribuindo para maior produtividade ([Araus et al., 2002](#); [Farooq et al., 2014](#)).

A umidade relativa do ar também apresenta influência sobre o desempenho da cultura, especialmente por sua relação com a demanda evaporativa atmosférica, o balanço hídrico da planta e a ocorrência de doenças foliares. Ambientes com menor umidade relativa e elevada temperatura podem aumentar a demanda atmosférica por água, intensificando o estresse hídrico mesmo quando a precipitação acumulada apresenta valores semelhantes. Em contrapartida, condições de maior umidade relativa podem contribuir para a manutenção do estado hídrico das plantas, embora também possam favorecer a ocorrência de patógenos dependendo da interação com temperatura e duração do molhamento foliar.

Dessa forma, a influência dos fatores climáticos sobre a produtividade do trigo não deve ser analisada apenas considerando valores médios ambientais, mas também sua distribuição temporal ao longo das fases fenológicas da cultura. Ambientes classificados como semelhantes em termos geográficos podem apresentar condições climáticas distintas durante períodos críticos do desenvolvimento, resultando em respostas diferenciadas dos genótipos. Essa dinâmica contribui para a ocorrência da interação $G \times E$, uma vez que genótipos diferem quanto aos mecanismos fisiológicos associados à tolerância ao estresse térmico, à eficiência no uso da água e à capacidade de manter o rendimento sob condições ambientais contrastantes.

Nesse contexto, a incorporação de covariáveis climáticas em estudos de interação $G \times E$ permite superar a representação dos ambientes apenas como categorias experimentais, possibilitando sua caracterização com base em atributos ambientais mensuráveis. A associação entre variáveis meteorológicas e padrões de desempenho genotípico possibilita identificar gradientes ambientais

relacionados à produtividade e compreender quais condições climáticas estão associadas à diferenciação da resposta dos genótipos. Assim, abordagens fundamentadas na decomposição de estruturas multivariadas, como a decomposição em valores singulares (SVD), representam ferramentas promissoras para integrar informações climáticas e genéticas, contribuindo para uma interpretação biológica mais abrangente da interação $G \times E$ em ensaios multiambientais.

Diante desse contexto, torna-se evidente que a compreensão da interação $G \times E$ requer abordagens capazes de integrar a resposta dos genótipos às características ambientais que definem cada condição de cultivo. Embora métodos estatísticos tradicionais sejam fundamentais para quantificar a magnitude da interação, a incorporação de informações ambientais contínuas representa uma oportunidade para avançar na identificação dos fatores que estruturam os padrões de adaptação e estabilidade fenotípica. Dessa forma, a integração entre métodos multivariados baseados na decomposição em valores singulares e covariáveis climáticas constitui uma abordagem promissora para transformar a caracterização dos ambientes experimentais, permitindo associar padrões estatísticos da interação $G \times E$ a gradientes ambientais biologicamente interpretáveis.

Com base nessa premissa, o [Capítulo 4](#) desta tese apresenta o artigo científico intitulado "Genotype environment interaction in wheat including weather covariates using singular value decomposition", no qual é proposta e aplicada uma abordagem gráfica baseada na decomposição em valores singulares da matriz de covariáveis meteorológicas. Esse estudo busca caracterizar quantitativamente os ambientes experimentais e explorar sua relação com os padrões da interação genótipo $\times$ ambiente, integrando informações climáticas, desempenho produtivo e estabilidade fenotípica dos genótipos avaliados.

3. REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, v. 4, p. 503–508, 1964. DOI: 10.2135/cropsci1964.0011183X000400050021x.5/cropsci1964.0011183X000400050021x.3, p. 115–155, 1965. [https://doi.org/10.1016/S0065-2660\(08\)60048-6](https://doi.org/10.1016/S0065-2660(08)60048-6).
- ARAÚJO, M. S.; PAVAN, J. P. S.; STELLA, A. A.; FREGONEZI, B. F.; LIMA, N. F.; LELES, E. P.; SANTOS, M. F.; GOLDSMITH, P.; CHIGEZA, G.; DIERS, B. W.; PINHEIRO, J. B. Optimizing soybean variety selection for the Pan-African Trial network using factor analytic models and envirotyping. *Frontiers in Plant Science*, v. 16, 2025. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1594736>.
- ARAUS, J. L.; SLAFFER, G. A.; REYNOLDS, M. P.; ROYO, C. Plant breeding and drought in C3 cereals: what should we breed for? *Annals of Botany*, v. 89, n. 7, p. 925–940, 2002. DOI: <https://doi.org/10.1093/aob/mcf049>.
- ASSEN, S.; EWERT, F.; MARTRE, P. et al. Rising temperatures reduce global wheat production. *Nature Climate Change*, v. 5, p. 143–147, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1038/nclimate2470>.
- AZEVEDO, C. F.; BARRETO, C. A. V.; NASCIMENTO, M.; CARVALHO, I. R.; KEHL, K.; CRUZ, C. D.; NASCIMENTO, A. C. C. Genotype-by-environment interaction of wheat using Bayesian factor analytic models and environmental covariates. *Euphytica*, v. 219, n. 9, p. 95, 2023. <https://doi.org/10.1007/s10681-023-03223-z>
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**. Brasília, DF: Conab, v. 13, safra 2025/26, n. 9, 9. levantamento, jun. 2026. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras>. Acesso em: 30 jun. 2026.
- CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. In: KANG, M. S. (ed.). *Genotype-by-environment interaction and plant breeding*. New York: Springer, 1990. p. 55–85. [https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)60818-4](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60818-4)
- CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. L. Decomposição da interação genótipos $\times$ ambientes em partes simples e complexa. *Revista Ceres*, Viçosa, v. 38, n. 219, p. 422–430, 1991.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012. v. 1. 514 p.
- EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, v. 6, n. 1, p. 36–40, 1966. <https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4. ed. Harlow: Longman, 1996.
- FAROOQ, M.; HUSSAIN, M.; SIDDIQUE, K. H. M. et al. Water stress in wheat during flowering and grain filling periods. *Critical Reviews in Plant Sciences*, v. 33, n. 4, p. 331–349, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1080/07352689.2014.875291>.
- FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, v. 14, n. 6, p. 742–754, 1963. <https://doi.org/10.1071/AR9630742>
- FISCHER, R. A. Wheat physiology: a review of recent developments. *Crop & Pasture Science*, v. 62, n. 2, p. 95–114, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1071/CP10344>.

- FISHER, R. A.; MACKENZIE, W. A. Studies in crop variation. II. The manurial response of different potato varieties. *The Journal of Agricultural Science*, v. 13, n. 3, p. 311–320, 1923. <https://doi.org/10.1017/S0021859600003592>
- GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, v. 58, n. 3, p. 453–467, 1971. <https://doi.org/10.2307/2334381>
- GAUCH, H. G. Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics*, v. 44, n. 3, p. 705–715, 1988. <https://doi.org/10.2307/2531585>
- GAUCH, H. G.; PIEPHO, H.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. *Crop Science*, v. 48, n. 3, p. 866–889, 2008. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.09.0513>
- GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Imputing missing yield trial data. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 79, n. 6, p. 753–761, 1990. <https://doi.org/10.1007/BF00224240>
- GOLLOB, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychometrika*, v. 33, p. 73–115, 1968. DOI: <https://doi.org/10.1007/bf02289676>
- GUIJARRO-REAL, C.; MARTÍN-LAMMERDING, D.; GIRALDO, P.; BENAVENTE, E.; RUIZ, M. Environmental clues for yield performance and stability of Spanish bread wheat landraces. *Field Crops Research*, v. 322, p. 109729, 2025. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2024.109729>
- GUPTA, S.; YADAV, R.; GAIKWAD, K. B.; ARORA, A.; KUMAR, A.; KUSHWAH, A.; BAINSL A, N. K. Deciphering physiological basis of yield gain in India wheat cultivars. *Cereal Research Communications*, v. 45, n. 3, p. 512–524, 2017. <https://doi.org/10.1556/0806.45.2017.023>
- JĘDZURA, S.; BOCIANOWSKI, J.; MATYSIK, P. The AMMI model application to analyze the genotype–environment interaction of spring wheat grain yield for the breeding program purposes. *Cereal Research Communications*, v. 51, n. 1, p. 197–205, 2023. <https://doi.org/10.1007/s42976-022-00296-9>
- KEMPTON, R. A. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *The Journal of Agricultural Science*, v. 103, n. 1, p. 123–135, 1984. <https://doi.org/10.1017/S0021859600043392>
- KRAUSE, M. D.; DIAS, K. O. G.; SINGH, A. K.; BEAVIS, W. D. Using soybean historical field trial data to study genotype by environment variation and identify mega-environments with the integration of genetic and non-genetic factors. *Agronomy Journal*, v. 117, n. 1, 2025. <https://doi.org/10.1002/agj2.70023>
- MOHAMMADI, R.; ABDIPOUR, M.; RAHMATI, M.; ARMION, M.; MEHRI, N.; MEHRABAN, A. Genotype × environment interaction analysis and climatic factors impacts on grain yield in rainfed durum wheat trials in Iran. *BMC Plant Biology*, v. 25, n. 1, p. 1065, 2025. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-07099-0>
- MOHAMMADI, R.; ROOSTAEI, M.; ARMION, M.; ABDIPOUR, M.; RAHMATI, M.; SHAHBAZI, K. Deciphering genotype × environment interaction for grain yield in durum wheat: an integration of analytical and empirical approaches for increased yield stability and adaptability. *European Journal of Agronomy*, v. 168, p. 127656, 2025. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2025.127656>
- NASCIMENTO, M.; FERREIRA, A.; CAMPANA, A. C. M.; SALGADO, C. C.; CRUZ, C. D. Multiple centroid methodology to analyze genotype adaptability. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.

9, n. 1, p. 8–16, 2009. <https://doi.org/10.12702/1984-7033.v09n01a02>

NÓIA JÚNIOR, R. S.; NARDINO, M.; ELLI, E. F.; PEQUENO, D.; FRAISSE, C.; ASSENG, S. Achieving wheat self-sufficiency in Brazil. *Environmental Research Letters*, v. 19, n. 3, p. 031003, 2024. <https://doi.org/10.1088/1748-9326/ad26b8>

OECD-FAO (2025). *OECD-FAO agricultural outlook 2025–2034*. Paris: OECD Publishing, 2025. <https://doi.org/10.1787/601276cd-en>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. metan: an R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, v. 11, n. 6, p. 783–789, 2020. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. C.; SILVA, J. A. G.; MARCHIORO, V. S.; SOUZA, V. Q.; JOST, E. Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, v. 111, n. 6, p. 2949–2960, 2019b. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. C.; SILVA, J. A. G.; SARI, B. G.; DIEL, M. I. Mean performance and stability in multi-environment trials II: selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, v. 111, n. 6, p. 2961–2969, 2019a. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221>

PIEPHO, H. P. Empirical best linear unbiased prediction in cultivar trials using factor-analytic variance-covariance structures. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 97, n. 1–2, p. 195–201, 1998. DOI: <https://doi.org/10.1007/s001220050885>.

POUR-ABOUGHADAREH, A.; KHALILI, M.; POCZAI, P.; OLIVOTO, T. Stability indices to deciphering the genotype-by-environment interaction effect: an applicable review for use in plant breeding programs. *Plants*, v. 11, n. 3, p. 414, 2022. <https://doi.org/10.3390/plants11030414>

PURCHASE, J. L.; HATTING, H.; VAN DEVENTER, C. S. Genotype $\times$ environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: II. stability analysis of yield performance. *South African Journal of Plant and Soil*, v. 17, n. 3, p. 101–107, 2000. <https://doi.org/10.1080/02571862.2000.10634878>

RAIMONDO, M.; NAZZARO, C.; MAROTTA, G.; CARACCILOLO, F. Land degradation and climate change: global impact on wheat yields. *Land Degradation & Development*, v. 32, n. 1, p. 387–398, 2021. <https://doi.org/10.1002/ldr.3699>

SHCHUKLINA, O.; ANISKINA, T.; SHIROKOVA, A.; SHCHELKANOV, D.; BARANOVA, E. Assessment of stability and adaptability of wheat–wheatgrass hybrids using AMMI models. *Agronomy*, v. 15, n. 12, p. 2897, 2025. <https://doi.org/10.3390/agronomy15122897>

SINGAMSETTI, A.; SHAHI, J. P.; ZAIDI, P. H.; SEETHARAM, K.; VINAYAN, M. T.; KUMAR, M.; SINGLA, S.; SHIKHA, K.; MADANKAR, K. Genotype $\times$ environment interaction and selection of maize (*Zea mays* L.) hybrids across moisture regimes. *Field Crops Research*, v. 270, p. 108224, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2021.108224>

SINGH, G. M.; BHATI, P. K.; VISHWAKARMA, M. K.; LADEJOBI, F.; MISHRA, V. K.; SHARMA, S.; JOSHI, A. K. Genome wide dissection and haplotype analysis to identify candidate loci for harvest index under spot blotch in bread wheat. *Molecular Genetics and Genomics*, v. 301, n. 1, p. 5, 2026. <https://doi.org/10.1007/s00438-025-02306-x>

SLAFER, G. A.; RAWSON, H. M. Sensitivity of wheat phasic development to major environmental factors: a re-examination of some assumptions made by physiologists and modellers. *Australian Journal*

of Plant Physiology, v. 21, n. 4, p. 393–426, 1994. DOI: <https://doi.org/10.1071/PP9940393>.

SPARKS, A. nasapower: a NASA POWER global meteorology, surface solar energy and climatology data client for R. *Journal of Open Source Software*, v. 3, n. 30, p. 1035, 2018. <https://doi.org/10.21105/joss.01035>

TORETI, A.; CRONIE, O.; ZAMPIERI, M. Concurrent climate extremes in the key wheat producing regions of the world. *Scientific Reports*, v. 9, p. 5493, 2019. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-41932-5>

TUKEY, J. W. One degree of freedom for non-additivity. *Biometrics*, v. 5, n. 3, p. 232–242, 1949. <https://doi.org/10.2307/3001938>

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*, v. 40, n. 3, p. 597–605, 2000. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>

YAN, W.; TINKER, N. A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, v. 86, n. 3, p. 623–645, 2006. <https://doi.org/10.4141/P05-169>

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, v. 80, n. 3, p. 388–393, 1988. <https://doi.org/10.2134/agronj1988.00021962008000030002x>

4. ARTIGO CIENTÍFICO

Ciência Rural, Santa Maria, v.56:2, e20240616, 2026

<http://doi.org/10.1590/0103-8478cr20240616>



ISSNe 1678-4596
CROP PRODUCTION



Genotype environment interaction in wheat including weather covariates using singular value decomposition

Carla Galvão Fernandes¹ Moyses Nascimento^{1*} Ana Carolina Campana Nascimento¹
Camila Ferreira Azevedo¹ Ivan Ricardo Carvalho¹ Hécio Duarte Pereira² Kassiana Kehl³

¹Laboratório de Inteligência Computacional e Aprendizado Estatístico (LICAE), Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa (UFV), 36570-900, Viçosa, MG, Brasil. E-mail: moysesnascimento@ufv.br. *Corresponding author.

²Departamento de Estudos Agrários, Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul (UNIJUI), Ijuí, RS, Brasil.

³Centro de Pesquisa em Genômica Aplicada às Mudanças Climáticas, Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), Campinas, SP, Brasil.

⁴Fundação Pró-Sementes, Passo Fundo, RS, Brasil.

ABSTRACT: Wheat is a crop of significant global and Brazilian economic importance. The success of cultivation depends on several factors. Studying genotype by environment (G x E) interaction is fundamental for developing more productive and resilient varieties. Due to the climatic diversity, it is important to understand how weather covariates (WC) interact with the environments under study. To understand the complex relationships between WC and environments, it is possible to perform a graphical analysis based on the singular value decomposition (SVD) of the matrix composed by the values of the WC evaluated in the environments under study. This study proposed graphical analysis to understand the interaction between WC and evaluated environments. We used data from a randomized block design (four replications) assessed 42 wheat genotypes across 10 environments (2 years and 5 Rio Grande do Sul locations). Temperature (°C), relative humidity (%), and precipitation (mm) data were obtained from the NASA POWER project, using the experiment's years and coordinates. The visualization of the interaction between weather covariates and environments revealed the WC that most influenced the performance of the genotypes. The environment E6 and E8 stood out for their high productivity, mainly associated with precipitation and relative humidity. This tool allows breeders to visualize the interconnection between different cultivation scenarios, obtaining valuable information for more accurate and effective decisions.

Key words: adaptability and phenotypic stability, AMMI analysis, WAASY index.

Análise da interação genótipo por ambiente em trigo, incluindo covariáveis meteorológicas, usando decomposição em valores singulares

RESUMO: O trigo é uma cultura de significativa importância econômica global e brasileira. O sucesso do cultivo depende de diversos fatores. O estudo da interação genótipo por ambiente (G x A) é fundamental para o desenvolvimento de variedades mais produtivas e resilientes. Devido à diversidade climática, é importante entender como as covariáveis meteorológicas (CM) interagem com os ambientes em estudo. Para compreender as relações complexas entre CM e ambientes, é possível realizar uma análise gráfica baseada na decomposição em valores singulares (DVS) da matriz composta pelos valores das CM avaliadas nos ambientes em estudo. Este estudo teve como objetivo propor uma análise gráfica para entender a interação entre CM e ambientes avaliados. Foram utilizados dados de um delineamento em blocos casualizados (quatro repetições) que avaliou 42 genótipos de trigo em 10 ambientes (dois anos e cinco locais do Rio Grande do Sul). Dados de temperatura (°C), umidade relativa (%) e precipitação (mm) foram obtidos do projeto NASA POWER, utilizando os anos e as coordenadas do experimento. A visualização da interação entre covariáveis climáticas e ambientes revelou as CM que mais influenciam o desempenho dos genótipos. Os ambientes E6 e E8 se destacaram pela alta produtividade, principalmente associada à precipitação e à umidade relativa. Essa ferramenta permite que os melhoristas visualizem a interconexão entre diferentes cenários de cultivo, obtendo informações valiosas para decisões mais precisas e eficazes.

Palavras-chave: adaptabilidade e estabilidade fenotípica, análise AMMI, índice WAASY.

INTRODUCTION

Wheat is a cereal of great economic and food importance worldwide (OECD-FAO, 2023). Wheat has been gaining ground in Brazilian farms and the economy, with production concentrated in the Southern region and expanding to the country's central region. However, growth and productive development in different regions depend on multiple

biotic and abiotic factors. Among these factors, environmental conditions and the genotype by environment (G x E) interaction are important aspects that must be understood and detailed for the development of genetic improvement and productive expansion of the crop (JEDZURA et al., 2023).

The existence of G x E interaction can be verified through statistical methods that test the significance of the variance component associated with

Received 11.28.24 Approved 05.20.25 Returned by the author 10.25.25

CR-2024-0616.R1

Editors: Alessandro Dal'Col Lúcio Alberto Cargnelutti Filho

the interaction component. Given this significance, it is necessary to use methods of understanding and detailing the behavior of genotypes in the evaluated environments. Subsequently, such methods allow the classification of genotypes according to their adaptability and stability for the set of environments being assessed (OLIVOTO & LÚCIO, 2020; SINGAMSETTI et al., 2021).

Several methods are used in phenotypic analyses of adaptability and stability. Among these, the additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) method has been proven an efficient model (GAUCH et al., 2008; JĘDZURA et al., 2023; ZOBEL et al., 1988). This methodology can obtain a graphical representation using biplots from the singular value decomposition of the $G \times E$ interaction matrix (GAUCH & ZOBEL, 1990; KEMPTON, 1984). Thus, AMMI analysis allows knowing the genotypes according to their stability and adaptability in the studied environments to make clusters based on the $G \times E$ interaction profile (CROSSA, 1990; JĘDZURA et al., 2023).

Researchers have proposed AMMI-based measures that balance stability and productivity performance to assist breeders in decision-making. More specifically, OLIVOTO et al. (2019) proposed a measure called the WAASY index (or WAASBY when using BLUP values). The WAASY index, derived from the AMMI model, provides a single, easily interpretable metric that integrates both mean performance and stability, streamlining genotype selection compared to analyses that consider yield or stability separately (e.g., EBERHART & RUSSELL, 1966) or visualization methods like GGE biplots (YAN et al., 2000) and Multiple Centroid Methodology (NASCIMENTO et al., 2009).

Given the changes, it becomes important to include weather covariates (WC) in the decision-making process. Incorporating weather covariates (WC) into genotype by environment ($G \times E$) interaction studies allows to improve the precision of environmental characterization, leading to more accurate predictions of genotype performance and a deeper understanding of $G \times E$ interactions. This allows breeders to evaluate the specific impact of weather on productivity, enabling the development of targeted breeding strategies, optimized crop management, and more accurate risk assessments in the face of climate change.

In addition to studying the interaction between genotypes and environments, evaluating the relationship between WC in environments becomes important. A graphical analysis can be performed, in

which the x-axis is represented by the standardized mean productivity in each environment, and the y-axis displays the first principal component (PC1) obtained by the singular value decomposition (SVD) of the matrix composed of the values of the WC in the evaluated environments. This graphical analysis explores the interaction between WC and the assessed environments, improving understanding of the interaction between genotypes, environments, and WC.

This study proposed graphical analysis method to understand the interaction between weather covariates and evaluated environments. Furthermore, the study identified adaptable and stable wheat genotypes suitable for these environments and classify them based on mean performance and stability using the WAASY index.

MATERIALS AND METHODS

The data set used in this study is composed of 42 wheat genotypes planted in 10 environments following a randomized block design with four replications. The environments were produced from the combination of 2 years and different production locations in the Rio Grande do Sul state (Table 1). All experiments had an experimental unit composed of four 5 m lines with spacings of 0.17 m between the lines.

For each environment, an individual analysis of variance was performed. Subsequently, the homogeneity of environments was verified, considering whether the ratio between the largest and smallest residual mean square was less than 7 (CRUZ et al., 2012). Once the assumption of homogeneity of variances was verified, a combined analysis of variance of the experiments was performed, using a fixed effects linear model, to determine the significance of the impact of genotypes (G), environments (E) (represented by seasons and locations), and $G \times E$.

After verifying the significance of the $G \times E$ component, the term was decomposed using the Additive Main Effects and Multiplicative Interaction (AMMI) model (ZOBEL et al., 1988) which relies on Singular Value Decomposition (SVD) for its decomposition.

The AMMI model combines additive components for main effects and multiplicative components for the interaction. The model, proposed by ZOBEL et al. (1988), can be described by the following expression:

$$y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^f \lambda_k a_{ik} t_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

Table 1 - Geographic coordinates of ten trials of wheat genotypes evaluated in tow year in five locations in the state of Rio Grande do Sul.

Environment	Year	Environment	Year	Location	Coordinates
E1	1	E6	2	Cachoeira do Sul	30°17'52"S-52°57'54"W
E2	1	E7	2	Passo Fundo	28°13'17"S-52°19'39"W
E3	1	E8	2	Santo Augusto	27°54'47"S-53°49'04"W
E4	1	E9	2	São Gabriel	30°20'09"S-54°10'21"W
E5	1	E10	2	São Luiz Gonzaga	28°24'42"S-54°45'45"W

Where y_{ij} is the mean productivity of genotype i in the environment j ; μ is the overall mean; g_i is the effect of the i -th genotype; e_j is the effect of the j -th environment; λ_k are the eigenvalues of the principal components (PC); a_{ik} are the scores of genotypes in the k -th eigenvector of the PCs; t_{jk} are the scores of environments in the k -th eigenvector of the PCs; p_{ij} is the error term of the GxE interaction; and ε_{ij} is the error that, normally and independently distributed $\varepsilon_{ij} \sim NID(0, \sigma^2)$. The number of terms (principal components), f , describes the G x E model called AMMI1, ..., AMMIf, generating a family of AMMI models. Only the first G x E axis is fitted in AMMI, and so on until AMMIf. This results in selecting a reduced AMMI model, which removes an additional residual (residual of the sum of squares of G x E).

Additionally, the selection of promising genotypes was aided by using a superiority index and the weighting of mean performance and stability using the WAASY index (OLIVOTO et al., 2019). WAASY, a measure that combines stability with genotype productive performance, is defined by:

$$WAASY_i = \frac{(rY_i \times \theta_Y) + (rW_i \times \theta_S)}{\theta_Y + \theta_S},$$

where: rY_i and rW_i are the rescaled values (from 0 to 100) for the response variable Y and for WAAS index; θ_Y e θ_S are the weights for the response variable Y and the WAAS (assumed to be 65% and 35%, respectively) (OLIVOTO et al., 2019). The WAAS index of the i -th genotype is calculated as:

$$WAAS_i = \frac{\sum_{k=1}^p |IPCA_{ik} \times EP_k|}{\sum_{k=1}^p EP_k}, \text{ where } IPCA_{ik} \text{ is the estimated coefficient of the } i\text{-th genotype on the } k\text{-th principal component, and } EP_k \text{ is the variance explained by the } k\text{-th principal component for the rows, i.e., genotypes.}$$

To study the effect of the interaction between weather covariates (WC) and the set of evaluated environments, data from the National Aeronautics and Space Administration (NASA POWER) project <<https://power.larc.nasa.gov/>> were collected. Crop seasons and experiment coordinates were considered to obtain the CC. The included CC are minimum temperature - W1 (°C), maximum temperature - W2 (°C), relative humidity - W3 (%), mean temperature - W4 (°C), and precipitation - W5 (mm). To identify the crop season periods that affect wheat productivity in the studied environments, simple linear regression models were fitted considering different time windows (first and second day) of the experiment. For each fitted model, the coefficient of determination was obtained, and those time windows with values greater than 60% were considered important and used in subsequent analyses through the average of their values.

We employed a scatter plot to analyze the relationship between genotype performance, environments, and weather covariates (WC), plotting standardized average productivity per environment against the first principal component (PC1) obtained from the singular value decomposition (SVD) of the environmental weather covariate matrix. This graphic called an Environment Weather Interaction biplot (EW biplot), allows for the easy and visual evaluation of the relationship between WCs in the environment.

All analyses were performed using the R software (R Core Team, 2023, version 4.3.2). Specifically, AMMI analyses were conducted using the "metan" package (OLIVOTO & LÚCIO, 2020), and for the evaluation of important time windows and the study of the association between WC and environments, codes developed by the authors

were used and are available at: <<https://github.com/licaeufv>>.

RESULTS AND DISCUSSION

Since the assumption of homogeneity of variances was achieved, a combined analysis of variance was performed. The mean coefficient of variation was 13.07%. A significant effect ($P < 0.01$) of the environment (years and locations), genotypes, and the genotype by environment interaction (G x E interaction) on wheat grain yield (GY) was observed (Table 2).

The existence of significant G x E indicates that the performance of wheat genotypes varies according to the evaluated environment, suggesting the possibility of recommending genotypes for specific environments and adaptable and stable genotypes for diverse environments. The percentage of accumulated variance by the first two principal components from the general effects attributed to the G x E interaction was 42.80% (Figure 1A). The graphical analysis indicates that genotypes closer to the origin, i.e., (0, 0), are more stable for the evaluated environments. Among the several genotypes evaluated, some that are close to the origin are genotypes G4, G24, G28, G29, G31, and G41 (Figure 1A). Genotypes G24, G26,

G34, and G35 exhibited the highest productivities (Figure 1B).

According to the WAASY, the five best genotypes were G40, G14, G7, G30, and G22 (Figure 2). This measure is considered a good selection index for identifying superior varieties in Multi-Environment Trials (METs) (POUR-ABOUGHADAREH et al., 2022), as it allows us to relate information on average performance observed in genotypes across different environments and also their stability.

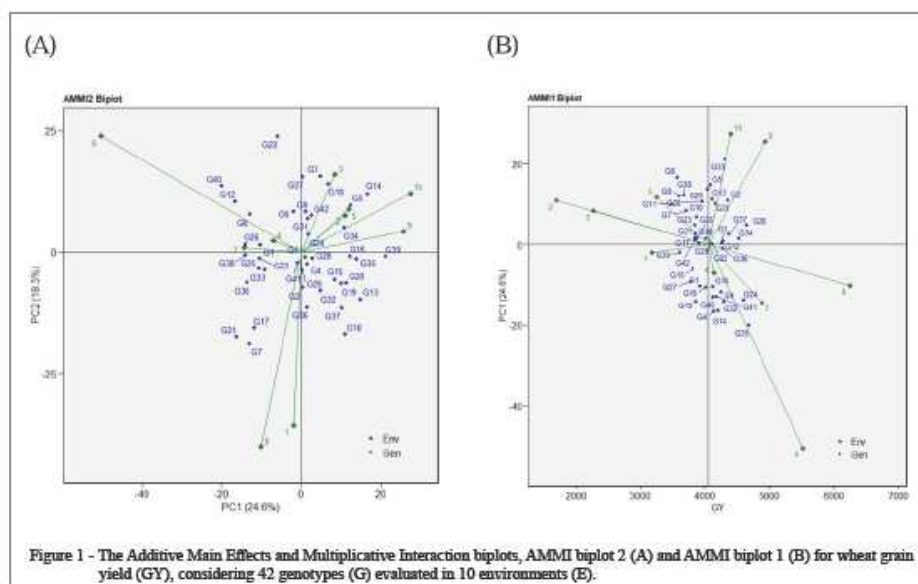
Mega-environments

According to figure 1A, it is possible to verify that some environments present a similar response pattern (mega-environments). Specifically, environments 1 (E1) and 8 (E8) are correlated, given the small angle observed between the vectors representing them in the Cartesian plane. These environments present negative coefficients (environmental loadings) in the first and second components, forming mega-environment 1. Another set can be formed by environments E4, E6, and E7, which present negative coefficients in CP1 and positive in CP2. Another group, composed by the environments E2, E3, E5, E9 and E10, is located in the first quadrant. This group represents the mega-environment

Table 2 - Combined analysis of variance and AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction) decomposition for grain yield in ten trials of wheat genotypes evaluated in two years in the state of Rio Grande do Sul.

SV	DF	MS	P (%)	A (%) ^a
Env	9	2.63E+08**	-	-
Rep (Env)	20	2020000**	-	-
Gen	41	2580000**	-	-
Gen x Env	369	716000**	-	-
PC1	49	1330000**	24.60	24.60
PC2	47	1030000**	18.30	42.80
PC3	45	902000**	15.30	58.20
PC4	43	724000**	11.80	70.00
PC5	41	729000**	11.30	81.30
PC6	39	512000**	7.60	88.80
PC7	37	460000*	6.40	95.30
PC8	35	214000	2.80	98.10
PC9	33	151000	1.90	100.00
Residuals	820	3.17E+05	-	-
Total	1628	2.03E+06	-	-

SV = Sources of Variation; DF = Degrees of Freedom; MS = Mean Squares; P = Proportion of variance explained by each principal component; A = Cumulative proportion of variance explained; ** P-value < 0.05; * P-value < 0.01.



composed of environments that present positive coefficient values in CP1 and CP2.

Weather covariates

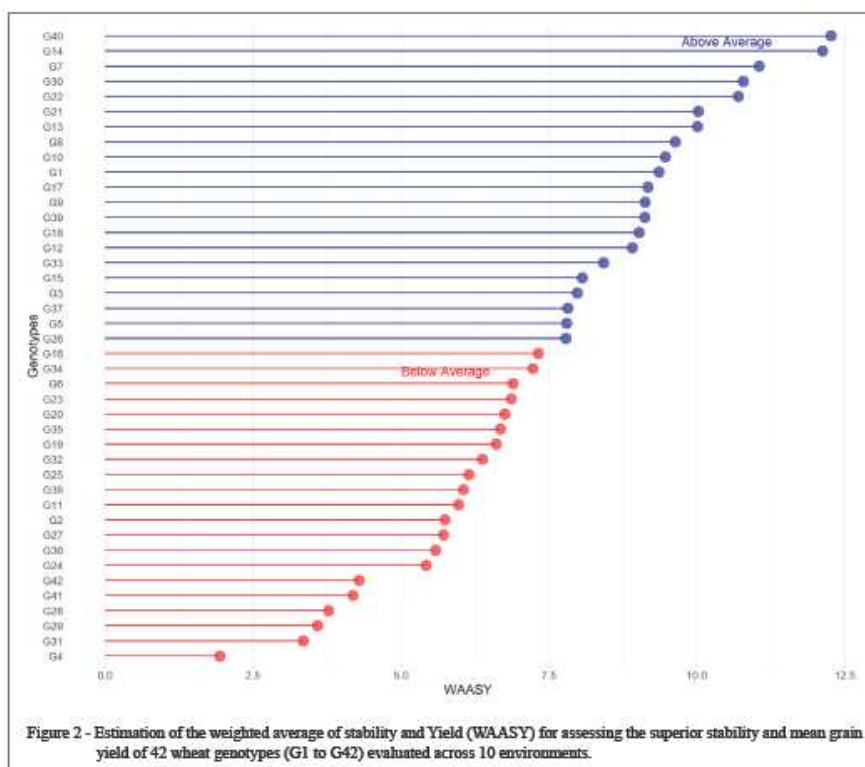
From the coefficient of determination of a model adjusted between grain yield in each environment and different periods (first and second day), it was possible to observe how weather covariates affect the studied traits (Figure 3).

Specifically, it was possible to observe that the traits related to temperature have a greater effect on productivity in the final period of the experiment. Additionally, it was observed that wind speed is not important for determining wheat grain yield. Conversely, the other weather covariates are important in different periods of the experiment.

The literature presents studies on the importance of edaphoclimatic conditions for wheat cultivation (APARECIDO et al., 2024; BANNAYAN et al., 2011; MARTIN et al., 2020). These authors observed that, among other factors, temperature and precipitation are important for increasing wheat yield. Similarly, BRISSON et al. (2010) showed that temperature, precipitation, and humidity influence final wheat production. Typically, wheat in Rio Grande do Sul is sown from May to July and harvested

in the spring (September to November). The latter half of a wheat experiment (Figure 3), covering the crucial reproductive phase, is highly sensitive to temperature and relative humidity (BIDDULPH et al., 2007). While optimal temperatures are essential for successful pollination and grain filling, elevated temperatures can negatively impact yield. Furthermore, high relative humidity, especially in warmer conditions, creates a heightened risk of fungal diseases like Fusarium head blight (XU et al., 2008). Consistent rainfall throughout the experiment significantly contributes to grain yield (Figure 3).

The EW biplot analysis (Environment Weather Interaction biplot) revealed a strong association between the climatic covariates and the evaluated environments (Figure 4). The study showed a strong positive association between W1 (Minimum Temperature), W2 (Maximum Temperature), and W4 (Mean Temperature). This occurs because the vectors of these variables in the EW biplot form an angle smaller than the vectors of other variables. A smaller angle indicates that the variables are closer in the two-dimensional space, which represents a stronger correlation. It is also observed that W2 and W4 are not associated with CP1, as the angle between these vectors is close to 90°. On the other hand, W1 and



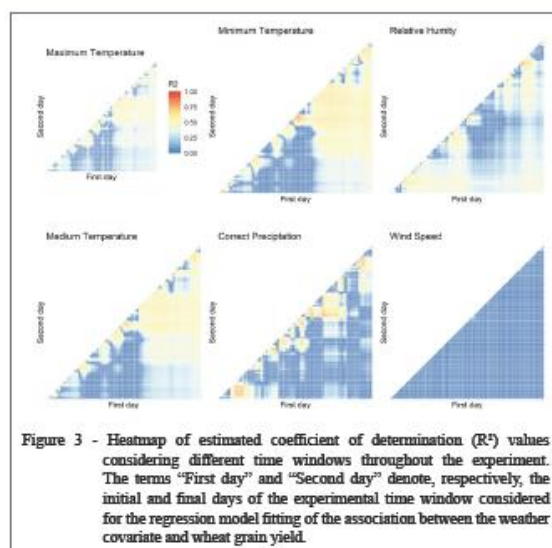
W3 (Relative Humidity) show a negative association with CP1 (angle greater than 90°), while W5 (Mean Precipitation) shows a positive association (Figure 4).

The E10 environment exhibits the highest stability across different weather conditions, showed closer to the origin of the EW-biplot. However, its average yield ranks only fifth among the tested environments, classifying it as a moderately productive site. In contrast, E2, E3, and E8 are highly influenced by weather covariables, indicating that the selection of optimal genotypes for these locations will depend on specific weather conditions. For instance, heat-tolerant genotypes in hot environments may be more desirable, whereas drought-resistant genotypes in drought-prone environments would be more suitable. In contrast to established mega-environment analyses like GGE biplots and AMMI, the EW-biplot enables the visualization of the direct relationship between environments and weather covariables

(WC). Consequently, the associations shown in the figure pertain to these environmental and weather factors, distinct from a primary emphasis on yield performance within each environment.

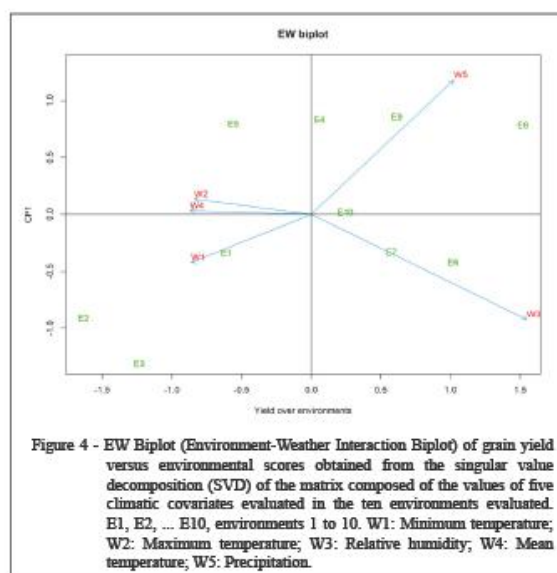
The high productivity observed on E6 and E8 environment is mainly linked to precipitation (E8 close to W5) and relative humidity (E6 close to W3), while the less productive environments are associated with variables W1, W2, and W3 (temperature) (Figure 4). E8 and E6 are configured as the most productive environments, with this characteristic linked to high precipitation (E8 close to W5) and relative humidity (E6 close to W3). In contrast, the less productive environments have a relationship with variables W1, W2, and W3 (temperature), as shown in figure 4.

The results obtained by the EW-biplot can be used for guiding future wheat breeding programs in Brazil. Specifically, by identifying specific weather influences on productivity, such as temperature, precipitation, and



humidity, breeders can prioritize detailed phenotyping for related traits like heat and drought tolerance. Integrating weather change projections into these analyses can allow to obtain resilient cultivars.

Overall, by studying the interactions between genotypes, environments, and weather covariates (WC), plant breeding professionals can make more assertive decisions about which genotypes



to prioritize in their breeding programs. This allowed the selection of genotypes better adapted to each location's specific conditions, optimizing crop productivity and contributing to food security.

CONCLUSION

The proposed graphical analysis allowed the visualization of the interaction between weather covariates and the evaluated environments, providing valuable information for understanding the environmental characteristics that most influence the performance of the genotypes. The high productivity obtained on E6 and E8 environment is mainly linked to precipitation and relative humidity. This tool allows breeders to visualize the interconnection between different cultivation scenarios, obtaining valuable information for more accurate and effective decisions.

ACKNOWLEDGMENTS

The CGF is funded by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Brazil – Finance Code 001. We would also like to thank the Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG, APQ-01638-18), and the Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq, 408833/2023-8). MN, IRC and CA are supported by scientific productivity from Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

DECLARATION OF CONFLICT OF INTEREST

We have no conflict of interest to declare.

AUTHORS' CONTRIBUTIONS

All authors contributed equally to the conception and writing of the manuscript. All authors critically revised the manuscript and approved the final version.

DATA AVAILABILITY STATEMENT

Research data is only available upon request.

DECLARATION OF USE OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE

AI tools (specifically Gemini) were used exclusively for English language review and clarity improvement.

REFERENCES

APARECIDO, L. E. de O. et al. Climate risk zoning for wheat crops in the southeastern region of Brazil. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, v.104, n.1, p.456-467, 2024. Available

from: <<https://doi.org/10.1002/jsfa.12943>>. Accessed: Jan. 05, 2025. doi: 10.1002/jsfa.12943.

BANNAYAN, M. et al. Effects of precipitation and temperature on crop production variability in northeast Iran. *International Journal of Biometeorology*, v.55, n.3, p.387-401, 2011. Available from: <<https://doi.org/10.1007/s00484-010-0348-7>>. Accessed: Feb. 17, 2025. doi: 10.1007/s00484-010-0348-7.

BIDDULPH, T. B. et al. Influence of high temperature and terminal moisture stress on dormancy in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Field Crops Research*, v.103, n.2, p.139-153, 2007. Available from: <<https://doi.org/10.1016/j.fcr.2007.05.005>>. Accessed: Jan. 05, 2025. doi: 10.1016/j.fcr.2007.05.005.

BRISSON, N. et al. Why are wheat yields stagnating in Europe? A comprehensive data analysis for France. *Field Crops Research*, v.119, n.1, p.201-212, 2010. Available from: <<https://doi.org/10.1016/j.fcr.2010.07.012>>. Accessed: Feb. 10, 2025. doi: 10.1016/j.fcr.2010.07.012.

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. In: Brady, N. C. *Advances in Agronomy*, v.44, p.55-85, 1990. Available from: <[https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)60818-4](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60818-4)>. Accessed: Mar. 11, 2025. doi: 10.1016/S0065-2113(08)60818-4.

CRUZ C. D. et al. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. v.1.

EBERHART'S A., RUSSELL W.A. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, v.6, p.36-40, 1966. Available from: <<https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>>. Accessed: Mar. 08, 2025. doi: 10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x.

GAUCH, H. G. et al. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. *Crop Science*, v.48, n.3, p.866-889, 2008. Available from: <<https://doi.org/10.2135/cropsci2007.09.0513>>. Accessed: Feb. 20, 2025. doi: 10.2135/cropsci2007.09.0513.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Imputing missing yield trial data. *Theoretical and Applied Genetics*, v.79, n.6, p.753-761, jun. 1990. Available from: <<https://doi.org/10.1007/BF00224240>>. Accessed: Feb. 18, 2025. doi: 10.1007/BF00224240.

JEDZURA, S. et al. The AMMI model application is used to analyze the genotype-environmental interaction of spring wheat grain yield for breeding program purposes. *Cereal Research Communications*, v.51, n.1, p.197-205, 2023. Available from: <<https://doi.org/10.1007/s42976-022-00296-9>>. Accessed: Mar. 25, 2025. doi: 10.1007/s42976-022-00296-9.

KEMPTON, R. A. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *The Journal of Agricultural Science*, v.103, n.1, p.123-135, 1984. Available from: <<https://doi.org/10.1017/S0021859600043392>>. Accessed: Dec. 23, 2024. doi: 10.1017/S0021859600043392.

MARTIN, T. N. et al. Meteorological conditions and their associations with the productive performance of wheat. *Australian Journal of Crop Science*, n.14(01), p.28-35, 2020. Available from: <<https://doi.org/10.21475/ajcs.20.14.01.p1704>>. Accessed: Dec. 15, 2024. doi: 10.21475/ajcs.20.14.01.p1704.

NASCIMENTO, M. et al. Multiple centroid methodology to analyze genotype adaptability. *Crop Breeding and Applied*

Biotechnology, v.9, p.8-16, 2009. Available from: <<https://doi.org/10.12702/1984-7033.v09n01a02>>. Accessed: Dec. 24, 2024. doi: 10.12702/1984-7033.v09n01a02.

OECD-FAO (2023), *OECD-FAO Agricultural Outlook 2023-2032*. OECD Publishing, Paris, Available from: <<https://doi.org/10.1787/08801ab7-en>>. Accessed: Jan. 10, 2025. doi: 10.1787/08801ab7-en.

OLIVOTO, T. et al. Mean performance and stability in multi-environment trials I: Combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, v.111, n.6, p.2949-2960, 2019. Available from: <<https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>>. Accessed: Feb. 10, 2025. doi: 10.2134/agronj2019.03.0220.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. metan: An R package for multi - environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, v.11, n.6, p.783-789, 2020. Available from: <<https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>>. Accessed: Feb. 10, 2025. doi: 10.1111/2041-210X.13384.

POUR-ABOUGHADAREH, A. et al. Stability indices to deciphering the Genotype-by-Environment Interaction (GEI) Effect: An applicable review for use in plant breeding programs. *Plants*, v.11, n.3, p.414, 2022. Available from: <<https://doi.org/10.3390/plants11030414>>. Accessed: Mar. 25, 2025. doi: 10.3390/plants11030414.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. Version 4.3.2. Vienna, Austria: R Foundation for

Statistical Computing, 2023. Available from: <<https://www.r-project.org/>>. Accessed: Feb. 06, 2024.

SINGAMSETTI, A. et al. Genotype $\times$ environment interaction and selection of maize (*Zea mays* L.) hybrids across moisture regimes. *Field Crops Research*, v.270, p.108224, 2021. Available from: <<https://doi.org/10.1016/j.fcr.2021.108224>>. Accessed: Feb. 17, 2025. doi: 10.1016/j.fcr.2021.108224.

SPARKS, A. nasapower: A NASA POWER global meteorology, surface solar energy and climatology data client for R. *Journal of Open Source Software*, v.3, n.30, p.1035, 2018. Available from: <<https://doi.org/10.21105/joss.01035>>. Accessed: Feb. 10, 2025. doi: 10.21105/joss.01035.

YAN, W. et al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. *Crop Science*, v.40, n.3, p.597-605, 2000. Available from: <<https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>>. Accessed: Mar. 09, 2025. doi: 10.2135/cropsci2000.403597x.

XU, X. M. et al. Relationship between the fungal complex causing Fusarium head blight of wheat and environmental conditions. *Phytopathology*, v.98, p.69-78, 2008. Available from: <<https://doi.org/10.1094/PHYTO-98-1-0069>>. Accessed: Mar. 05, 2025. doi: 10.1094/PHYTO-98-1-0069.

ZOBEL, R. W. et al. Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, v.80, n.3, p.388-393, 1988. Available from: <<https://doi.org/10.2134/agronj1988.00021962008000030002x>>. Accessed: Feb. 25, 2025. doi: 10.2134/agronj1988.00021962008000030002x.



5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A presente tese demonstrou que a integração de covariáveis climáticas por meio da Decomposição em Valores Singulares (SVD) representa uma abordagem promissora para ampliar a interpretação da interação genótipo $\times$ ambiente ($G \times E$) em trigo. A metodologia proposta possibilitou uma nova perspectiva para a caracterização dos ambientes experimentais, permitindo que estes deixassem de ser representados exclusivamente como unidades categóricas e passassem a ser interpretados a partir de gradientes ambientais quantitativos associados às condições meteorológicas observadas nos ambientes experimentais.

A abordagem baseada na decomposição da matriz de covariáveis climáticas permitiu identificar padrões de associação entre ambientes e variáveis meteorológicas, evidenciando que a estrutura ambiental dos ensaios multiambientais pode ser explorada de forma integrada aos padrões de desempenho dos genótipos. Dessa forma, a SVD aplicada às covariáveis climáticas mostrou-se uma ferramenta complementar aos métodos tradicionais de análise da interação $G \times E$, ao fornecer informações adicionais sobre os atributos ambientais associados à diferenciação dos ambientes.

Os resultados indicaram que os ambientes E6 e E8, caracterizados pelos maiores valores médios de produtividade, estiveram associados principalmente a maiores valores de precipitação e umidade relativa. Esses resultados sugerem que a disponibilidade hídrica e as condições atmosféricas durante o desenvolvimento da cultura constituíram fatores ambientais relevantes para a expressão diferencial do potencial produtivo dos genótipos avaliados. Por outro lado, ambientes associados a menores produtividades apresentaram maior relação com gradientes ambientais relacionados à temperatura, evidenciando a influência das condições meteorológicas sobre a manifestação fenotípica dos materiais genéticos.

A integração entre a análise AMMI, o índice WAASY, selecionado por sua compatibilidade com a abordagem baseada em efeitos fixos adotada neste estudo, e a caracterização ambiental baseada em SVD possibilitou uma abordagem mais abrangente para a avaliação de ensaios multiambientais, combinando informações de produtividade, estabilidade fenotípica e contexto ambiental. Essa integração permitiu não apenas identificar genótipos com maior desempenho e estabilidade, mas também compreender as condições ambientais associadas aos diferentes padrões de resposta produtiva, contribuindo para uma interpretação mais robusta da adaptação dos genótipos.

A principal contribuição desta tese consiste na demonstração de que a incorporação de informações ambientais quantitativas pode transformar a interpretação dos ensaios multiambientais, aproximando os modelos estatísticos dos processos ecológicos e fisiológicos que determinam a expressão do fenótipo. Ao associar padrões estatísticos da interação $G \times E$ a características ambientais mensuráveis, a abordagem proposta amplia a capacidade interpretativa dos programas de melhoramento, permitindo uma avaliação mais direcionada da adaptação genotípica em diferentes condições de cultivo.

Diante dos desafios impostos pela variabilidade climática, a utilização de métodos que

integrem informações genéticas e ambientais torna-se cada vez mais relevante para o desenvolvimento de cultivares produtivas, estáveis e adaptadas. Nesse contexto, a caracterização ambiental baseada em SVD apresenta potencial para ser expandida pela incorporação de diferentes fontes de informação, como variáveis de solo, sensoriamento remoto, índices espectrais e projeções climáticas futuras, contribuindo para o desenvolvimento de estratégias de seleção mais preditivas e resilientes.

Assim, esta tese evidencia que a interação genótipo $\times$ ambiente não deve ser interpretada apenas como uma consequência estatística das diferenças entre ambientes, mas como uma resposta dinâmica resultante da interação entre o potencial genético dos materiais e as condições ambientais às quais são submetidos. A integração de covariáveis ambientais em análises multivariadas representa, portanto, um caminho promissor para avançar na compreensão da adaptação dos genótipos e aprimorar a tomada de decisão em programas de melhoramento genético de trigo.