

CLEITON RENATO CASAGRANDE

**SELEÇÃO DE LINHAGENS DE TRIGO EM ENSAIOS MULTI-AMBIENTES:
ENVIROTIPAGEM, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE E MODELAGEM DE
(CO)VARIÂNCIAS**

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: Maicon Nardino

Coorientador: Aluizio Borém de Oliveira

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2024**

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

T

C334s
2024
Casagrande, Cleiton Renato, 1995-
Seleção de linhagens de trigo em ensaios multi-ambientes:
envirotipagem, adaptabilidade e estabilidade e modelagem de
(co)variâncias / Cleiton Renato Casagrande. – Viçosa, MG,
2024.

1 tese eletrônica (75 f.): il. (algumas color.).

Inclui anexo.

Orientador: Maicon Nardino.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2024.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.335>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. *Triticum aestivum*. 2. Trigo - Seleção. 3. Trigo -
Rendimento. 4. Modelos multiníveis (Estatísticas). I. Nardino,
Maicon, 1988-. II. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em
Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 633.112


CLEITON RENATO CASAGRANDE

**SELEÇÃO DE LINHAGENS DE TRIGO EM ENSAIOS MULTI-AMBIENTES:
ENVIROTIPAGEM, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE E MODELAGEM DE
(CO)VARIÂNCIAS**


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: 31 de Maio de 2024.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente
 **CLEITON RENATO CASAGRANDE**
Data: 18/07/2024 08:07:44-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Cleiton Renato Casagrande
Autor

Documento assinado digitalmente
 **MAICON NARDINO**
Data: 18/07/2024 08:45:57-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Maicon Nardino
Orientador

AGRADECIMENTOS

- A Deus, por sempre me guiar e me conduzir pelos melhores caminhos;
- À minha família, em especial meus pais, Ivaldo Casagrande (in memoriam) e Ignês Casagrande, que sempre lutaram, incentivaram e me forneceram o alicerce para que eu chegasse até aqui;
- À minha esposa, Skarlet Steckling, que, ao longo destes anos, sempre demonstrou amor, cuidado e carinho e, incessantemente me apoiou durante essa jornada;
- À Universidade Federal de Viçosa (UFV), ao Centro de Ciências Agrárias (CCA), ao Departamento de Agronomia (DAA) e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento (PPGGM) pela oportunidade de realização do doutorado;
- À Cooperativa Agropecuária do Alto Paranaíba (COOPADAP) pela parceria na condução dos experimentos;
- Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudo;
- Aos meus orientadores, Prof. Dr. Maicon Nardino e Prof. Dr. Aluizio Borém, que não pouparam ensinamentos, orientações e incentivo durante todo esse período;
- A todos os professores do PPGGM da UFV e, em especial aos professores Kaio, Pedro Carneiro, Paulo Sávio, Cosme, Léo Bhering, Ceccon, Felipe e Zé Eustáquio;
- A todos os funcionários do Vale da Agronomia, e, em especial ao Paulo Paiva e Eduardo;
- Aos colegas do Programa Trigo UFV e, em especial, ao Henrique, Caique, Gabriel, Victor, Crislene, Diana, Tiago e Willian;
- A todos os amigos conquistados durante a estadia em Viçosa, em especial ao Henrique, Andreia, Renan, Dalton, Xico, Fabíola, Igor, Fernanda, Martha, Zé Dique, Lucas, Bruninho, Ruane, Caique, Luciane, Adriel, Nathan, Jacque e Bruna;
- Aos secretários do PPGGM, Marco Túlio e Odilon, pelo grande profissionalismo e competência na condução do programa;
- À empresa BASF, e, em especial, ao meu time de melhoramento de soja em Porto Nacional e a minha líder, Gabriela Andrade;
- Ao grande melhorista considerado pai da soja no Brasil: Romeu Kiihl.
- O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Muito obrigado!

“A cultivar perfeita nunca foi obtida. As cultivares de sucesso são meramente menos imperfeitas do que as pré-existentes.”

(Simmonds & Smart, 1999)

RESUMO

CASAGRANDE, Cleiton Renato, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, Maio de 2024. **Seleção de linhagens de trigo em ensaios multi-ambientes: envirotipagem, adaptabilidade e estabilidade e modelagem de (co)variâncias.** Orientador: Maicon Nardino. Coorientador: Aluizio Borém de Oliveira.

A produção de trigo no Cerrado brasileiro é um dos maiores desafios do país para alcançar a autossuficiência nacional na produção e consumo desse cereal. Nosso estudo focou em identificar linhagens de trigo altamente produtivas e estáveis em ambientes do Cerrado brasileiro. Para isso, avaliamos 36 genótipos ao longo de oito experimentos durante os anos agrícolas de 2018, 2019 e 2020. As análises conduzidas integraram técnicas de ambiente, adaptabilidade, estabilidade e modelagem de diferentes estruturas de matrizes de co(variâncias) genotípicas e residuais para a recomendação de genótipos. Para tal, foi realizado o estudo de 14 variáveis climatológicas no entendimento do comportamento diferencial produtivo através dos métodos de estabilidade e adaptabilidade por modelos mistos e GGE Biplot. Além disso, oito diferentes estruturas de co(variâncias) foram modeladas com o objetivo de realizar uma seleção com maior acurácia e com maiores ganhos preditivos. O modelo de melhor ajuste de co(variâncias) apontou para correlação heterogênea para os efeitos genotípicos e diagonal para os efeitos residuais. Os genótipos VI 14127, VI 14197, VI 14026 e BRS 264 destacaram-se como os mais promissores. Essas descobertas são essenciais para avançar na seleção de linhagens adaptadas ao Cerrado e resultam em benefícios para os programas de melhoramento de trigo no Brasil.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L.. Modelos mistos. Produtividade de grãos. GGE Biplot.

ABSTRACT

CASAGRANDE, Cleiton Renato, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2024. **Selection of wheat lines in multi-environment trials: envirotyping, adaptability and stability and (co)variance modeling.** Advisor: Maicon Nardino. Co-adviser: Aluizio Borém de Oliveira.

The production of wheat in the Brazilian Cerrado is one of the country's biggest challenges in achieving national self-sufficiency in the production and consumption of this cereal. Our study focused on identifying highly productive wheat lines obtained in environments of the Brazilian Cerrado. We evaluated 36 genotypes throughout eight experiments during the agricultural years of 2018, 2019 and 2020. The analyzes carried out integrated environmental, adaptability, stability and modeling techniques of different structures of genotypic and residual co(variance) matrices for the genotype recommendation. Therefore, a study of 14 climatological variables was carried out to understand the differential productive behavior through the stability and adaptability methods using mixed models and GGE Biplot. Furthermore, eight different covariance structures were modeled with the objective of carrying out a selection with greater accuracy and greater genetic gains. The best-fit model of co(variances) presented for heterogeneous correlation for genotypic effects and diagonal for residual effects. The genotypes VI 14127, VI 14197, VI 14026 and BRS 264 stand out as the most promising. These discoveries are essential to advance the selection of lines adapted to the Cerrado and result in benefits for wheat breeding programs in Brazil.

Keywords: *Triticum aestivum* L.. Mixed models. Grain yield. GGe Biplot.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL	9
2. CAPÍTULO 1: ENVIROTYPES APPLIED TO EVALUATE THE ADAPTABILITY AND STABILITY OF WHEAT GENOTYPES IN THE TROPICAL REGION IN BRAZIL.....	12
2.1 Abstract.....	12
2.2 Introduction	12
2.3 Material and Methods	15
2.3.1 Environments, Genotypes, and Experimental Design	15
2.3.2 Envirotyping.....	17
2.3.3 Statistical analysis.....	19
2.3.3.1 Deviance analysis and genetic parameters	19
2.3.3.2 Stability analysis	20
2.3.3.3 Graphical approach	21
2.3.3.4 Relationships between mean performance, stability, and climate variables	21
2.4 Results and Discussion.....	22
2.4.1 Envirotyping	22
2.4.2 Deviance analysis	27
2.4.3 Nature of genotype-environment interaction.....	29
2.4.4 Genotypic mean performance	29
2.5 Conclusions	38
2.6 Acknowledgments.....	38
2.7 References	39
2.8 Anexos.....	46
3. MODELAGEM DE ESTRUTURAS DE (CO)VARIÂNCIAS GENOTÍPICAS E RESIDUAIS NA SELEÇÃO DE LINHAGENS DE TRIGO TROPICAL EM ENSAIOS MULTIAMBIENTAIS	47
3.1 Resumo.....	47
3.2 Introdução.....	47
3.3 Material e Métodos.....	49
3.3.1 Material genético e delineamentos experimentais.....	49
3.3.2 Análises estatísticas	51
3.3.2.1 Modelo para análise conjunta	51
3.3.2.2 Modelagem dos efeitos aleatórios.....	52
3.3.2.3 Critério de escolha do modelo	53
3.3.2.4 Correlação entre as diferentes estruturas de matrizes	54
3.3.2.5 Estimação de parâmetros genéticos e não-genéticos.....	54
3.3.2.6 Seleção de linhagens e predição de ganhos com a seleção.....	55
3.3.2.7 Softwares utilizados	55
3.4 Resultados	56
3.4.1 Escolha do modelo de (co)variâncias	56
3.4.2 Correlação entre modelos avaliados	56
3.4.3 Componentes de variância e parâmetros genéticos e ambientais.....	57
3.4.4 Rede de correlações	58
3.4.5 Seleção de linhagens e predição de ganhos com a seleção	59

3.5 Discussão	64
3.6 Conclusões.....	68
3.7 Referências.....	69
4. REFERÊNCIAS	74

1. INTRODUÇÃO GERAL

O trigo é uma das culturas de maior relevância no mundo, principalmente para o quesito de segurança alimentar quando na sua forma processada de farinha (Pereira et al., 2019). Desde que a cultura do trigo surgiu no Oriente Próximo, há 11 mil anos atrás, ela mostrou-se de extrema importância na alimentação dos povos originários e anos depois para a economia global. No entanto, no Brasil, essa cultura ainda precisa ser mais bem explorada. O trigo, juntamente com os fertilizantes, é um dos principais produtos de importação do agronegócio brasileiro, onerando a balança comercial nacional em 10 bilhões/ano. Historicamente, o Brasil consegue suprir com a produção interna 50 a 60% do que o mercado interno consome (CONAB, 2023). Diante do exposto, a expansão do trigo, para regiões tropicais, é uma etapa crucial para o Brasil tornar-se autossuficiente. Essa expansão pode ser viabilizada economicamente com a redução de custos com a importação do cereal, além de resultar em geração de renda com a diversificação produtiva no Brasil Central.

A expansão de trigo, para regiões ainda não tradicionais no cultivo dessa gramínea, depende basicamente de três fatores: cultivares adaptados e produtivos (genética), práticas de manejo adequadas e estruturação de cadeias produtivas de insumos e recebimento. A identificação de cultivares adaptados e produtivos depende de esforços de programas de melhoramento focados na região. Para tal, necessita-se de uma rede de ensaios robusta com o intuito de identificar as linhagens mais promissoras em produtividade, adaptadas e estáveis aos diferentes ambientes (Bornhofen et al., 2017; Woyann et al., 2019). Nesse cenário, há a ocorrência de interação genótipos \times ambientes ($G \times E$), que surge em função do comportamento diferencial que os genótipos apresentam quando são avaliados em vários ambientes, ocorrendo devido a expressão diferencial dos genes pelos diferentes estímulos ambientais (Nehe et al., 2019).

A necessidade de avaliar as linhagens em vários ambientes (MET) aumenta a complexidade e dificuldade das análises estatísticas de seleção. A utilização de métodos tradicionais, baseados em análise de variância (ANOVA) por mínimos quadrados ortogonais pode não ser adequada na maioria das vezes. Isso ocorre devido ao fato que MET geralmente englobam uma série de ambientes com características climáticas, de solo e de manejo muito distintas, mesmo aqueles com proximidade geográfica. Essa dissimilaridade de ambientes aumenta a ocorrência de desbalanceamento genético e/ou estatístico e o não atendimento de um dos pressupostos básicos para a ANOVA, a homoscedasticidade de variâncias. Para contornar

esse problema, os programas de melhoramento de trigo têm usado a metodologia REML/BLUP (Patterson and Thompson 1971; Henderson 1975), para os melhores preditores lineares não-viesados serem estimados através do método de estimação de variâncias máxima verossimilhança restrita.

A integração de dados climáticos ambientais para entendimento da performance de genótipos tem despertado interesse de grande parte de pesquisadores em todo o mundo. A envirotipagem é um processo que trata a caracterização ambiental por meio da tipagem ambiental para micro ou macroambientes. Em melhoramento de plantas, os esforços concentraram-se na interpretação das respostas das plantas aos sinais ambientais e na compreensão das interações dos genótipos com os ambientes (Resende et. al, 2022).

A utilização da metodologia REML/BLUP permite a seleção simultânea para um genótipo com adaptabilidade, estabilidade e com produtividade de grãos pelo método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG) preditos (RESENDE, 2002). Tal método tem como vantagem, além de selecionar para os três atributos: i) considerar efeitos genotípicos como aleatórios, oferecendo assim estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; ii) permite lidar com heterogeneidade de variância; iii) considera erros correlacionados dentro de ambientes; iv) fornece valores genéticos descontados da instabilidade; v) pode ser aplicado para qualquer número de ambientes; vi) gera resultados na própria escala da variável estudada.

Outra robusta metodologia, explorada nesse estudo é a GGE Biplot. A metodologia GGE biplot, proposto por Yan et al. (2000), considera o efeito principal de genótipo (G) mais a interação genótipo-ambiente (GE). O modelo GGE explora com mais eficácia a interação genótipos por ambientes, possibilitando maior acurácia à identificação de mega-ambientes. Quando diferentes genótipos estão adaptados a diferentes grupos de ambientes e a variação entre grupos é maior do que dentro de cada grupo, tem-se a formação de um mega-ambiente, o que torna possível a estratificação desses grupos de ambientes como singular. Além disso, permite a seleção de genótipos estáveis e adaptados a ambientes específicos e a mega-ambientes, através da informação “Quem Venceu Onde” ou Who Won Where” (Yan e Kang, 2003; Balestre et al., 2009; Silva e Benin, 2012; Mattos et al., 2013).

A metodologia REML/BLUP permite aos melhoristas a modelagem da interação $G \times E$ por meio de uma matriz de (co)variâncias dos efeitos genéticos entre os diferentes ambientes em que os genótipos foram avaliados (Piepho et al., 2008). Além disso, a matriz de (co)variâncias residuais pode ser modelada mais adequadamente (Pádua et al., 2016; Rocha et

al., 2019). Essa abordagem permite a obtenção de um modelo mais realista na seleção de linhagens em MET, uma vez que ocorre a heterogeneidade de variâncias genéticas e residuais e à falta de correlação de genótipos entre pares de ambientes (Araújo et al., 2022; Melo et al., 2020).

Nesse sentido, o objetivo principal deste estudo foi integrar técnicas de envirotipagem, adaptabilidade e estabilidade e modelagem de matrizes de co(variâncias) genóticas e residuais para melhor compreender a interação $G \times E$ e subsidiar informações importantes para recomendação de genótipos de trigo na nova fronteira de produção no Brasil.

2. CAPÍTULO 1: ENVIROTYPES APPLIED TO EVALUATE THE ADAPTABILITY AND STABILITY OF WHEAT GENOTYPES IN THE TROPICAL REGION IN BRAZIL

2.1 Abstract

Global climate changes can dramatically impact wheat production in Brazil's Cerrado biome, considered a new wheat farming frontier. Therefore, new approaches are needed to better understand the G×E interaction in environments that are highly dissimilar in terms of climate variables. Here, we integrate envirotyping, adaptability, and stability techniques to better understand the G×E interaction and provide new insights for the recommendation of tropical wheat genotypes that can perform well in hotter and drier environments. Thirty-six wheat genotypes were evaluated for grain yield in eight field trials in 2018, 2019, and 2020 in the Brazilian tropical region. There is strong evidence that even in irrigated conditions, temperatures > 30 °C during the booting and heading/flowering stages dramatically reduce the grain yield. Two lines, VI14774 (GY = 3800 kg ha⁻¹), and VI14980 (GY = 4093 kg ha⁻¹) had better performance in the hotter environment (~22% and ~32% higher than the grand mean) and are potential germplasm sources for warmer environments at the booting and heading/flowering stages. In this study, the REML/BLUP and GGE Biplot methods highly correlate in terms of genotype classification for selection and recommendation purposes. The genotypes VI 14127, VI 14197, VI 14026, and BRS 264 are the closest to a hypothetical ideal genotype. Overall, this study provides new insights on how the environment typing can be useful to better understand the genotype-by-environment interaction and help to breed new climate-resilient wheat cultivars for the Brazilian tropical region.

Keywords: *envirotyping, Triticum aestivum L., G × E interaction, principal components, mixed models*

2.2 Introduction

The per capita consumption of wheat flour in Brazil is 40.62 kg inhabitant⁻¹ year⁻¹ (USDA 2021). This figure is higher than that of traditional staple foods such as rice and beans, with 35.2 kg inhabitant⁻¹ year⁻¹ and 15.2 kg inhabitant⁻¹ year⁻¹, respectively (EMBRAPA 2020). Although Brazil is a major consumer of wheat, with an approximate consumption of 12 million

tons (CONAB 2021), it is not self-sufficient and produces only 50% of the demand. Of the six million tons of wheat produced in Brazil, 86% are produced in the southern States of Brazil, such as Paraná and Rio Grande do Sul. However, Brazil has a high potential for expanding the cultivation of wheat, especially into regions of lower latitude, such as the Brazilian Cerrado (Casagrande et al. 2020; Mezzomo et al. 2021a; Pasinato et al. 2018).

Bornhofen et al. (2018) studied the genetic progress of wheat breeding programs in Brazil between 2004 and 2013 and found that the coldest and wettest regions of Brazil resulted in a genetic gain for grain yield of $115.53 \text{ kg ha}^{-1} \text{ year}^{-1}$ ($3.14\% \text{ year}^{-1}$), while in tropical, hot and dry regions the genetic gain was considerably lower: $61.59 \text{ kg ha}^{-1} \text{ year}^{-1}$ ($1.68\% \text{ year}^{-1}$). The lower performance in the Cerrado region can be explained by the presence of acidic soils with toxic aluminum (Boff et al. 2019), lower water availability (Pereira et al. 2019), high incidence of rice blast fungus (Goddard et al. 2020), and high temperatures that result in heat stress (Mezzomo et al. 2021b; Thungo et al. 2021). However, wheat production in this region has some economic advantages, such as greater proximity to the largest wheat consuming center in Brazil (the Southeast region), cultivation in the off-season, low relative humidity and low incidence of fungal diseases common to producing areas in the South region, which together lead to a high production potential and make it an alternative to produce high-tech wheat for the bakery industry (Pasinato et al. 2018; Oliveira et al. 2021).

The potential area for wheat production in Brazil is 7.27 million ha (Mingoti et al. 2014). As a result, the expansion and development of the national wheat chain, currently estimated at 2.6 million ha, could triple. However, this requires the development of new cultivars to increase productivity and contribute to a sustainable production (Johansson et al. 2020). It is necessary not only to develop new cultivars adapted to these environments, but also to identify already developed lines that are stable and adapted to this growing region. This task is not simple since there is an interaction between genotypes \times environments ($G \times E$), a complicating factor for breeders, especially of a complex nature, constituting a difficulty in the selection and recommendation of genotypes (Jarquin et al. 2017).

Several studies have reported a significant $G \times E$ interaction for grain yield of wheat (Beche et al., 2018; Mohammadi et al. 2018; Nehe et al. 2019; Rapp et al. 2018). This mainly occurs due to the differential response of a given genotype to a given environment in stimulated by both biotic, abiotic, or an interaction between them (Nardino et al. 2022a). For example, wheat plants exposed to very high temperature, have accelerated senescence, decreased chlorophyll of leaves, lower CO_2 assimilation, and increased photorespiration (Nuttall et al. 2018). High temperatures ($>32^\circ\text{C}$) around anthesis can induce a non-recoverable reduction in

yield by adversely affecting ovary development as well as pollen and floret viability (Pradhan et al. 2012). Therefore, even if the two environments are strictly similar (eg., in terms of soil fertility, average temperatures, and rainfall), extreme values can affect the plants differently, mainly depending on the crop stage they occur.

Reduced precipitation and increases in the maximum and minimum temperatures between 1961 and 2019 were recorded in the Cerrado (Hofmann et al. 2021), creating a cascade effect with a delay in the onset of the wet season and changes in important atmospheric parameters such as the reduction in relative humidity and evaporation and increase in the vapor pressure deficit (Marengo et al. 2022). The observational evidence of increasing climatic pressure in this area and unencouraging climate change projections (Reboita et al. 2022) put at risk the breeding efforts that generated wheat cultivars for this area and increase the challenges of breeding programs that aim to release new cultivars. Therefore, there is an urgent need to better understand the G×E interaction in this region, identifying climate-resilient genotypes that can perform well under warmer conditions. This can be one of the most effective ways for increasing wheat production in Brazil under new challenges from climate change.

Numerous methodologies are used with the objective of estimating the nature of $G \times E$ interactions, including parametric and non-parametric ones. These differ in terms of estimation concepts and procedures (Rad et al. 2013; Silva et al. 2012). However, a robust methodology is to use REML/BLUP mixed models (Restricted Maximum Likelihood/Best Unbiased Linear Predictor). The method proposed by Resende and Duarte (2007), which uses the harmonic mean of genotypic values (HMGV), allows selecting simultaneously for productivity and stability, in addition to adaptability, through the relative performance of the genotypic values of genotypes in environments.

Studies on adaptability and stability of wheat often combines different strategies such as harmonic mean of genotypic values (HMGV), Additive Main effects and Multiplicative Interaction (AMMI), and Genotype plus Genotype-Environment interaction (GGE) to identify stable genotypes and delineate mega-environments (Machado e Silva et al., 2021; Woyann et al. 2019; Verma and Singh 2021). Most of them, however, seem to not explore the climatic information in each environment. As previous studies have shown (Costa-Neto 2021a), envirotyping analysis (e.g., environmental covariables) can be an alternative to better understand the G×E interaction, mainly in a region/environment with high variations among the locations/seasons (Costa-Neto and Fritsche-Neto 2021; Xu et al. 2022). A better understanding of the lines response to environmental variations can be very useful for breeding

programs, in characterizing the G×E interaction, a major complicating factor for breeders (Resende et al. 2022).

In this sense, the main goal of this study is to integrate envirotyping, adaptability, and stability techniques to better understand the G×E interaction and provide new insights for the recommendation of spring wheat genotypes in the new frontier of production in Brazil.

2.3 Material and Methods

2.3.1 Environments, Genotypes, and Experimental Design

From 2018 to 2020, eight field experiments were conducted in four different locations in the State of Minas Gerais, Brazil (Table 01). The trials were made from a partnership between the Federal University of Viçosa (UFV) and the Cooperativa Agropecuária do Alto Paranaíba (COOPADAP). All test environments were in the Brazilian tropical wheat region, with dry winter characteristics. The three environments located in Viçosa are in a transition region from the Atlantic Forest to the Cerrado. The other environments are all Cerrado. In environment 6, there was inoculation with the fungus *Magnaporthe oryzae* pat. *Triticum*, which causes blast. This procedure was performed as described by Gomes et al. (2019). The purpose of artificial inoculation was to select promising strains for this type of situation, common in dry environments in tropical Brazil.

Table 01 List of eight environments in the study and climatological and experimental variables during the trial period.

Environment	Year	Condition	Köppen	Sowing date	Trial period
1 Rio Paranaíba	2018	Irrigated	Aw - dry winter tropical climate	02/05/2018	May - August
2 Rio Paranaíba	2019	Irrigated	Aw - dry winter tropical climate	09/05/2019	May - August
3 Viçosa	2019	Irrigated	Cwa - dry winter subtropical climate	10/06/2019	June - September
4 Viçosa	2020	Irrigated	Cwa - dry winter subtropical climate	10/06/2020	June - September
5 Viçosa	2020	Dry	Cwa - dry winter subtropical climate	16/06/2020	June - September
6 São Gotardo*	2020	Dry	Aw - dry winter tropical climate	30/03/2020	April - July
7 São Gotardo	2020	Irrigated	Aw - dry winter tropical climate	06/05/2020	May - August
8 Sete Lagoas	2020	Irrigated	Aw - dry winter tropical climate	16/07/2020	July - October
Environment	Altitude	Latitude	Longitude	Temp med (°C)	Relative humidity (%)
1 Rio Paranaíba	1,150 m	19°21'31"S	46°07'22"W	18.1	81.7
2 Rio Paranaíba	1,150 m	19°21'31"S	46°07'22"W	17.8	85.5
3 Viçosa	648 m	20°45'14"S	42°52'55"W	18.6	76.5
4 Viçosa	648 m	20°45'14"S	42°52'55"W	18.2	79.2
5 Viçosa	648 m	20°45'14"S	42°52'55"W	18.2	79.2
6 São Gotardo*	1,083 m	19°13'21"S	46°05'28"W	18.4	80.2
7 São Gotardo	1,083 m	19°13'21"S	46°05'28"W	18.7	82.3
8 Sete Lagoas	796 m	19°28'34"S	44°11'42"W	21.8	58.9

* Genotypes used in this environment were inoculated with blast.

The treatments consisted of 31 lines from the UFV Wheat Breeding Program and five commercial cultivars from different institutions or companies (Table 2). The treatments were arranged in a completely randomized blocks design with three replications. The plots consisted of five lines, five meters in length, spaced at 17 cm, in the trials of Rio Paranaíba and São Gotardo and 20 cm in the other environments. The population density was 350 seeds m⁻². For evaluation purposes, the three central lines were considered as the useful plot. The experimental management was carried out according to the technical recommendations for wheat cultivation in the Brazilian Cerrado (Technical information for wheat cultivation: EMBRAPA, 2020). Grain yield (GY) was determined in kg ha⁻¹, with correction for 13% moisture.

Table 02 Genealogy, breeding institution, and year of release of the commercial genotype or year of crossing for recombinant inbred lines (RILs) of the genotypes used in the trials.

	Class	Genotype	Genealogy	Developer	Year
G1	Cultivar	BRS 264	Buck Buck/Chiroca//Tui	Embrapa Trigo	2005
G2	Cultivar	CD 151	BRS 120/ORL 95282	Coodetec	2011
G3	Cultivar	ORS 1403	Inia Tijereta/Alcover//Abalone	OR Sementes	2014
G4	Cultivar	TBIO Aton	TBIO Mestre/Fuste//TBIO Mestre	Biotrigo Genética	2018
G5	Cultivar	TBIO Duque	Toruk#3/Celebra//Noble	Biotrigo Genética	2018
G6	RILs	VI 09004	Unknown	UFV	2009
G7	RILs	VI 09007	Unknown	UFV	2009
G8	RILs	VI 09031	Unknown	UFV	2009
G9	RILs	VI 09037	Unknown	UFV	2009
G10	RILs	VI 130679	Unknown	UFV	2013
G11	RILs	VI 130755	Unknown	UFV	2013
G12	RILs	VI 130758	Unknown	UFV	2013
G13	RILs	VI 131313	Unknown	UFV	2013
G14	RILs	VI 14001	Embrapa 42/ Pioneiro	UFV	2014
G15	RILs	VI 14022	BRS254/Aliança	UFV	2014
G16	RILs	VI 14026	BRS254/Aliança	UFV	2014
G17	RILs	VI 14050	IAC364/BRS207	UFV	2014
G18	RILs	VI 14055	IAC364/BRS207	UFV	2014
G19	RILs	VI 14088	IAC364/BRS207	UFV	2014
G20	RILs	VI 14118	IAC364/BRS207	UFV	2014
G21	RILs	VI 14127	BRS264/VI98053	UFV	2014
G22	RILs	VI 14194	BRS264/VI98053	UFV	2014
G23	RILs	VI 14197	BRS264/VI98053	UFV	2014
G24	RILs	VI 14204	BRS264/VI98053	UFV	2014
G25	RILs	VI 14208	BRS264/VI98053	UFV	2014
G26	RILs	VI 14214	BRS264/VI98053	UFV	2014
G27	RILs	VI 14239	IAC364/VI98053	UFV	2014
G28	RILs	VI 14327	Sel. Rec. 9-16	UFV	2014
G29	RILs	VI 14426	BRS264/BRS207	UFV	2014
G30	RILs	VI 14668	Unknown	UFV	2014
G31	RILs	VI 14708	Unknown	UFV	2014
G32	RILs	VI 14774	Unknown	UFV	2014
G33	RILs	VI 14867	Unknown	UFV	2014
G34	RILs	VI 14881	Unknown	UFV	2014
G35	RILs	VI 14950	Unknown	UFV	2014
G36	RILs	VI 14980	Unknown	UFV	2014

2.3.2 Envirotyping

For each location/season, we collected weather data on a daily basis using the R package EnvRtype (Costa-Neto et al. 2021a). EnvRtype is a very practical package to acquire and

process weather data. Based on geographical coordinates (WGS84), plant date, and harvest date, the package collects and processes remote weather data from “NASA’s Prediction of Worldwide Energy Resources” (NASA POWER, <https://power.larc.nasa.gov/>). The following variables were gathered using the `get_wheater()` function: average air temperature (TMED, °C d⁻¹), minimum air temperature (TMIN, °C d⁻¹), and maximum air temperature (TMAX, °C d⁻¹), 2 m above the surface of the earth, rainfalls (RAINFALL, mm), wind speed at 2 meters (WS, km h⁻¹), and relative humidity (RH, %). Using the function `parm_temperature()`, `parm_atmospheric()`, and `parm_radiation()`, the following parameters were computed: thermal parameters: Growing Degree Day (GDD, °C d⁻¹, considering a base temperature of 5°C), daily temperature range (TRANGE, °C d⁻¹), effect of temperature on radiation use efficiency (FRUE, from 0 to 1); atmospheric parameters: potential evapotranspiration (ETP, mm d⁻¹), slope of saturation vapor pressure curve (SPV, Kpa °C d⁻¹), vapor-pressure deficit (VPD, kPa), and dewpoint temperature (TDEW, °C); and radiation parameter: extraterrestrial radiation (RTA, MJ m⁻² day⁻¹).

We used the function `W_matrix()` of the `EnvRtype` package (Costa-Neto et al., 2021a) to create a covariate matrix (**W**), as proposed by (Costa-Neto et al., 2021b). To better capture the temporal variation of the environmental information across crop development, the crop cycles were divided into five-time intervals: from 0 to 30 DAE (tillering); from 31 to 55 DAE (boosting); from 56 to 70 DAE (heading/flowering); from 71 to 94 DAE (kernel milk stage); and from 95 to 130 DAE (physiological maturity). These time intervals were defined based on agronomic knowledge of how wheat grows in the Brazilian Cerrado. For each variable–phenology combination, we calculated the first quartile (25%), median (50%), and third quartile (75%) of each combination of environmental variable × time interval across different environments. Therefore, each one of the 210 combinations of environmental variable × time interval × quantile has become an envirotype descriptor of the environmental relatedness.

Using the **W** matrix, we calculated an enviromic kernel (equivalent to a genomic relationship), using the function `env_kernel()` of the `EnvRtype` package (Costa-Neto et al., 2021a). In order to identify mega-environments, a hierarchical clustering (average method) was applied to **W**, producing a heat map.

2.3.3 Statistical analysis

2.3.3.1 Deviance analysis and genetic parameters

The REML/BLUP methodology was used to estimate variance components and predict the effects of genotypic values and the $G \times E$ interaction. The model used was

$$y = Xr + Zg + Wge + e$$

where y is the vector of phenotypic data, r is the vector of repetition effects (assumed as a fixed effect), which includes all repetitions of all environments and encompasses the effect of environment and repetitions within environments plus the general average, g is the vector of genotypic effects (assumed to be random) ($g \sim N(0, \sigma_g^2)$), where σ_g^2 represents genotypic variance, ge is the vector of effects of the $G \times E$ interaction (assumed to be random) ($ge \sim N(0, \sigma_{ge}^2)$), where σ_{ge}^2 is the variance of the $G \times E$ interaction and e is the vector of errors or residuals (assumed to be random) ($e \sim N(0, \sigma_e^2)$), where σ_e^2 is the matrix of residual variance. The letters X , Z , and W mean the incidence matrices for the described effects.

The likelihood ratio test (LRT) was performed in order to test the random effects of the model through deviance analysis considering the complete model without the effect of genotype and $G \times E$ interaction. Using the REML methodology, the variance components and genetic parameters were obtained: genetic variance (σ_g^2), variance of the $G \times E$ interaction (σ_{ge}^2), residual variance (σ_e^2), phenotypic variance (σ_p^2), heritability of the mean of genotypes ($\hat{h}_{m,g}^2$), selective accuracy ($\hat{r}_{g,g}$) coefficient of determination of the $G \times E$ interaction (R_{ge}^2), genotypic correlation of genotype performance across the evaluated environments (r_{ge}), genetic variation coefficient ($CV_{g\%}$), and environmental variation coefficient ($CV_{e\%}$), as follows:

- $\hat{h}_{m,g}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\left(\frac{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{ge}^2 + \hat{\sigma}_e^2}{E}\right)}$, where E is the number of environments evaluated.
- $\hat{r}_{g,g} = \sqrt{\hat{h}_{m,g}^2}$
- $R_{ge}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{ge}^2}{\hat{\sigma}_{ge}^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2} = \frac{\hat{\sigma}_{ge}^2}{\hat{\sigma}_p^2}$
- $r_{ge} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{ge}^2}$
- $CV_{g\%} = \left(\frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{\chi}}\right) \times 100$, where $\bar{\chi}$ is the overall average (3,739.17 kg ha⁻¹)

$$f) \quad CV_{e\%} = \left(\frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{x}} \right) \times 100$$

The genotypic values free of the genotype \times environment interaction were obtained and given by the formula $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i$, where $\hat{\mu}_j$ is the general mean of all environments and \hat{g}_i is the free genotypic effect of the $G \times E$ interaction. For each individual environment, the genotypic values were predicted using the formula $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_{ij}$, where $\hat{\mu}_j$ is the mean of the environment j , \hat{g}_i is the genotypic effect of the genotype i in the environment j , and $\hat{g}e_{ij}$ is the effect of the $G \times E$ interaction relative to the genotype i . For the eight environments considered in the study, an environmental stratification analysis was performed via least squares in order to identify groups of environments in which the $G \times E$ interaction is not significant. Furthermore, the $G \times E$ interaction was decomposed into its simple and complex parts using two methodologies: Robertson (1959) and Cruz and Castoldi (1991).

2.3.3.2 Stability analysis

For the stability and adaptability analysis, the model 54 (Stability, Adaptability and Productivity) of the Selegen software (Resende 2016) was used, which corresponds to the design of complete blocks in various environments with one information per plot. The concept of stability is based on the harmonic mean of genotypic values (HMGV). The concept of adaptability refers to the relative performance of genotypic values (RPGV). Thus, the conception of the analysis by stable, adaptable, and productive genotypes occurs through the analysis of the harmonic mean of the relative performance of genotypic values (HMRPGV), which considers both information together.

- a) $HMGV = \frac{E}{\sum_{j=1}^E \left(\frac{1}{GV_{ij}} \right)}$, where E is the number of environments ($E = 8$), where the genotype i was evaluated, GV_{ij} is the genotypic value of genotype i in the environment j , expressed in relation to the mean of that environment.
- b) $RPGV = \frac{1}{E} \times \frac{\sum_{j=1}^E GV_{ij}}{\hat{\mu}_j}$, where $\hat{\mu}_j$ is the mean grain yield of the wheat genotypes in the environment j .
- c) $HMRPGV = \frac{E}{(\sum_{j=1}^E \frac{1}{\hat{\mu}_j}) / GV_{ij}}$

The genotypic adaptability (PRGV) and the simultaneous stability and adaptability (HMRPGV) are multiplied by the general mean of the environments, $PRVG*\hat{\mu}$ and $HMRPVG*\hat{\mu}$, respectively.

To account for the mean performance and stability of genotypes, we also computed the WAASB index (Weighted Average of Absolute Scores), which allows weighting between the mean performance Y and stability (WAASB). This index was computed considering an weight of 65 for mean performance and 35 for stability (Olivoto et al. 2019).

2.3.3.3 Graphical approach

The GGE Biplot method was constructed using the information on the genotypic values of each genotype. This method is based on a graphical visualization of the data matrix, which considers the main effect of each genotype together with the effect of the $G \times E$ interaction. This methodology was described by Yan et al. (2000) and consists of:

$$Y_{ij} - \mu - B_j = \lambda_1 \xi_{1i} \eta_{1j} + \lambda_2 \xi_{2i} \eta_{2j} + \varepsilon_{ij}$$

where Y_{ij} is the predicted genotypic value for the GY of genotype i in the environment j , μ is the overall mean, B_j is the effect of the environment j . λ_1 and λ_2 are Eigenvalues associated with PC1 and PC2, ξ_{1i} and ξ_{2i} are the scores for the PC1 and PC2 axes for the genotype i , η_{1j} and η_{2j} are the scores for the PC1 and PC2 axes for genotype the j . ε_{ij} is the error associated with the two-dimensional model, that is, the percentage of $G + G + E$ effects not explained by the first two PCs. These analyses were processed using the Metan package in the R software (Olivoto and Lúcio, 2020).

2.3.3.4 Relationships between mean performance, stability, and climate variables

We used the WAASB index (Olivoto et al. 2019) for each environment to quantify the genotypic variation within each environment. Environments with higher WAASB are considered more discriminative, i.e., the variation among genotypes is assumed to be higher in such an environment. To study the relationships between environmental variables and how they could be related to mean performance and stability, we conducted a Principal Component Analysis with a two-way table containing the environmental variables, the WAASB index, and the average grain yield for each environment. The biplot was produced using the function

fviz_pca_biplot() of the R package factoextra (Kassambara and Mundt 2020) in order to show the relationships between studied traits.

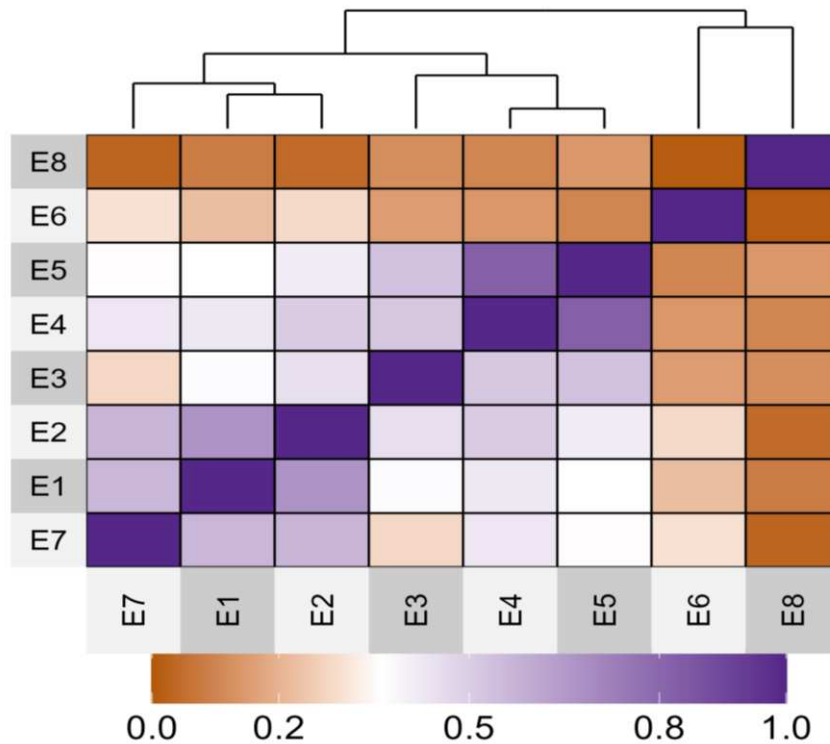
Finally, to better understand the distribution of the maximum temperature across the crop cycle in each environment, we used the function env_typing() of the EnvRtype package (Costa-Neto et al. 2021a) to create a plot with the relative frequency of occurrence. Therefore, it was possible to compare how environments (and mega-environments) are similar or not related to this environmental covariable.

2.4 Results and Discussion

2.4.1 Envirotyping

From the environmental covariates we performed the similarity analysis considering 14 enviromic kernels (Figure 01), where we can visualize the formation of four groups (mega-environments), which we worked on individually. In the similarity analysis, we visualize that environments E6 (São Gotardo* - dry) and E8 (Sete Lagoas) are contrasting in relation to the other environments that did not group with any other environment, where such environments represent a mega-environment. On the other hand, environments E3 (Viçosa irrigated 2019), E4 (Viçosa irrigated 2020) and E5 (Viçosa dry 2020) have greater similarity for the environmental covariates analyzed, indicating that the relative performance of genotypes in a same city did not change as a function of the water regime. This indicates that the variance components of the $G \times E$ interaction between these environments are not significant. This information can be seen in table 04, which describes the environmental stratification.

Fig. 01 Nonlinear enviromic kernels (Gaussian) based on 14 environmental covariates over eight tropical wheat environments (E1, E2, E3, E4, E5, E6, E7 and E8) shown in Table 1.

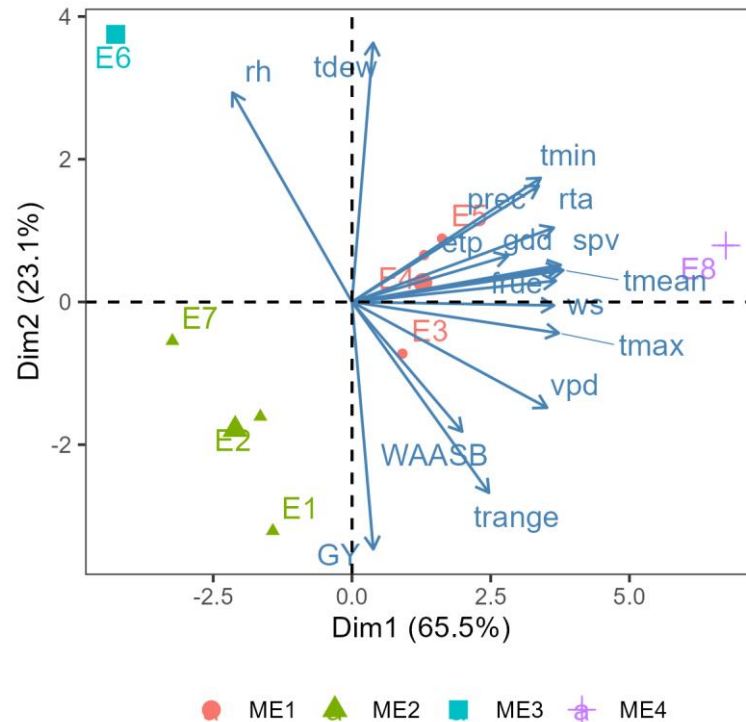


E1: Rio Paranaíba 2018 Irrigated, E2: Rio Paranaíba 2019 Irrigated, E3: Viçosa 2019 Irrigated, E4: Viçosa 2020 Irrigated, E5: Viçosa 2020 Dry, E6: São Gotardo 2020 Dry, E7: São Gotardo 2020 Irrigated, E8: Sete Lagoas 2020 Irrigated.

The environment E1 (Rio Paranaíba - irrigated 2018), E2 (Rio Paranaíba - Irrigated 2019) and E7 (São Gotardo irrigated 2020) have greater similarity, these environments formed another subgroup, possibly explained by the proximity between the three environments.

Figure 02 shows the biplot for the Principal Component Analysis between environmental variables, grain yield, and genotypic variation in the environments. The two principal component axes explained 88.6% of the total variation. There was a positive correlation between TMED, TMAX, SPV, and ETP, and a negative correlation of these climate variables with RH.

Fig. 02 Principal Component Analysis with a two-way table containing the environmental variables, the WAASB index, and the average grain yield for each environment/season for 36 tropical wheat genotypes in eight environments considering G x E interaction as evaluated in the 2018, 2019, and 2020 crops seasons in the Brazilian Cerrado.



E1: Rio Paranaíba 2018 Irrigated, E2: Rio Paranaíba 2019 Irrigated, E3: Viçosa 2019 Irrigated, E4: Viçosa 2020 Irrigated, E5: Viçosa 2020 Dry, E6: São Gotardo 2020 Dry, E7: São Gotardo 2020 Irrigated, E8: Sete Lagoas 2020 Irrigated.

tmean, °C d⁻¹: average air temperature, tmin, °C d⁻¹: minimum air temperature, tmax, °C d⁻¹: maximum air temperature, rh: relative humidity, gdd: growing degree day, trange: daily temperature range, frue: effect of temperature on radiation use efficiency, etp: potential evapotranspiration, spv: slope of saturation vapor pressure curve, vpd: vapor-pressure deficit, tdew: dewpoint temperature, rta: extraterrestrial radiation, prec: precipitation, ws: wind speed, GY: grain yield, WAASB: Estimated values of weighted average of stability.

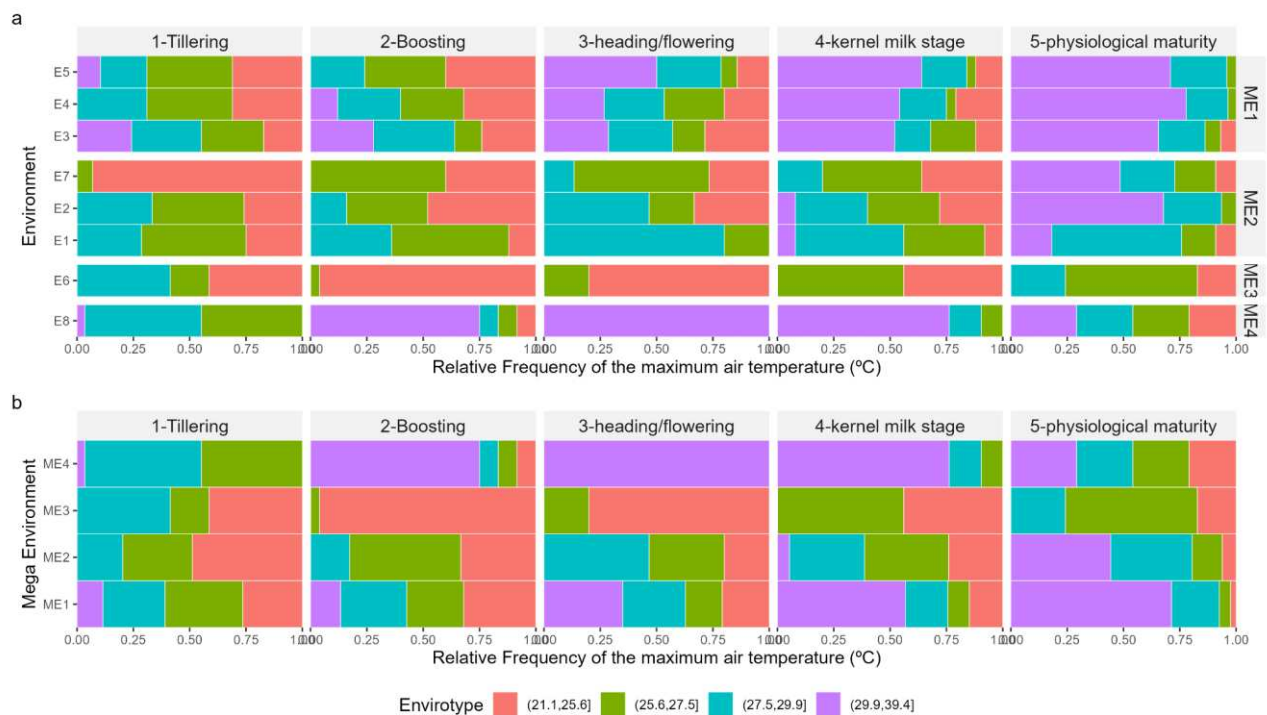
The PCA scores suggest that E3, E4, E5, and E8 were mainly characterized as having a higher TMD, TMAX, TMIN, a lower RH, and consequently a higher VPD, which is the difference (deficit) between the volume of moisture in the air and how much moisture the air can hold when it is saturated. The VPD can be then used as an accurate indicator of current air evaporative capacity. The combination of higher temperatures with high VPD resulted in higher rates of ETP observed for E4, E5, and E8. Therefore, it can be concluded that in warmer environments, the loss of water by evapotranspiration is greater than in cooler environments. This is supported by the positive association between ETP and environment temperatures (mean, minimum, and maximum).

The positive association of TMAX, TRANGE, and VPD and the negative association of RH with WAASB suggest that these environmental variables play a key role in the

manifestation of genotypic variation in each environment. Therefore, good prospects for the selection of climate-resilient wheat genotypes for the Cerrado are expected.

Figure 03 shows the distribution of the maximum air temperature within each mega environment. It is observed that maximum temperature (TMAX °C d⁻¹) showed a variable distribution, especially in mega environment four, which showed low average grain yield values (see the distribution for other variables in Supplementary material S1).

Fig. 03 Workflow for a scale envirotyping analysis for maximum air temperature (TMAX, °C d⁻¹) effects variable at 8 environmental level and 4 Mega Environment at 5 development stages (tillering, boosting, flowering final, kernel milk stage and physiological maturity) in wheat (total 112 ECs).



M1: E5, E4 and E3 (Viçosa 2019 and 2020 Irrigated and Viçosa 2020 Dry) ; M2: E7, E2 e E1 (São Gotardo 2020 Irrigated and Rio Paranaíba 2018 and 2019 Irrigated); M3: E6 (São Gotardo 2020 Dry); M4: E8 (Sete Lagoas 2020 Irrigated).

Investigating the maximum air temperature in each of the five development stages (tillering, boosting, final flowering, kernel milk stage and physiological maturity) it was observed that the higher temperatures of the E8 (Figure 04) were mainly observed during boosting, heading/flowering, and kernel milk stage with temperatures between 29 and 39°C during more than 75% of the days in these stages. On the other hand, environment E1 (Rio Paranaíba -irrigated), in which the wheat genotypes showed the highest BLUP for grain yield,

we were able to analyze in the workflow that the relative frequency of maximum air temperature in the development stages was reduced, which contributed to the excellent results obtained in this environment. Similar results for grain yield and maximum air temperature, we can observe for environments E3 (Viçosa irrigated 2019), E4 (Viçosa irrigated 2020) and E7 (São Gotardo irrigated).

Wheat is cereal of the most important food crops worldwide in terms of production and human nutrition. Brazil is a major consumer of wheat, with an approximate consumption of 12 million tons (Conab 2021), it is not self-sufficient and produces only 50% of the demand. Brazil has a high potential for expanding the cultivation of wheat, especially into regions of lower latitude, such as the Brazilian Cerrado (Casagrande et al. 2020). However, in the Brazilian Cerrado we need to develop and release cultivars with tolerance to heat, once those high temperatures same that for short periods have the potential to significantly reduce grain production (Nuttal et al. 2018). In the research by Hofmann et al. (2021) the importance and potential of the Brazilian Cerrado is highlighted with a prediction of maximum air temperature for 2050. The authors highlighted an increase in maximum temperature of 4.0, 3.4, 4.4, and 6.0 °C in the months of July, August, September and October, respectively. During these months, the wheat crop will be in full development in the field in this region. In parallel, the increase in maximum air temperature, the study also indicates a ~15% decrease in relative humidity.

Of the eight environments evaluated, in three (E6, E8 and E5) the wheat genotypes showed grain yields below the general average of the other environments, where E8 and E5 were environments with maximum air temperatures greater than 29°C at critical development stages, such as heading/flowering. The high temperature at anthesis or after anthesis decreased chlorophyll content, individual grain weight and grain yield of wheat (Pradham et al. 2012). High temperature stress decreases chlorophyll content as a result of damaged thylakoid membranes or lipid peroxidation of chloroplast membranes (Ristic et al. 2007; Djanaguiraman et al. 2010).

With these data, we understand that the development cycle of the genotypes was accelerated in this environment, which reduces the time for the accumulation of photo-assimilated reserves in the stalk and leaves that would be translocated to the grain later. High temperature, especially above 34 °C at flowering, as we observed, increases flower sterility in the spikelets, reducing the number of grains per spike and thus grain yield. Once, that reduced grain number may only be partially compensated by increased grain filling due to proportionally greater allocation of assimilate to the remaining kernels (Jenner et al. 1991; Nuttall et al. 2018). At growth stage (double ridge), high temperature adversely affects spikelet formation (Shpiler Artigo publicado no periódico *Euphytica* (2024), 220: 27. <https://doi.org/10.1007/s10681-023-03286-y>

and Blum 1986), at meiosis decreases grain number per spike by inducing ovule and pollen sterility and anther indehiscence (Prasad et al 2008a), at anthesis, stress decreases the grain number by adversely affecting ovarian development, pollen germination and pollen tube growth (Prasad et al. 2008b) At grain filling period, high temperature decreases leaf chlorophyll content and accelerates senescence (Zhao et al. 2007), leading to a shorter grain filling duration with an ultimate decrease in individual grain weight and yield (Pradhan et al 2012).

Based on these results we can also highlight the huge importance of considering the application of envirotyping in understanding the GxE interaction (Crossa et al. 2022; Heinemann et al. 2022; Resende et al. 2021), for deciphering environmental impacts of covariable climates on wheat genotypes. Wheat genotypes vary significantly in their sensitivity to high temperature, where many studies have showed significant differences in the response in heat tolerance (Pradhan et al. 2012; Farooq et al. 2011; Stone and Nicolas 1998). Thus, considering the impact that maximum air temperature has on the wheat crop and that the expansion area in Brazil will have an increase in maximum temperature, we need to select wheat genotypes that are resilient to these environmental conditions. Currently, a first step can be taken by analyzing the genetic variability of germplasm and recommending wheat genotypes that are more resilient to higher temperature environments.

2.4.2 Deviance analysis

According to the restricted maximum likelihood test (LRT) shown in Table 03, there is a significant effect of genotype and $G \times E$ interaction for the character GY ($p < 0.01$). The genetic variability of the conjoint analysis is the arithmetic mean of genotypic variance components of individual analyses minus the interaction (Cruz et al. 2012). In view of this, the practice of selection based on an average of the environments is not effective and appropriate. Therefore, it is necessary to use methods that capitalize on the effects of the $G \times E$ interaction in order to maximize gains for a series of environments. Other recent studies on wheat have also reported a significant effect of the $G \times E$ interaction for GY (Lozada et al. 2020; Sehgal et al. 2020; Szareski et al. 2021).

Table 03 Likelihood ratio test, variance components, and genetic parameters of 36 tropical wheat genotypes as for grain yield (GY) in eight environments evaluated in the 2018, 2019, and 2020 crop seasons in the Brazilian Cerrado.

Effect	Deviance	LRT	Variance Component	
Genotype	11,973.71	8.56**	$\hat{\sigma}_g^2$	33,357.93
G × E interaction	12,015.05	49.90**	$\hat{\sigma}_{ge}^2$	140,613.16
Residue	-	-	$\hat{\sigma}_e^2$	387,595.02
Complete model	11,965.15	-	$\hat{\sigma}_p^2$	561,566.11
Genetic Parameters				
Heritability of mean genotype (\hat{h}_{mg}^2)		0.50		
Selective accuracy (SA)		0.71		
Coefficient of determination of interaction G × E (R_{ge}^2)		0.25		
Genotypic correlation of performance in environments ($\hat{\sigma}_{ge}$)		0.19		
Genetic variation coefficient (VCg, %)		4.88		
Experimental variation coefficient VCe, %)		16.65		
Mean (kg ha ⁻¹)		3,739.17		

** $\chi_{1\%}^2 = 6.63$ * $\chi_{5\%}^2 = 3.84$

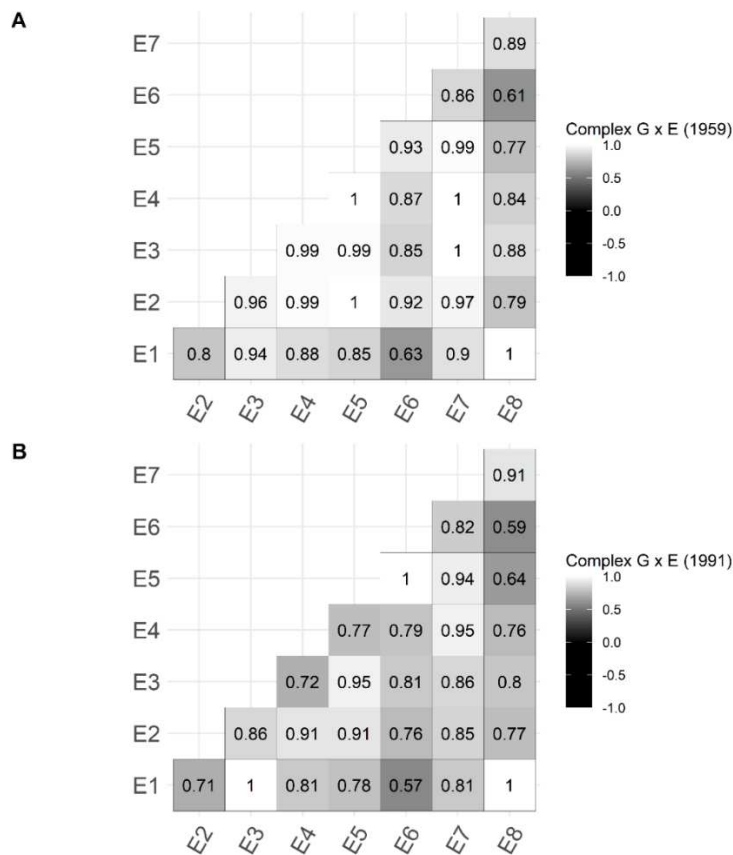
The variance component $\hat{\sigma}_p^2$ presented a greater contribution of components due to the effects of the G × E interaction ($\hat{\sigma}_{ge}^2$) and the environment ($\hat{\sigma}_e^2$) in relation to the genotypic component ($\hat{\sigma}_g^2$). This situation is quite common for complex characters, such as GY, as it has a strong environmental influence and is governed by many genes. The genetic parameters \hat{h}_{mg}^2 and the selective accuracy were 0.50 and 0.71, respectively. Casagrande et al. (2020) reported estimates similar as these for GY upon studying the diversity of a panel of wheat genotypes using REML/BLUP. According to Resende and Duarte (2007), selective accuracy estimates greater than 0.70 indicate a high experimental precision in the selection of genotypes. The CVe estimate was 16.65%, corroborating the parameter of accuracy and study of Nardino et al. (2022b) considering the variable GY in wheat.

The CVg/CVe ratio was lower than the unit, suggesting difficulties in multi-environment selection. The R_{ge}^2 and $\hat{\sigma}_{ge}$, which Table 03 shows, were low: 0.25 and 0.19, respectively. Low estimates for these parameters derive from the presence of a complex G × E interaction, which indicates an inconsistency in genotype superiority with variation across environments (Cruz et al. 2012). The lowest Cvg/Cve ratio is commonly found for polygenic traits with a strong environmental influence, as is the case with wheat grain yield.

2.4.3 Nature of genotype-environment interaction

Figure 04 shows the percentage of $G \times E$ interaction of the complex part. A high predominance of the complex part over the simple part is attested by estimates higher than 50% in both methodologies. In the comparison between the pairs of environments, there is a lack of correlation between the best genotypes of each environment. The lowest estimates are from the $E1 \times E6$ environments in both methodologies. These environments are those with the highest and lowest means, respectively. These results indicate that there is a trend towards less change in the ranking of genotypes between these environments.

Fig. 04 Percentage of $G \times E$ interaction of the complex part according to (A) Robertson (1959) and (B) Cruz and Castoldi (1991).



2.4.4 Genotypic mean performance

The BLUPs represented in Table 04 refer to the mean genotypic value in the various environments and capitalizes the average interaction with all evaluated environments. There is a high environmental variability according to the estimates of the genotypes evaluated. The

environment with the highest average was E1, in Rio Paranaíba 2018, followed by the environments E3 and E7, Viçosa 2019 and São Gotardo 2020, with mean yields per environment of 5,029.03, 4,292.80, and 4,265.80 kg ha⁻¹, respectively. These environments, classified as favorable environments or with high technology, if compared to the national average of wheat productivity in Brazil in 2020 (2,663 kg ha⁻¹), are 1.89 (E1), 1.61 (E3), and 1.60 (E7) times superior. It is important to point out that the Brazilian average of wheat productivity mainly reflects the South region, which historically cultivates wheat. In view of this, it is possible to verify a high potential of these cultivation environments for the cultivation of wheat in warmer regions. Currently, the wheat production area in tropical Brazil is still small (295.3 thousand hectares). However, in the coming years the estimate is to expand the wheat production area to one million hectares in an irrigated system in the Cerrado.

The least productive environment was the E6, São Gotardo 2020, a rainfed environment with sowing before the end of the rainy season and with pressure by disease (blast inoculation). Grain yield in this environment was 1,406.24 kg ha⁻¹. The second lowest productive average was in Sete Lagoas 2020 (E8), followed by Viçosa 2020 (E5). Among the three most unfavorable environments, two are environments with rainfed cultivation (E5 and E6). These results corroborate those Pereira et al. (2019) described. The authors concluded that there is a need for a greater drought tolerance in wheat to unlock the production potential of the Brazilian Cerrado.

Another unfavorable environment was E8, characterized as the environment with the highest average temperature during the cultivation period (21.8 °C) and the lowest relative humidity (58.9%) among all environments evaluated (Table 01). Leaf respiration is highly associated with higher air temperature in wheat and inversely proportional to yield, especially during the grain filling phase, with negative correlation estimates between 0.50 and 0.85 (Pinto et al., 2017). Heat tolerance in wheat is a polygenic trait difficult to quantify, and there are still no effective methods for selecting parents that are heat-tolerant and few molecular markers are used for the selection of this trait (Ni et al., 2018; Zhongfu et al. 2018). However, this characteristic, coupled with tolerance to water deficit, are essential factors for the advancement of wheat in Brazil, especially for lower regions in the Southeast and Midwest regions and in the North and Northeast States in general.

Table 04 Best linear unbiased predictor (BLUP) for 36 tropical wheat genotypes in eight environments considering G x E interaction as evaluated in the 2018, 2019, and 2020 crop seasons in the Brazilian Cerrado.

Genotypes	$\mu + g_i + (ge)_{ij}$								Mean $\mu + g_i$
	Environments								
	E1 ^{a*}	E2 ^{bd}	E3 ^b	E4 ^b	E5 ^b	E6 ^c	E7 ^{cd}	E8 ^c	
BRS 264	5282.23	4375.40	4594.23	4309.59	4281.84	1388.56	4780.20	3097.16	3918.94
CD 151	5133.16	3981.86	3926.71	3794.05	3484.88	1319.71	4620.75	2623.31	3654.93
ORS 1403	4766.96	3736.36	4220.72	3889.71	3180.30	1257.97	4654.84	2338.53	3586.24
TBIO ATON	5245.11	4194.03	4931.53	4342.03	3907.79	1403.87	4381.30	3334.58	3888.73
TBIO DUQUE	4721.24	4002.78	4320.12	4029.86	3515.71	1194.67	4173.36	2472.32	3617.74
VI 09004	5405.13	3823.78	4219.48	4673.11	3945.29	1567.34	4064.07	4068.09	3890.86
VI 09007	5306.46	4077.72	4036.95	4251.37	3699.00	1348.74	3712.14	2862.33	3688.52
VI 09031	5113.06	3957.37	4254.31	4028.08	3583.42	1515.56	3624.16	2929.14	3664.81
VI 09037	5349.56	4144.17	3984.18	3818.95	3395.13	1322.17	4082.31	3068.60	3677.91
VI 130679	4898.96	3482.30	4240.45	4341.23	3503.98	1290.43	4090.40	2681.78	3625.88
VI 130755	4621.50	3607.51	4299.76	3979.09	3228.69	1536.86	4279.23	2956.01	3624.17
VI 130758	4420.23	3883.09	4110.79	3996.55	3162.77	1465.33	4025.40	2914.98	3580.82
VI 131313	4638.85	3365.61	4406.71	3928.31	3836.29	1027.85	4130.87	3607.03	3659.61
VI 14001	4767.34	3882.66	4113.74	4005.18	3987.86	1274.39	4414.19	3260.62	3722.19
VI 14022	5795.32	3893.18	3657.15	3906.81	3444.77	1409.05	4351.73	2821.19	3687.25
VI 14026	5587.80	4356.68	4478.56	4073.46	3590.93	1644.69	4746.96	3500.30	3908.31
VI 14050	5138.20	3740.85	4237.25	4146.22	3727.61	1120.71	3846.74	2737.49	3639.43
VI 14055	5317.19	3807.28	4461.51	4550.30	3900.65	1305.89	4654.96	3781.99	3891.97
VI 14088	4424.98	3853.66	4527.73	4318.06	3484.28	1447.72	4055.07	3289.19	3697.20
VI 14118	5104.55	4268.61	4110.80	4387.65	3901.30	1460.54	4242.79	3212.28	3802.63
VI 14127	5706.27	4364.26	4603.74	4747.49	3915.44	1740.92	4482.76	3393.77	3988.15
VI 14194	5676.27	4162.07	4961.24	4398.18	3427.17	1629.55	4427.03	2851.64	3871.78
VI 14197	5884.07	4282.66	4379.20	4424.87	3995.84	1551.62	4602.84	3402.94	3952.90
VI 14204	5459.91	3703.28	4151.58	4351.95	3572.02	1646.64	4380.79	2555.84	3731.69
VI 14208	5005.01	3947.98	4307.44	4315.33	3684.80	1439.66	4344.18	2242.44	3687.88
VI 14214	5060.30	4182.44	4368.34	4813.63	3932.94	1467.10	4521.61	2750.58	3836.07
VI 14239	4509.86	3706.07	3816.21	3738.57	3646.55	1090.03	3869.91	2648.90	3502.80
VI 14327	5206.94	3838.80	4342.12	4467.27	3680.39	1304.04	4322.40	3075.91	3765.74
VI 14426	4814.14	3970.33	3994.47	3881.57	3657.52	1469.28	4270.01	2844.01	3656.32
VI 14668	5227.38	3898.25	4148.27	4154.12	3817.16	1671.45	4182.97	3525.37	3797.43
VI 14708	4962.56	3870.11	4414.74	4199.28	3464.51	1191.21	4292.40	3077.76	3703.08
VI 14774	4384.20	4211.41	4495.34	4339.31	3882.48	1745.95	4368.15	3800.89	3846.77
VI 14867	4420.44	4165.90	4756.99	4198.06	3345.16	1515.56	4374.17	3551.35	3773.08
VI 14881	4626.01	3964.26	4359.08	4332.43	3526.44	1232.24	3906.15	2712.93	3636.52
VI 14950	4482.00	3748.62	3625.09	3651.65	3269.52	1178.56	3753.46	3359.90	3506.29
VI 14980	4581.94	4252.46	4684.44	4616.68	3972.25	1448.69	4538.37	4093.31	3925.40
Mean	5029.03	3964.00	4292.80	4205.56	3654.24	1406.24	4265.80	3095.68	3739.17

* Environments followed by the same letter show non-significant G x E interaction components at 5% probability by F test.

The environmental stratification grouped the environments E2, E3, E4, and E5. This indicates that the variance components of the $G \times E$ interaction between these environments are not significant. The three environments in Viçosa, together with the Rio Paranaíba 2019 environment, established a mega-environment (b). The environments E6 and E7, rainfed and irrigated, of São Gotardo established another subgroup (c), indicating that the relative performance of genotypes in a same city did not change as a function of the water regime. The environments irrigated Rio Paranaíba (2020) and irrigated São Gotardo (2019) formed another subgroup, possibly explained by the proximity between the two environments. The environments E1 and E8, with lower and higher average air temperature, did not group with any other with non-significant $G \times E$ interaction. They are thus independent environments.

Among the ten most productive genotypes in the E1 environment, the most favorable environment in this study, six are among the group of the ten most productive genotypes in the E8, with artificial inoculation of blast, namely: VI 14127, VI 14204, VI 14026, VI 14194, VI 09004, and VI 14197. These results suggest the classification of these strains as an ideal genotype due to the high performance of these materials in favorable as well as in unfavorable environments. The VI 14127 genotype was present in the selection of the ten most productive genotypes in all evaluated environments. Other published studies have also reported a high performance of this genotype (Machado e Silva et al. 2021). Figure 03 shows the relationship between climate variables, environments, and grain yield.

Table 05 shows the results of stability (HMGV), adaptability (RPGV), stability, and adaptability. The HMGV results indicate that the most productive and stable genotypes were VI 14127, VI 14774, VI 14026, VI 14197, and VI 09004. The HMGV analysis simultaneously brings together a selection based on two concepts: productivity and stability. Productivity is the result of an ordering of genotypes based on their genotypic values (BLUP), and stability is calculated through the standard deviation of the genotype behavior in the environments evaluated. The smaller the standard deviation, the greater the harmonic mean of genotypes. The genotypes VI 14980 and BRS 264, the 3rd and 4th most productive genotypes based on environment means (Table 04), are not among the five genotypes with the highest estimate of HMGV. These results indicate that, despite being productive when the average across environments is analyzed, they present little predictable behaviors.

Genotypic adaptability (RPGV) is expressed as the mean value of the proportion of predicted genotypic values in relation to the general mean of each environment. In this sense, the most adapted genotypes were those with the highest estimate of HMGV, plus the genotype VI 14980. The genotype VI 14980 had previously the 6th highest value of HMGV. The

HMRPGV, which combines the concepts of productivity, stability and adaptability, classifies the genotypes exactly in the same way as the RPGV statistic informs. According to this method, the most productive, stable, and adapted genotypes are VI 14127, followed by the genotypes VI 14197, VI 14980, VI 14026, and VI 09004. No commercial genotype was among the top five for each parameter evaluated. The best commercial genotype was the BRS 264, with HMRPVG μ 3,974.48 kg ha⁻¹. This method is very similar to the classical method proposed by Linn and Binns (1988), but in a genotypic and not in a phenotypic context.

Other authors have already reported the use of this method for soybean (Gonçalves et al. 2020), cotton (Peixoto et al. 2020), and other oilseed species that produce biodiesel (Alves et al. 2018). For wheat, there is only one study in the literature (Machado e Silva et al. 2021); however, only three environments were used in it.

The first two principal components (PC1 and PC2) in the GGE Biplot analysis encompassed approximately 70% of the total variation (64.75%) present in the environments (Figure 05 A). Other authors, in a similar study with 50 wheat genotypes and nine environments, observed an explanation between PC1 and PC2 of 50%. According to Yan et al. (2000), PC1 indicates the degree of adaptability of the genotypes; it is correlated with the performance *per se* in each environment. PC2 indicates the degree of stability of each genotype. In this type of analysis, the cosine of the angle between two environments corresponds to the genetic correlation between them. There is a high negative genetic correlation between the environments E1 and E8. The high discordance between the performance of genotypes in these environments can be explained by the agroclimatic differences existing between them (Table 01).

Table 05 Genotypic stability (HMGV), genotypic adaptability (RPGV), simultaneous genotypic adaptability and stability (HMRPGV), genotypic value multiplying adaptability ($RPGV*\mu$), and genotypic value penalized by instability and multiplied by adaptability ($HMRPGV*\mu$) for 36 tropical wheat genotypes as for grain yield (GY) in eight environments evaluated in the 2018, 2019, and 2020 crop seasons in the Brazilian Cerrado.

Line	HMGV	Line	RPGV	$RPGV*\mu$	Line	HMRPGV	$HMRPGV*\mu$
VI 14127	3670.10	VI 14127	1.1117	4156.81	VI 14127	1.1092	4147.30
VI 14774	3570.17	VI 14197	1.0872	4065.32	VI 14197	1.0857	4059.75
VI 14026	3539.64	VI 14980	1.0845	4055.24	VI 14980	1.0747	4018.48
VI 14197	3534.09	VI 14026	1.0772	4027.91	VI 14026	1.0729	4011.71
VI 09004	3507.41	VI 09004	1.0743	4017.05	VI 09004	1.0640	3978.65
VI 14980	3493.21	VI 14774	1.0711	4005.12	BRS 264	1.0629	3974.48
VI 14668	3459.32	BRS 264	1.0662	3986.57	VI 14774	1.0596	3961.97
VI 14194	3437.34	TBIO ATON	1.0568	3951.45	TBIO ATON	1.0552	3945.41
BRS 264	3399.40	VI 14055	1.0560	3948.58	VI 14055	1.0496	3924.61
TBIO ATON	3391.96	VI 14194	1.0545	3942.86	VI 14194	1.0474	3916.27
VI 14867	3356.20	VI 14668	1.0412	3893.19	VI 14668	1.0359	3873.43
VI 14118	3348.19	VI 14214	1.0364	3875.43	VI 14214	1.0317	3857.54
VI 14214	3341.72	VI 14118	1.0289	3847.26	VI 14118	1.0276	3842.32
VI 14055	3338.90	VI 14867	1.0253	3833.60	VI 14867	1.0177	3805.48
VI 14204	3291.34	VI 14204	1.0029	3749.85	VI 14327	1.0009	3742.40
VI 14088	3243.72	VI 14327	1.0024	3747.99	VI 14204	0.9933	3714.16
VI 09031	3215.70	VI 14088	0.9912	3706.27	VI 14088	0.9876	3692.79
VI 14327	3197.80	VI 14001	0.9905	3703.50	VI 14001	0.9870	3690.73
VI 14426	3190.58	VI 09031	0.9773	3654.11	VI 09031	0.9733	3639.15
VI 130755	3187.44	VI 09007	0.9752	3646.32	VI 09007	0.9716	3633.07
VI 14001	3163.61	VI 14208	0.9744	3643.62	VI 14426	0.9703	3628.11
VI 14022	3145.82	VI 14022	0.9739	3641.74	VI 14708	0.9701	3627.43
VI 09007	3140.78	VI 14708	0.9732	3638.97	VI 09037	0.9675	3617.54
VI 14208	3126.08	VI 14426	0.9722	3635.29	VI 14022	0.9670	3615.95
VI 09037	3121.60	VI 09037	0.9704	3628.36	VI 14208	0.9626	3599.26
VI 130758	3116.07	VI 130755	0.9639	3604.21	VI 130755	0.9600	3589.65
CD 151	3069.25	CD 151	0.9581	3582.51	CD 151	0.9530	3563.51
VI 14708	3064.48	VI 131313	0.9558	3573.88	VI 14881	0.9464	3538.71
VI 130679	3035.88	VI 14881	0.9499	3551.69	VI 130679	0.9439	3529.26
VI 14881	3020.73	VI 130679	0.9468	3540.24	VI 130758	0.9421	3522.56
TBIO DUQUE	2955.48	VI 130758	0.9449	3533.15	VI 131313	0.9392	3511.69
ORS 1403	2937.66	VI 14050	0.9427	3524.85	VI 14050	0.9367	3502.45
VI 14050	2935.84	TBIO DUQUE	0.9377	3506.30	TBIO DUQUE	0.9320	3484.96
VI 131313	2912.19	ORS 1403	0.9263	3463.43	ORS 1403	0.9173	3429.93
VI 14950	2900.67	VI 14950	0.9060	3387.55	VI 14950	0.9005	3367.07
VI 14239	2808.35	VI 14239	0.8932	3339.80	VI 14239	0.8891	3324.56

The comparison between mean and stability (Figure 05 B) considers the continuous green line with the arrow, called “*average-environment axis*” (AEA), classifying the genotypes

with the highest average performance across the environments; the line perpendicular to the AEA indicates a greater environmental productivity variability (less stability) in any direction, such that the longer the dotted green line, the less stable the genotype (Yan and Tinker 2006). Based on these concepts, the sister lines G21 (VI 14127) and G23 (VI 14197) present genetic superiority in relation to the others. In addition, other genotypes show high stability and productivity: G1 (BRS 264), G16 (VI 14026), G18 (VI 14055), and G4 (TBIO ATON). The closer to the X axis (green line with arrow to the left), the greater the stability. In this case, the most stable genotypes are G27 (VI 14239), G34 (VI 14881), and G31 (VI 14708). However, these genotypes have a low grain yield in most environments. In general, the less productive a genotype is, the more stable it tends to be, as it consistently underperforms in many environments. The G36 (VI 14980) presented the greatest distance, evidencing a low estimate of prediction of productive behavior, which is different from the previous HMRPGV analysis.

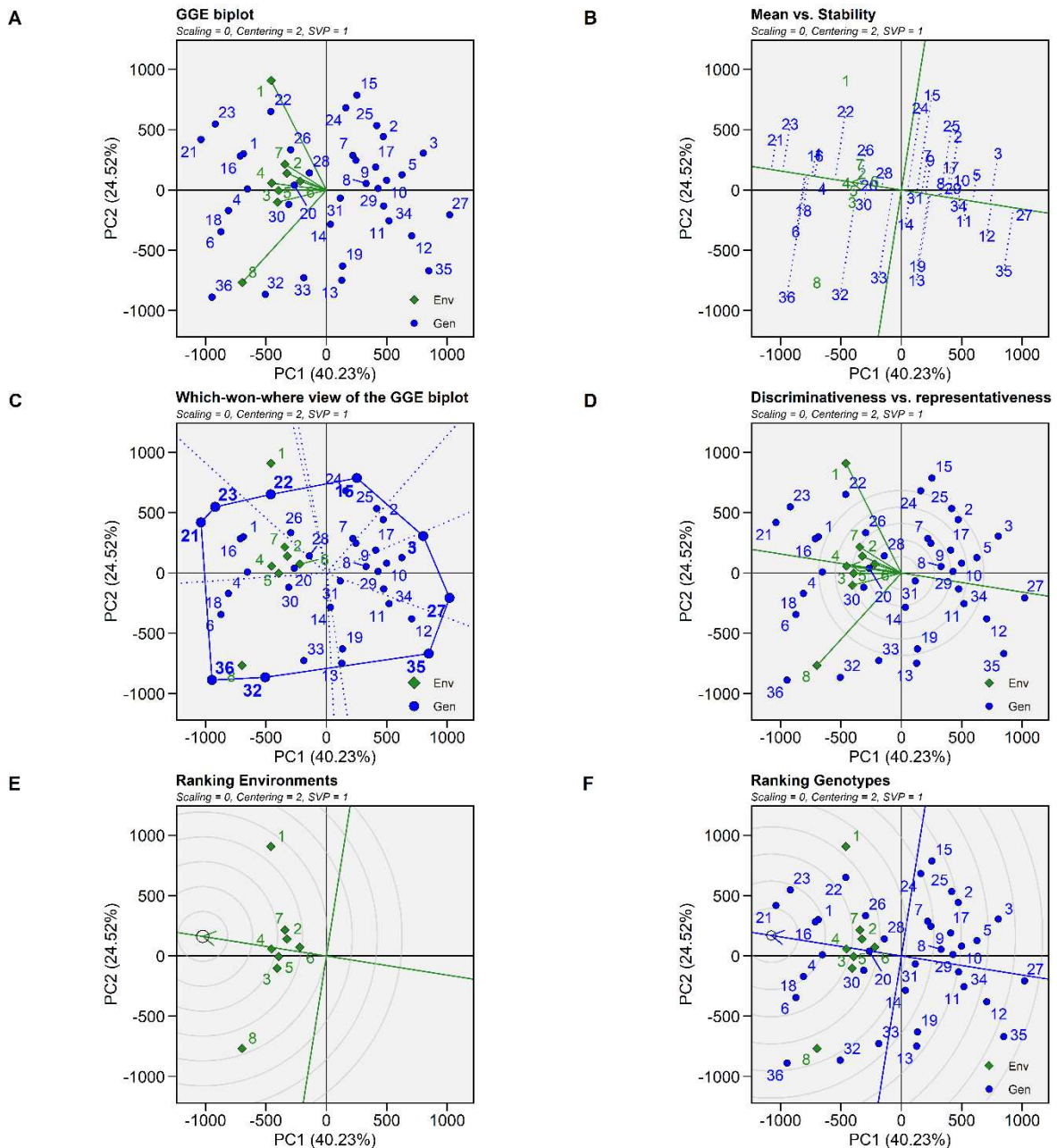
The genotypes derived from cultivar BRS 264 (G21, G22 and G23) in its *pedigree* are among the best results for stability. Other studies have already reported the high productivity, adaptability, and stability of this genotype under Brazilian Cerrado conditions (Albrecht et al., 2007). This cultivar occupies 70% of the cultivated area in the Cerrado of Brazil and the world record for daily productivity: 9,630 kg ha⁻¹, that is, 80.9 kg ha⁻¹ day⁻¹. Based on this, it is suggested that stability and adaptability are complex traits and are confused with grain yield. Their inheritance should be better investigated to optimize the selection of this trait in wheat breeding programs.

Based on the graphic representation *Which-won-Where* (Figure 05 C), the genotypes G21, G23, G22, G15, G3, G27, G35, G32, and G36 are the furthest from the Biplot origin and have a better performance in one or more environments. Therefore, these genotypes delimit the area of the polygon. The blue dotted lines leaving the center of the Biplot (0,0) delimit the diagram in nine different sectors, with the formation of three distinct mega-environments (ME). The first mega-environment (ME1) is composed of only E1, the second mega-environment (ME2) is composed of the environments E2, E3, E4, E5, E6 and E7, and the third mega-environment (ME3) is composed of the E8 environment. Each mega-environment can be defined as a group of environments where one or more genotypes show a high adaptability, similar to what occurs in environmental stratification analyses. The three mega environments formed by the GGE Biplot analysis corroborate the results obtained in the environmental stratification analysis due to the formation of subgroups with a non-significant G × E interaction. G22 showed high adaptability to ME1, G21 and G23 showed better performance in ME2, while the genotypes G36 and G32 showed high adaptability to ME3. The genotypes

present in sectors where there is no environment were not responsive to any environment studied.

ME1 and ME3 were more discriminative, while ME2 was more representative (Figure 05 D), especially the E6, a rainfed environment with blast inoculation. Mushayi et al. (2020) report that ideal environments for selection must be discriminatory and representative; however, no ME in this study was classified as ideal (Figure 05 E). Discriminatory but not representative environments can be used to select genotypes adapted to specific environments. Representative and homogeneous environments are ideal for the selection of widely adapted lines (Bányai et al., 2020). A genotype is considered ideal when high productive performance is linked to high stability. The genotypes closer to the center of the concentric circles are the most desirable and present a behavior close to that of the ideal genotype ideotype (Figure 05 F). In this study, the genotypes G21, G23, G16, G1, G4, and G22 are the closest to a hypothetical ideal genotype according to the GGE Biplot methodology. These results corroborate those found through the WAASBY index (Figure S2).

Fig. 05 GGE Biplot graph (A), stability (B), polygon (C), environment discrimination (D), ideal environment (E), and ideal genotype (F) obtained by the GGE Biplot method considering the first two principal components (PC1 and PC2) for 36 tropical wheat genotypes as for grain yield (GY) in eight environments evaluated in the 2018, 2019, and 2020 crop seasons in the Brazilian Cerrado.



2.5 Conclusions

The genotypes VI 14127, VI14197, VI14026, and BRS 264 were selected simultaneously by the HMRPGV and GGE Biplot method as highly productive, adaptable, and stable, being promising genotypes to be cultivated in the Brazilian tropical region. The envirotyping contributed to a better understanding of genotypic performance across contrasting environments. The grain yield was negatively correlated with the temperature at the dewpoint and relative humidity. The environment with a lower yield had natural rainfall and mild temperatures. Surprisingly, the environment with higher natural rainfall precipitation that received irrigation was the second less productive. There is strong evidence that the high temperatures ($> 30\text{ }^{\circ}\text{C}$) during 75% of the days during boosting stage and during the entire stage of heading/flowering were the main limiting climate factor in this environment. Within that environment, VI14774 and VI14980 strains showed better performance ($\text{GY} > 3800\text{ kg ha}^{-1}$) and are potential germplasm sources for high-temperature environments at the boosting and heading/flowering stages. Overall, this study provides new insights on how the environment typing can be useful to better understand the genotype-by-environment interaction and help to breed new climate-resilient wheat cultivars for the Brazilian tropical region. The joint use of HMRPGV and GGE Biplot methodologies is highly promising in exploring the $G \times E$ interaction, especially in situations with contrasting environments.

2.6 Acknowledgments

We appreciate the financial support from the Brazilian Government offered by the Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) -Finance Code 001.

2.7 References

- Albrecht JC, Vieira EA, Só e Silva M, Andrade, JMV, Scheeren PL, Trindade MG, Sobrinho JS, Sousa CNA, Reis WP, Ribeiro Júnior WQ, Fronza V, Cargnin A and Yamanaka CH (2007) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de trigo irrigado no Cerrado do Brasil Central. *Pesqui Agropecu Bras* 42:1727-1734. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007001200009>
- Alves RS, Peixoto LA, Teodoro PE, Silva LA, Rodrigues EV, Resende MDV, Bruno Galveas Laviola BG and Bhering LL (2018) Selection of *Jatropha curcas* families based on temporal stability and adaptability of genetic values. *Ind Crops Prod* 119:290-293. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2018.04.029>
- Bányai J, Kiss T, Gizaw SA, Mayer M, Spitzkó T, Tóth V, Kuti C, Mészáros K, Láng L, Karsai I and Vida G (2020) Identification of superior spring durum wheat lines under irrigated and rain-fed conditions. *Cereal Res Commun* 48:355-364. <https://doi.org/10.1007/s42976-020-00034-z>
- Beche E, da Silva CL, Todeschini MH, Milioli AS, Benin G and Marchese JA (2018) Improvement in Brazilian wheat breeding: changes in developmental phases and ecophysiological traits. *Euphytica* 214: 56. <https://doi.org/10.1007/s10681-018-2134-2>
- Boff T, Espindula LF, Bucker-Neto L, Minella E, Milach SCK, Silva PR (2019) Inheritance of aluminum tolerance in the wheat cultivar Toropi and new findings about the introduction of this trait into the Brazilian wheat germplasm. *Environ Exp Bot* 157:91-99. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2018.10.007>
- Bornhofen E, Todeschini MH, Stoco MG, Madureira A, Marchioro VS, Storck L and Benin G (2018) Wheat yield improvements in Brazil: Roles of genetics and environment. *Crop Sci* 58:1082-1093. <https://doi.org/10.2135/cropsci2017.06.0358>
- Casagrande CR, Mezzomo HC, Cruz CD, Borém A and Nardino M (2020) Choosing parent tropical wheat genotypes through genetic dissimilarity based on REML/BLUP. *Crop Breed Appl Biotechnol* 20: e329129316. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n3a50>
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento (2021) Acompanhamento da safra brasileira de grãos. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/ingo-agro/safra/safra-graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em: 27 de dez de 2021.
- Costa-Neto G, Galli G, Carvalho HF, Crossa J and Fritsche-Neto R (2021a). EnvRtype: a software to interplay enviromics and quantitative genomics in agriculture. *G3 Genes|Genom|Genet* 11: jkab040. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab040>
- Costa-Neto G, Fritsche-Neto R. and Crossa J (2021b). Nonlinear kernels, dominance, and envirotyping data increase the accuracy of genome-based prediction in multi-environment trials. *Heredity* 126:92–106. <https://doi.org/10.1038/s41437-020-00353-1>

Costa-Neto G and Fritsche-Neto R (2021) Enviromics: bridging different sources of data, building one framework. *Crop Breed Appl Biotechnol* 21(S): e393521S12. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332021v21Sa25>

Crossa J, Fritsche-Neto R, Montesinos-Lopez OA, Costa-Neto G, Dreisigacker S, Montesinos-Lopez A and Bentley AR (2021) The modern plant breeding triangle: optimizing the use of genomics, phenomics, and enviromics data. *Front Plant Sci* (12): 651480. <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2021.651480>

Cruz CD and Castoldi F (1991) Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. *Rev Ceres* 38:422-430.

Cruz CD, Regazzi AJ and Carneniro PCS (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. UFV, Viçosa, 514p.

Djanaguiraman M, Prasad PVV and Seppanen M (2010) Selenium protects sorghum leaves from oxidative damage under high temperature stress by enhancing antioxidant defense system. *Plant Physiol Biochem* 48:999–1007. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2010.09.009>

EMBRAPA – Empresa Nacional de Pesquisa Agropecuária (2020) Informações técnicas para trigo e triticale: 13ª Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale. Embrapa Trigo: Passo Fundo. 256 p.

EMBRAPA – Empresa Nacional de Pesquisa Agropecuária (2020). Consumo *Per capita* de Arroz (*Oryza sativa L.*) e de Feijão-comum (*Phaseolus vulgaris L.*), no Brasil, de 1985 a 2020. Disponível em: <<https://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/docs/arroz/consumopercapitaarrozefeijao.htm>>. Acesso em: 27 de dez de 2021.

Farooq M, Bramley H, Palta JA and Siddique KHM (2011) Heat stress in wheat during reproductive and grain-filling phases. *Crit Rev Plant Sci* 30:1–17. <https://doi.org/10.1080/07352689.2011.615687>

Goddard R, Steed A, Chinoy C, Ferreira JR, Pedro Luiz Scheeren PL, Maciel JLN, Caierão E, Torres GAM, Consoli L, Santana FM, Fernandes JMC, Simmonds J, Uauy C, Cockram J and Nicholson P (2020) Dissecting the genetic basis of wheat blast resistance in the Brazilian wheat cultivar BR 18-Terena. *BMC Plant Biol* 20: 398. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02592-0>

Gomes DP, Rocha VS, Rocha JRAS, Souza MA and Pereira OL (2019) Progresso temporal da brusone do trigo em função do inóculo primário, da aplicação de fungicida e da resistência dos genótipos. *Summa Phytopathol* 45:50-58. <https://doi.org/10.1590/0100-5405/187354>

Gonçalves GMC, Ferreira-Gomes RL, Lopes ACA and Viera PFMJ (2020) Adaptability and yield stability of soybean genotypes by REML/BLUP and GGE Biplot. *Crop Breed Appl Biotechnol* 20: e282920217. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n2a33>

Heinemann AB, Costa-Neto G, Fritsche-Neto R, da Matta DH and Fernandes IK (2022) Environmental prediction is useful to define the limits of climate adaptation: A case study of common bean in Brazil. *Field Crops Res* 286: 108628. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2022.108628>

Hofmann GS, Cardoso MF, Alves RJV, Weber EJ, Barbosa AA, de Toledo PM, Pontual FB, Salles LO, Hasenack H, Cordeiro JLP, Aquino FE, Oliveira LFB (2021) The Brazilian Cerrado is becoming hotter and drier. *Glob Chang Biol* 27:4060–4073. <https://doi.org/10.1111/gcb.15712>

Jarquín D, Silva CL, Gaynor RC, Poland J, Fritz A, Howard, Battenfield and Crossa J (2017) Increasing Genomic-Enabled Prediction Accuracy by Modeling Genotype x Environment Interactions in Kansas Wheat. *Plant Genome* 10:1-15. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2016.12.0130>

Jenner CF, Ugalde TD and Aspinall D (1991) The physiology of starch and protein deposition in the endosperm of wheat. *Aust J Plant Physiol* 18:211–226. <https://doi.org/10.1071/PP9910211>

Johansson E, Branlar G, Cuniberti M, Flagella Z, Hüsken A, Nurit E, Peña RJ, Sissons M and Vazquez D (2020) Genotypic and environmental effects on wheat technological and nutritional quality. In: Igrejas G, Ikeda T, Guzmán C. (eds) *Wheat quality for improving processing and human health*, 171-204. https://doi.org/10.1007/978-3-030-34163-3_8

Kassambara A and Mundt F (2020) factoextra: Extract and visualize the results of multivariate data analyses. Retrieved from <https://cran.r-project.org/package=factoextra>

Lin CS and Binns MR (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Can J Plant Sci* 68:193-198. <https://doi.org/10.4141/cjps88-018>

Lozada DN and Carter AH (2020) Insights into the genetic architecture of phenotypic stability traits in winter wheat. *Agronomy* 10: 368. <https://doi.org/10.3390/agronomy10030368>

Machado e Silva C, Mezzomo HC, Casagrande CR, Lima GW, Olivoto T and Nardino M (2021) Selection of tropical wheat lines based on classical and modern parameters of adaptability and stability. *Bulg J Agric Sci* 27:933–941.

Marengo JA, Jimenez JC, Espinoza JC, Cunha AP and Aragão LEO (2022) Increased climate pressure on the agricultural frontier in the Eastern Amazonia–Cerrado transition zone. *Sci Rep* 12: 457. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-04241-4>

Mezzomo HC, Casagrande CR, Sousa DJP, Borém A, Silva FFE and Nardino M (2021a) Mixed model-based Jinks and Pooni method to predict segregating populations in wheat breeding. *Crop Breed Appl Biotechnol* 21: e38352143. <https://doi.org/10.1590/1984-70332021v21n4a52>

Mezzomo HC, Casagrande CR, Machado e Silva C, Borém A and Nardino M (2021b) Association between physiological and agronomic traits and selection of tropical wheat. *J Crop Sci Biotechnol* 24:167–177. <https://doi.org/10.1007/s12892-020-00069-y>

Mingoti R, Holler WA and Spadotto CA (2014) Produção potencial de trigo no Brasil. Embrapa Gestão Territorial: Campinas. Disponível em:

<<http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/978795/1/SGTEInformativo02.pdf>

>. Acesso em: 02 de jan 2022.

Mohammadi R, Aemion M, Zadhasan E, Ahmadi MM and Amri A (2018) The use of AMMI model for interpreting genotype x environment interaction in durum wheat. *Exp Agric* 54:670-683. <https://doi.org/10.1017/S0014479717000308>

Mushayi M, Shimelis H, Derera J, Shayanowako AIT and Mathew I (2020) Multi-environmental evaluation of maize hybrids developed from tropical and temperate lines. *Euphytica* 216:1-14. <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02618-6>

Nardino M, Perin EC, Aranha BC, Carpes ST, Fontoura BH, de Sousa, DJP and Freitas DSD (2022a) Understanding drought response mechanisms in wheat and multi-trait selection. *PLoS One* 17: e0266368. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0266368>

Nardino M, Silva FF, Olivoto T, Barros WS, Carvalho CGD, Signorini VS, Mezzomo HC and Casagrande CR (2022b) Meta-analysis of the experimental coefficient of variation in wheat using the Bayesian and Frequentist approaches. *Sci Agric* 80: e20210190. <https://doi.org/10.1590/1678-992X-2021-0190>

Nehe A, Akin B, Sanal T, Evlice AK, Ünsal R, Dinçer N, Demir L, Geren H, Sevim I, Orhan S, Yaktubav S, Ezici A, Guzman C and Morgounov A (2019) Genotype x environment interaction and genetic gain for grain yield and grain quality traits in Turkish spring wheat released between 1964 and 2010. *PLoS ONE* 14: e0219432. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0219432>

Ni Z, Li H, Zhao Y, Peng H, Hu Z, Xin M and Sun Q (2018) Genetic improvement of heat tolerance in wheat: recent progress in understanding the underlying molecular mechanisms. *Crop J* 6:32–41. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2017.09.005>

Nuttall JG, Barlow KM, Delahunty AJ, Christy BP and O’Leary GJ (2018) Acute high temperature response in wheat. *Agron Journal* 110:1296–1308 <https://doi.org/10.2134/agronj2017.07.0392>

Oliveira MEAS, Alves TO, Gutkoski LC, Miranda MZ, Ferreira MSL and Takeiti CY (2021) Brazilian Cerrado wheat: Technological quality of genotypes grown in tropical locations. *J Food Process Preserv* 00: e16228. <https://doi.org/10.1111/jfpp.16228>

Olivoto T and Lúcio ADC (2020) metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods Ecol Evol* 11:783-789. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>

Olivoto T, Lúcio ADC, Silva JAG, Marchioro VS, Souza VQ and Jost E (2019) Mean performance and stability in multi-environment trials I: Combining features of AMMI and BLUP Techniques. *Agron J* 111:2949–2960. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>

Pasinato A, Cunha GR, Fontana DC, Monteiro JEBA, Nakai AM and Oliveira AF (2018) Potential área and limitations for the expansion of rainfed wheat in the Cerrado biome Central Brazil. *Pesqui Agropecu Bras* 54:779-790. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000700001>

Peixoto MA, Evangelista JSPC, Alves RS, Farias FJC, Carvalho LP, Teodoro LPR, Teodoro PE and Bhering LL (2021) Models for optimizing selection based on adaptability and stability of cotton genotypes. *Cienc Rural* 51: e20200530. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20200530>

Pereira JF, Cunha GR and Moresco ER (2019) Improved drought tolerance in wheat is required to unlock the production potential of the Brazilian Cerrado. *Crop Breed Appl Biotechnol* 19:217-225. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n2r30>

Pinto RS, Molero G and Reynolds MP (2017) Identification of heat tolerant wheat lines showing genetic variation in leaf respiration and other physiological traits. *Euphytica* 213: 76. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-1858-8>

Pradhan GP, Prasad PVV, Fritz AK, Kirkham MB and Gill BS (2012) Effects of drought and high temperature stress on synthetic hexaploid wheat. *Funct Plant Biol* 39:190–198. <https://doi.org/10.1071/FP11245>

Prasad PVV, Pisipati SR, Mutava RN and Tuinstra MR (2008a) Sensitivity of grain sorghum to high temperature stress during reproductive development. *Crop Sci* 48:1911–1917. <https://doi.org/10.2135/cropsci.2008.01.0036>

Prasad PVV, Pisipati SR, Ristic Z, Bukovnik U and Fritz AK (2008b) Impact of nighttime temperature on physiology and growth of spring wheat. *Crop Sci* 48:2372–2380. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.12.0717>

Rad MRN, Kadir MA, Rafii MY, Jaafar HZE, Naghavi MR and Ahmadi F (2013) Genotype × environment interaction by AMMI and GGE biplot analysis in three consecutive generations of wheat (*Triticum aestivum*) under normal and drought stress conditions. *Aust J Crop Sci* 7:956-961

Rapp M, Lein V, Lacoudre F, Fafferty J, Müller E, Vida G, Bozhanova V, Ibraliu A, Thorwarth P, Piepho HP, Leiser WL, Würschum T, Longin CFH (2018) Simultaneous improvement of grain yield and protein content in durum wheat by different phenotypic indices and genomic selection. *Theor Appl Genet* 131:1315-1329. <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3080-z>

Reboita MS, Kuki CAC, Marrafon VH, de Souza CA, Ferreira GWS, Teodoro T and Lima JWM (2022) South America climate change revealed through climate indices projected by GCMs and Eta-RCM ensembles. *Clim Dyn* 58:459–485. <https://doi.org/10.1007/s00382-021-05918-2>

Resende MDV (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breed Appl Biotechnol* 16:330-339. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>

Artigo publicado no periódico *Euphytica* (2024), 220: 27. <https://doi.org/10.1007/s10681-023-03286-y>

Resende MDV and Duarte JB (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesqui Agropecu Trop* 37:182–194.

Resende RT, Piepho HP, Rosa GJM, Silva-Júnior OB, Silva FF, Resende MDV and Grattapaglia D (2021) Enviromics in breeding: applications and perspectives on envirotypic-assisted selection. *Theor Appl Genet* 134:95–112. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03684-z>

Resende RT, Chenu K, Rasmussen SK, Heinemann AB and Fritsche-Neto R (2022) Enviromics in Plant Breeding 13: 935380. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.935380>

Ristic Z, Bukovnik U and Prasad PVV (2007) Correlation between heat stability of thylakoid membranes and loss of chlorophyllin winter wheat under heat stress. *Crop Sci* 47:2067–2073. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.10.0674>

Robertson A (1959) Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations: Biometrical genetics. New York: Pergamon Press, 186p. <https://doi.org/10.2307/2527670>

Sehgal D, Rosyara U, Mondal S, Singh R, Poland J and Dreisigacker S (2020) Incorporating Genome-Wide Association Mapping Results Into Genomic Prediction Models for Grain Yield and Yield Stability in CIMMYT Spring Bread Wheat. *Front Plant Sci* 11:197. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00197>

Shpiler L and Blum A (1986) Differential reaction of wheat cultivars to hot environments. *Euphytica* 35:483–492. <https://doi.org/10.1007/BF00021856>

Silva RR and Benin G (2012) Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. *Cienc Rural* 42:1404-1412. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782012000800012>

Stone PJ and Nicolas ME (1994) Wheat cultivars vary widely in their responses of grain yield and quality to short periods of postanthesis heat stress. *Aust J Plant Physiol* 21:887–900. <https://doi.org/10.1071/PP9940887>

Szareski VJ, Carvalho IR, Kehl K, Levien AM, Rosa TC and Souza VQ (2021). Adaptability and stability with multivariate definition of macroenvironments for wheat yield in Rio Grande do Sul. *Pesqui Agropecu Bras* 56: e02468. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2021.v56.02468>

Thungo Z, Shimelis H, Odindo A and Mashilo J (2021) Genetic gain for agronomic, physiological, and biochemical traits and quality attributes in bread wheat (*Triticum aestivum* L.): a meta-analysis. *Euphytica* 217: 119. <https://doi.org/10.1007/s10681-021-02846-4>

USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. Production, Supply and Distribution (PSD) on-line. Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/downloads>. Acesso em: 11 nov. de 2020.

Artigo publicado no periódico *Euphytica* (2024), 220: 27. <https://doi.org/10.1007/s10681-023-03286-y>

Verma A and Singh GP (2021) Stability, Adaptability Analysis of Wheat Genotypes by AMMI with BLUP for Restricted Irrigated Multi Location Trials in Peninsular Zone of India. *Agric Sci* 12:198–212. <https://doi.org/10.4236/as.2021.123013>

Woyann LG, Zdziarski AD, Baretta D, Meira D, Dallacorte LV and Benin G (2019) Selection of high-yielding, adapted and stable wheat lines in preliminary trials. *Crop Breed Appl Biotechnol* 19:412–419. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n4a58>

Yan W and Tinker A (2006) Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications. *Can J Plant Sci* 86:623-645. <https://doi.org/10.4141/P05-16>

Yan W, Hunt LA, Sheng Q and Szlavnicz Z (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci* 40:597-605. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>

Xu Y, Zhang X, Li H, Zheng H, Zhang J, Olsen MS, Varshney RK, Prasanna BM and Qian Q (2022) Smart breeding driven by big data, artificial intelligence, and integrated genomic-enviromic prediction. *Mol Plant* 15:1664-1695. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.09.001>

Zhao H, Dai T, Jing Q, Jiang D and Cao W (2007) Leaf senescence and grain filling affected by post-anthesis high temperatures in two different wheat cultivars. *Plant Growth Regul* 51:149–158. <https://doi.org/10.1007/s10725-006-9157-8>

Zhongfu N, Hongjian L, Yue Z, Huiru P, Zhaorong H, Mingming X and Qixin S (2018) Genetic improvement of heat tolerance in wheat: Recent progress in understanding the underlying molecular mechanisms. *Crop J* 6:32-41. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2017.09.005>

2.8 Anexos

Figure S1 – Covariables enviromics distribution between the four mega environment

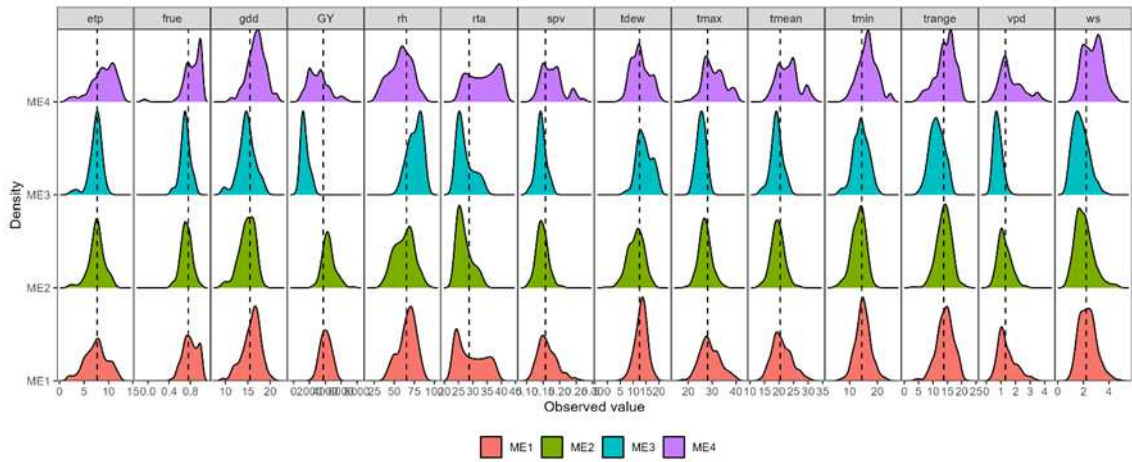
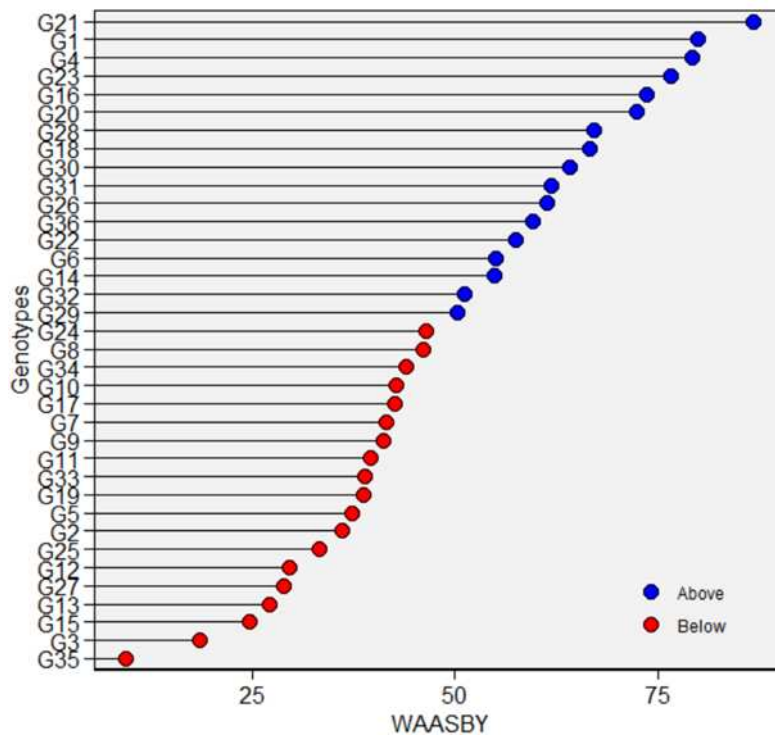


Figure S2 - Estimated values of weighted average of stability (WAASB) and mean performance (Y) (WAASBY) for 36 tropical wheat genotypes as for grain yield (GY) in eight environments evaluated in the 2018, 2019, and 2020 crop seasons in the Brazilian Cerrado



3. MODELAGEM DE ESTRUTURAS DE (CO)VARIÂNCIAS GENOTÍPICAS E RESIDUAIS NA SELEÇÃO DE LINHAGENS DE TRIGO TROPICAL EM ENSAIOS MULTIAMBIENTAIS

3.1 Resumo

A identificação de linhagens de trigo altamente produtivas e estáveis em uma série de ambientes nas regiões mais quentes e secas do Brasil por parte do programa de melhoramento é primordial para o Brasil tornar-se autossuficiente na produção deste cereal. No entanto, metodologias convencionais de análise nem sempre são as mais apropriadas. A ocorrência de desequilíbrio genético e/ou estatístico é comum nesse cenário. Além disso, pode haver (co)variância entre efeitos genéticos e residuais quando tratamentos são avaliados em diferentes ambientes. Para tal, avaliamos oito diferentes estruturas de matrizes de (co)variâncias genotípicas e residuais na seleção de 36 linhagens de trigo ao logo de oito ambientes em relação a produtividade de grãos. Os objetivos desse trabalho foram avaliar diferentes estruturas de matrizes de covariância e selecionar o modelo mais adequado com o intuito de selecionar linhagens com maiores valores genéticos. Existe associação entre os modelos avaliados pela correlação de Spearman de diferentes magnitudes. Baseado no Critério de Informação de Akaike (AIC) e de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC) o modelo de melhor ajuste foi de correlação heterogênea para os efeitos genotípicos e diagonal para os efeitos residuais. Aumento nos ganhos com a seleção usando o modelo de melhor ajuste na ordem de 5,48% e 8,10% foram observados quando a seleção é praticada baseada em ranking e pelo índice FAI-BLUP, respectivamente. As linhagens VI 14127, VI 14197, VI 14026, VI 14194, VI 14214 e as cultivares BRS 264 e TBIO ATON foram selecionadas pelo programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Triticum aestivum L.*, $G \times E$ interaction, REML/BLUP, mixed models.

3.2 Introdução

O Brasil possui quatro diferentes regiões edafoclimáticas para o cultivo de trigo, configuradas de acordo com as características de altitude, temperatura e precipitação. As regiões 1 e 2 são caracterizadas por clima úmido e frio e úmido e moderadamente frio, respectivamente. A região 1 engloba as áreas mais altas dos Estados do RS, SC e PR e a região 2 as áreas de menor altitude, dos mesmos Estados citados anteriormente e o sul de SP. A região

3 engloba o norte do Estado do PR e o sul do Estado do MS com características climáticas de altas temperaturas e moderadamente seco. A região 4 (quente e seca) engloba as regiões norte de SP, norte do MS, sul do MT, oeste da BA e Estados de MG e GO (Scheeren et al., 2008). Essas quatro regiões juntas configuram uma área total de 7,27 milhões de hectares potenciais para o cultivo de trigo no Brasil (Mingoti et al., 2014). Desse montante, mais de 50% da área potencial, aproximadamente 4 milhões de hectares, encontram-se na região de cultivo 4 (quente e seca).

De acordo com os dados da Companhia Nacional de Abastecimento no relatório de Abril/2023 as regiões brasileiras Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste somam aproximadamente 295,3 mil hectares semeados nessa safra (7% da área potencial de cultivo). Nessa safra, o Brasil deve produzir um pouco mais de 3 milhões de hectares de trigo (Conab 2023), sendo 90% produzido nos Estados da região Sul (RS, SC e PR). Esse número reflete a baixa participação produtiva das regiões edafoclimáticas 3 e 4 no montante nacional. Para que o Brasil possa tornar-se autossuficiente na produção de trigo, é necessário que a produção nacional dobre, passe de aproximadamente 6 mi de toneladas para 12 mi de toneladas. Diante disso, o aumento de áreas de produção nas regiões quentes e moderadamente secas e secas é imprescindível, visto que apresentam a maior área de cultivo potencial.

A identificação de genótipos de trigo adaptados e produtivos para essas regiões representa inúmeras vantagens, dentre elas o aumento da segurança alimentar no Brasil, pela diminuição da dependência de farinha no mercado internacional. Por isso, a seleção mais assertiva por linhagens de trigo de maior valor genético nos programas de melhoramento é uma etapa crucial (Robert et al., 2022). Para isso, se faz necessário a avaliação das linhagens em ensaios multiambientais (MET), com o intuito de identificar materiais mais adaptáveis e estáveis em uma série de ambientes (Bornhofen et al., 2017; Woyann et al., 2019). Nesse cenário, há a ocorrência de interação genótipos \times ambientes ($G \times E$), que surge em função do comportamento diferencial que os genótipos apresentam quando são avaliados em vários ambientes, ocorrendo devido a expressão diferencial dos genes pelos diferentes estímulos ambientais (Nehe et al., 2019; Singh et al., 2019).

A necessidade de avaliar as linhagens em MET aumenta a complexidade e dificuldade das análises estatísticas de seleção. A utilização de métodos tradicionais, baseados em análise de variância (ANOVA) por mínimos quadrados ortogonais pode não ser adequada na maioria das vezes. Isso ocorre devido ao fato que MET geralmente englobam uma série de ambientes com características climáticas, de solo e de manejo muito distintas, mesmo aqueles com proximidade geográfica. Essa dissimilaridade de ambientes aumenta a ocorrência de

desbalanceamento genético e/ou estatístico e o não atendimento de um dos pressupostos básicos para a ANOVA, a homoscedasticidade de variâncias. Para contornar esse problema, os programas de melhoramento de trigo têm usado a metodologia REML/BLUP (Patterson and Thompson 1971; Henderson 1975), para os melhores preditores lineares não-viesados serem estimados através do método de estimação de variâncias máxima verossimilhança restrita.

A metodologia REML/BLUP permite aos melhoristas a modelagem da interação $G \times E$ por meio de uma matriz de (co)variâncias dos efeitos genéticos entre os diferentes ambientes em que os genótipos foram avaliados (Piepho et al., 2008; Chaves et al., 2022). Além disso, a matriz de (co)variâncias residuais (efeitos não-genéticos) pode ser modelada mais adequadamente (Pádua et al., 2016; Rocha et al., 2019). Essa abordagem permite a obtenção de um modelo mais realista na seleção de linhagens em MET, uma vez que ocorre a heterogeneidade de variâncias genéticas e residuais e à falta de correlação de genótipos entre pares de ambientes (Araújo et al., 2022; Melo et al., 2020; Souza et al., 2021).

Embora essa metodologia seja amplamente considerada como mais adequada na seleção de linhagens em MET, ainda não é muito usada na cultura do trigo. Entre os poucos trabalhos de trigo conhecidos na literatura envolvendo essa abordagem (Buntaran et al., 2020; Crossa et al., 2006; Studnicki et al., 2016; Ward et al., 2019), nenhum foi encontrado envolvendo as condições tropicais de trigo no Brasil. Sendo assim, os objetivos desse trabalho foram: 1) avaliar oito diferentes estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos na seleção de linhagens de trigo; 2) selecionar o modelo mais apropriado de estrutura de co(variância) com maior capacidade preditiva do valor genético das linhagens de trigo e compará-lo com o modelo tradicional e amplamente usado (variâncias homogêneas); 3) estimar a associação linear existente entre as diferentes estruturas de matrizes de co(variâncias); 4) selecionar linhagens de trigo mais promissoras e prever os ganhos com a seleção considerando a seleção a partir do modelo de melhor ajuste e o modelo tradicional.

3.3 Material e Métodos

3.3.1 Material genético e delineamentos experimentais

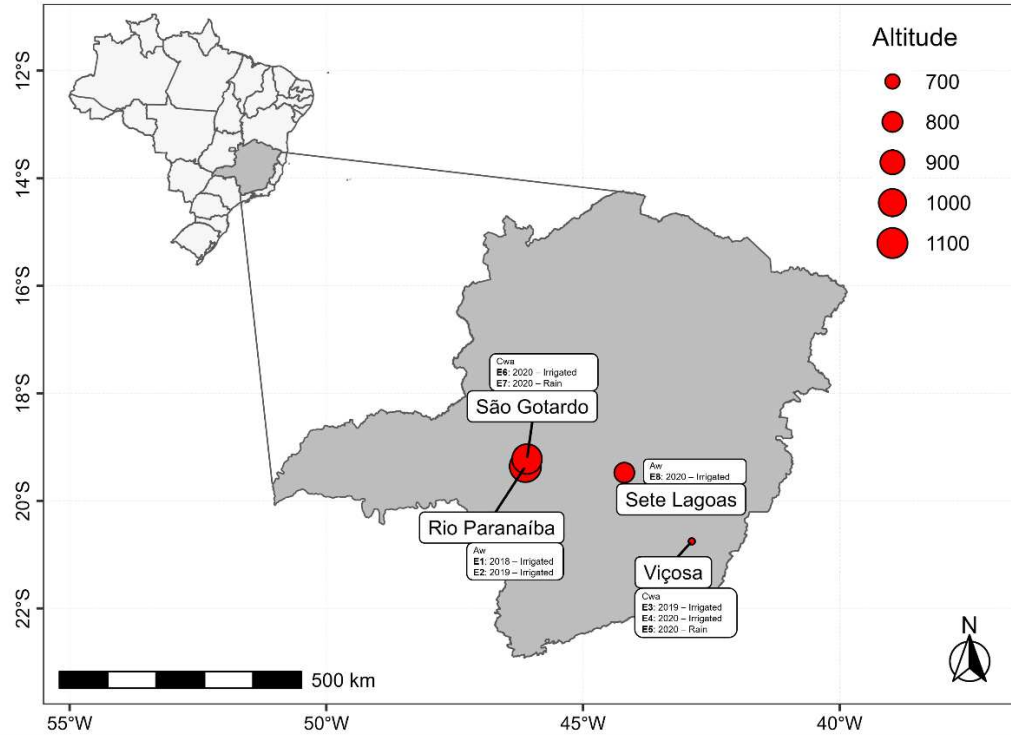
Oito experimentos de campo (Figura 01) que compõem a rede experimental de ensaios de Valor de Cultivo e Uso do Programa de Melhoramento de Trigo da Universidade Federal de Viçosa (UFV), MG, Brasil, foram avaliados durante três estações de inverno nos anos de 2018, 2019 e 2020 na região que corresponde ao Cerrado Brasileiro. Seis dos oito ensaios foram

conduzidos em condições irrigadas e o restante em condição de sequeiro. O manejo hídrico nos ensaios irrigados ocorreu de acordo com as necessidades hídricas da cultura. As semeaduras ocorreram entre os meses de abril a julho e foram realizadas de maneira mecanizada. O ambiente 7 (E7) recebeu inoculação de brusone (*Magnaporthe oryzae* pat. *Triticum*).

Os tratamentos consistiram em 36 genótipos endogâmicos de trigo tropical, sendo 31 oriundos do Programa de Melhoramento de Trigo da UFV e cinco cultivares comerciais testemunhas de diferentes obtentores (BRS 264, CD 151, ORS 1403, TBIO Aton e TBIO Duque). Essas linhagens encontram-se em fase final das etapas de seleção, visando a recomendação de novas cultivares de trigo para o Cerrado do Brasil. Os tratamentos foram dispostos em delineamentos de blocos completamente casualizados, com três repetições, conforme exigências do Registro Nacional de Cultivares – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (RNC-MAPA) do Governo Federal Brasileiro (Brasil, 2008).

A unidade experimental foi constituída por uma parcela com cinco linhas de cinco metros de comprimento, com espaçamento entre linhas que variou entre 17 e 20 cm, de acordo com o manejo de cada ambiente avaliado. Todos os ensaios foram conduzidos de acordo com as recomendações técnicas para o cultivo do trigo no Brasil (Embrapa, 2020). Somente as três linhas centrais foram colhidas na maturidade fisiológica e essas foram consideradas como a parcela útil. A densidade populacional foi de 350 sementes m⁻². As plantas foram colhidas de maneira manual e posteriormente trilhadas de forma mecanizada. Os pesos brutos de cada parcela foram corrigidos para 13% de umidade nos grãos. A produtividade de grãos foi determinada em kg ha⁻¹.

Figura 01. Localização dos ambientes usados nesse estudo nas safras de 2018, 2019 e 2020 no Cerrado Brasileiro.



3.3.2 Análises estatísticas

Para a estimação dos componentes de variância e a predição de efeitos dos valores genotípicos e da interação $G \times E$ foi utilizado a metodologia REML/BLUP, proposta por Patterson e Thompson (1971) e Henderson (1975), respectivamente. A significância dos efeitos aleatórios do modelo foi testada através do teste de razão de verossimilhança (LRT), por meio da estatística qui-quadrado (χ^2) com ν graus de liberdade, onde ν é a diferença entre o número de parâmetros dos modelos comparados (Wilks, 1938).

3.3.2.1 Modelo para análise conjunta

O modelo utilizado foi:

$$y = X\tau + Z_g u_g + Z_{ge} u_{ge} + \varepsilon$$

em que: y é o vetor de dados fenotípicos;

τ é o vetor composto pelos efeitos de repetição (assumidos como efeito fixo), que contempla todas as repetições de todos os ambientes, englobando o efeito de ambiente e das repetições dentro dos ambientes, acrescidos da média geral μ ;

u_g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios) ($u_g \sim N(0, G_g)$);

u_{ge} é o vetor dos efeitos da interação $G \times E$ (assumidos como aleatórios) ($ge \sim N(0, G_{ge})$);

ε é o vetor de erros ou resíduos (assumidos como aleatórios) ($e \sim N(0, R)$);

As letras X, Z_g e Z_{ge} representam as matrizes de incidência associadas aos efeitos τ, u_g e u_{ge} , respectivamente, e G_g, G_{ge} e R são as matrizes de (co)variâncias dos efeitos u_g, u_{ge} e ε , respectivamente, apresentadas anteriormente.

3.3.2.2 Modelagem dos efeitos aleatórios

Para a realização da análise conjunta dos ambientes, foi realizado a escolha de modelos contabilizando diferentes estruturas de matrizes de variância e covariância dos efeitos aleatórios do modelo. No total, oito diferentes estruturas foram avaliadas (Tabela 01). O efeito residual foi avaliado considerando a estrutura de identidade de variância (IDV) e de matriz diagonal (DIAG). Para o efeito de linhagem (genotípico) foram considerados as seguintes estruturas: simetria composta (CS), diagonal (DIAG), correlação heterogênea (CORH) e não estruturada (US). A combinação das diferentes estruturas pode ser visualizada na tabela abaixo:

Tabela 01. Resumo das diferentes estruturas de covariância ajustadas aos efeitos aleatórios do modelo.

Matrizes de (Co)variâncias	Modelos							
	1	2	3	4	5	6	7	8
G dos efeitos das linhagens	CS	CS	DIAG	DIAG	CORH	CORH	US	US
R dos resíduos	IDV	DIAG	IDV	DIAG	IDV	DIAG	IDV	DIAG

CS: Simetria Composta; IDV: identidade de variância; DIAG: matriz diagonal; CORH: correlação heterogênea; US: não-estruturada.

A estrutura IDV é homogênea, todos os elementos da diagonal são positivos e comuns e a os elementos de fora da diagonal (covariância) são nulos, ou seja, o valor de variância é o mesmo para todos os ambientes.

$$IDV = I[\sigma_x^2] = \begin{bmatrix} \sigma_x^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_x^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_x^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_x^2 \end{bmatrix}$$

Na estrutura DIAG os elementos da diagonal diferem entre si (são heterogêneos) e positivos, enquanto os elementos de fora da diagonal são nulos. Nesse tipo de matriz, cada ambiente apresenta um componente de variância diferente e a covariância entre os pares de ambientes é nula.

$$DIAG = \begin{bmatrix} \sigma_x^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_y^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_w^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_z^2 \end{bmatrix}$$

A estrutura CS apresenta na sua diagonal o somatório de duas variâncias distintas, mas com o mesmo valor em todos os ambientes e a covariância igual para todos os pares de ambientes.

$$CS = \begin{bmatrix} \sigma_x^2 + \sigma_y^2 & \sigma_x & \sigma_x & \sigma_x \\ \sigma_x & \sigma_x^2 + \sigma_y^2 & \sigma_x & \sigma_x \\ \sigma_x & \sigma_x & \sigma_x^2 + \sigma_y^2 & \sigma_x \\ \sigma_x & \sigma_x & \sigma_x & \sigma_x^2 + \sigma_y^2 \end{bmatrix}$$

Para a estrutura CORH, a diagonal principal é composta por variâncias heterogêneas e os elementos de fora da diagonal são compostos pelo produto da diagonal multiplicado por uma correlação (ρ).

$$CORH = \begin{bmatrix} \sigma_x^2 & \sigma_x \sigma_y \rho & \sigma_x \sigma_w \rho & \sigma_x \sigma_z \rho \\ \sigma_y \sigma_x \rho & \sigma_y^2 & \sigma_y \sigma_w \rho & \sigma_y \sigma_z \rho \\ \sigma_w \sigma_x \rho & \sigma_w \sigma_y \rho & \sigma_w^2 & \sigma_w \sigma_z \rho \\ \sigma_z \sigma_x \rho & \sigma_z \sigma_y \rho & \sigma_z \sigma_w \rho & \sigma_z^2 \end{bmatrix}$$

A estrutura US apresenta variância e covariância distinta entre os ambientes e os pares de ambientes, respectivamente.

$$US = \begin{bmatrix} \sigma_x^2 & \sigma_{xy} & \sigma_{xw} & \sigma_{xz} \\ \sigma_{yx} & \sigma_y^2 & \sigma_{yw} & \sigma_{yz} \\ \sigma_{wx} & \sigma_{wy} & \sigma_w^2 & \sigma_{wz} \\ \sigma_{zx} & \sigma_{zy} & \sigma_{zw} & \sigma_z^2 \end{bmatrix}$$

3.3.2.3 Critério de escolha do modelo

A comparação entre os modelos, considerando os efeitos genotípicos e residuais, foi realizada pelo Critério de Informação de Akaike (AIC) e pelo Critério de Informação Bayesiano

de Schwarz (BIC). Os critérios de AIC (Akaike, 1974) e BIC (Schwarz, 1978) são obtidos da seguinte forma:

$$AIC = -2\text{Log}(L) + 2\rho$$

$$BIC = -2\text{Log}(L) + 2\rho\text{Log}(N - r)$$

em que: $\text{Log}(L)$ é o logaritmo neperiano do ponto de máximo da função de verossimilhança residual, p é o número de parâmetros no modelo, N é o número total de observações e r é o posto da matriz de incidência para os efeitos fixos. Modelos com menores valores de AIC e BIC indicam modelos mais adequados, com melhor ajuste para os dados.

3.3.2.4 Correlação entre as diferentes estruturas de matrizes

Para averiguar a associação linear não-paramétrica entre os modelos testados, coeficientes de correlação de Spearman (Spearman, 1910) entre os pares de modelos de matrizes de (co)variância foram obtidos a partir dos valores genotípicos preditos (BLUPs), por meio da seguinte equação:

$$r = 1 - 6 \frac{\sum_1^n d_i^2}{n(n^2 - 1)}$$

em que: d_i é a diferença em números de postos no ranqueamento entre os BLUPs dos genótipos e n é o número total de observações.

3.3.2.5 Estimação de parâmetros genéticos e não-genéticos

A herdabilidade genotípica (\hat{h}^2) considerando o modelo 1 (CS \times IDV) foi obtida através da fórmula:

$$\hat{h}_{\text{modelo 1}}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\left(\frac{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{ge}^2 + \hat{\sigma}_e^2}{E}\right)}$$

em que E é o número de ambientes avaliados.

Para os demais modelos testados, a herdabilidade genotípica foi calculada da seguinte maneira:

$$\hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

As estimativas de acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$) foram obtidas da seguinte forma:

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\hat{\sigma}_g^2}}$$

em que PEV é a variância do erro de predição.

O coeficiente de variação experimental (CVe%) e o coeficiente de variação genotípico foram obtidos pela seguinte maneira:

$$CV_{e\%} = \left(\frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{\chi}} \right) \times 100 \qquad CV_{g\%} = \left(\frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{\chi}} \right) \times 100$$

Em que $\bar{\chi}$ representa a média fenotípica geral para GY.

3.3.2.6 Seleção de linhagens e predição de ganhos com a seleção

A seleção das linhagens ocorreu em dois diferentes cenários: (1) seleção truncada baseada nos valores genotípicos de cada ambiente e, (2) pelo índice de seleção FAI-BLUP (*factor analysis and genotype-ideotype distance*) (Rocha et al., 2017), considerando cada ambiente como sendo uma característica avaliada e uma taxa de seleção de 15% (6 linhagens). Ambos os modelos em comparação, o mais simples e usual (M1) e o de melhor ajuste (modelo escolhido pelos critérios AIC e BIC) foram comparados quanto aos ganhos com a seleção e coeficiente de coincidência na seleção das linhagens. Os ganhos com a seleção foram calculados a partir da seguinte fórmula:

$$DS = \bar{\chi}_s - \bar{\chi}_o$$

$$GS(\%) = \frac{DS}{\bar{\chi}_o} \times 100$$

em que DS indica diferencial de seleção, $\bar{\chi}_s$ média aritmética de GY das linhagens selecionadas e $\bar{\chi}_o$ média aritmética de todas as linhagens avaliadas.

3.3.2.7 Softwares utilizados

A comparação entre modelos, análises individuais e conjuntas, predição de valores genéticos foram realizadas no software R (R Core Team 2021, version 4.2.1), usando o pacote ASReml-R (Butler et al., 2018), versão 4.1. O índice de seleção FAI-BLUP, rede de correlações e correlação de Spearman utilizou-se o software R (R Core Team, 2021). As figuras foram realizadas utilizando os pacotes ggplot2 (Wickham 2016) e ComplexHeatmap (Gu et al., 2016).

3.4 Resultados

3.4.1 Escolha do modelo de (co)variâncias

Baseado no teste da razão da máxima verossimilhança restrita (Tabela 02), pode-se constatar que para todas as configurações de modelos de estruturas de (co)variâncias genóticas e residuais testadas, houve efeito significativo da variância genética ($p < 0.01$). De acordo com os critérios AIC e BIC, o melhor ajuste deu-se para o modelo 6 com matriz genotípica CORH e matriz residual DIAG. Os valores de AIC e BIC foram 11751,51 e 11831,98, respectivamente. Curiosamente, o modelo escolhido pelos critérios de AIC e BIC não apresentou o menor valor de PEV. O menor valor de PEV foi de 1052,73 do modelo 4 (DIAG \times DIAG). Os valores de AIC e BIC do modelo 4 foram ligeiramente superiores ao modelo 6: 11763,34 e 11839,07, respectivamente.

Tabela 02. Número de parâmetros estimados (ρ), Critério de informação de Akaike (AIC), Critério Bayesiano de Schwarz (BIC), logaritmo do ponto máximo da função de máxima verossimilhança [$\log(L)$], variância do erro de predição (PEV), correlação ambiental (r) and teste de razão de verossimilhança (LRT) para todos os modelos testados com diferentes estruturas de matrizes genóticas e residuais de (co)variância.

Modelo	ρ	G	R	AIC	BIC	$\log(L)$	PEV	r	LRT
1	3	CS	IDV	11971,13	11985,33	-5982,57	17240,66	-	81,206 ^(p<0,01)
2	10	CS	DIAG	11872,80	11910,66	-5872,83	17240,66	-	111,128 ^(p<0,01)
3	9	DIAG	IDV	11940,12	11982,72	-5961,06	1070,91	-	124,22 ^(p<0,01)
4	16	DIAG	DIAG	11763,34	11839,07	5865,669	1052,73	-	125,458 ^(p<0,01)
5	10	CORH	IDV	11933,38	11980,72	-5956,69	1858,612	0,22	132,958 ^(p<0,01)
6	17	CORH	DIAG	11751,51	11831,98	-5858,76	1961,147	0,25	139,284^(p<0,01)
7	37	US	IDV	11962,55	12137,68	-5944,27	1877,888	-	157,792 ^(p<0,01)
8	44	US	DIAG	11776,13	11984,40	-5844,07	1864,389	-	168,664 ^(p<0,01)

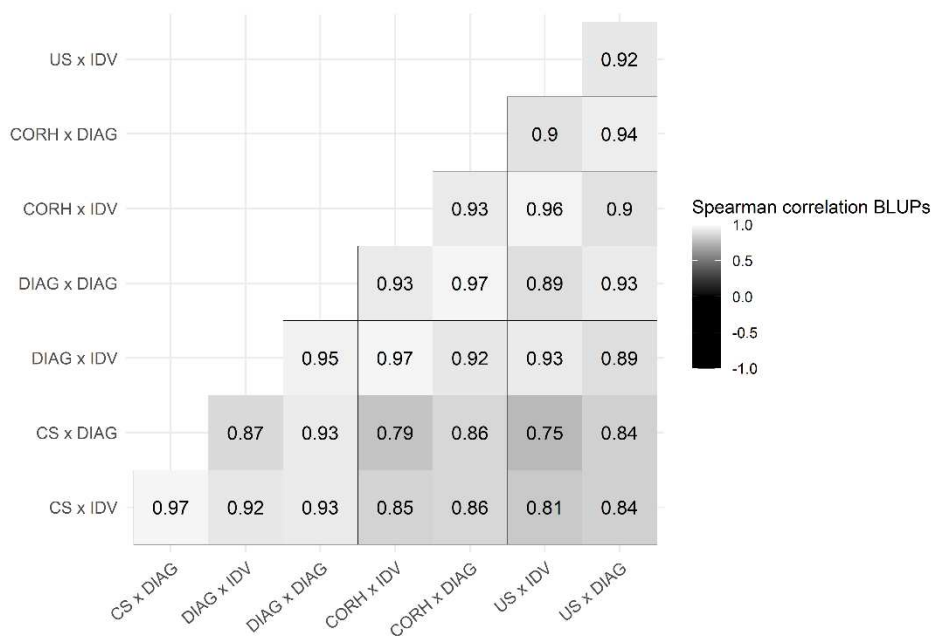
CS: Simetria Composta; IDV: identidade de variância; DIAG: matriz diagonal; CORH: correlação heterogênea; US: não-estruturada.

3.4.2 Correlação entre modelos avaliados

De acordo com a Figura 02, a associação de ranqueamento de postos dos genótipos (Correlação de Spearman) entre os BLUPs para todas as configurações de modelos testadas variou de 0.75 (US \times IDV e CS \times DIAG) a 0.97 (CS \times DIAG e CS \times IDV; CORH \times DIAG e DIAG \times DIAG). A estimativa de 0.97 da correlação de Spearman entre as duas configurações

de modelos mais promissores a partir de AIC, BIC e PEV indicam que os modelos CORH \times DIAG e DIAG \times DIAG apresentaram alta similaridade da predição dos valores genéticos. Nesse sentido, em função dos menores valores para AIC e BIC e a alta concordância entre os valores genéticos com a configuração de estruturas de (co)variâncias de menor PEV, o modelo escolhido foi o modelo 6 (CORH \times DIAG).

Figura 02. Correlação de Spearman entre BLUPs para todos os modelos testados com diferentes estruturas de matrizes de (co)variâncias genóticas e residuais.



* Todos os coeficientes são significativos a 1% de probabilidade de erro pelo test t.

3.4.3 Componentes de variância e parâmetros genéticos e ambientais

A Tabela 03 informa uma comparação entre o modelo 1 tradicional (IDV como matriz residual e CS como matriz genotípica) e o modelo escolhido 6 (DIAG para a matriz residual e CORH para a matriz genotípica) em relação aos componentes de variância e parâmetros genéticos. Observa-se que, os componentes de variâncias genéticos e não-genéticos e os erros padrões são bastante dissimilares ao longo dos ambientes testados.

Os valores de herdabilidade e acurácia seletiva variaram de 0.09 a 0.63 e 0.30 a 0.79, entre os ambientes E8 e E1, respectivamente. A precisão experimental medida através do CVe% foi alta para os ambientes E1, E2, E3, E4, E5 e E7, com coeficientes menores que 15%. Os ambientes com estresse por brusone e alta temperatura do ar/sequeiro apresentaram os maiores

coeficientes de variação, com alto reflexo na relação CVg/CVe, demonstrando dificuldade na seleção por parte dos melhoristas.

Quando se observa as estimativas para o modelo 1 isoladamente, as estimativas de herdabilidade são de 0.48 e de acurácia seletiva de 0.69. Enquanto as estimativas de precisão experimental são ligeiramente superiores a 15% (16.65%). Há falta de concordância entre as estimativas na comparação dos dois modelos. Dessa forma, a estratificação e o estudo isolado e comparativo mostram-se altamente promissor.

Tabela 03. Componentes de variância e parâmetros genéticos do modelo simples CS × IDV (M1) e o modelo escolhido CORH × DIAG (M6) de estruturas de matrizes de (co)variâncias genotípicas e residuais.

Modelo	Ambiente	$\hat{\sigma}_g^2$	SE	$\hat{\sigma}_{ge}^2$	SE	$\hat{\sigma}_e^2$	SE
M1	All	33350,98	16322,30	140642,82	25573,05	387577,73	23162,21
	E1	499276,30	145230,70	-	-	297222,90	50396,49
	E2	105311,80	40152,81	-	-	173340,00	29095,92
	E3	137521,20	66946,21	-	-	383474,90	64115,22
M6	E4	21494,41	21564,12	-	-	190819,20	31076,10
	E5	199685,40	60978,12	-	-	158131,40	26746,73
	E6	152482,90	53302,88	-	-	198462,60	33259,80
	E7	128631,70	47334,42	-	-	190550,00	32114,34
	E8	149835,60	165115,50	-	-	1522998,00	247844,80

Modelo	Ambiente	h_g^2	r_{gg}	CVe%	CVg%	CVg/CVe	Mean
M1	All	0,48	0,69	16,65	4,88	0,29	3739,17
	E1	0,63	0,79	10,84	14,05	1,30	5029,03
	E2	0,38	0,61	10,50	8,19	0,78	3964,00
	E3	0,26	0,51	14,43	8,64	0,60	4292,80
M6	E4	0,10	0,32	10,39	3,49	0,34	4205,56
	E5	0,56	0,75	10,88	12,23	1,12	3654,24
	E6	0,43	0,66	31,68	27,77	0,88	1406,24
	E7	0,40	0,63	10,23	8,41	0,82	4265,80
	E8	0,09	0,30	39,87	12,50	0,31	3095,68

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; $\hat{\sigma}_{ge}^2$: variância da interação G×E; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual; SE: erro padrão; h_g^2 : herdabilidade genotípica; r_{gg} : acurácia; CVe%: coeficiente de variação experimental; CVg%: coeficiente de variação genotípico.

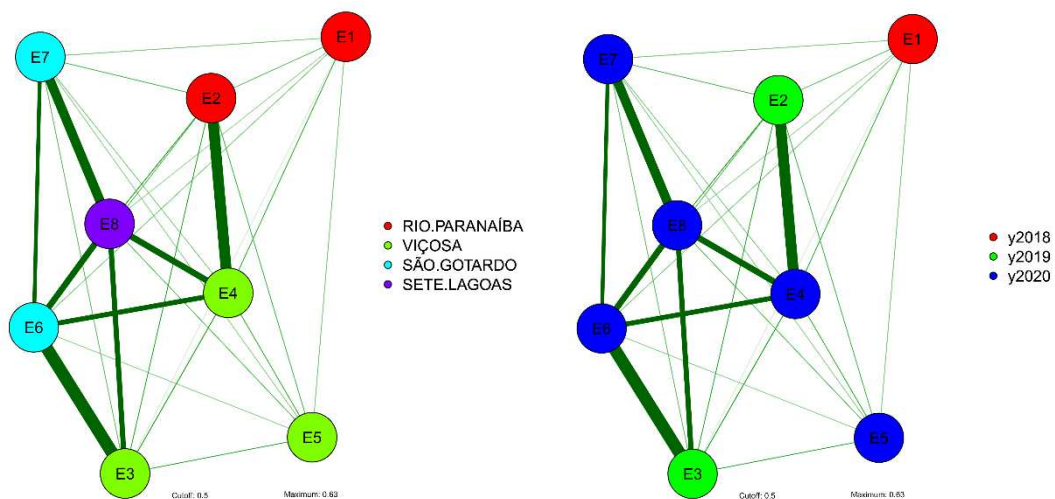
3.4.4 Rede de correlações

A rede de correlações entre os BLUPS do modelo CORH × DIAG (Figura 03) entre os ambientes, com agrupamento por local geográfico e ano agrícola dos ensaios mostra uma alta associação linear (>0.5) entre os ambientes E2 × E4, E4 × E8 e E6, E6 × E3, E8, E4 e E7 e E7

× E8. Nesse sentido, nota-se que a divisão dos ambientes baseada em ano agrícola é mais explicativa para entendimento do desempenho das linhagens que em relação ao local geográfico.

Os ambientes E4, E6, E7 e E8 compõe a rede experimental no ano de 2020, enquanto os ambientes E2 e E3 no ano de 2019 e o ambiente E1 no ano de 2018. A associação entre localidades geográficas somente foi significativa para o par de ambientes no município de São Gotardo (E6 e E7). Embora o E6 foi de sequeiro com inoculação de brusone, a associação linear significativa com o ambiente E7, no mesmo município, mostra que o desempenho das linhagens tende a ser mais previsível nesses ambientes.

Figura 03. Rede de correlações entre ambientes considerando locais e anos como diferentes agrupamentos baseados nos BLUPs da variável produtividade de grãos (GY, kg ha⁻¹) obtida pelo modelo CORH × DIAG (modelo escolhido).



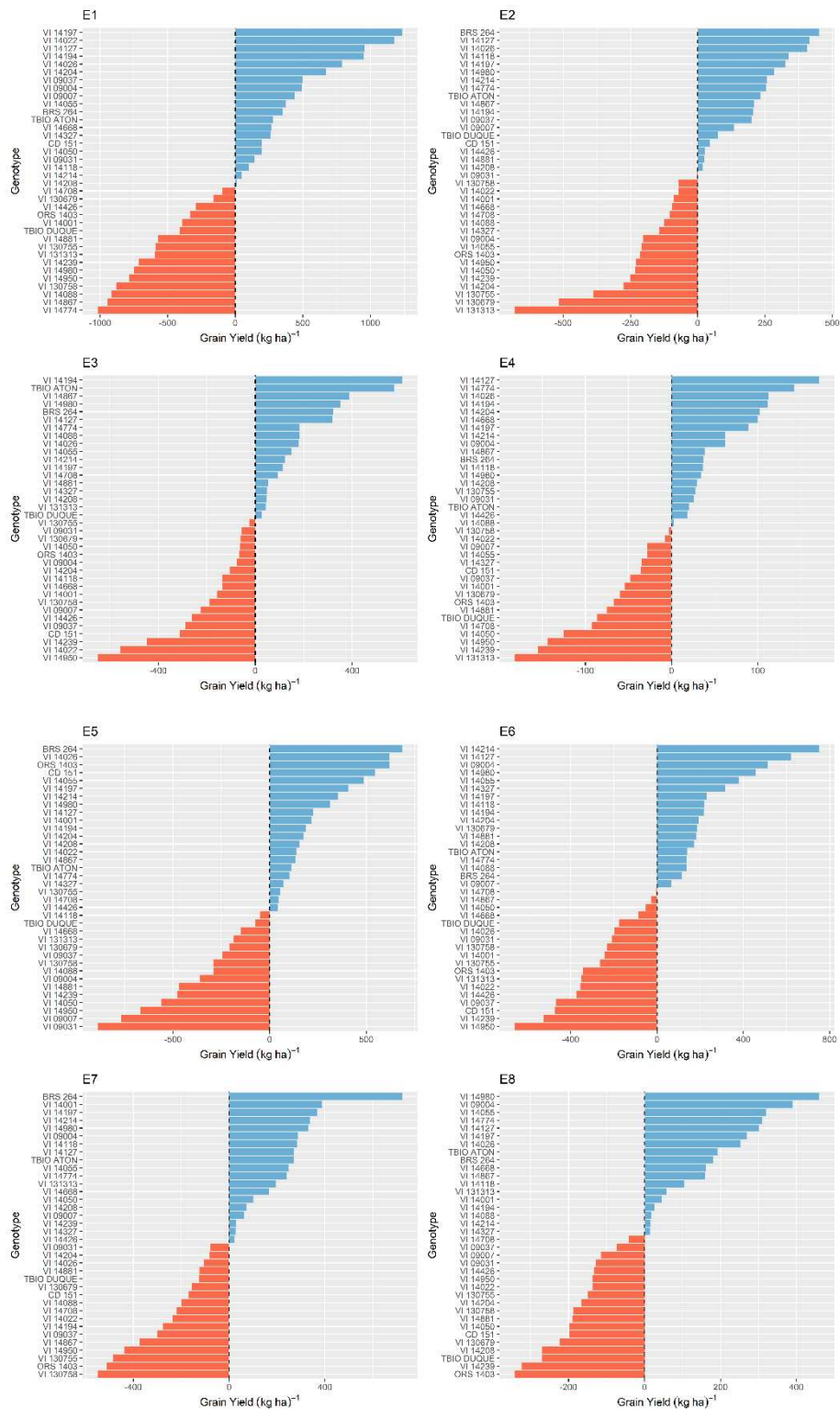
3.4.5 Seleção de linhagens e predição de ganhos com a seleção

Quando se considera o desempenho per se das linhagens em cada ambiente individualmente (Figura 04) pode-se observar que no E1 as linhagens mais produtivas foram VI 14197, VI 14022, VI 14127, VI 14194, VI 14026 e VI 14204. Já para o E2, as mesmas linhagens VI 14127, VI 14026 e VI 14197 do E1 e BRS 264, VI 14118 e VI 14980. O E3 apresentou as linhagens VI 14194, TBIO ATON, VI 14867, VI 14980, BRS 264 e VI 14127. O E4 apresenta a linhagem VI 14127 (selecionada em todos os ambientes anteriores) com a maior predição de valor genético, seguida por VI 14774, VI 14026, VI 14194, VI 14204 e VI 14668. O E5 mostrou a cultivar da Embrapa como a mais produtiva (BRS 264), seguida por VI 14026, ORS 1403, CD 151, VI 14055 e VI 14197. As linhagens VI 14214, VI 14127, VI 09004,

VI 14960, VI 14055 e VI 14327 foram as de maior valor genético para o E6. A cultivar BRS 264 aparece novamente como a líder no E7, seguida pelas linhagens VI 14001, VI 14197, VI 14214, VI 14980 e VI 09004. O E8, ambiente de maior temperatura média do ar, mostrou a linhagem VI 14980 como a mais promissora. As linhagens VI 09004, VI 14055, VI 14774, VI 14127 e VI 14197 vieram na sequência.

A linhagem que foi selecionada em mais ambientes foi a linhagem VI 14127 em seis dois oito ambientes avaliados. A segunda linhagem com maior índice de vitórias, em cinco dois oito ambientes avaliados, foi a linhagem VI 14197, seguida pela cultivar BRS 264 e as linhagens VI 14026 e VI 14980 com quatro/oito seleções individuais. Outras linhagens com destaque para 3 seleções foram: VI 14194, VI 14055 e VI 09004. As linhagens VI 14204 e VI 14214 foram selecionadas concomitantemente em dois ambientes.

Figura 04. BLUPs dos genótipos nos oito ambientes utilizados neste estudo nas safras 2018, 2019 e 2020 no Cerrado brasileiro, considerando seleção direta em cada safra para produtividade de grãos (GY, kg ha⁻¹).



E1: Rio Paranaíba Irrigado 2018; E2: Rio Paranaíba Irrigado 2019; E3: Viçosa Irrigado 2019; E4: Viçosa Irrigado 2020; E5: Viçosa Sequeiro 2020; E6: São Gotardo Sequeiro 2020; E7: São Gotardo Irrigado 2020; E8: Sete Lagoas Irrigado 2020.

O índice FAI-BLUP (Figura 05) mostrou que para o modelo 1 tradicional (CS × IDV) as linhagens selecionadas foram: VI 14214, VI 14327, VI 130679, VI 14208, VI 14050 e VI 14127 (A). Quando se considera a estruturação das matrizes de (co)variâncias residuais e genóticas no índice FAI-BLUP as linhagens selecionadas são: VI 14127, BRS 264, VI 14197, VI 14214, TBIO ATON e VI 14194 (B). Existe discrepância entre os resultados obtidos pelos dois diferentes modelos, embora seja observado alta associação linear entre os modelos (0.97) na Figura 06. O índice de coincidência da seleção entre os dois modelos pode ser verificado na Tabela 04. Quando se considera a seleção truncada baseada em ranqueamento a coincidência entre os modelos M1 e M6 é de 0.67 (4/6 linhagens selecionadas concomitantemente): VI 14127, VI 14197, BRS 264 e VI 14026. Quando a seleção é realizada a partir do índice FAI-BLUP o índice de coincidência diminui de 0.67 para 0.33 com somente duas linhagens selecionadas de forma conjunta (VI 14214 e VI 14127).

Os ganhos com a seleção passam de 2.70% para 8.48% com a seleção baseada em ranqueamento e de 0.25% para 8.35% com a seleção a partir do FAI-BLUP índice. Com o uso da modelagem na estruturação das matrizes de (co)variâncias genóticas e residuais os ganhos com a seleção aumentam em 5.78% e 8.1%, para seleções baseadas em ranqueamento e FAI-BLUP, respectivamente. Diante disso, as linhagens mais promissoras selecionadas, a partir do M6, pelos dois métodos de seleção, para a região triticultora 3 e 4 do Brasil são: VI 14127, VI 14197, BRS 264, VI 14026, VI 14194, VI 14214 e TBIO ATON (selecionada exclusivamente pelo FAI-BLUP).

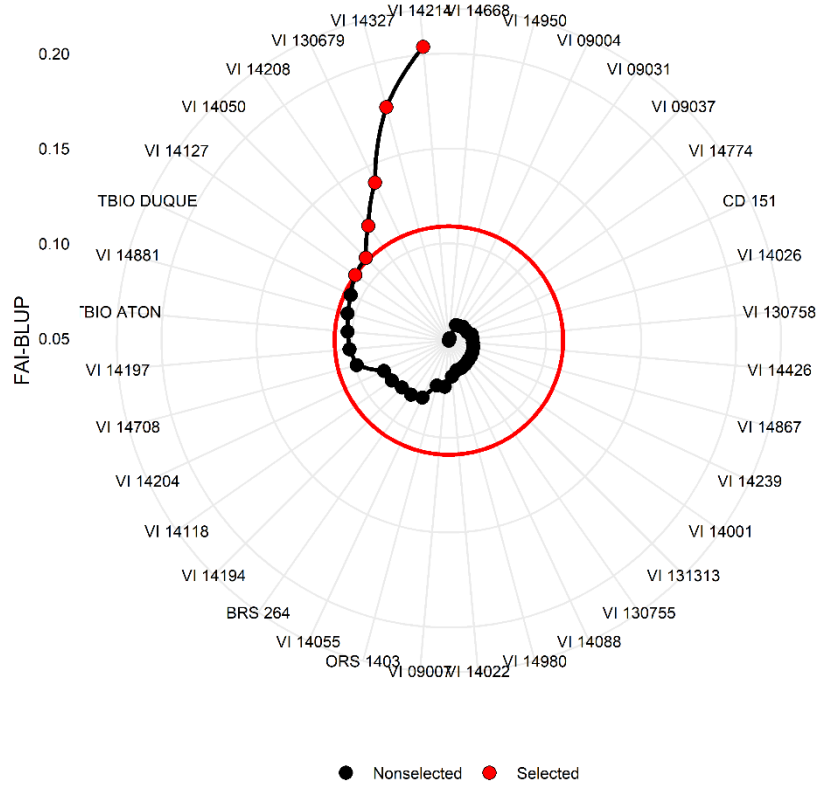
Tabela 04. Ganhos preditos com a seleção (GS) e coeficiente de coincidência baseado na seleção por ranking e pelo índice FAI-BLUP no modelo 01 (CS × IDV) e modelo (CORH × DIAG) de estruturas de (co)variâncias.

Seleção por ranking						
Modelo	\bar{X}_s	\bar{X}_o	DS	GS%	Genótipos selecionados	Coincidência
M1	3840,24	3739,17	101,07	2,70	VI 14127, VI 14197, VI 14980, BRS 264, VI 14026 and VI 14055	0,67
M6	4056,30	3739,17	317,13	8,48	VI 14127, VI 14197, BRS 264, VI 14026, VI 14194 and VI 14214	
Seleção FAI-BLUP						
Modelo	\bar{X}_s	\bar{X}_o	DS	GS%	Genótipos selecionados	Coincidência
M1	3748,67	3739,17	9,50	0,25	VI 14214, VI 14327, VI 130679, VI 14208, VI 14050 and VI 14127	0,33
M6	4051,32	3739,17	312,15	8,35	VI 14127, BRS 264, VI 14197, VI 14214, TBIO ATON and VI 14194	

\bar{X}_s : Média dos genótipos selecionados; \bar{X}_o : Média original dos genótipos; DS: Diferencial de seleção

Figura 05. Gráfico FAI-BLUP considerando a seleção das seis linhagens mais produtivas (15%) baseado no modelo 1 (A - CS × IDV) e modelo 6 (B - CORH × DIAG) de estruturas de (co)variâncias.

A



B

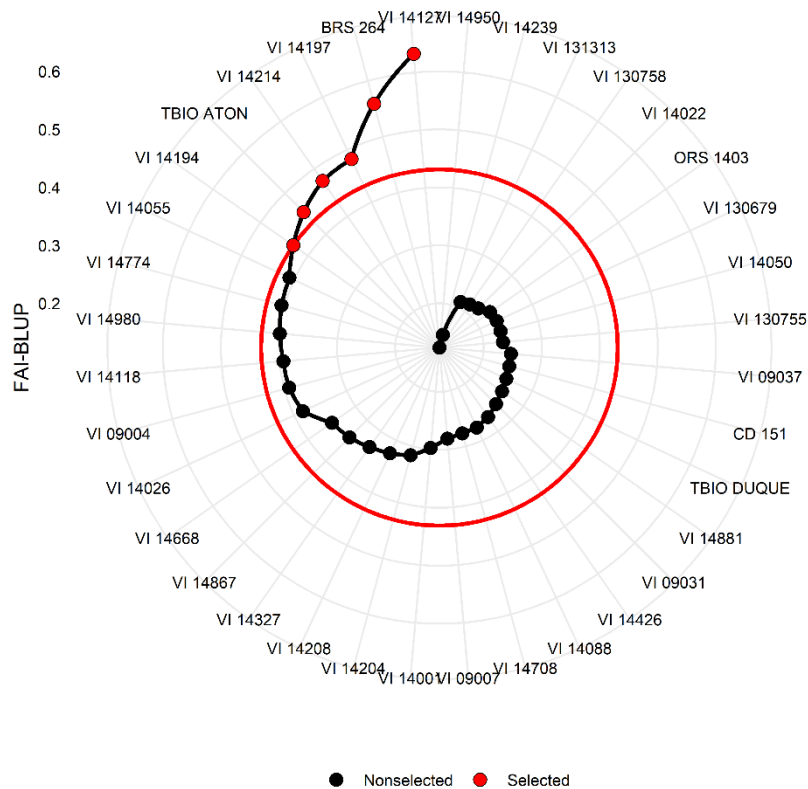
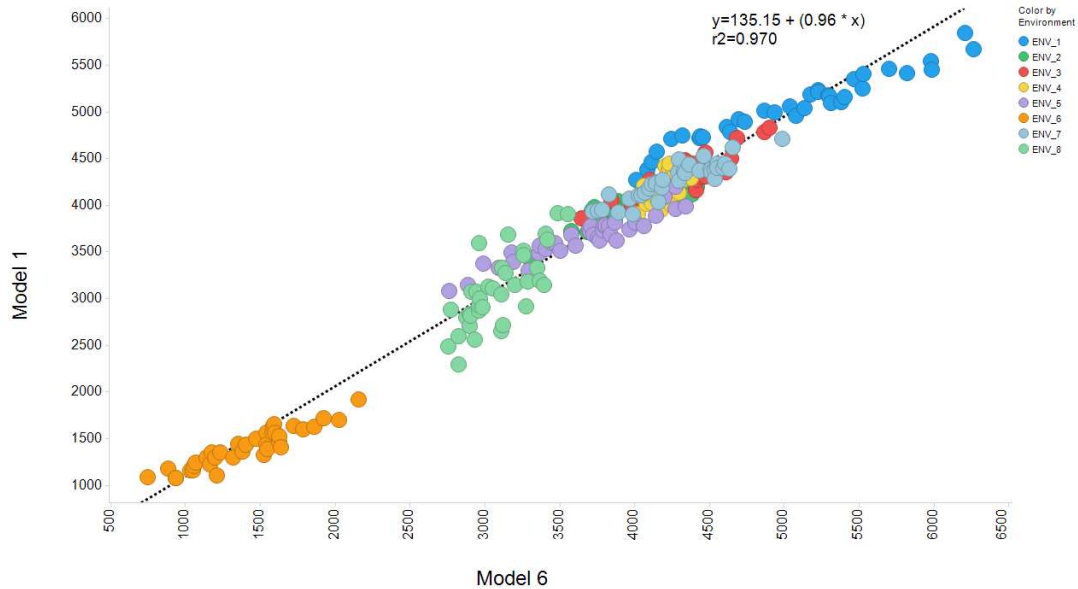


Figura 06. Associação linear entre os modelos CS × IDV (modelo 1) e CORH × DIAG (modelo 6) e performance média produtiva dos genótipos através dos ambientes.



3.5 Discussão

Baseado nos resultados apresentados anteriormente, o painel de linhagens de trigo tropical avaliadas em MET possuem variabilidade genética para a característica produtividade de grãos (GY), independente do modelo de estrutura de (co)variância modelado (Tabela 01). Além disso, essa característica é fortemente influenciada pelo ambiente de avaliação (Tabela 02). Nesse sentido, a abordagem de estudar diferentes estruturas de modelos de efeitos aleatórios: genéticos (genotípicos) e não genéticos (residuais) nesse estudo é altamente promissora. A modelagem dos efeitos aleatórios pode resultar em aumento na precisão dos resultados e eficácia no processo seletivo (Araújo et al., 2022). O processo de seleção é uma etapa crucial dentro de quaisquer programas de melhoramento de plantas. Esse processo se torna ainda mais importante em trigo, pois a principal característica foco nos programa de melhoramento é GY (Tadesse et al., 2019). A GY em trigo é uma característica poligênica, com forte influência do ambiente e que apresenta comportamento epistático (Ali et al., 2020; Raffo et al., 2022).

Os resultados da tabela 02 indicam na primeira comparação realizada entre o modelo 1 e 2, que a estrutura de (co)variância residual diagonal é superior a estrutura de matriz de resíduo identidade, pela menor estimativa de AIC e BIC. Os demais modelos que apresentam a estrutura de (co)variância residual como uma identidade (modelos 3, 5 e 7) são apresentados puramente para conhecimento e demonstração. Outros estudos de outras culturas também foram

encontrados na literatura em que a estrutura da matriz residual em que os elementos da diagonal diferem entre si é mais apropriada: pinhão manso (Evangelista et al., 2022), feijão-caupi (Araújo et al., 2022), feijão-comum (Melo et al., 2020) e milho (Coelho et al., 2021).

A estrutura CORH foi o melhor modelo para a estruturação das (co)variâncias genotípicas. Esse modelo representa os elementos da diagonal principal em variâncias heterogêneas e fora da diagonal pelo produto da diagonal multiplicado por uma correlação (ρ : 0.25). As menores estimativas de AIC e BIC foram para os modelos CORH \times DIAG, seguidos por DIAG \times DIAG, respectivamente. A modelagem de matrizes genotípicas CORH difere da modelagem DIAG, pelo fato que as covariâncias entre os pares de ambientes não são nulas, como ocorre na estrutura DIAG. O modelo DIAG \times DIAG apresentou a menor estimativa de PEV. Frequentemente, os modelos escolhidos com o melhor ajuste (AIC e BIC critério) tendem a apresentar também o menor valor de PEV (Brewer et al. 2016). No entanto, para esse estudo específico foi diferente. O modelo de melhor ajuste CORH \times DIAG (menor valor de AIC e BIC) apresentou PEV de 1961.147 e o modelo DIAG \times DIAG a PEV foi de 1052.73.

Em ensaios MET em programas de melhoramento, Gouveia et al., (2020) descrevem que é comum existir altos níveis de discrepância entre variâncias e covariâncias ambientais. Essa discrepância pode resultar em aumento na proporção do erro estatístico tipo I na seleção de linhagens (Hu et al., 2013). A comparação de genótipos é uma etapa crucial na seleção de linhagens de trigo. Entretanto, descartar a presença de heterogeneidade de variâncias pode aumentar a probabilidade de rejeitar a hipótese de nulidade, mesmo ela sendo verdadeira. Esse fato torna-se ainda mais evidente em situação de cultivo como no Brasil tropical. As condições tropicais brasileiras para cultivo de trigo são altamente dissimilares e com a presença de eventos climáticos altamente adversos (Pasinato et al., 2018; Pereira et al., 2019). Diante desse cenário, a escolha pelo modelo 6, que compreende a estruturação de uma matriz CORH para os efeitos genéticos e uma matriz DIAG para os efeitos não-genéticos mostra-se altamente promissora e representa impactos positivos na seleção de linhagens de trigo.

Métodos tradicionais, como aqueles baseados em ANOVA, tendem a ser mais simples e usuais (Szaresk et al., 2018) pela menor complexidade das análises. No entanto, esses métodos assumem que todas as observações têm um erro comum. Esse fato é altamente contestado no contexto MET. Modelos de menor complexidade nesse estudo, como o CS \times IDV apresentaram estimativas de correlação de Spearman com o modelo de melhor ajuste de 0.86 (Tabela 03). Apesar da correlação de Spearman ser considerada alta, ocorre alteração do posto no ranqueamento das linhagens, pois a relação de postos não é perfeita (1.0). A alteração na ordenação dos postos de genótipos influencia diretamente na seleção de linhagens (Machado e

Silva et al., 2023) e pode causar confundimentos e erros na seleção de linhagens de maior valor genético para GY. Se confundimentos ocorrerem, a recomendação de genótipos tende a não ser eficaz. Ambientes de produção de trigo ou de qualquer outra espécie em expansão da fronteira agrícola dependem do desenvolvimento e recomendação de novos genótipos de maneira eficaz e assertiva (Casagrande et al., 2020, Lima et al., 2022; Nardino et al., 2022).

Em relação aos componentes de variâncias e parâmetros genéticos (Tabela 03) no M1 (CS × IDV) não há o detalhamento do comportamento das linhagens avaliadas por ambiente. Nesse modelo somente há a discriminação dos efeitos genotípicos em variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e variância G × E ($\hat{\sigma}_{ge}^2$) e efeitos residuais ($\hat{\sigma}_e^2$) de maneira generalizada para todos os ambientes. Baseado nesses conceitos os parâmetros genéticos inferindo a respeito da média do desempenho de todos os ambientes pode não ser a estratégia mais promissora. Por outro lado, o M6 permite a particularização do estudo das variâncias, parâmetros genéticos e coeficientes de precisão genéticos-estatísticos. Por isso, que em alguns ambientes as herdabilidades, acurácia seletiva e precisões experimentais são consideravelmente maiores.

A rede de correlações apresentou duas diferentes formas de agrupamento (Figura 03). A primeira forma referiu-se para as localidades e a segunda forma para os anos agrícolas de ensaios. Ambas as representações trazem reflexões importantes para a discussão. Ambientes de maior altitude (favorável para o desenvolvimento do trigo) como os ambientes E1, E2, E6 e E7 não tem relação direta entre si, nem por local e nem por ano agrícola. O ambiente E8 (Sete Lagoas) com condições de estresse por alta temperatura refletiu associação linear positiva com os ambientes E3, E4, E6 e E7. A análise agrupada por ano tende a ser mais discriminatória na exploração das relações lineares. Somente o ambiente E5 (Viçosa sequeiro) não apresentou correlação positiva com os demais ambientes do ano 2020. A falta de correlação do desempenho das linhagens no ano 2020 entre os ambientes irrigados e sequeiro (E5) pode ser explicado pela alta influência da temperatura e déficit hídrico que esses fatores exercem no trigo (Luchiari Jr. et al., 1997; Nardino et al., 2022; Poersch-Bortolon et al., 2016).

A cultivar BRS 264, material com maior expressão no Cerrado brasileiro (Albrecht et al., 2006), apresentou os maiores valores genéticos para GY nos ambientes E2, E5 e E7 (Figura 04). O alto desempenho produtivo dessa cultivar pode ser observado tanto em ambientes favoráveis quanto em ambientes desfavoráveis. Esse fato pode explicar a alta expressão e difusão desse material entre multiplicadores e agricultores nas regiões tritícolas 3 e 4. No E6, com inoculação artificial de brusone, as linhagens com maior destaque quanto aos seus valores genéticos são todas provenientes do Programa Trigo da UFV. As linhagens VI 14127, VI 14197

e VI 14214 mostraram-se como superiores nos ambientes desfavoráveis E6 (sequeiro e com inoculação de brusone), no E5 (sequeiro) e no E8 (alta temperatura) e nos ambientes favoráveis E1, E2, E3, E4 e E7. Quando analisa-se o desempenho per se dessas linhagens frente aos ambientes, os resultados indicam que atualmente existem no desenvolvimento público de melhoramento de trigo opções para lançamento de variedades que podem ultrapassar a cultivar BRS 264 no mercado. Essa cultivar, no mercado há mais de 15 anos, apesar dos ótimos resultados, pode ser substituída. Essa substituição representa vantagens a toda a cadeia produtora e consumidora de trigo no Brasil.

De maneira geral, a modelagem das estruturas de (co)variâncias em ensaios MET tem se mostrado altamente promissora em programas de melhoramento (Melo et al., 2020; Evangelista et al., 2023). No entanto, o melhorista e analista de dados deve se atentar para que a definição da melhor estrutura de (co)variâncias dependerá das peculiaridades de cada conjunto de dados, como o número de genótipos avaliados, o número de ambientes, a dissimilaridade e a heterogeneidade entre os ambientes e a natureza e comportamento da característica avaliada. (Araújo et al. 2022).

Ambos os métodos de seleção, como baseada em ranking e a seleção a partido índice FAI-BLUP mostraram a superioridade do M6 em relação ao M1 quanto aos ganhos com a seleção (Tabela 04). Além disso, os índices de coincidência nas proporções de 0.67 e 0.33, para ranking e FAI-BLUP, respectivamente, comprovam e validam a necessidade de modelagem da estrutura das matrizes de (co)variância dos efeitos aleatórios dos modelos lineares mistos. A diferença entre ganhos com a seleção na ordem que variam de 5.78 a 8.1% representam altíssima magnitude e podem aumentar as taxas de progresso genético em trigo de maneira substancial. Atualmente o progresso genético em trigo é estimado na ordem de 1.68% em regiões tropicais (Bornhofen et al., 2018). A seleção mais assertiva de linhagens via modelagem de (co)variâncias não é para ser exclusivamente usada na recomendação de novas cultivares. Todas as etapas do programa de melhoramento, bem como a seleção de genitores para blocos de cruzamento, seleção de populações segregantes para extração de linhas puras superiores e um esquema de seleção recorrente podem ser beneficiadas por essa técnica.

Buntaram et al., (2020) também estabeleceram a necessidade da modelagem das matrizes dos efeitos aleatórios para a melhora na precisão experimental e recomendações de linhagens de trigo e cevada. Ward et al. (2019) estudando modelos de seleção genômica (GS) para trigo em ensaios desbalanceados para multicaracterísticas e em multiambientes comprovaram que modelos GS que incorporam efeitos interação $G \times E$ podem ser mais

adequados para prever o desempenho da linhagem em novos ambientes quando os dados fenotípicos já foram coletados.

3.6 Conclusões

A modelagem das estruturas de (co)variâncias dos efeitos aleatórios do modelo e a escolha do modelo de melhor ajuste M6 (CORH \times DIAG) aumenta a acurácia de seleção e os ganhos com a seleção na recomendação de linhagens em relação ao modelo convencional (CS \times IDV). A partir dos modelos estudados pode-se concluir que existe associação entre os valores genéticos do desempenho produtivo das linhagens a partir da estruturação das matrizes, com diferentes graus de magnitude. As linhagens VI 14127, VI 14197, VI 14026, VI 14194, VI 14214 e as cultivares BRS 264 e TBIO ATON foram as linhagens mais produtivas a partir do índice FAI-BLUP modelado a partir da estrutura de matrizes dos efeitos aleatórios com o modelo de melhor ajuste. Com base nessas afirmações, a seleção das linhagens indicada foi realizada de maneira mais acurada aumentando os ganhos genéticos com a seleção e tende a promover aumento da sustentabilidade no cultivo de trigo do Cerrado no Brasil.

3.7 Referências

- Ali, M., Zhang, L., DeLacy, I., Arief, V., Dieters, M., Pfeiffer, W. H., Wang, J., & Li, H. (2020). Modeling and simulation of recurrent phenotypic and genomic selections in plant breeding under the presence of epistasis. *The Crop Journal*, 8, 866-877. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2020.04.002>
- Akaike, H. (1974). A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 19, 716–723. <https://doi.org/10.1109/TAC.1974.1100705>
- Albrecht, J. C., Silva, M. S., Andrade, J. M. V., Scheeren, P. L., Trindade, M. G., Soares Sobrinho, J., Sousa, C. N. A., Braz, A. J. P. B., Ribeiro Junior, W.Q., Sousa, M. A., Fronza, V., & Yamanaka, C. H. (Eds.). (2006). *Trigo BRS 264: cultivar precoce com alto rendimento de grãos indicada para o Cerrado do Brasil Central*. Planaltina: Embrapa Cerrados. https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CPAC-2009/27848/1/doc_174.pdf
- Araújo, M. S., Chaves, S. F. S., Damasceno-Silva, K. J., Dias, L. A. S., & Rocha, M. M. (2023). Modeling covariance structures for genetic and non-genetic effects in cowpea multi-environment trials. *Agronomy Journal*, 115, 1248–1256. <https://doi.org/10.1002/agj2.21321>
- Bornhofen, E., Todeschini, M. H., Stoco, M. G., Madureira, A., Marchioro, V. S, Storck, L. & Benin, G. (2018). Wheat yield improvements in Brazil: Roles of genetics and environment. *Crop Science*, 58, 1082-1093. <https://doi.org/10.2135/cropsci2017.06.0358>
- Brewer, M. J., Butler, A., & Cooksley, S. L. (2016). The relative performance of AIC, AIC_C and BIC in the presence of unobserved heterogeneity. *Methods in Ecology and Evolution*, 7, 679-692. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12541>
- BRASIL. *Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de trigo (Triticum aestivum), para a inscrição no registro nacional de cultivares - RNC*. (2008). <http://www.agricultura.gov.br>
- Buntaran, H., Piepho, H-P., Schmidt, P., Rydén, J., Halling, M., & Forkman, J. (2020). Cross-validation of stagewise mixed-model analysis of Swedish variety trials with winter wheat and spring barley. *Crop Science*, 60, 2221–2240. <https://doi.org/10.1002/csc2.20177>
- Butler, D. G., Cullis, B. R., Gilmour, A. R., Gojel, B. J., & Thompson, R. (2018). *ASReml-R reference manual Version 4*. VSN International, Hemel Hempstead, UK
- Casagrande, C. R., Mezzomo, H. C., Cruz, C. D., Borém, A., & Nardino, M. (2020). Choosing parent tropical wheat genotypes through genetic dissimilarity based on REML/BLUP. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 20, e329129316. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n3a50>
- Chaves, S. F. S., Evangelista, J. S. P. C., Alves, R. S., Ferreira, F. M., Dias, L. A. S., Alves, R. M., Dias, K. O. G., & Bhering, L. L. Application of linear mixed models for multiple harvest/site trial analyses in perennial plant breeding. (2022). *Tree Genetics & Genomes*, 18, 44. <https://doi.org/10.1007/s11295-022-01576-5>

Coelho, I. F., Peixoto, M. A., Marçal, T. S., Bernardeli, A., Alves, R. S., Lima, R. O., Reis, E. F., & Bhering, L. L. (2021). Accounting for spatial trends in multi-environment diallel analysis in maize breeding. *Plos One*, 16, e0258473. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0258473>

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. (2021). *Acompanhamento da safra brasileira de grãos*. <https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuario-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-mensal-de-trigo>

Crossa, J., Burgueño, J., Cornelius, P. L., McLaren, G., Trethowan, R., & Krishnamachari, A. (2006). Modeling genotype environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. *Crop Science*, 46, 1722–1733. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.11-0427>

EMBRAPA. Empresa Nacional de Pesquisa Agropecuária. (2020). *Informações técnicas para trigo e triticale: 13ª Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale*. Embrapa Trigo: Passo Fundo. <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/214730/1/informacoestecnicasparatrigoe-triticalesafra2020-1592946148.pdf>

Evangelista, J. S. P. C., Peixoto, M. A., Coelho, I. F., Ferreira, F. M., Marçal, T. S., Alves, R. S., Chaves, S. F. S., Rodrigues, E. V., Laviola, B. G., Rssende, M. D. V., Dias, K. O. G., & Bhering, L. L. (2023). Modeling covariance structures and optimizing *Jatropha curcas* breeding. *Tree Genetics & Genomes*, 19, 21. <https://doi.org/10.1007/s11295-023-01596-9>

Gouveia, B. T., Rios, E. F., Nunes, J. A. R., Gezan, S. A., Munoz, P. R., Kenworthy, K. E., Unruh, J. B., Miller, G. L., Milla-Lewis, S. R., Schwartz, B.M., Raymer, P. L., Chandra, A., Wherley, B. G., Wu, Y., Martin, D., & Moss, J. Q. (2020). Genotype-by-environment interaction for turfgrass quality in Bermudagrass across the Southeastern United States. *Crop Science*, 60, 3328–3343. <https://doi.org/10.1002/csc2.20260>

Gu, Z., Eils, R., & Schlesner, M. (2016). Complex heatmaps reveal patterns and correlations in multidimensional genomic data. *Bioinformatics*, 32, 2847–2849. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btw313>

Henderson, C. R. (1975). Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31, 423–447. <https://doi.org/10.2307/2529430>

Hu, H., Yan, S., & Shen, K. (2013). Heterogeneity of error variance and its influence on genotype comparison in multi-location trials. *Field Crops Research*, 149, 322–328. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2013.05.011>

Lima, G. W., Silva, C. M., Mezzomo, H. C., Casagrande, C. R., Olivoto, T., Borem, A., & Nardino, M. (2022). Genetic diversity in tropical wheat germplasm and selection via multitrait index. *Agronomy Journal*, 114, 887-899. <https://doi.org/10.1002/agi2.20991>

Luchiar Jr, A., Riha, S. J., & Gomide, R. L. (1997). Energy balance in irrigated wheat in the cerrados region of Central Brazil. *Scientia Agricola*, 54, 78-88. <https://doi.org/10.1590/S0103-90161997000300011>

- Machado e Silva, C., Mezzomo, H. C., Alves, R. S., de Resende, M. D. V., & Nardino, M. (2023). Optimizing selection of wheat genotypes through simulated individual BLUP and modified simulated individual BLUP. *Agronomy Journal*, 115, 1237–1247. <https://doi.org/10.1002/agj2.21289>
- Melo, V. L., Marçal, T. S., Rocha, J. R. A. S. C. dos Anjos, R. S. A., Carneiro, P. C. S., & Carneiro, J. E. S. (2020). Modeling (co)variance structures for genetic and non-genetic effects in the selection of common bean progenies. *Euphytica*, 216, 77. <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02607-9>
- Mingoti, R., Holler, W. A., & Spadotto, C. A. (2014). *Produção potencial de trigo no Brasil. Embrapa Gestão Territorial: Campinas*. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/978795/1/SGTEInformativo02.pdf>
- Nardino, M., Perin, E. C., Aranha, B. C., Carpes, S. T., Fontoura, B. H., de Sousa, D. J. P., & Freitas, D. S. D. (2022). Understanding drought response mechanisms in wheat and multi-trait selection. *PLoS One*, 17, e0266368. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0266368>
- Nehe, A., Akin, B., Sanal, T., Evlice, A. K., Ünsal, R., Dinçer, N., Demir, L., Geren, H., Sevim, I., Orhan, S., Yaktubav, S., Ezici, A., Guzman, C., & Morgounov, A. (2019). Genotype x environment interaction and genetic gain for grain yield and grain quality traits in Turkish spring wheat released between 1964 and 2010. *PLoS One*, 14, e0219432. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0219432>
- Pádua, J. M. V., Dias, K. O. G., Pastina, M. M., Souza, J. C., Queiroz, V. A. V., Costa, R. V., Silva, M. B. P., Ribeiro, C. A. G., Guimarães, C. T., Gezan, A. S., & Guimarães, L. J. M. (2016). A multi-environment trials diallel analysis provides insights on the inheritance of fumonisin contamination resistance in tropical maize. *Euphytica*, 211, 277–285. <https://doi.org/10.1007/s10681-016-1722-2>
- Pasinato, A., Cunha, G. R., Fontana, D. C., Monteiro, J. E. B. A., Nakai, A. M. & Oliveira A. F. (2018). Potential area and limitations for the expansion of rainfed wheat in the Cerrado biome Central Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 54, 779-790. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000700001>
- Patterson, H. D., & Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58, 545–554. <https://doi.org/10.1093/biomet/58.3.545>
- Pereira, J. F., Cunha, G. R., & Moresco, E. R. (2019). Improved drought tolerance in wheat is required to unlock the production potential of the Brazilian Cerrado. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19, 217-225. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n2r30>
- Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E., & Büchse, A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, 161, 209–228. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>
- Poersch-Bortolon, L. B., Pereira, J. F., Nhani Junior, A., Gonzáles, H. H. S., Torres, G. A. M., Consoli, L., Arenhart, R. A., Bodanese-Zanettini, M. H., & Margis-Pinheiro, M. (2016). Gene expression analysis reveals important pathways for drought response in leaves and roots of a

wheat cultivar adapted to rainfed cropping in the Cerrado biome. *Genetics and Molecular Biology*, 39, 629-645. <https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2015-0327>

Raffo, M. A., Sarup, P., Guo, X., Liu, H., Andersen, J. R., Orabi, J., Jahoor, A., & Jensen, J. (2022). Improvement of genomic prediction in advanced wheat breeding lines by including additive-by-additive epistasis. *Theoretical and Applied Genetics*, 135, 965–978. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-04009-4>

R Core Team. (2021). *R: a language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Viena, Austria

Robert, P., Auzanneau, J., Goudemand, E. Oury, F. X., Rolland, B., Heumez, E., Bouchet, S., Le Gouis, J., & Rincint, R. (2022). Phenomic selection in wheat breeding: identification and optimisation of factors influencing prediction accuracy and comparison to genomic selection. *Theoretical and Applied Genetics*, 135, 895–914. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-04005-8>

Rocha, J. R. D. A. S. D. C., Machado, J. C., & Carneiro, P. C. S. (2018). Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *GCB Bioenergy*, 10, 52-60. <https://doi.org/10.1111/gcbb.12443>

Rocha, J. R. A. S. C., Nunes, K. V., Carneiro, A. L. N., Marçal, T. S., Salvador, F. V., Carneiro, P. C. S., & Carneiro, J. E. S. (2019). Selection of superior inbred progenies towards the common bean ideotype. *Agronomy Journal*, 111, 1181–1189. <https://doi.org/10.2134/agronj2018.12.0761>

Scheeren, P. L., Caierão, E., Silva, M. S., Nascimento, A. J., Caetano, V. R., Bassoi, M. C., Brunetta, D., Albrecht, J. C., Quadros, W. J., Sousa, P. G., Trindade, M. G., Sobrinho, J. S., Wiethölter, S., & Cunha, G. R. (2008). Challenges to wheat production in Brazil. In Reynolds, M. P., Pietragalla, J., Braun, H. J. (Eds.). *International symposium on wheat yield potential: challenges to international wheat breeding*. CIMMYT, Mexico, 167-170.

Schwarz, G. (1978). Estimating the Dimension of a Model. *The Annals of Statistics*. 6, 461 - 464. <https://doi.org/10.1214/aos/1176344136>

Singh, C., Gupta, A., Gupta, V., Kumar, P., Sendhil, R., Tyagi, B. S., Singh, G., Chatrath, R., & Singh, G. P. Genotype x environment interaction analysis of multi-environment wheat trials in India using AMMI and GGE biplot models. (2019). *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19, 309-318. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n3a43>

Souza, V. F., Ribeiro, P. C. O., Vieira Júnior, I. C., Oliveira, I. C. M., Damasceno, C. M. B., Schaffert, R. E., Parrella, R. A. C., Dias, K. O. G., & Pastina, M. M. Exploring genotype × environment interaction in sweet sorghum under tropical environments. (2021). *Agronomy Journal*, 113, 3005–3018. <https://doi.org/10.1002/agj2.20696>

Spearman, C. E. Correlation calculated from faulty data. (1910). *British Journal of Psychology*, 3: 271–295.

Studnicki, M., Wijata, M., Sobczyński, G., Samborski, S., Gozdowski, D., & Rozbicki, J. (2016). Effect of genotype, environment and crop management on yield and quality traits in spring wheat. *Journal of Cereal Science*, 72, 30-37. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2016.09.012>

- Szareski, V. J., Carvalho, I. R., Kehl, K., Levien, A. M., da Rosa, T. C., Barbosa, M. H., Demari, G. H., Pimentel, J. R., Troyjack, C., de Souza, V. Q., Martinazzo, E. G., Villela, F. A., Pedó, T., & Aumonde, T. Z. (2018). Phenotypic and predicted genetic approaches for genotype ranking of wheat seed yield in Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 17, gmr18026. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18026>
- Tadesse, W., Sanchez-Garcia, M., Assefa, S. G., Amri, A., Bishaw, Z., Ogonnaya, C. F., Baum, M. (2019). Genetic Gains in Wheat Breeding and Its Role in Feeding the World. *Crop Breeding, Genetics and Genomics*, 1, e190005. <https://doi.org/10.20900/cbgg20190005>
- Torres, G. A. M., Ferreira, J. R., Binneck, E., Maciel, J. L. N., & Consoli, L. (2022). Blast disease and wheat production in Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 57, e02487. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2022.v57.02487>
- Wickham, H. (2016). *ggplot2: elegant graphics for data analysis*. 2nd edn. Springer, Cham
- Wilks, S. S. (1938). The large-sample distribution of the likelihood ratio for testing composite hypotheses. *The Annals of Mathematical Statistics*, 9, 60–62.
- Ward, B. P., Brown-Guedira, G., Tyagi, P., Kolb, F.L., Van Sanford, D. A., Sneller, C. H., & Griffey, C. A. (2019). Multienvironment and Multitrait Genomic Selection Models in Unbalanced Early-Generation Wheat Yield Trials. *Crop Science*, 59, 491-507. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.03.0189>
- Woyann, L. G., Zdziarski, A. D., Baretta, D., Meira, D., Dallacorte, L. V. & Benin, G. (2019). Selection of high-yielding, adapted and stable wheat lines in preliminary trials. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19, 412–419. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n4a58>

4. REFERÊNCIAS

- ARAÚJO, M. S.; CHAVES, S. F. S.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; DIAS, L. A. S.; ROCHA, M. M. Modeling covariance structures for genetic and non-genetic effects in cowpea multi-environment trials. **Agronomy Journal**, v. 115, p. 1248–1256, 2023.
- BALESTRE, M.; SOUZA, J. C.; PINHO, R. G. V.; OLIVEIRA, R.; E PAES, M. V. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop breeding and applied biotechnology**, v. 9, p. 219-228, 2009.
- BORNHOFEN, E.; TODESCHINI, M. H.; STOCO, M. G.; MADUREIRA, A.; MARCHIORO, V. S.; STORCK, L.; BENIN, G. Wheat yield improvements in Brazil: Roles of genetics and environment. **Crop Science**, v. 58, p. 1082-1093, 2018.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Safras Brasileiras de Trigo**: maio de 2023. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuário-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-mensal-de-trigo/item/20777-trigo-analise-mensal-maio-2023>. Acesso em: 04 de maio de 2024.
- Henderson, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, p. 423–447, 1975.
- MATTOS, P. H. C.; OLIVEIRA, R. A.; BESPALHOK, J. C.; DAROS, E.; VERÍSSIMO, M. A. A. Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE biplot and AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 93-90, 2013.
- MELO, V. L.; MARÇAL, T. S.; ROCHA, J. R. A. S. C.; DOS ANJOS, R. S. A.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S. Modeling (co)variance structures for genetic and non-genetic effects in the selection of common bean progenies. **Euphytica**, v. 216, 77, 2020.
- NEHE, A.; AKIN, B.; SANAL, T.; EVLICE, A. K.; ÜNSAL, R.; DINÇER, N.; DEMIR, L.; GEREN, H.; SEVİM, I.; ORHAN, S.; YAKTUBAV, S.; EZICI, A.; GUZMAN, C.; MORGOUNOV, A. Genotype x environment interaction and genetic gain for grain yield and grain quality traits in Turkish spring wheat released between 1964 and 2010. **PLoS ONE**, v. 14, e0219432, 2019.
- PÁDUA, J. M.V.; DIAS, K. O. G.; PASTINA, M. M.; SOUZA, J. C.; QUEIROZ, V. A. V.; COSTA, R. V.; SILVA, M. B. P.; RIBEIRO, C. A. G.; GUIMARÃES, C. T.; GEZAN, A. S.; GUIMARÃES, L. J. M. A multi- environment trials diallel analysis provides insights on the inheritance of fumonisin contamination resistance in tropical maize. **Euphytica**, v. 211, p. 277–285, 2016.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**. v. 58, p. 545–554, 1971.
- PEREIRA, J. F.; CUNHA, G. R.; MORESCO, E. R. Improved drought tolerance in wheat is required to unlock the production potential of the Brazilian Cerrado. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, p. 217-225, 2019.
- PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, p. 209–228, 2008.

RESENDE, R. T.; CHEN, K.; RASMUSSEN, S. K.; HEINEMANN, A. B.; FRITSCHENETO, R. Enviromics in Plant Breeding. **Frontiers Plant Science**, v. 30, 935380, 2022.

RESENDE, M. D. V. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

ROCHA, J. R. A. S. C.; NUNES, K. V.; CARNEIRO, A. L. N.; MARÇAL, T. S.; SALVADOR, F. V.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S. Selection of superior inbred progenies towards the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, p. 1181–1189, 2019.

SILVA, G. O.; BENIN, G. Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. **Ciência Rural**, v. 42, p. 1404-1412, 2012.

WOYANN, L. G.; ZDZIARSKI, A. D.; BARETTA, D.; MEIRA, D.; DALLACORTE, L. V.; BENIN, G. Selection of high-yielding, adapted and stable wheat lines in preliminary trials. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, p. 412–419, 2019.

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

YAN, W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.L.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and megaenvironment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, v. 40, p. 597-605, 2000.