

JENIFFER SANTANA PINTO COELHO EVANGELISTA

**ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL E MÉTODOS DE
SELEÇÃO E MELHORAMENTO DE SOJA**

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

Orientador: Leonardo Lopes Bhering

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2019**

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

E92e
2019 Evangelista, Jeniffer Santana Pinto Coelho, 1992-
Estratificação ambiental e método de seleção no
melhoramento de soja / Jeniffer Santana Pinto Coelho
Evangelista. – Viçosa, MG, 2019.
70 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Soja - Melhoramento genético. 2. Interação
genótipo-ambiente. 3. Modelos multiníveis (Estatísticas).
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia
Geral. Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 633.342

JENIFFER SANTANA PINTO COELHO EVANGELISTA

**ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL E MÉTODOS DE
SELEÇÃO NO MELHORAMENTO DE SOJA**

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

APROVADA: 05 de julho de 2019.

Jeniffer Santana Pinto Coelho Evangelista
Autora

Leonardo Lopes Bhering
Orientador

*“Bom mesmo é ir à luta com determinação,
abraçar a vida com paixão,
perder com classe
e vencer com ousadia,
porque o mundo pertence a quem se atreve
e a vida é muito para ser insignificante.”*
(Augusto Branco)

*Aos meus pais, Marlene e Valdeli, minha irmã
Dryelle que sempre me apoiaram, com muito amor
e nunca perdeu a fé nos meus sonhos.*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus pelo dom da vida e força nos momentos difíceis.

Aos meus pais pela educação, honestidade e exemplo de vida.

A minha irmã que me motiva sempre.

A Universidade Federal de Viçosa (UFV) que foi minha casa por seis anos, e me fez estudar, saber, agir e vencer.

Ao Departamento de Biologia Geral pelo Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, o qual me proporcionou essa grande realização.

Ao Rodrigo Alves pelo apoio, conselhos e conhecimentos compartilhados.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa.

Ao meu orientador Lonardo Lopes Berhingue que me fez crescer profissionalmente e pelas orientações, serei eternamente grata.

A meu coorientador Felipe Lopes da Silva, meu conselheiro, mesmo fora do país, deu toda a atenção que precisava, em que sempre tive um grande respeito e admiração.

A meu orientador de Iniciação Científica Ricardo Henrique Silva Santos, por me ajudar nos primeiros passos dentro da ciência.

A todos os amigos de vida.

MUITO OBRIGADA!

BIOGRAFIA

JENIFFER SANTANA PINTO COELHO EVANGELISTA, filha de Valdeli Augusto Evangelista e Marlene Santana Pinto Coelho Evangelista, nasceu em Viçosa/MG, no dia 24 de abril de 1992.

Ingressou no curso de Agronomia da Universidade Federal de São Joao Del Rei (UFSJ), em agosto de 2011, passou na transferência para a Universidade Federal de Viçosa(UFV) em fevereiro de 2012, concluindo em dezembro de 2016.

Em agosto de 2017 ingressou no Mestrado em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, concluindo-o em julho de 2019.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	8
ARTIGO 1.....	16
RESUMO.....	17
INTRODUÇÃO	18
MATERIAL E MÉTODOS	20
Dados experimentais	20
Análises estatísticas	21
RESULTADOS	24
Seleção do modelo.....	24
Componentes de variância e parâmetros genéticos.....	24
Seleção de genótipos	25
DISCUSSÃO	28
Seleção do modelo.....	28
REFERÊNCIAS	34
MATERIAL SUPLEMENTAR	38
ARTIGO 2.....	41
RESUMO.....	42
INTRODUÇÃO	43
MATERIAIS E MÉTODOS	45
Dados experimentais	45
Análises estatísticas	45
RESULTADOS	49
Escolha do modelo	49
Componentes de variância e parâmetros genéticos.....	49
Estratificação ambiental	51
Seleção de genótipos	53
DISCUSSÃO	53
Escolha do modelo	53
Componentes de variância e parâmetros genéticos.....	54
Estratificação ambiental	55
Seleção de genótipos	58

REFERÊNCIAS	60
MATERIAL SUPLEMENTAR	63
CONCLUSÕES GERAIS	67
BIBLIOGRAFIAS.....	67

RESUMO

EVANGELISTA, Jeniffer Santana Pinto Coelho, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2019. **Estratificação ambiental e métodos de seleção no melhoramento de soja.** Orientador: Leonardo Lopes Bhering.

O Brasil o maior produtor mundial da cultura soja [*Glycinemax* (L.) Merrill], onde este apresenta diversas condições edafoclimáticas, que influenciam a expressão gênica dos genótipos, fazendo com que estudos de adaptabilidade e estabilidade possuam grande importância nos programas de melhoramento. Nesse contexto, o presente trabalho objetivou selecionar genótipos superiores de soja, aplicar e estudar o índice factor analysis and ideotype-design (FAI-BLUP) para fins de seleção,estratificação ambiental e verificar se os agrupamentos ambientais se mantêm constante ao longo dos anos.Dados referentes à avaliação de genótipos de soja em 10 locais, em relação à característica produtividade de grãos, foram utilizados. Os componentes de variância foram estimados via máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos foram preditos via melhor preditor linear não viesado (BLUP). Efeitos significativos de genótipos e de interação GE foram detectados pelo teste da razão de verossimilhança. Foi observada interação GE do tipo complexa, em todas as safras. A seleção de genótipos baseada nos métodos média harmônica dos valores genotípicos(MHVG),performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) e média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos(MHPRVG) se mostrou adequada, pois conduziu a ganhos similares a tradicional seleção indireta via $u_i + g_i$. De modo geral, a estratificação ambiental através dos anos não foi consistente. O índice FAI-BLUP pode ser aplicado de forma útil na seleção de genótipos de soja, pois ganhos com a seleção para todos os ambientes foram obtidos.

Palavras-chave: Melhoramento de plantas. Interação genótipos x ambientes. Modelos mistos.

ABSTRACT

EVANGELISTA, Jeniffer Santana Pinto Coelho, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2019. **Environmental stratification and comparison of selection methods for the recommendation of soybean strains.** Advisor: Leonardo Lopes Bhering.

Brazil is the world's largest producer of soybean crop (*Glycine max* (L.) Merrill), where it has several edaphoclimatic conditions, which influence the gene expression of genotypes, making adaptability and stability studies of great importance in breeding programs. In this context, the present work aimed to select superior genotypes of soybean, to apply and to study the index factor analysis and ideotype-design (FAI-BLUP) for the purpose of selection, environmental stratification and to verify if the environmental groupings remain constant over the years. Data regarding the evaluation of soybean genotypes at 10 sites, in relation to the characteristic grain yield, were used. The variance components were estimated via restricted maximum likelihood (REML) and genotypic values were predicted via the best non-biased linear predictor (BLUP). Significant effects of genotypes and GE interaction were detected by the likelihood ratio test. GE interaction of the complex type was observed in all crops. The selection of genotypes based on the harmonic mean values of genotypic values (MHVG), relative performance of genotypic values (PRVG) and harmonic mean relative performance of genotypic values (MHPRVG) was adequate, as it led to gains similar to the traditional indirect selection $u. + g_i.$. In general, environmental stratification over the years was not consistent. The FAI-BLUP index can be applied in a useful way in the selection of soybean genotypes, since gains with selection for all environments were obtained.

Key words: Plant breeding. Genotype x environment interaction. Mixed models.

INTRODUÇÃO GERAL

A soja [*Glycinemax* (L.) Merrill] é a quarta cultura mais cultivada no mundo (SILVA *et al.*, 2016).O Departamento de Agricultura Americano (USDA) estimou que a produção mundial para a safra 2018/2019 será de 354,54 milhões de toneladas. Segundo o USDA, o Brasil passa a ser o maior produtor de soja do mundo, logo em seguida vêm os Estados Unidos, e posteriormente, a Argentina.Assim, estes três países são responsáveis por 81,65% da safra mundial (Conab, 2018).No Brasil a cultura da sojacomçou a se destacar a partir de década de 70, onde estapassou a ter grande relevância na agricultura. O aumento das áreas cultivadas e uso de novas tecnologias, foram devido, principalmente,as contribuições do melhoramento genético (BRANDÃO *et al.*, 2005).

A importância desta cultura para o Brasil não está somente na produtividade ou no tamanho da área plantada, a expansão da soja em todas as regiões agrícolas do país, promoveu um grande desenvolvimento econômico-social no Brasil. Um dos fatores que contribuiu muito com este desenvolvimento foi a abertura de empresas de sementes multinacionais e nacionais, que possibilitou a expansão da soja no Brasil.Com o desenvolvimento de novas cultivares, mais adaptadas para cada região agrícola, aumentando a produtividade das lavouras e reduzindo o custo de produção dos agricultores.

A recomendação de cultivares mais adaptadas, para cada região do Brasil, deve ser feita por meio de experimentos conduzidos em diferentes ambientes, visto que, a *performance* do genótipo, não só depende dos efeitos dos genotípicos, mas também dos efeitos ambientais (CRUZ *et al.* 2012).Em vista disso, programas de melhoramento de soja focam em selecionar genótipos que tenham bom desempenho para cada

macrorregião sojícola, pois já se sabe, a forte influência da interação genótipo ambiente (GE) sob esta cultura. Segundo BOREM (2017), quanto maior a diversidade genética entre os genótipos e entre os ambientes, maior será a importância da interação GE, que é definida como o comportamento diferencial dos genótipos em locais distintos.

A ocorrência da interação GE tem grande importância, principalmente para o caráter produtividade de grãos. Uma forma de tirar proveito dessa interação na indicação de novas cultivares é identificar aquelas que apresentam comportamento previsível e proporcional ao estímulo ambiental, em uma grande amplitude de condições ambientais (CRUZ e REGAZZI, 2012). Dessa maneira, identificar cultivares com alta adaptabilidade, estabilidade e produção média elevada, são fatores essenciais para o sucesso de um programa de melhoramento genético.

De acordo com Resende (2007) uma das principais formas de contornar a interação GE é a identificação de cultivares com maior estabilidade e adaptabilidade genotípica, utilizando métodos eficientes de seleção. Outra forma de contornar essa interação, é a utilização da estratificação ambiental, que tem como objetivo agrupar ambientes correlacionados entre si, permitindo eliminar os ambientes semelhantes dentro de cada grupo, possibilitando descartar ambientes da rede experimental, reduzindo gastos dos programas de melhoramento. Vários métodos foram descritos, fundamentados em diferentes princípios estatísticos, para avaliação da interação GE e da adaptabilidade e estabilidade, como por exemplo: o método de Plaisted e Peterson (1959), Eberhart e Russell (1966), Centróide (ROCHA, 2005), análise da interação multiplicativa dos efeitos principais aditivos (AMMI) (GAUCH e ZOBEL, 1996), GGEblipot (YAN *et al.*, 2000), entre outros.

Segundo Eberhart e Russell (1966) a adaptabilidade refere-se à capacidade dos genótipos aproveitarem vantajosamente os estímulos do ambiente, e o estudo da

estabilidade fenotípica permite sintetizar o enorme volume de informações obtido, caracterizando a capacidade produtiva, a adaptação às variações de ambiente e a estabilidade de novos genótipos (RAIZER; VENCOVSKY, 1999). Já Mariotti et al. (1976) definiram adaptabilidade como a capacidade dos genótipos responderem benéficamente à melhoria do ambiente, e estabilidade refere-se à capacidade dos genótipos apresentarem comportamento previsível de acordo com variações ambientais.

A escolha do método depende do tipo de informação desejada, dos dados experimentais, principalmente os relacionados com o número de ambientes disponíveis, e da precisão requerida (CRUZ e REGAZZI, 2012). Os programas de melhoramento periodicamente realizam novos cruzamentos e seleção de genótipos superiores. Nesse processo, a ocorrência de perdas de parcela e/ou de repetição são comuns, tornando assim os dados desbalanceados. Nos últimos anos, os métodos mais utilizados para avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja são: AMMI (GAUCH e ZOBEL, 1996), GGEbiplot (YAN *et al.* 2000). Porém, esses métodos possuem limitações para lidar com dados desbalanceados, delineamento experimentais não ortogonais (blocos incompletos) e com heterogeneidade de variâncias. Tornando-se assim, proibitivos em muitas situações.

Visando contornar essas limitações, RESENDE (2004) propôs, no contexto da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), o método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos. Esse método permite uma predição acurada (não viesada) dos valores genotípicos, gerando informação específica sobre o mérito de cada genótipo quanto adaptabilidade, estabilidade e produtividade (RESENDE, 2007).

Segundo Resende (2007) o método MHPRVG é vantajoso, pois: (i) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e portanto fornece a adaptabilidade e estabilidade

genotípica e não fenotípica; (ii) permite lidar com desbalanceamento, delineamentos não ortogonais e heterogeneidade de variância; (iii) considera erros correlacionados dentro de locais; (iv) fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; (v) pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; (vi) permite considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção do indivíduo dentro de progênie; (vii) não dependem da estimação e interpretação de parâmetros tais quais coeficientes de regressão; (viii) elimina ruídos da interação GE pois considera a herdabilidade desses efeitos; (ix) gera resultado na própria grandeza ou escala do caráter avaliado; (x) permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente (adaptabilidade, estabilidade e produtividade).

Outro método que pode proporcionar um melhor entendimento da interação GE, é o recém proposto índice FAI-BLUP (Factoranalysisandideotype-design), proposto por Rocha *et al.* 2018. Este método tem como intuito o aumento da precisão dos índices de seleção e tem a capacidade de contornar problemas como multicolinearidade e atribuição de pesos econômicos. Neste índice, é utilizada a análise de fatores para extrair cargas fatoriais da matriz de correlação genética. Em seguida, são determinados ideótipos baseando-se na combinação de fatores desejáveis e indesejáveis para o melhoramento genético. Dessa forma, o FAI-BLUP estima as distâncias genótipo-ideótipo, que são convertidas em probabilidade espacial, possibilitando, assim, o ranqueamento dos genótipos. Considerando também a estrutura das correlações obtidas dos dados, o FAI-BLUP, direciona o melhorista na seleção de genótipos mais próximos ao ideótipo.

Outro fator que contribui para diminuir o efeito da interação GE é a estratificação ambiental com o intuito de reconhecimento das regiões em que se está recomendando as cultivares. A identificação de ambientes similares permite a alocação

dos ambientes semelhantes em um mesmo grupo, para o conjunto de cultivares disponível; auxilia na alocação de recursos para o desenvolvimento de programas de melhoramento, uma vez que permite ao melhorista eliminar os ambientes semelhantes dentro de cada grupo, sem que haja perda da eficiência ou precisão do processo seletivo, permitindo também avaliar um maior número de cultivares por experimento (HUHN; TRUBERG, 2002a e 2002b; VENCOVSKI *et al.*, 1990; CRUZ; REGAZZI, 2012; OLIVEIRA *et al.*, 2004).

O processo de estratificação ambiental consiste na subdivisão de regiões heterogêneas em sub-regiões mais uniformes, onde os ambientes agrupados são correlacionados entre si. Essa estratégia pode ser utilizada com o objetivo de contornar os efeitos adversos da interação GE, diminuindo custos com os ensaios experimentais. Neste sentido, este trabalho teve como objetivos: estudar diferentes estratégias de seleção de genótipos superiores de soja via modelos mistos e verificar o padrão de estratificação ambiental ao longo dos anos. Os objetivos específicos foram: avaliar diferentes estratégias de seleção (seleção direta, $u_j + g_i$, MHVG, PRVG e MHPRVG); estudar o índice FAI-BLUP para a seleção de genótipos superiores de soja (com maior adaptabilidade e estabilidade genotípica) e verificar estratificação ambiental se a estratificação se mantém constante ao longo dos anos.

ARTIGO 1: MHPRVG: um método adequado para seleção genética simultânea por estabilidade, adaptabilidade e produtividade em soja

MHPRVG: um método adequado para seleção genética simultânea por estabilidade, adaptabilidade e produtividade em soja

Idéias principais: Interação GE significativa; seleção simultaneamente por estabilidade, adaptabilidade e produtividade; método MHPRVG é adequado aos objetivos dos programas de melhoramento da soja.

ABREVIATURAS

BIC, critério de informação Bayesiano; BLUP, melhor predição linear não viesada; GE, genótipos x ambientes; MHPRVG, média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos; MHVG, média harmônica dos valores genotípicos; PRVG, performance relativa dos valores genotípicos; REML, máxima verossimilhança restrita.

RESUMO

A interação genótipos x ambientes (GE) exerce um papel essencial na expressão fenotípica e deve ser considerada na avaliação e seleção genética. Nesse contexto, o presente trabalho objetivou comparar diferentes estratégias de seleção no contexto da metodologia de modelos mistos: direta e indireta via $u + g_i$ (u é a média geral e g_i é o efeito genotípico da genótipo i , considerando todos os locais avaliados), média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) e média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos. Dados referentes à avaliação de 30 genótipos em 10 locais, em relação à característica produtividade de grãos, foram utilizados. Os componentes de

variância foram estimados via máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos foram preditos via melhor predição linear não viesada (BLUP). Efeitos significativos de genótipos e de interação GE foram detectados pelo teste da razão de verossimilhança (LRT). Correlação genotípica fraca foi obtida através dos locais, indicando interação GE do tipo complexa. A acurácia seletiva foi muito alta, indicando alta confiabilidade. A seleção de genótipos baseada nos métodos MHVG, PRVG e MHPRVG se mostrou adequada, pois conduziu a ganhos similares a tradicional seleção indireta via $u_i + g_i$.

Palavras-chave: Melhoramento de plantas; interação genótipos x ambientes; modelos mistos; seleção genética; *Glycinemax*.

INTRODUÇÃO

A soja [*Glycinemax* (L.) Merrill] é a quarta cultura mais cultivada no mundo e é fonte de óleo, proteína e matéria prima para a produção de biodiesel. Esta espécie é originária da China e é uma das principais culturas no Brasil, EUA e Argentina (Silva et al., 2017). Atualmente, a soja é cultivada de baixa a alta latitude (Liu et al., 2017). Nesse cenário, a interação genótipos x ambientes (GE) exerce um papel essencial na expressão fenotípica e deve ser considerada na avaliação e seleção genética.

A interação GE é definida como o comportamento diferencial de genótipos em diferentes ambientes (Resende, 2015). Isto significa que os efeitos genéticos e ambientais não são independentes, uma vez que as respostas fenotípicas dos genótipos podem diferir com as variações ambientais. A influência que o ambiente exerce sobre o genótipo, de forma a propiciar a interação GE, é um dos maiores desafios que os

melhoristas enfrentam na seleção de genótipos mais adaptados, pois a quantidade da variância genética liberada é afetada pelo ambiente específico em que é realizada a seleção e o material melhorado geralmente é atribuído para ambientes diversos.

A utilização de modelos mistos é o principal método analítico para avaliação da interação GE (Eeuwijk et al., 2016; Malossetti et al., 2013; Leon et al., 2016; Li et al., 2017; Resende et al., 2014; Smith et al., 2005). Esse método possui recursos para modelar a heterogeneidade de variâncias genéticas e correlações entre ambientes, bem como para modelar tendências espaciais em ensaios individuais (Smith et al., 2005).

A capacidade dos genótipos se comportarem bem em uma grande amplitude de condições ambientais pode ser fator essencial em um programa de melhoramento. Neste contexto, o estudo da estabilidade e adaptabilidade torna-se relevante. De maneira geral, um genótipo é considerado estável por apresentar pequenas variações no seu comportamento geral quando avaliado em diversas condições de ambiente, e é considerado adaptado quando apresenta capacidade de resposta à melhoria do ambiente (Resende, 2015).

A seleção simultaneamente para produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos mistos, pode ser realizada pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos (Resende, 2004) e tem sido utilizado no melhoramento de diversas culturas como: pinhão manso (Spinelli et al. 2015 e Alves et al. 2018), cana de açúcar (Gonçalves et al. 2013), arroz (Colambari Filho et al. 2013), mandioca (Boas et al. 2016), seringueira (Gouvêa et al. 2013 e Gouvêa et al. 2016), entre outras.

O método MHPRVG permite selecionar simultaneamente pelos três atributos mencionados e apresenta as seguintes vantagens: considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece adaptabilidade e estabilidade genotípica e não fenotípica;

permite lidar com desbalanceamento; permite lidar com delineamentos não ortogonais (como blocos aumentados e alguns blocos incompletos); permite lidar com heterogeneidade de variâncias; permite considerar os erros correlacionados dentro de locais; fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; permite considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; não depende da estimação e interpretação de outros parâmetros tais quais coeficientes de regressão; elimina os ruídos da interação GE pois considera a herdabilidade desses efeitos; gera resultados na própria grandeza ou escala da característica avaliada; e permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente (Resende, 2007).

Diante do exposto, o presente trabalho objetivou comparar diferentes estratégias de seleção no contexto da metodologia de modelos mistos: direta e indireta via $u. + g_i$ ($u.$ é a média geral e g_i é o efeito genotípico do genótipo i , considerando todos os locais avaliados), via média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), via performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) e via média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados experimentais

Os dados utilizados neste trabalho referem-se à avaliação de 30 genótipos de soja em 10 locais alocados na macrorregião 2 sojícola (microrregiões 201, 202 e 204) (Figura S1), na safra 2013/2014 (Tabela S1). Os ensaios foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Cada parcela foi constituída por quatro linhas de 5 metros, com espaçamento de 0,5 m entrelinhas e entre parcelas. Na

maturação, as duas linhas centrais foram colhidas, totalizando uma área útil de 5 m². A característica avaliada foi a produtividade de grãos em kg ha⁻¹, sendo a unidade

corrigida para 13%. O manejo seguiu as recomendações técnicas para a cultura da soja em cada local.

Análises estatísticas

Os componentes de variância foram estimados via máxima verossimilhança restrita (REML) (Patterson e Thompson, 1971) e os valores genotípicos foram preditos via melhor predição linear não viesada (BLUP) (Henderson, 1975). O modelo estatístico associado à avaliação de genótipos, em delineamento de blocos ao acaso, em vários locais, com uma observação por parcela, é dado pela seguinte equação:

$$Y_{ijn} = \mu + g_i + b_{n/j} + l_j + gl_{ij} + e_{ijn},$$

em que: Y_{ijn} é a observação fenotípica da genótipo i no bloco n no local j , μ é o efeito da média geral (fixo), g_i é o efeito da genótipo i (assumido como aleatório), $b_{n/j}$ é o efeito do bloco n dentro do local j (assumido como fixo), l_j é o efeito do local j (assumido como fixo), gl_{ij} é o efeito da interação genótipos x locais (aleatório), e e_{ijn} é o resíduo (aleatório) associado a Y_{ijn} .

Na notação matricial, o modelo estatístico é dado pela seguinte equação:

$$y = Xf + Zg + Ti + e,$$

em que: y é o vetor de dados fenotípicos, f é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (aleatórios), e e é o vetor de resíduos (aleatórios). O vetor f contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As estruturas de variância residual (homogênea e heterogênea) foram testadas usando o critério de informação Bayesiano (BIC) (Schwarz, 1978), dado por:

$$BIC = -2\text{Log}L + p\text{Log}[n - r(x)],$$

em que: $\text{Log}L$ é o logaritmo da função de verossimilhança, p é o número de parâmetros estimados, n é o número de observações e $r(x)$ é o ranque da matriz de incidência dos efeitos fixos.

A significância dos efeitos aleatórios do modelo estatístico foi testada via teste da razão de verossimilhança (LRT) (Rao, 1973), usando a estatística Qui-Quadrado com um grau de liberdade e ao nível de 1% de probabilidade.

A correlação genotípica através dos locais (r_{gl}) foi obtida por:

$$r_{gl} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{gl}^2},$$

em que: σ_g^2 é a variância genotípica e σ_{gl}^2 é a variância da interação GE.

Para as análises de adaptabilidade e estabilidade foram utilizados os seguintes parâmetros: MHVG, associada ao conceito de estabilidade; PRVG, associada ao conceito de adaptabilidade; e MHPRVG, associada aos conceitos de adaptabilidade, estabilidade e produtividade, simultaneamente.

A MHVG de cada genótipo foi obtida por:

$$MHVG_i = \frac{n}{\sum_j \frac{1}{VG_{ij}}},$$

em que: n é o número de locais; VG_{ij} é o valor genotípico do genótipo i no local j , expresso pela razão da média neste local.

A PRVG de cada genótipo foi obtida por:

$$PRVG_i = \frac{1}{n} \frac{\sum_j VG_{ij}}{m_j},$$

em que: m_j é a média de produtividade no local j .

A MHPRVG de cada genótipo foi obtida por:

$$MHPRVG_i = \frac{n}{\sum_j^n \frac{1}{PRVG_{ij}}}$$

A acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g_i}$) de cada genótipo foi obtida de acordo com o seguinte estimador (Resende, 2016):

$$r_{\hat{g}g_i} = \sqrt{1 - \frac{PEV_i}{\sigma_g^2}},$$

em que: PEV_i é variância do erro de predição, extraída da diagonal da inversa da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto, do genótipo i .

O ganho com a seleção (GS) considerando cada estratégia de seleção - cada local individualmente ($u_j + g_{ij} + ge_{ij}$, em que: u_j é a média do local j , g_{ij} é o efeito genotípico da genótipo i no local j e ge_{ij} é o respectivo efeito da interação GE), para todos os locais ($u + g_i$, em que: u é a média geral de todos os locais e g_i é o efeito genotípico da genótipo i livre da interação GE), MHVG, PRVG e MHRPVG - foi obtido com base na seguinte expressão (Resende, 2016):

$$GS = \frac{\sum_{i=1}^n VG_i}{p},$$

em que: VG_i é o valor genotípico do genótipo i e p é o número de genótipos selecionados, sendo que foi considerada uma taxa de seleção de 20%, perfazendo a seleção de seis genótipos superiores. O ganho com a seleção em percentagem ($GS(\%)$) foi obtido pela seguinte expressão:

$$GS(\%) = \frac{M_s - M_0}{M_0} \times 100,$$

em que: M_s é a média genotípica dos genótipos selecionados e M_0 é média genotípica da população avaliada.

As concordâncias entre as estratégias de seleção foram calculadas utilizando o coeficiente Kappa (K) (Cohen, 1960), dado por:

$$K = \frac{A-C}{D-C},$$

em que: A é o número de genótipos selecionadas coincidentes, C é o número de genótipos selecionadas devido ao acaso ($C = bD$, onde b é a taxa de seleção) e D é o número de genótipos selecionados, em $D = 6$.

Os componentes de variância, parâmetros genéticos e não genéticos, valores genotípicos, quantidades das estratégias de seleção, ganhos com a seleção (GS) e acurácias foram obtidos por meio do software Selegen REML/BLUP (Resende, 2016). As estruturas de variância residual foram testadas via software ASReml (Gilmour et al., 2015).

RESULTADOS

Seleção do modelo

Os valores do BIC foram iguais a 11606.40 e 11620.32 para os modelos com variância residual homogênea e heterogênea, respectivamente. Portanto, o melhor modelo é aquele com variância residual homogênea (menor BIC). Assim, esse modelo foi adotado para estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos.

Componentes de variância e parâmetros genéticos

De acordo com o LRT, os efeitos do modelo (variância genotípica e da interação GE) são significativos a $p < 0,01$ para a característica produtividade de grãos (Tabela 1). Os efeitos de genótipos e interação GE explicaram, respectivamente, 18 e 22% da variância fenotípica (Tabela 1). Além disso, a correlação genotípica através dos locais foi igual a 0.45.

Tabela 1 Deviance, teste da razão de verossimilhança (LRT), componente de variância e coeficiente de determinação para a característica produtividade de grãos avaliada em 30 genótipos de soja.

Efeito	Deviance	LRT	Componente de variância	Coeficiente de determinação
Genótipos	11641.3	55.22**	43889.85±14240.27	0.18±0.05
Interação GE	11638.3	52.23**	53205.46±9405.88	0.22±0.04
Resíduo	-	-	147229.36±8645.61	0.6±0.05
Modelo completo	11586.1	-	-	-

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste de Qui Quadrado. A hipótese nula foi que os modelos completo e reduzido não diferem entre si.

Seleção de genótipos

A acurácia seletiva foi igual a 0.90. Conforme esperado, ganhos maiores foram obtidos via seleção direta (cada local individualmente - $u_j + g_{ij} + ge_{ij}$). Por outro lado, via seleção indireta (para todos os locais e para locais não avaliados) ganhos maiores foram obtidos via $u_j + g_i$, já os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG proporcionaram ganhos iguais e similares aos obtidos via $u_j + g_i$ (Tabela 2).

De acordo com o coeficiente Kappa, as concordâncias entre as estratégias de seleção variaram de -0.04 a 1.00 (Figura 1). Os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG apresentaram concordância perfeita entre si. Concordâncias moderadas a quase perfeitas foram encontradas entre os municípios 1, 2, 3, 5, 7 e 9 com os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG. Para o ambiente 10, concordâncias insignificantes, exceto com o local 8, foram observadas.

Tabela 2 Ganho com a seleção [GS (kg ha⁻¹) e GS (%)] considerando cada local individualmente, todos os locais ($u.+g_i$), média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) e média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHRPVG).

Local	GS (kg ha ⁻¹)	GS (%)
1	331.10	15.72
2	327.37	6.83
3	282.23	15.67
4	274.95	4.74
5	301.03	10.70
6	418.88	6.87
7	286.87	8.37
8	229.82	8.24
9	361.94	20.41
10	307.31	5.36
$u.+g_i$	197.65	5.32
MHVG	190.90	5.14
PRVG	190.90	5.14
MHRPVG	190.90	5.14

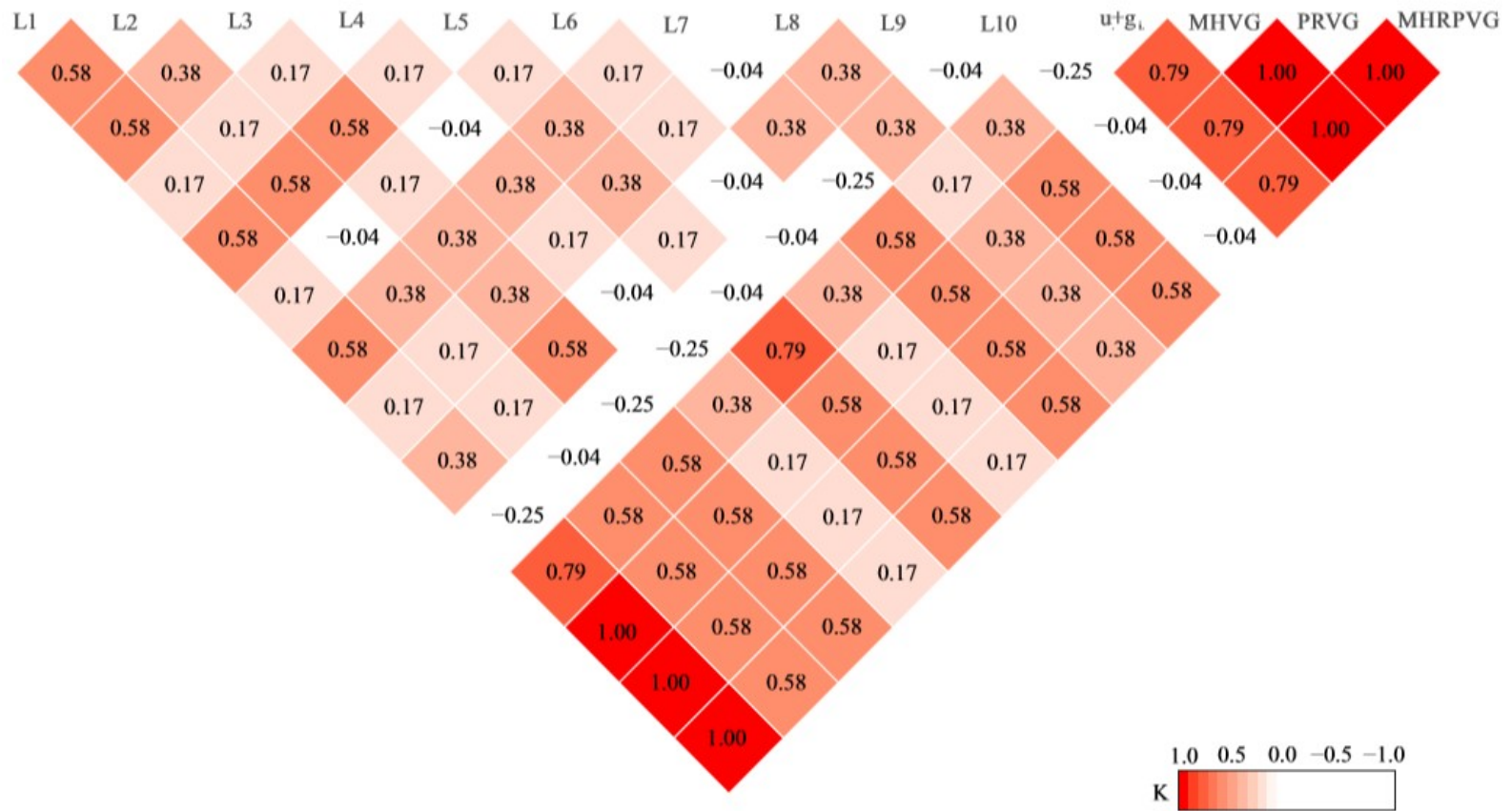


Figura 1 Concordâncias entregentótipos selecionadas em cada local individualmente ($u_j + g_{ij} + ge_{ij}$), todos os locais ($u + g_i$), MHVG, PRVG e MHRPVG.

DISCUSSÃO

Seleção do modelo

Análises tradicionais de ensaios multiambientais, como AMMI (Gauch, 1992) e GGE biplot (Yan e Hunt, 2001), são baseadas na análise de variância (ANOVA), desta forma, pressupõe efeito de genótipos tratado como fixo e variância residual homogênea (homocedasticidade) (Eeuwijk et al., 2016). No contexto da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) além do efeito de genótipos poder ser tratado como aleatório a homocedasticidade pode ser flexibilizada, isto é, o REML/BLUP permite assumir resíduos heterogêneos. Assim, é extremamente importante considerar a estrutura da variância residual (homogênea ou heterogênea) visando a seleção do modelo que proporciona o melhor ajuste (Li et al., 2017; Malosetti et al., 2013; Smith et al., 2005).

Nesta linha, diversos critérios para seleção de modelos foram apresentados na literatura (Bozdogan, 1987; Wolfinger, 1993, Littell et. al, 2002). Com o Critério Bayesiano de Schwarz (BIC), está implícito que existe o modelo que descreve a relação entre as variáveis envolvidas e o critério tenta maximizar a probabilidade de escolha do verdadeiro modelo. Assim, o BIC indica a seleção de modelos parcimoniosos, isto é, o modelo que envolve o menor número de parâmetros possíveis a serem estimados e que explique bem o comportamento da variável resposta (produtividade de grãos) (Resende et al., 2014). Nesse estudo, o melhor modelo, indicado pelo critério BIC, foi o com variância residual homogênea.

Componentes de variância e parâmetros genéticos

O conhecimento dos componentes de variância é de grande importância no melhoramento genético, uma vez que a população e a estratégia de melhoramento a serem utilizadas dependem de informações que podem ser obtidas a partir destes

componentes. A estimativa da variância genotípica (genótipos) e da interação GE, associada ao LRT, demonstra a existência de variabilidade genética e da presença de interação GE. Resultados similares foram relatados por Shaw et al. (2016), Carter et al. (2018) e Whaley et al. (2019), para a característica produtividade de grãos na cultura da soja.

O coeficiente de determinação indica a quantidade que cada efeito explica em relação a variância fenotípica. De acordo com Resende (2002), a herdabilidade no sentido amplo (0.18) apresenta moderada magnitude. Além disso, verificou-se que a variância residual (0.60) consome grande parte da variância fenotípica, resultado esperado devido à natureza quantitativa da característica avaliada e do número de repetições.

A correlação genotípica fraca (0.45) obtida através dos locais, indicou maior contribuição da fração complexa para a interação GE. Em vista disso, é necessário o uso de eficientes métodos de seleção para capitalizar ou contornar os efeitos da interação GE.

Seleção de genótipos

Quanto maior a acurácia na avaliação de um genótipo (genótipo), maior é a confiabilidade do valor genotípico predito deste. De acordo com Resende e Duarte (2007), a acurácia obtida neste trabalho (0.90) indica precisão muito alta, portanto, um cenário favorável à seleção e recomendação.

A seleção de genótipos superiores pode ser feita para os ambientes individuais (seleção direta) via $u_j + g_{ij} + ge_{ij}$ ou para todos os ambientes (seleção indireta) via $u. + g_i$, MHVG, PRVG ou MHPRVG. Conforme esperado e observado, a seleção para os ambientes individuais sempre conduziu a maiores ganhos com a seleção (Tabelas S2 e S3). Porém, quando se seleciona via $u_j + g_{ij} + ge_{ij}$ (onde a interação GE é

capitalizada) as recomendações são restritas a cada ambiente ou em áreas com o mesmo padrão de interação GE (Gonçalves et al. 2013), limitando assim, a recomendação destes genótipos para outros locais da mesma macrorregião. A seleção indireta que obteve maiores ganhos foi a via $u. + g_i.$, porém, este método não leva em consideração a adaptabilidade e a estabilidade genotípica e a recomendação dos genótipos selecionados, só pode ser feita para os locais avaliados.

Nesse contexto, visando a seleção com base na estabilidade, adaptabilidade e produtividade, Resende (2004) propôs os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG. A seleção via MHVG, PRVG e MHPRVG conduziram a ganhos iguais entre si e similares aos obtidos via $u. + g_i.$ No entanto, esses métodos devem ser preferidos, pois conduzem à seleção de genótipos estáveis (MHVG), adaptados (PRVG) e estáveis e adaptados simultaneamente (MHPRVG) e a recomendação dos genótipos selecionados, por estes métodos podem ser extrapolada para locais que não foram avaliados.

A MHVG classifica os genótipos pelos valores genotípicos e pela estabilidade, quanto menor o desvio padrão do desempenho genotípico entre ambientes, maior o valor de MHVG. Assim, a seleção baseada nessa estatística implica na seleção simultânea para produtividade e estabilidade (Resende 2007). Portanto, a seleção indireta via MHVG é a estratégia mais adequada para ambientes desfavoráveis, pois para este tipo de ambiente genótipos com alta estabilidade são desejáveis.

A PRVG classifica os genótipos pelos valores genotípicos expressos como uma razão da média geral de cada local (Resende 2007). Assim, a seleção baseada nessa estatística implica na seleção simultânea para produtividade e adaptabilidade (Resende 2007). A seleção via PRVG é a estratégia mais adequada para ambientes favoráveis, pois os genótipos selecionados possuem maiores capacidades de resposta com a melhoria do ambiente. Por fim, o MHPRVG combina as estatísticas MHVG e PRVG e implica na

seleção simultânea para produtividade, estabilidade e adaptabilidade, e consequentemente, abrange ambientes favoráveis e desfavoráveis.

Dos seis genótipos selecionados via MHVG, cinco estão entre os seis genótipos classificados seleção via $u. + g_i$ (Tabela S3), desta forma, esses dois métodos obtiveram ganhos de seleção similares (Tabela 2). Constatou que as seleções via PRVG e MHPRVG classificou os mesmo seis genótipos classificados via MHVG, onde a diferença só ocorreu no ranqueamento de um genótipo (Tabela S3). Os métodos PRVG e MHPRVG proporcionaram mesmo ordenamento para os seis genótipos selecionados (Tabela S3). Portanto, neste estudo, os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG apresentaram concordância perfeita para a intensidade de seleção utilizada (Figura 1). Desta forma, estes três métodos mostram-se adequados para avaliar a adaptabilidade e estabilidade genotípica e eficientes na seleção de genótipos superiores para a macrorregião sojícola2.

Gonçalves et al. (2013), avaliando clones de cana, verificaram que quatro dos cinco clones selecionados via $u. + g_i$, eram os mesmos selecionados pelos métodos MHVG, PRVG e MHPRVG sendo que, pelos três métodos, foram selecionados os mesmos clones. Esses autores concluíram que os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG possuem um certo grau de concordância e que são adequadas para avaliar a adaptabilidade e estabilidade e são eficientes na seleção de clones superiores. Colombari Filho et al. (2013) encontrou 84% de coincidência com a seleção, em genótipos elite de arroz, entre os métodos $u. + g_i$ e MHPRVG, e que os mesmos genótipos elites selecionados via MHPRVG, foram as mesmas selecionadas via PRVG, como conclusão, os pesquisadores afirmaram que o método MHPRVG se mostrou uma ferramenta importante para a seleção de genótipos de arroz que são estáveis, adaptadas e

com alto potencial de rendimento. Resultados similares foram encontrados no presente estudo.

Colombari Filho et al. (2013), mostraram que houve um aumento significativo na estabilidade e adaptabilidade durante o período de 1996 a 2010 dos genótipos de arroz obtidos dentre esses 14 anos. Fato que foi possível devido a introdução de novos genótipos, no banco germoplasma do programa de melhoramento, cedidos pelos EUA e França, em 1996. Isto possibilitou novos cruzamentos, e conseqüentemente, com a seleção ao longo dos anos proporcionou genótipos adaptados e estáveis. A empresa GDM seeds, detentora dos genótipos em avaliação neste estudo, teve sua origem em 1982, na Argentina. Hoje a empresa também gerencia programas de melhoramentos em vários países da América do Sul, EUA e Canadá. Com o seu crescimento ocorreu introduções de novos genótipos no germoplasma e altas intensidades de seleção, possibilitando que atualmente os genótipos tenham alta adaptabilidade e estabilidade, explicando assim, as concordâncias perfeitas (Figura 1) e os ganhos de seleção (Tabela 2) iguais entre os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG.

No Brasil, as macrorregiões sojícolas foram divididas considerando municípios que apresentam altitudes, temperaturas e tipos de solo similares (Figura 2) (Kaster e Farias, 2012), no entanto existem municípios, na macrorregião avaliada, que apresenta comportamentos diferentes dos demais, como os locais 4, 6 e 10, que obteve ausência de concordância e/ou concordâncias baixas com todos métodos de seleção indireta e com todos os ambientes avaliados (Figura 1). Diante do exposto, temos que ter cautela na utilização dos métodos de seleção indireta. Neste caso, para ambientes atípicos, é preferível a seleção direta.

As concordâncias entre as estratégias de seleção, variou de ausência de concordância a concordância perfeita para as microrregiões sojícolas 201 (ambientes 1,

2, 4, 6, e 10), 202 (ambiente 5) e 204 (ambientes 7 e 3). Esses resultados permitem uma estratificação ambiental pois, quanto maior a concordância entre os genótipos selecionados em dois locais, mais similares estes são.

Pelo índice de Kappa, as estratégias de seleção MHVG, PRVG e MHPRVG indicou que as condições ambientais nos municípios 1, 2, 3, 5, 7 e 9 são semelhantes, ou seja, representam um megambiente. Resultados similares foram encontrados por Dalló et al. (2019), utilizando a metodologia GGE biplot para avaliar a produtividade de genótipos de soja, onde constataram que as microrregiões 201 e 204 consistem em um megambiente, portanto estas microrregiões podem ser avaliadas juntas. No entanto, as baixas concordâncias entre os locais 4, 6, 8 e 10, mostram que esses municípios não devem ser avaliados juntos com os demais. Além disso, o índice Kappa indicou que os municípios 4 e 6 são similares.

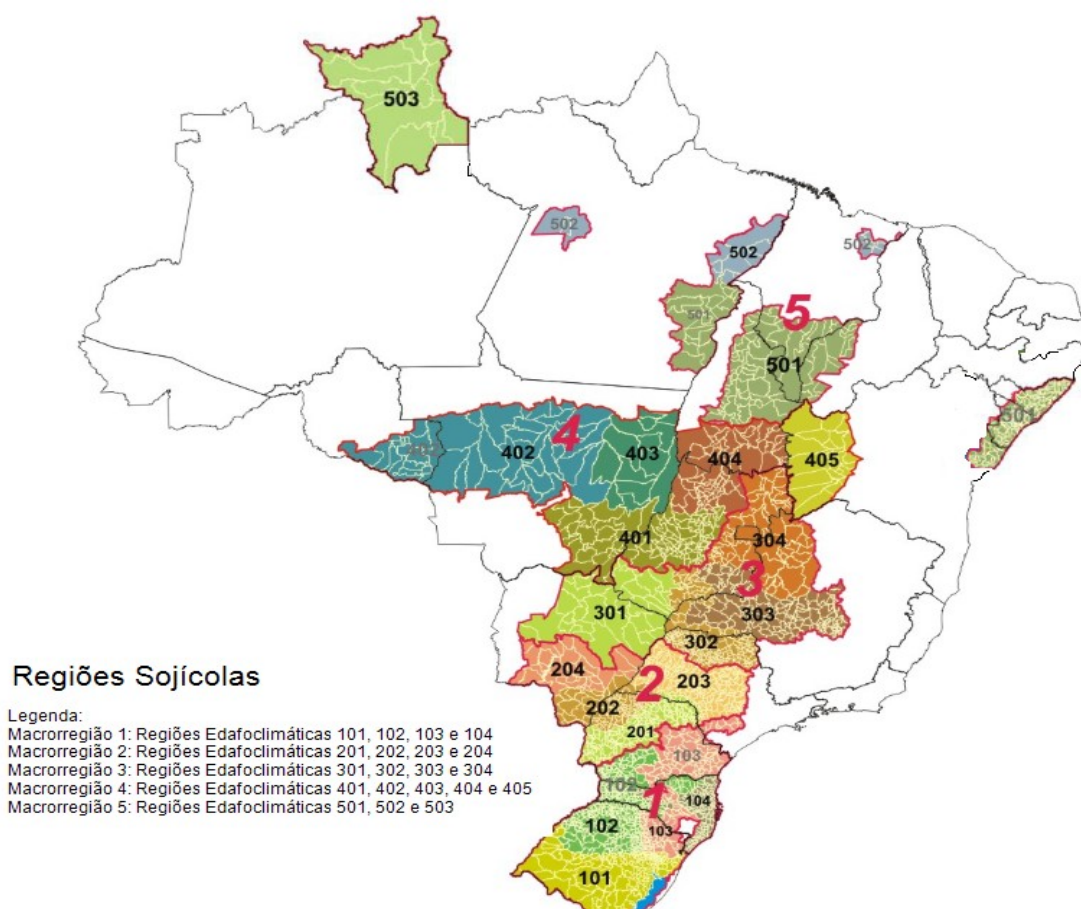


Figura 2.Macrorregiões Sojícolas do Brasil. Fonte:Embrapa.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos o apoio financeiro do Governo Brasileiro oferecido pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES); e à empresa GDM Genética do Brasil pela parceria e disponibilidade dos dados experimentais. Este estudo foi financiado em parte pela CAPES- Código de financiamento 001.

REFERÊNCIAS

- Bastos, I.T.; Barbosa, M.H.P.; Resende, M.D.V.; Peternelli, L.A.; Silveira, L.C.I.; Donda, L.R.; Fortunato, A.A.; Costa, P.M.A; Figueiredo, I.C.R. 2007. Assessment of genotype ×environment interaction in sugar cane sugar by mixed models. *Pesquisa Agropecuária Tropical* 37: 195-203 (in Portuguese, with abstract in English).
- Boas, S.A.V., Hohenfeld, C.S., de Oliveira, S.A.S., da Silva Santos, V. and de Oliveira, E.J., 2016. Sources of resistance to cassava root rot caused by *Fusarium* spp.: a genotypic approach. *Euphytica*, 209(1), pp.237-251.
- Bozdongan. H. Model selection and Akaike's Information Criterion (AIC): The general theory and its analytical extensions. 1987. *Psychometrika*. v.52, n.3, 345-370.
- Carter, A., I. Rajcan, L. Woodrow, A. Navabi, and M. Eskandari. 2018. Genotype, environment, and genotype by environment interaction for seed isoflavone concentration in soybean grown in soybean cyst nematode infested and non-infested environments. *Field Crops Research* 216: 189-196.
- Cohen, J. 1960. A coefficient of agreement for nominal scales. *Educational and psychological measurement* 20: 37-46.

- Colombari Filho, J. M., de Resende, M. D. V., de Moraes, O. P., de Castro, A. P., Guimaraes, E. P., Pereira, J. A., ... e Breseghello, F. 2013. Upland rice breeding in Brazil: a simultaneous genotypic evaluation of stability, adaptability and grain yield. *Euphytica*, 192(1), 117-129.
- Dalló, S. C., Zdziarski, A. D., Woyann, L. G., Milioli, A. S., Zanella, R., Conte, J., e Benin. 2019. Across year and year-by-year GGE biplot analysis to evaluate soybean performance and stability in multi-environment trials. *Euphytica*, 215(6), 113.
- Eeuwijk, F.A., D.V. Bustos-Korts, and M., Malosetti. 2016. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype x environment interactions? *Crop Science* 56: 2119-2140.
- Gauch, H.G.Jr. 1992. Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs. Elsevier, Amsterdam.
- Gilmour, A.R., B.J. Gogel, B.R. Cullis, S.J. Welham, and R. Thompson. 2015. ASReml User Guide Release 4.1 Structural Specification. VSN International, Hemel Hempstead, UK.
- GOOGLE. 2019. Google Earth website. <http://earth.google.com/>
- Gonçalves, G. M., Viana, A. P., Amaral Junior, A. T. D., e Resende, M. D. V. D. 2014. Breeding new sugarcane clones by mixed models under genotype by environmental interaction. *Scientia Agricola*, 71(1), 66-71.
- Gouvêa, L.R.L., Silva, G.A.P., Verardi, C.K., de Oliveira, A.L.B., Gonçalves, E.C.P., Scaloppi-Junior, E.J., de Moraes, M.L.T. and de Souza Gonçalves, P., 2013. Rubber tree early selection for yield stability in time and among locations. *Euphytica*, 191(3), pp.365-373.
- Gouvêa, L.R.L., Silva, G.A.P., de Moraes, M.L.T., Scaloppi-Junior, E.J., de Freitas, R.S. and de Souza Gonçalves, P., 2016. Association among stability measurements in rubber

- tree traits. *Industrial Crops and Products*, 81, pp.110-116.
- Henderson, C.R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* 31: 423-447.
- Kaster M, Farias JRB. 2012. Regionalização dos testes de valor de cultivo e uso e da indicação de cultivares de soja: terceira aproximação. Embrapa Soja, Distrito de Warta.
- Landis, J.R., and G.G. Koch. 1977. The measurement of observer agreement for categorical data. *biometrics* 159-174.
- Li Y., M. Suontama, R.D. Burdon, H.S. Dungey. 2017. Genotype by environment interactions in forest tree breeding: review of methodology and perspectives on research and application. *Tree Genetics and Genomes*.13: 60.
- Liu, X., J. Wu, H. Ren, Y. Qi, C. Li, J. Cao, X. Zhang, Z. Zhang, Z. Cai, and J. Gai. 2017. Genetic variation of world soybean maturity date and geographic distribution of maturity groups. *Breeding Science* 67(3): 221-232.
- Maia, M.C.C.; Resende, M.D.V.; Paiva, J.R.; Cavalcanti, J.J.V.; Barros, L.M. 2009. Simultaneous selection for yield, adaptability and genotypic stability in cashew clones by mixed models. *Pesquisa Agropecuária Tropical* 39: 43-50 (in Portuguese, with abstract in English).
- Mendes, F.F.; Guimarães, L.J.M.; Souza, J.C.; Guimarães, P.E.O.; Pacheco, C.A.P.; Machado, J.R.A.; Meirelles, W.F.; Silva, A.R.; Parentoni, N. 2012. Adaptability and stability of maize varieties using mixed models methodology. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 12: 111-117.
- Patterson, H.D., and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58(3): 545–554.

- Resende, M.D.V. 2002. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Embrapa Informação Tecnológica, Colombo: Embrapa Florestas.
- Resende, M.D.V. 2007. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: Embrapa Florestas,. 561p
- Resende, M.D.V. 2015. Genética Quantitativa e de Populações. Suprema, Visconde do Rio Branco, MG, Brasil.
- Resende, M.D.V. 2016. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. CropBreed. Appl. Biotechnol. 16: 330–339.
- Resende, M.D.V., 2004. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. Embrapa Florestas.
- Resende, M.D.V., and J.B. Duarte. 2007. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. Pesqui. Agropecuária Trop. 37(3): 182–194.
- Resende, M.D.V., F.F. Silva, and C.F. Azevedo. 2014. Estatística matemática, biométrica e computacional. Suprema, Visconde do Rio Branco, MG, Brasil.
- Shaw, E. J., Kakuda, Y., and Rajcan, I. 2016. Effect of genotype, environment, and genotype \times environment interaction on tocopherol accumulation in soybean seed. Crop Science 56(1), 40-50.
- Silva, F.L., A. Borém, T. Sedyama, and W.H. Ludke. 2017. Soybean breeding. Springer, NY, USA.
- Spinelli, V.M., Dias, L.A.S., Rocha, R.B. and Resende, M.D.V., 2015. Estimates of genetic parameters with selection within and between half-sib families of *Jatropha curcas* L. *Industrial Crops and Products*, 69, pp.355-361.
- Whaley, R., and M. Eskandari. 2019. Genotypic main effect and genotype-by-environment interaction effect on seed protein concentration and yield in food-grade soybeans (*Glycine max* (L.) Merrill). *Euphytica* 215(2): 33.

Wolfinger, R.D. 1993. Covariance structure in general mixed models. *Comm Stat SimulComput.* 22B: 1079-1106.

Yan, W., L.A. Hunt, Q. Sheng, and Z. Szlavnic. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. *Crop Sci.* 40:596–605.

Schwarz, G. Estimating the dimensional of a model. 1978. *Annals of Statistics*, Hayward, v.6, n.2, p.461-464.

Wolfinger, R. D. Covariance estrutura selection in general mixed models. 1993. *Communications in Statistics.* V.22. p1079-1106.

MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela S1 Coordenadas geográficas de cada ambiente.

Município	Ambiente	Altitude (m)	Latitude (S)	Longitude (W)
Bela Vista do Paraíso	1	590	22° 59' 48"	51° 11' 26"
Cafelândia	2	563	24° 37' 5"	53° 19' 18"
Dourados	3	430	22° 13' 16"	54° 48' 20"
Mamborê	4	762	24° 19' 10"	52° 31' 48"
Navirai	5	364	23° 3' 55"	54° 11' 26"
Palotina	6	333	24° 17' 02"	53° 50' 24"
Ponta Porã	7	655	22° 32' 11"	55° 43' 36"
Rolândia	8	736	23° 18' 38"	51° 22' 10"
Sertanópolis	9	384	23° 3' 35"	51° 1' 60"
Toledo	10	560	24° 42' 49"	53° 44' 35"

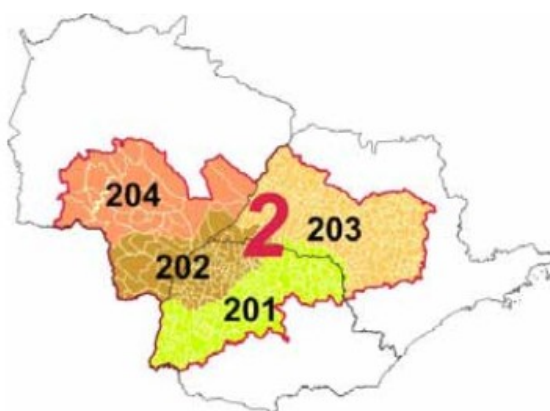


Figura S1. Macrorregião 2 Sojícola. Fonte: Embrapa Soja.

1 **Tabela S2 Seleção direta ($u_j + g_{ij} + ge_{ij}$).**

Ranque	L1			L2			L3			L4			L5			L6			L7			L8			L9			L10		
	Genótipo	GS	%GS	Genótipo	GS	%GS	Genótipo	GS	%GS	Genótipo	GS	%GS	Genótipo	GS	%GS	Genótipo	GS	%GS	Genótipo	GS	%GS	Genótipo	GS	%GS	Genótipo	GS	%GS	Genótipo	GS	%GS
1	50	517.3	24.57	37	388.7	8.11	20	394.3	21.89	42	370.97	6.39	42	389.86	13.86	74	514.3	8.43	74	514.28	10.21	20	349.66	13.45	21	375.2	35	21	619.93	7.03
2	20	496.9	23.59	21	379.5	7.92	21	391.5	21.73	68	365.82	6.3	21	367.88	13.08	47	488.4	8.01	47	488.41	9.57	47	327.91	11.19	63	312.18	33.2	74	588.57	7.02
3	74	450.2	21.38	68	359.8	7.51	74	379.9	21.09	49	362.04	6.24	68	349.55	12.43	31	467	7.66	31	466.982	9.16	68	313.9	10	62	278.73	29	20	514.82	6.61
4	21	416	19.76	20	345.1	7.2	62	344.3	19.11	71	328.18	5.65	20	333.4	11.85	62	451.1	7.4	62	451.138	8.91	74	305.33	9.21	50	256.89	25.7	50	455.54	6.12
5	62	371.2	17.63	62	334.9	6.99	49	307.8	17.09	21	297.94	5.13	49	319.73	11.37	72	440.8	7.23	72	440.842	8.72	36	298.81	8.67	49	241.87	22.7	63	402.09	5.8
6	68	331.1	15.72	48	327.4	6.83	63	282.2	15.67	36	274.95	4.74	62	301.03	10.7	42	418.9	6.87	42	418.884	8.37	21	286.87	8.24	48	229.82	20.4	43	361.94	5.36
7	42	301.5	14.32	63	314.9	6.57	50	259.2	14.39	20	256.42	4.42	71	282.38	10.04	68	397.2	6.51	68	397.221	8.03	42	275.11	7.74	72	215.97	18.8	71	332.44	4.97
8	19	273.1	12.97	42	303.8	6.34	42	239.2	13.28	37	242.03	4.17	25	265.97	9.45	20	380.6	6.24	20	380.611	7.67	62	262.76	7.34	47	204.59	17.4	18	308.61	4.55
9	32	250.8	11.91	19	294.8	6.15	37	222.2	12.34	47	228.76	3.94	79	252.87	8.99	32	367.1	6.02	32	367.142	7.34	65	251.62	6.91	42	192.78	16.1	62	286.16	4.19
10	72	232	11.02	72	287.3	5.99	47	208	11.55	25	214.1	3.69	32	240.17	8.54	49	356.1	5.84	49	356.116	7.04	32	241.34	6.56	20	182.84	15.1	47	267	3.9
11	37	215.4	10.23	65	280.6	5.85	19	193.9	10.76	62	201.94	3.48	47	227.4	8.08	21	344.6	5.65	21	344.596	6.72	13	230.11	6.25	18	174.29	14.1	65	249.25	3.66
12	65	200.5	9.52	32	273.5	5.71	72	180.6	10.02	63	191.44	3.3	31	216.69	7.7	50	323.8	5.31	50	323.843	6.34	14	217.09	5.93	68	165.36	13.2	68	234.33	3.46
13	47	187.3	8.9	71	265.5	5.54	25	168.1	9.33	74	181.14	3.12	37	206.26	7.33	70	303.3	4.97	70	303.294	5.96	48	204.3	5.64	37	157.29	12.5	31	221.26	3.28
14	18	175.9	8.35	74	257.6	5.37	32	155.9	8.66	32	169.59	2.92	74	197.29	7.01	19	285.4	4.68	19	285.365	5.53	50	189.53	5.34	13	148.96	11.8	79	209.72	3.08
15	71	165.9	7.88	49	246.7	5.15	13	145	8.05	14	156.53	2.7	72	188.82	6.71	25	268.4	4.4	25	268.37	5.15	25	176.27	5.04	31	140.63	11.2	32	199.33	2.89
16	49	156.5	7.43	31	235.3	4.91	14	134.2	7.45	65	144.9	2.5	19	179.49	6.38	18	252.2	4.14	18	252.201	4.8	71	164.59	4.77	71	133.13	10.6	13	188.05	2.74
17	63	147.8	7.02	50	223.4	4.66	68	124.7	6.92	43	134.27	2.31	43	170.63	6.07	48	237.3	3.89	48	237.292	4.46	18	152.89	4.48	64	124.82	10	14	177.96	2.59
18	25	139.9	6.65	36	211.4	4.41	36	115.5	6.41	48	124.52	2.14	14	161.2	5.73	63	222.9	3.66	63	222.906	4.16	43	142.42	4.19	43	116.95	9.49	36	168.28	2.44
19	31	132.1	6.27	70	196.9	4.11	79	106.5	5.91	64	115.66	1.99	50	152.47	5.42	14	209.5	3.44	14	209.478	3.88	31	133	3.9	65	108.71	8.98	37	159.25	2.3
20	14	124.6	5.92	14	182.4	3.81	65	98.21	5.45	70	107.6	1.85	70	144.55	5.14	65	197	3.23	65	197.026	3.63	19	124.48	3.63	14	101.24	8.44	72	149.74	2.16
21	79	114.8	5.45	44	166.8	3.48	31	89.95	4.99	18	99.443	1.71	48	135.61	4.82	37	185	3.03	37	184.965	3.4	72	116.64	3.36	36	93.636	7.94	19	140.88	2.02
22	13	104.5	4.96	47	152.4	3.18	18	82.17	4.56	19	90.939	1.57	36	126.97	4.51	36	173.2	2.84	36	173.231	3.15	63	107.98	3.08	70	85.893	7.31	42	129.61	1.88
23	64	94.82	4.5	18	138	2.88	43	75	4.16	31	82.49	1.42	65	119	4.23	44	158.6	2.6	44	158.581	2.85	64	97.772	2.75	74	76.613	6.63	25	117.63	1.72
24	70	84.94	4.03	79	123.2	2.57	64	68.24	3.79	72	73.378	1.26	13	108.09	3.84	43	144	2.36	43	143.979	2.57	37	87.963	2.39	79	66.574	5.92	49	104.93	1.54
25	48	73.63	3.5	64	109.5	2.28	71	60.87	3.38	13	64.144	1.1	18	94.143	3.35	71	127.5	2.09	71	127.544	2.27	49	77.629	2.04	25	56.791	5.12	64	90.861	1.38
26	36	61.21	2.91	43	95.75	2	70	52.72	2.93	44	54.881	0.95	44	80.125	2.85	79	112	1.84	79	111.993	1.94	79	66.319	1.71	32	47.751	4.27	48	75.647	1.22
27	43	49.09	2.33	25	82.34	1.72	48	43.96	2.44	79	46.058	0.79	63	65.852	2.34	64	95.51	1.57	64	95.5104	1.58	70	54.294	1.4	19	38.965	3.3	70	58.54	1.05
28	44	35.56	1.69	13	66.09	1.38	44	32.77	1.82	50	32.558	0.56	64	49.813	1.77	13	76.14	1.25	13	76.1428	1.09	44	37.453	1	44	27.776	2.4	44	42.592	0.81
29	58	18.65	0.89	59	36.43	0.76	58	15.82	0.88	58	15.934	0.27	58	24.192	0.86	58	39.56	0.65	58	39.5617	0.57	58	19.663	0.49	59	13.552	1.26	59	22.357	0.5
30	59	0	0	58	0	0	59	0	0	59	0	0	59	0	0	59	0	0	59	0	0	59	0	0	58	0	0	58	0	0

2

Tabela S3 Seleção conjuntavia $u. + g_i$, MHVG, PRVG e MHRPVG.

Ordem	u+g		MHVG		PRVG		MHRPVG	
	Genótipo	Ganho de Seleção (%)	Genótipo	Ganho de Seleção (%)	Genótipo	Ganho de Seleção (%)	Genótipo	Ganho de Seleção (%)
1	21	7.50	21	7.50	21	7.50	21	7.50
2	20	7.08	20	7.08	20	7.08	20	7.08
3	74	6.39	74	6.39	74	6.39	74	6.39
4	62	5.95	50	5.49	62	5.95	62	5.95
5	68	5.61	62	5.32	50	5.32	50	5.32
6	42	5.32	68	5.14	68	5.14	68	5.14
7	49	4.99	47	4.81	42	4.96	42	4.96
8	47	4.71	42	4.69	47	4.69	47	4.69
9	50	4.50	63	4.35	49	4.50	49	4.50
10	32	4.31	32	4.18	32	4.31	32	4.31
11	31	4.11	37	3.91	63	4.07	63	4.07
12	72	3.90	72	3.72	72	3.86	72	3.86
13	63	3.72	49	3.66	37	3.66	37	3.66
14	37	3.55	71	3.47	31	3.55	31	3.55
15	65	3.38	31	3.37	71	3.37	71	3.37
16	71	3.23	65	3.23	65	3.23	65	3.23
17	48	3.05	19	3.01	14	3.03	14	3.03
18	14	2.87	14	2.83	19	2.83	19	2.83
19	36	2.70	18	2.65	18	2.65	18	2.65
20	19	2.53	79	2.41	36	2.49	36	2.49
21	18	2.38	13	2.17	25	2.32	25	2.32
22	25	2.22	25	2.02	48	2.22	79	2.12
23	43	2.04	36	1.91	43	2.04	43	1.93
24	79	1.86	43	1.74	79	1.86	13	1.74
25	70	1.69	48	1.68	13	1.68	48	1.68
26	13	1.52	64	1.47	70	1.52	70	1.52
27	64	1.33	70	1.33	64	1.33	64	1.33
28	44	1.07	44	1.07	44	1.07	44	1.07
29	59	0.53	59	0.53	59	0.53	59	0.53
30	58	0.00	58	0.00	58	0.00	58	0.00

**ARTIGO 2: Estratificação ambiental e seleção via índice FAI-BLUP: aplicação no
melhoramento da soja**

Estratificação ambiental e seleção via índice FAI-BLUP: aplicação no melhoramento da soja

Idéias principais: interação GE do tipo complexa; estratificação ambiental inconsistente através dos anos; ganhos com seleção foram obtidos para macroregião; índice FAI-BLUP é útil no melhoramento da soja.

ABREVIATURAS

BIC, critério de informação Bayesiano; BLUP, melhor predição linear não viesada; GE, genótipos x ambientes; FAI-BLUP, análise de fatores e ideótipos desejados; REML, máxima verossimilhança restrita; LRT, teste da razão de verossimilhança; USDA, departamento de agricultura americano.

RESUMO

A interação genótipos x ambientes (GE) influencia a expressão gênica e pode causar dificuldades na identificação de genótipos superiores de soja. As principais formas de contornar os efeitos adversos da interação GE é a seleção de genótipos com maior estabilidade e adaptabilidade dos valores genotípicos; e a estratificação ambiental. Nesse contexto, os objetivos deste trabalho foram: verificar se a estratificação ambiental se mantém constante ao longo dos anos (validação) e aplicar e estudar o índice análise de fatores e ideótipos desejados (FAI-BLUP) para fins de seleção e recomendação de genótipos superiores de soja. Dados referentes à avaliação de 80 genótipos em 10 locais, em relação à característica produtividade de grãos, foram utilizados. Os componentes de variância foram estimados via máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos foram preditos via melhor predição linear não viesada (BLUP). O teste teste

da razão de verossimilhança(LRT)detectou efeitos significativos de genótipos e de interação GE. Correlação genotípica fraca foi obtida através dos locais, em todas as safras. De modo geral, a estratificação ambiental através dos anos não foi consistente. A acurácia de seleção indica precisão muito alta. O índice FAI-BLUP pode ser aplicado de forma eficiente na seleção de genótipos de soja, pois ganhos com a seleção para todos os ambientes foram obtidos.

Palavras-chave: interação genótipos x ambientes; estratificação ambiental; modelos mistos; componentes principais; análise de fatores; seleção genética.

INTRODUÇÃO

A soja [*Glycinemax* (L.) Merrill] é uma das oleaginosas mais cultivadas no mundo (Silva et al., 2017). Segundo o USDA, o Brasil, os Estados Unidos e a Argentina são responsáveis por 81,65% da produção mundial (Conab, 2018). Nesse sentido, o melhoramento genético foi e continua sendo um dos principais contribuintes para o progresso nessa cultura.

Como a expressão gênica de cada genótipo é influenciada pelos diferentes ambientes, a avaliação genética deve ser realizada em ambientes distintos, ou seja, em diferentes condições edafoclimáticas e de manejo da cultura. Assim, estudos de interação genótipos x ambientes (GE) e de adaptabilidade e estabilidade possuem grande importância nos programas de melhoramento.

Define-se interação GE como o comportamento diferencial dos genótipos frente à variação ambiental (Resende, 2015). Na cultura da soja, a ocorrência da interação GE tem grande importância, principalmente para a característica produtividade de grãos, em que a expressão fenotípica é resultado da ação de um grande número de genes de

pequeno efeito e sofre grande influência ambiental (característica quantitativa). Uma forma de tirar proveito dessa interação, na recomendação de novos genótipos, é identificar aquelas que apresentam comportamento previsível e proporcional ao estímulo ambiental em uma grande amplitude de condições ambientais (Cruz e Regazzi, 2012).

De acordo com Resende (2007), uma das principais formas de contornar os efeitos adversos da interação GE é a identificação de cultivares com maior estabilidade e adaptabilidade genotípica. Outra forma de controlar a interação GE é a estratificação ambiental, que tem como objetivo agrupar ambientes em que a interação GE do tipo complexa não ocorre, têm grande importância prática para os programas de melhoramento, pois permite ao melhorista estabelecer uma eficiente rede experimental, maximizando a alocação de recursos e permitindo também a avaliação de um maior número de cultivares (Cruz et al., 2012).

Com o intuito de identificar genótipos que apresentam ideótipos desejados pelo melhorista e agrupar variáveis similares, Rocha et al. (2018) propuseram um índice multi-variado baseado em análise de fatores e ideótipos desejados (índice FAI-BLUP). Este índice leva em consideração a estrutura de correlação genética (análise de fatores exploratória), permitindo a seleção de genótipos mais próximos daqueles idealizados.

Rocha et al.(2018), Silva et al.(2018) e Rocha et al. 2019, mostraram a eficiência e aplicabilidade deste índice para agrupamento características correlacionadas e para a seleção de genótipos superiores com base no ideótipo hipotético, nas culturas de capim elegante, sorgo e feijão, respectivamente. Até o momento, inexistem na literatura relatos da utilização do índice FAI-BLUP na cultura da soja como objetivo agrupar ambientes similares (estratificação ambiental) e de seleção genética. Diante do exposto, os objetivos deste trabalho foram: verificar se a estratificação ambiental se mantém

constante ao longo dos anos (validação) e aplicar e estudar o índice FAI-BLUP para fins de seleção e recomendação de genótipos superiores de soja.

MATERIAIS E MÉTODOS

Dados experimentais

Os dados fenotípicos utilizados neste trabalho referem-se à avaliação de 80 genótipos de soja em 10 locais localizados na macrorregião 2 sojícola (microrregiões 201, 202 e 204) (Figura S1 e S2), em três safras: 2012/2013, 2013/2014 e 2014/2015, onde nem todos os genótipos foram avaliados em todas as safras. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições. Cada parcela foi constituída por quatro linhas de 5 metros, com espaçamento de 0,5 m entre linhas e entre parcelas. Na maturação, as duas linhas centrais foram colhidas, totalizando uma área útil de 5 m². A característica avaliada foi produtividade de grãos em kg ha⁻¹, sendo a umidade corrigida para 13%. O manejo seguiu as recomendações técnicas para a cultura da soja em cada local.

Análises estatísticas

O procedimento máxima verossimilhança restrita (Patterson e Thompson, 1971) / melhor predição linear não viesada (Henderson, 1975) (REML/BLUP) foi adotado para estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos. O modelo estatístico associado à avaliação de genótipos, em delineamento de blocos ao acaso, com uma observação por parcela (média de parcela), em vários ambientes, é dado pela seguinte equação:

$$Y_{ijn} = \mu + g_i + b_{n/j} + l_j + gl_{ij} + e_{ijn},$$

em que: Y_{ijn} é a observação fenotípica do genótipo i no bloco n no local j , μ é o efeito da média geral (fixo), g_i é o efeito do genótipo i (assumido como aleatório), $b_{n/j}$ é o efeito do bloco n dentro do local j (assumido como fixo), l_j é o efeito do local j (assumido como fixo), gl_{ij} é o efeito da interação GE (aleatório), e e_{ijn} é o resíduo (aleatório) associado a Y_{ijn} .

Na notação matricial, o modelo estatístico é dado pela seguinte equação:

$$y = Xf + Zg + Ti + e,$$

em que: y é o vetor de dados fenotípicos, f é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (aleatórios), e e é o vetor de resíduos (aleatórios). O vetor f contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As diferentes estruturas de variância residual (homogênea e heterogênea) foram testadas para a escolha do modelo mais adequado usando o critério de informação Bayesiano (BIC) (Schwarz, 1978), dado por:

$$BIC = -2\text{Log}L + p\text{Log}[n - r(x)],$$

em que: $\text{Log}L$ é o logaritmo da função de verossimilhança, p é o número de parâmetros estimados, n é o número de observações e $r(x)$ é o ranque da matriz de incidência dos efeitos fixos. Para verificar a significância dos efeitos aleatórios do modelo, foi utilizado o teste da razão de verossimilhança (LRT) (Rao, 1973).

A correlação genotípica através dos locais (r_{gl}) foi obtida por:

$$r_{gl} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{gl}^2},$$

em que: σ_g^2 é a variância genotípica e σ_{gl}^2 é a variância da interação GE.

A estratificação ambiental, para cada safra, foi feita via índice FAI-BLUP, que utiliza análise de fatores, sendo que o número de fatores foi determinado com base no autovalor mínimo (0.7), conforme Kaiser (1958). A análise de fatores tem como principal objetivo descrever a variabilidade original do vetor aleatório Y (observações genotípicas - BLUPs), em termos de um número menor de variáveis aleatórias, denominadas fatores, que a princípio são desconhecidas (Mingotti, 2005). Ou seja, partimos de um número usualmente grande de variáveis e desejamos reduzir esta dimensão para um número menor de fatores que representam as características originais.

A análise de fatores parte do pressuposto de que a correlação entre as variáveis surge pois estas compartilham ou estão relacionadas a um mesmo fator. Desta forma, o objetivo é identificar fatores que não são diretamente observáveis (variáveis latentes) a partir da correlação entre um conjunto de variáveis que são passíveis de medição (Corrar et al., 2009). Ao se verificar a existência de padrões de correlação (grupos de variáveis mais correlacionadas devido a um fator comum) a análise de fatores procura agrupar variáveis correlacionadas em fatores de modo que se tenha uma redução significativa da dimensão a ser analisada, onde, no caso deste estudo, estas variáveis são os locais experimentados. Assim, após a estratificação para cada safra, verificou-se a coincidência dos grupos formados por meio.

A seleção genética foi feita via índice FAI-BLUP (Rocha et al., 2018), utilizando os ensaios conduzidos na safra 2013/2014. A seleção para as demais safras segue o mesmo procedimento e, portanto, não serão abordadas. Este índice une a análise de fatores com a proposição de ideótipos, de modo a explorar a covariância entre as variáveis, que nesse estudo referem-se a característica produtividade de grãos em cada local. Assim, para a safra 2013/2014 foram consideradas 10 características, devido à avaliação da produtividade em 10 locais.

O índice FAI-BLUP visa a seleção dos genótipos que apresentam menor distância em relação aos ideótipos de interesse, considerando a produtividade máxima em todos os locais como o ideótipo, por meio do seguinte estimador:

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1, j=1}^{i=n, j=m} \frac{1}{d_{ij}}},$$

em que: P_{ij} é a probabilidade do genótipo ($i = 1, 2, \dots, n$) ser semelhante ao ideótipo j ($j = 1, 2, \dots, m$); d_{ij} é a distância euclidiana média padronizada entre o i e o ideótipo j .

O ganho com a seleção (GS) considerando os genótipos selecionados pelo índice FAI-BLUP, foi obtido com base na seguinte expressão (Resende, 2016):

$$GS = \frac{\sum_{i=1}^n VG_i}{p},$$

em que: VG_i é o valor genotípico do genótipo i e p é o número de genótipos selecionados, sendo que foi considerada uma taxa de seleção de 20%, perfazendo a seleção de seis genótipos superiores. O ganho com a seleção em percentagem ($GS(\%)$) foi obtido pela seguinte expressão:

$$GS(\%) = \frac{M_s - M_0}{M_0} \times 100,$$

em que: M_s é a média genotípica dos genótipos selecionados e M_0 é a média genotípica da população avaliada.

As estruturas de variância residual foram testadas via software ASReml-R (Butler et al., 2009). Os componentes de variância, parâmetros genéticos e não genéticos e valores genotípicos foram obtidos via software Selegen REML/BLUP (Resende, 2016) e a estratificação ambiental e o índice FAI-BLUP foi ajustado via software R (R Core Team, 2019).

RESULTADOS

Escolha do modelo

De acordo com os valores do BIC, os ensaios das safras 2012/2013 e 2013/2014 apresentaram variância residual homogênea e os ensaios da safra 2014/2015 apresentaram variância residual heterogênea (Tabela 1). Assim, para as safras 2012/2013 e 2013/2014 foi utilizado o modelo que considera variância residual homogênea e para a safra 2014/2015 foi utilizado o modelo que considera variância residual heterogênea.

Tabela 1 Critério de informação Bayesiano (BIC) para os modelos com variância residual homogênea (BIC1) e heterogênea (BIC2), em cada ano.

Safra	BIC1	BIC2	Inferência
2012/2013	11557.4	11570.9	homogênea
2013/2014	11606.4	11620.3	homogênea
2014/2015	10407.1	10374.9	heterogênea

Componentes de variância e parâmetros genéticos

O LRT mostrou que os efeitos aleatórios do modelo (genótipo e interação GE) são significativos a $p < 0.01$, em todos as safras (Tabelas 2 e 3). Nas safras 2012/2013 e 2013/2014, os efeitos associados a genótipos, interação GE e resíduos explicaram 10%, 29% e 71%; e 18%, 22% e 60%, respectivamente, da variância fenotípica (Tabela 2).

Na safra 2014/2015, os efeitos associados a genótipos, interação GE e resíduos variaram de 4% a 13%, 10% a 33% e 54% a 86%, respectivamente (Tabela 3). A correlação genotípica através dos locais (r_{gl}) nas safras 2012/2013, 2013/2014 e 2014/2015 foram iguais a 0.33; 0.45 e 0.22, respectivamente.

Tabela 2 Deviance, teste da razão de verossimilhança (LRT), estimativas dos componentes de variância e coeficientes de determinação para a característica produtividade de grãos, avaliada nas safras 2012/2013 e 2013/2014.

Safra	Efeito	Deviance	LRT	Estimativa	Coeficiente de determinação
2012/2013	σ_g^2	11641.33	24.54**	20062.10	0.10
	σ_{ge}^2	11638.34	33.82**	40100.34	0.19
	σ_{res}^2	-	-	148217.70	0.71
	σ_p^2	11586.11	-	208380.20	-
2013/2014	σ_g^2	11561.63	55.22**	43889.85	0.18
	σ_{ge}^2	11570.91	52.23**	53205.46	0.22
	σ_{res}^2	-	-	147229.40	0.60
	σ_p^2	11537.09	-	244324.70	-

σ_g^2 : variância genotípica; σ_{ge}^2 : variância da interação GE; σ_{res}^2 : variância residual; σ_p^2 : variância fenotípica; h_g^2 : herdabilidade no sentido amplo.

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste de Qui Quadrado. A hipótese nula foi que os modelos completo e reduzido não diferem entre si.

Tabela 3 Deviance, teste da razão de verossimilhança (LRT), estimativas dos componentes de variância e coeficientes de determinação para a característica produtividade de grãos, avaliada na safra 2014/2015.

Local	Estimativa				Coeficiente de Determinação		
	σ_g^2	σ_{ge}^2	σ_{res}^2	σ_p^2	h_g^2	c_{ge}^2	c_{res}^2
-	13320.49	34344.88	-	-	-	-	-
1	-	-	311454.11	359119.5	0.04	0.10	0.86
2	-	-	154439.26	202104.6	0.07	0.17	0.76
3	-	-	54052.52	101717.9	0.13	0.34	0.53
4	-	-	254908.75	302574.1	0.04	0.11	0.84
5	-	-	75715.02	123380.4	0.10	0.28	0.61
6	-	-	102322.11	149987.5	0.09	0.23	0.68
7	-	-	87420.42	135085.8	0.10	0.25	0.65
8	-	-	118660.84	166326.2	0.08	0.21	0.71
9	-	-	169464.11	217129.5	0.06	0.16	0.78
10	-	-	295369.32	343034.7	0.04	0.10	0.86
Deviance	10496.62	10510.03	-	10482.69	-	-	-
LRT	13.93**	27.34**	-	-	-	-	-

σ_g^2 : variância genotípica; σ_{ge}^2 : variância da interação GE; σ_{res}^2 : variância residual; σ_p^2 : variância fenotípica; h_g^2 : herdabilidade no sentido amplo; c_{ge}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação GE; c_{res}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos residuais.

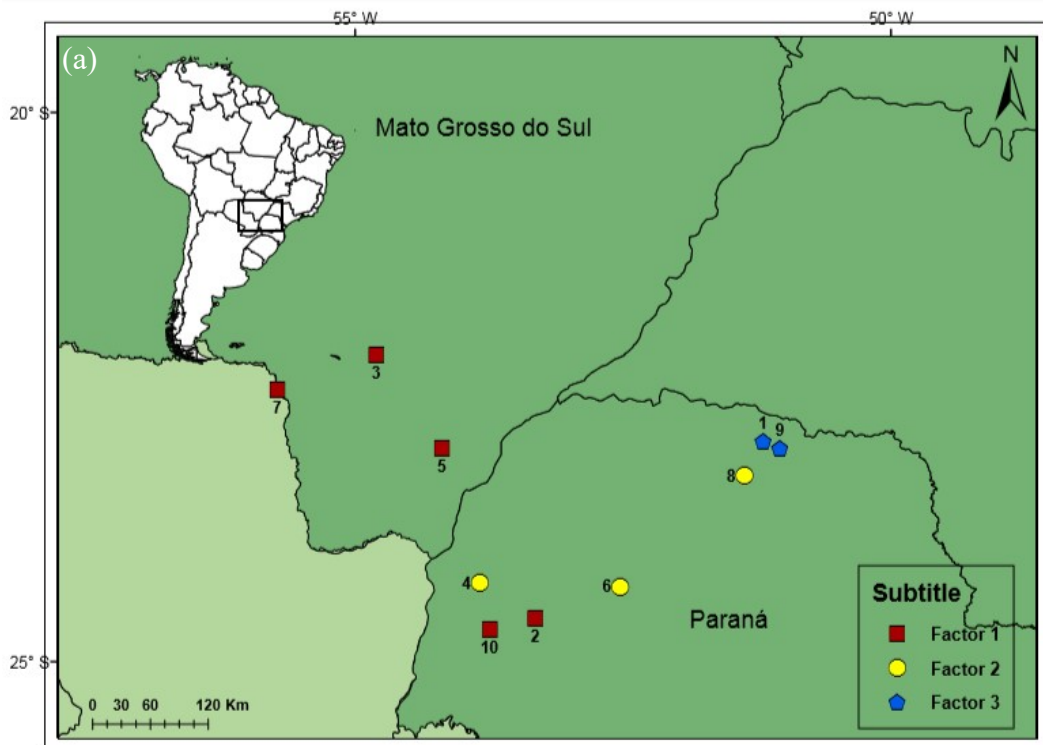
** significativo a 1% de probabilidade pelo teste de Qui Quadrado. A hipótese nula foi que os modelos completo e reduzido não diferem entre si.

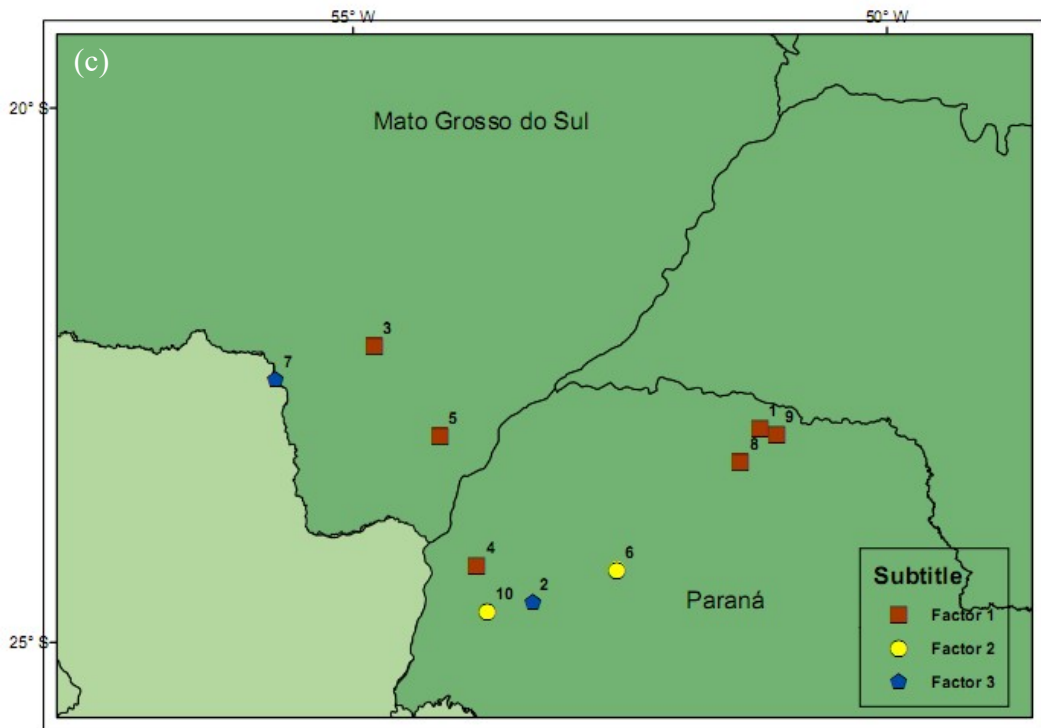
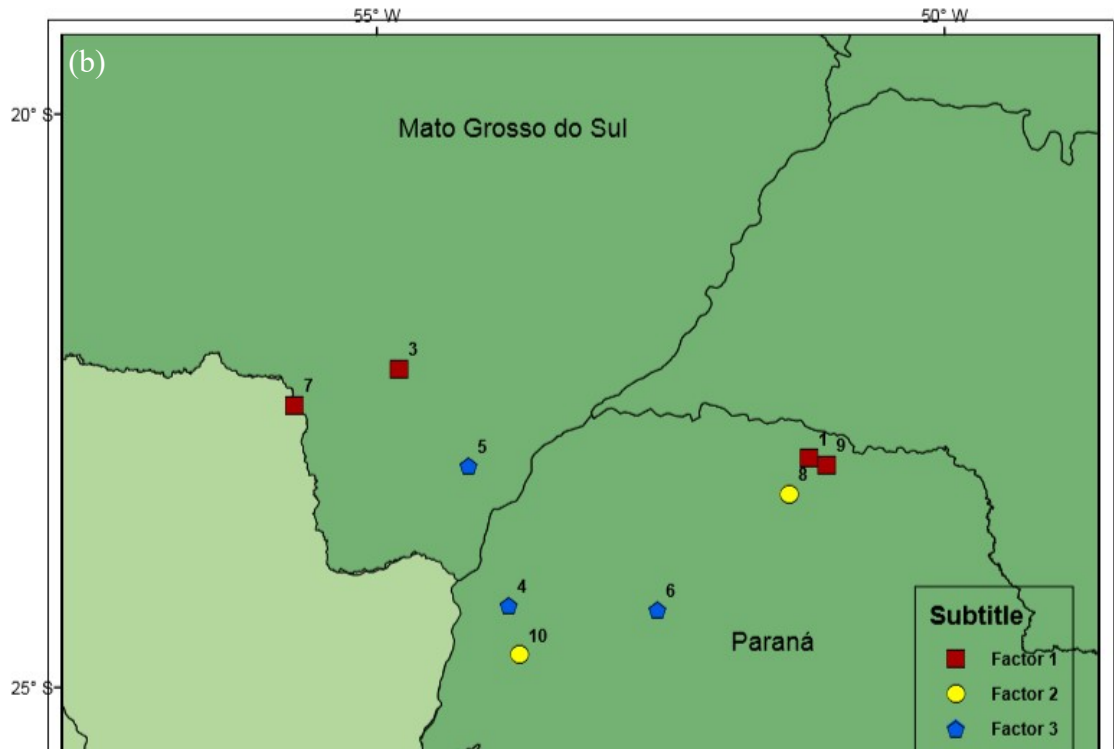
Estratificação ambiental

Nas três safras avaliadas, os ambientes se agruparam em três fatores, onde cada fator representa um grupo de ambientes, que são similares entre si (Figura 1).

Em 2012/2013, no fator um foram agrupados cinco locais (2, 3, 5, 7 e 10), no fator dois foram agrupados três locais (4, 6 e 8) e no fator três foram agrupados dois locais (1 e 9). Na safra 2013/2014, quatro locais foram agrupados no fator um (1, 3, 7 e 9), dois locais foram agrupados no fator dois (8 e 10) e quatro locais foram agrupados no fator três (2, 4, 5 e 6). Por fim, na safra 2014/2015, seis locais foram agrupados no fator um (1, 3, 4, 5, 8, 9), dois locais foram agrupados no fator dois (6 e 10) e dois locais foram agrupados no fator três (2 e 7). Assim, verificou-se que a estratificação ambiental só foi consistente para os locais 1 e 9.

Figura 1 Estratificação ambiental para as safras: (a) 2012/2013; (b) 2013/2014; e, (c) 2014/2015.





Seleção de genótipos

Visando a seleção de genótipos superiores para produtividade de grãos, considerando os ambientes individuais e os todos os ambientes em conjunto, utilizou-se o índice FAI-BLUP. Para projetar o ideótipo (ideótipo específico para produtividade de grãos), os valores genotípicos máximos, foram utilizados. Oitenta e três por cento de toda variabilidade genotípica foi resumida em três fatores.

Considerando a seleção dos seis melhores genótipos (intensidade de seleção de 20%), os ganhos preditos na seleção direta variaram de 1.06% a 14.11%, enquanto a seleção para todos os ambientes proporcionou um ganho de 4,40% (Tabela 4), indicando, portanto, ganho genético com a seleção para todos os ambientes.

Tabela 4 Ganho predito com a seleção (GS) considerando cada local individualmente e todos os locais pelo índice FAI-BLUP, com intensidade de seleção igual a 20%.

Local	GS (kg ha)	GS%
1	180.54	8.57
2	212.33	4.43
3	214.75	11.92
4	77.47	1.33
5	117.20	4.17
6	289.65	4.75
7	157.57	4.60
8	197.90	7.10
9	224.31	12.65
10	50.48	0.88
Total	153.60	4.14

DISCUSSÃO

Escolha do modelo

No contexto da metodologia de modelos mistos, a seleção de modelos está associada a critérios provenientes da razão entre verossimilhanças. Dentre os vários critérios para escolha de modelos destacam-se o critério de informação de Akaike (AIC)

(Akaike, 1973) e o BIC (Schwarz, 1978). O BIC é preferível ao AIC, uma vez que BIC tende a escolher modelos que são mais parcimoniosos que o escolhido pelo AIC (Resende et al., 2014).

De acordo com o BIC, os ensaios conduzidos nas safras 2012/2013 e 2013/2014 apresentaram variância residual homogênea. Por outro lado, os ensaios conduzidos na safra 2014/2015 apresentam variância residual heterogênea. Nesse caso, para uma acurada comparação do desempenho das genótipos nos diferentes ambientes foi utilizado o modelo com variância residual heterogênea. Este último aspecto sempre foi tradicionalmente ignorado. Entretanto, atualmente, há tendência de que a heterogeneidade residual seja considerada na avaliação genética (Li et al., 2017; Malosetti et al., 2013; Resende et al., 2014; Smith et al., 2005). A partir dos modelos selecionados para cada uma das safras todas as análises e interpretações foram realizadas.

Componentes de variância e parâmetros genéticos

Para todos os anos, as estimativas da variância genotípica e da variância da interação GE, associadas aos resultados do LRT, foram significativas ($p < 0.01$). Portanto, há variabilidade genética entre as genótipos avaliados e interação GE. Avaliando produtividade de grãos na cultura da soja Shaw et al. (2016), Carter et al. (2018) e Whaley et al. (2019), observaram resultados semelhantes.

Conforme Resende (2015), as estimativas de herdabilidade no sentido amplo, observadas neste estudo, variaram de baixa ($h_g^2 < 0.15$) a moderada ($0.15 < h_g^2 < 0.50$) magnitudes (Tabelas 2 e 3). Além disso, verificou-se que as variâncias residuais consomem grande parte da variância fenotípica, indicando que, para experimentos futuros, a utilização de maior número de repetições seria uma estratégia

viável para permitir a maior expressão da variação genotípica em relação à residual fator importante.

Nos três anos avaliados, as correlações genotípicas através dos locais apresentaram baixa magnitude (0.33, 0.45 e 0.22), indicando a presença de interação GE do tipo complexa e, portanto, reforçando a necessidade de métodos estatísticos eficientes para a identificação de genótipos superiores.

Estratificação ambiental

A estratificação ambiental foi feita para cada safra, onde em cada safra foram avaliadas diferentes linhagens. A estratificação ambiental não se manteve constante ao longo das safras (Figura 1). Existem dois principais fatores que explicam essa alteração na estratificação entre as safras, variação genética e variação ambiental.

Considerando o primeiro fator, variação genética, entende-se que para uma efetiva concordância entre as estratificações ambiental ao longo das safras, haveria a necessidade de avaliação dos mesmos genótipos em todos os ambientes e safras. Onde, no presente trabalho, a concordância dos genótipos entre as safras avaliadas, são quase nulas.

Associadas ao segundo fator inerente à baixa concordância entre as estratificações realizadas ao longo das safras, variação ambiental, as Figuras 2, 3 e 4 demonstra as variações climáticas nas diferentes safras avaliadas. Pode-se observar que houve inconstância na temperatura e precipitação ao longo das safras, fatores que mais influenciam a produtividade de grãos em soja. As alterações climáticas fizeram com que cada local de avaliação tivesse condições ambientais distintas de um ano para outro. Esse fato favoreceu a inconsistência da estratificação ambiental ao longo dos anos.

Farias et al. (2007) observou diferenças datas de floração, de um ano para o outro, em uma cultivar de soja semeada no mesmo local e mesma época, ressaltando que essas variações é devido a mudança temperatura, entre anos, e como consequência, acarretou no florescimento antes do tempo, no período de altas temperaturas. No qual os autores observaram aborto das flores, diminuição da capacidade de retenção das vagens, e da altura dessa cultivar, certificando que, esses problemas se acentuam com a ocorrência de déficits hídricos.

No desenvolvimento da soja é muito importante a disponibilidade de água, principalmente nos períodos germinação-emergência e floração-enchimento de grãos. Durante o período da germinação-emergência o estresse hídrico (tanto o excesso como a falta de água) é prejudicial ao estabelecimento da cultura e à obtenção de uma boa uniformidade na população de plantas (Ritchie et al. 1977).

Para o genótipo de soja alcançar alta produtividade, é necessário o volume adequado de água, com uma distribuição uniforme das chuvas ao longo do ciclo, principalmente, durante as fases de maior demanda hídrica (floração-enchimento de grãos). A distribuição desuniforme da precipitação pluviométrica é limitante à obtenção de altos rendimentos, principalmente durante as fases de maior demanda de água (floração) e mais críticas à ocorrência de déficits hídricos (enchimento de grãos) (Farias et al. 2005).

Segundo Farias et al. (2007), o déficit hídrico é a principal limitação à expressão do potencial de rendimento da cultura, e a maior causa da oscilação na produtividade de grãos observadas de um ano para outro, no qual destacam a safra de 2004/2005, no Paraná, que alcançou perdas de produtividade superiores a 78%, quando comparadas à safra 2002/2003, que não ocorreram problemas de seca. No qual, devido ao déficit hídrico, os estados do Paraná e Rio Grande do Sul foram responsáveis por mais de 80%

das perdas totais na produção brasileira da safra 2004/2005, gerando grandes prejuízos para os produtores e na economia do país.

Diante do exposto, evidência a importância e necessidade do uso de eficientes métodos de seleção para identificar genótipos com alta adaptabilidade, estabilidade e produtividade para contornar os efeitos adversos das mudanças climáticas ao decorrer dos anos. Com exceção à regra os ambientes 1 e 9, que mantiveram-se agrupados durante os três anos avaliados, indicando que não há necessidade de realizar ensaios nos dois ambientes, podendo assim, eliminar um deles da rede experimental.

Dalló et al. (2019) avaliando genótipos de soja na macrorregião dois (Kaster e Farias, 2012), nos mesmos municípios utilizados neste trabalho, com exceção do 5, em três anos agrícolas (2013, 2014 e 2015) identificaram a possibilidade das microrregiões 201 e 204 formar um megambiente. Resultado contrastante com o do presente estudo, pois os municípios 1, 2, 4, 6, e 10 (microrregião 201) e os 3 e 7 (microrregião 204), mudam o padrão de agrupamento nos três anos avaliados, ficando assim em grupos diferentes.

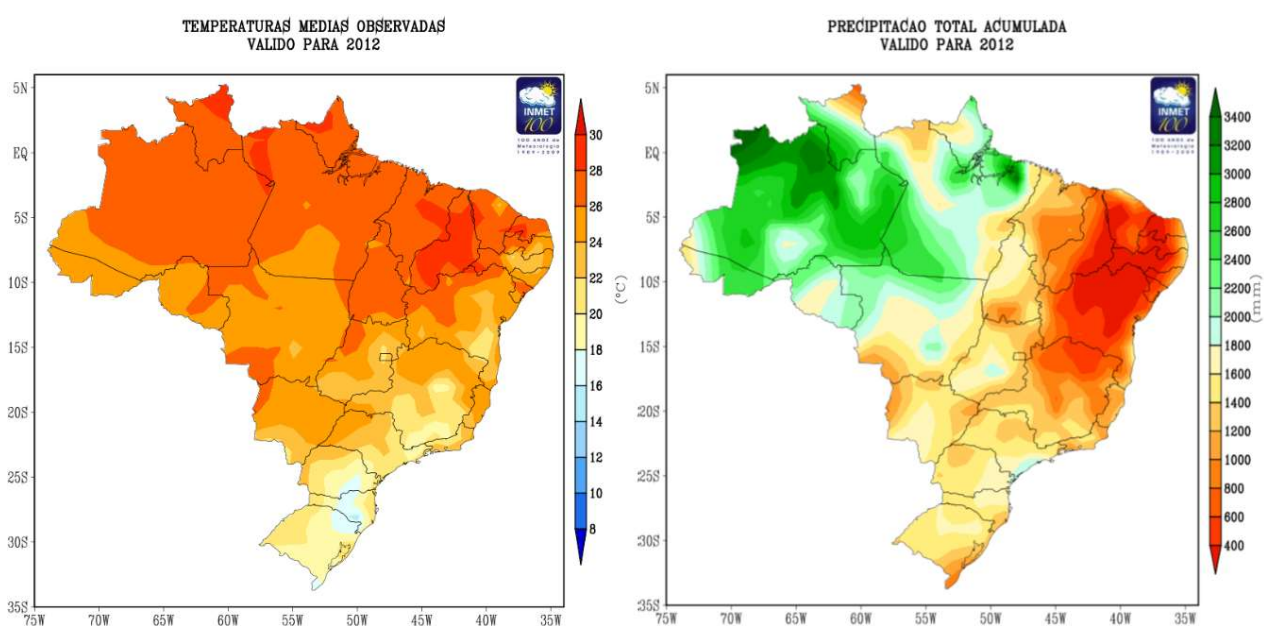


Figura 2 Temperatura e precipitação média do ano de 2012. Fonte: Instituto Nacional de Meteorologia (INMET).

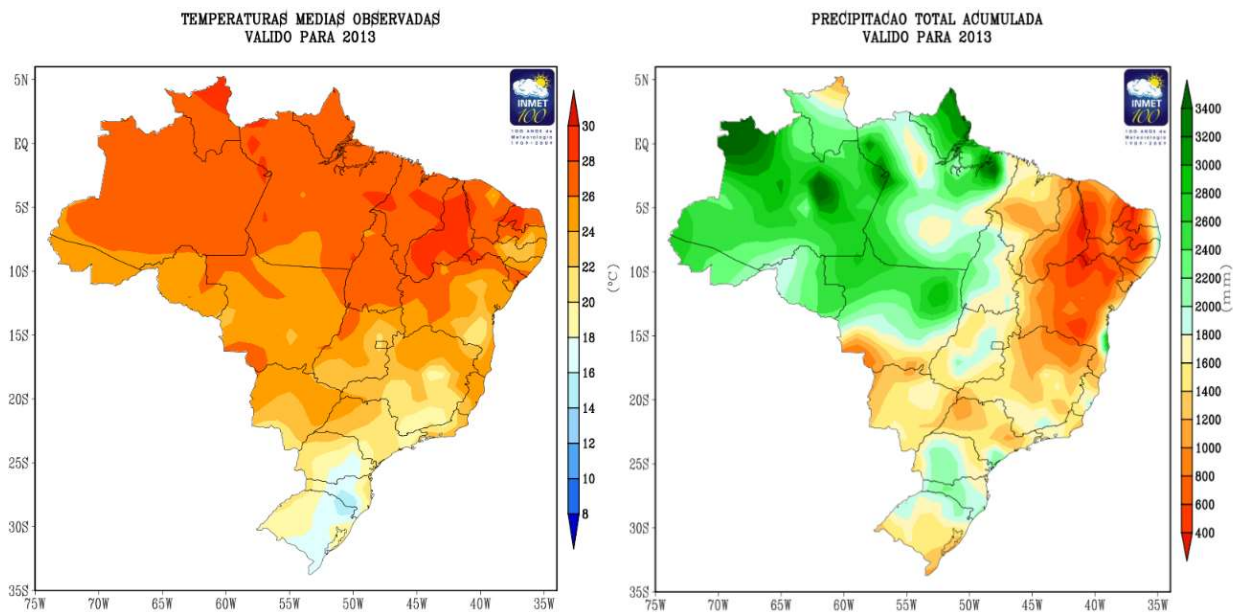


Figura 3 Temperatura e precipitação média do ano de 2013. Fonte: Instituto Nacional de Meteorologia (INMET).

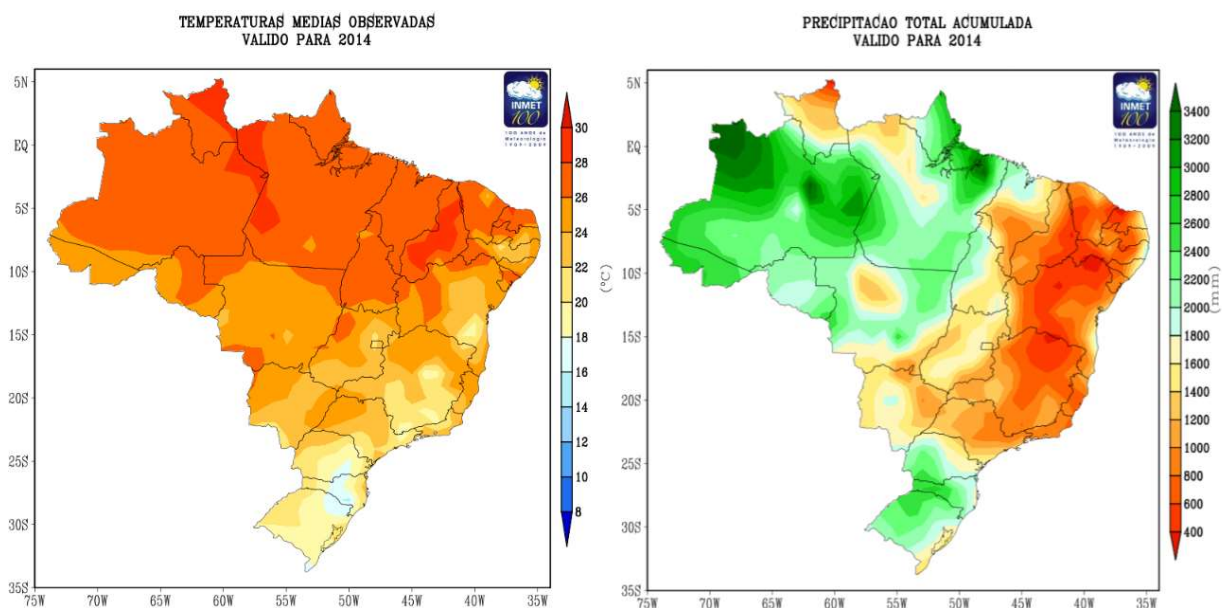


Figura 4 Temperatura e precipitação média do ano de 2014. Fonte: Instituto Nacional de Meteorologia (INMET).

Seleção de genótipos

Nos últimos anos, aumentos na produtividade de soja tem sido relatados (Van Roekel et al., 2015), um dos principais fatores desse resultado é o aumento da precisão

dos métodos de seleção e um melhor entendimento da interação GE (van Eeuwijk et al., 2016). O índice FAI-BLUP, une a análise de fatores com a proposição de ideótipos, explorando a covariância entre as características e permite utilizar os valores genotípicos capitalizados pelo efeito da interação GE (Rocha et al., 2018), selecionando assim, genótipos com maior adaptabilidade, estabilidade e produtividade.

De acordo com o critério autovalor mínimo igual a 0.70, três fatores foram utilizados nesse estudo. A frequência cumulativa para os três primeiros componentes principais, foi igual a 83,83%, indicando que três fatores explicaram 83,83% de toda a variabilidade genotípica. Com a seleção dos seis melhores genótipos pelo índice FAI-BLUP, foram obtidos ganhos no sentido desejado para todos os ambientes avaliados e também um ganho considerável na média total dos ambientes, constatando que os genótipos selecionados possuem genes favoráveis a produtividade.

Rocha et al. 2018, utilizando o FAI-BLUP para a seleção dos melhores genótipos de capim-elefante, obteve ganhos desejados para todas as características avaliadas, e concluíram que este índice pode ser utilizado de forma eficiente no melhoramento genético desta cultura. Silva et al. 2018, afirmaram que o FAI-BLUP indicou os melhores genótipos de sorgo e concluíram que estes genótipos possuem maior potencial para a obtenção de híbridos superiores. Rocha et al. 2019, avaliando genótipos de feijoeiro comum, concluíram que as progênies indicadas pelo índice FAI-BLUP podem acelerar o desenvolvimento de genótipos superiores.

Estes resultados demonstram a eficiência e aplicabilidade deste índice em diferentes culturas. No presente estudo o índice FAI-BLUP também mostrou-se útil na seleção dos genótipos de soja, que proporcionam ganhos consideráveis para a característica produtividade de grãos.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos o apoio financeiro do Governo Brasileiro oferecido pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES); e à empresa GDM Genética do Brasil pela parceria e disponibilidade dos dados experimentais. Este estudo foi financiado em parte pela CAPES- Código de financiamento 001.

REFERÊNCIAS

- Akaike. 1974. H.A new look at the statistical model identification. IEEE Transactions on AutomaticControl., Boston, v.19, n.6, p.716-723.
- Butler, D., B. Cullis, A. Gilmour, and B. Gogel. 2009. ASReml-R, reference manual, version 3. Queensland Dep. of Primary Industries and Fisheries: Brisbane.
- Carter, A., I. Rajcan, L. Woodrow, A. Navabi, and M. Eskandari. 2018. Genotype, environment, and genotype by environment interaction for seed isoflavone concentration in soybean grown in soybean cyst nematode infested and non-infested environments. Field CropsResearch216: 189-196.
- CONAB. Central de informações agropecuárias. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuario-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-mensal-de-soja/item/9997-soja-conjuntura-mensal-setembro-2018>.
- Corrar, I. J.; Paulo, E.; Dias Filho, J. M. 2009. Análise multivariada para os cursos de administração, ciências contábeis e economia. São Paulo: Atlas, 541p.

- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J; Carneiro, P. C. S.2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3 ed. Viçosa: UFV, 514p.
- Dalló, S. C., Zdziarski, A. D., Woyann, L. G., Milioli, A. S., Zanella, R., Conte, J., e Benin. 2019. Across year and year-by-year GGE biplot analysis to evaluate soybean performance and stability in multi-environment trials. *Euphytica*, 215(6), 113.
- Farias, J.R.B.; Nepomuceno, A. L.; Neumaier, N. Água em solos arenosos: estabelecimento de déficit hídrico em culturas. 2005. In: REUNIÃO DE PESQUISA DA REGIÃO CENTRAL DO BRASIL. Cornélio Procópio. Ata... Londrina: Embrapa Soja, p. 147-155. (Embrapa Soja. Documentos, 265).
- Farias, J. R. B., Nepomuceno, A. L., Neumaier, N. 2007. Ecofisiologia da soja. *Embrapa Soja-Circular Técnica (INFOTECA-E)*.
- Henderson, C.R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* 31: 423-447.
- INMET. Instituto nacional de meteorologia. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/portal/>
- Lopes MS, Reynolds MP, Manes Y, Singh RP, Crossa J, Braun HJ. 2012. Genetic yield gains and changes in associated traits of CIMMYT spring bread wheat in a “historic” set representing 30 years of breeding. *CropSci* 52(3):1123–1131. <https://doi.org/10.2135/cropsci2011.09.0467>.
- Mingoti, s.a. 2005. Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada. Belo Horizonte: Editora UFMG.
- Patterson, H.D., and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58(3): 545–554.
- R Core Team. 2019. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Rao CR (1973) Linear Statistical Inference and its Applications. John Wiley & Sons.

- Resende, M.D.V. 2007. Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético. Embrapa.
- Resende, M.D.V. 2016. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 16: 330–339.
- Resende, M.D.V. Silva, F. F.; [Azevedo, C. F.](#) 2014. Estatística matemática, biométrica e computacional: Modelos Mistos, Multivariados, Categóricos e Generalizados (REML/BLUP), Inferência Bayesiana, Regressão Aleatória, Seleção Genômica, QTL-GWAS, Estatística Espacial e Temporal, Competição, Sobrevivência. 1. ed. Visconde do Rio Branco: Suprema. v. 1. 881p
- Ritchie, S.W.; Hanway, J.J.; Thompson, H.E.; Benson, G.O. 1977. How a soybean plant develops. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 20p. (Special Report, 53).
- Rocha, J. R. D. A. S., Nunes, K. V., Carneiro, A. L. N., Marçal, T. D. S., Salvador, F. V., Carneiro, P. C. S., & Carneiro, J. E. S. 2019. Selection of Superior Inbred Progenies toward the Common Bean Ideotype. *Agronomy Journal*.
- Rocha, J.R. do A.S. de 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>.
- SCHWARZ, G. Estimating the dimensionality of a model. *Annals of Statistics*. 1978. Hayward, v.6, n.2, p.461-464, Mar.
- Shaw, E. J., Kakuda, Y., and Rajcan, I. 2016. Effect of genotype, environment, and genotype \times environment interaction on tocopherol accumulation in soybean seed. *Crop Science* 56(1), 40-50.
- Silva, F.L., A. Borém, T. Sedyama, and W.H. Ludke. 2017. Soybean breeding. Springer, NY, USA.

- Van Eeuwijk, F. A., Bustos-Korts, D. V., e Malosetti, M. 2016. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype x Environment interactions? *Crop Science*, 56(5), 2119–2140. doi.10.2135/cropsci2015.06.0375
- Van Roekel, R. J., Purcell, L. C., e Salmerón, M. 2015. Physiological and management factors contributing to soybean potential yield. *Field Crops Research*, 182, 86–97.
- Whaley, R., and M. Eskandari. 2019. Genotypic main effect and genotype-by-environment interaction effect on seed protein concentration and yield in food-grade soybeans (*Glycine max* (L.) Merrill). *Euphytica* 215(2): 3.

MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela S1 Coordenadas geográficas de cada ambiente e número de genótipos avaliadas em cada ano.

Município	Ambiente	Altitude (m)	Latitude (S)	Longitude (W)	Nº de genótipos		
					2012	2013	2014
Bela Vista do Paraíso	1	590	22° 59' 48"	51° 11' 26"	30	30	27
Cafelândia	2	563	24° 37' 5"	53° 19' 18"	30	30	27
Dourados	3	430	22° 13' 16"	54° 48' 20"	30	30	27
Mamborê	4	762	24° 19' 10"	52° 31' 48"	30	30	27
Naviraí	5	364	23° 3' 55"	54° 11' 26'	30	30	27
Palotina	6	333	24° 17' 02"	53° 50' 24"	30	30	27
Ponta Porã	7	655	22° 32' 11"	55° 43' 36"	30	30	27
Rolândia	8	736	23° 18' 38"	51° 22' 10"	30	30	27
Sertanópolis	9	384	23° 3' 35"	51° 1' 60"	30	30	27
Toledo	10	560	24° 42' 49"	53° 44' 35"	30	30	27

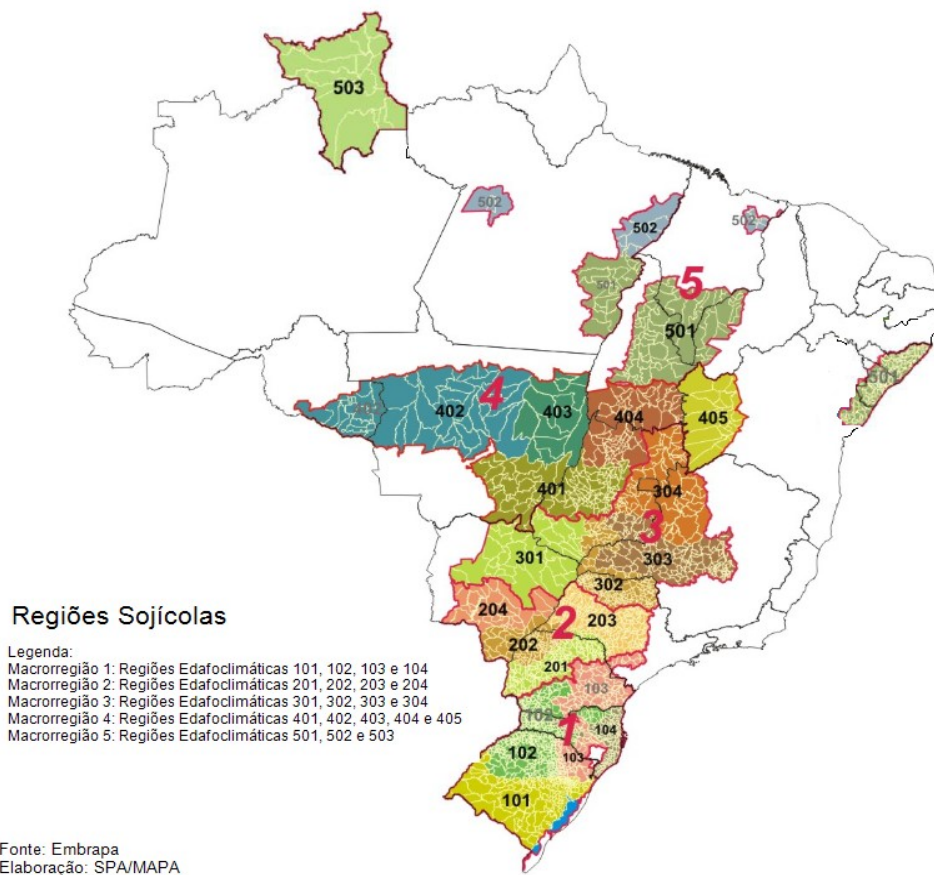


Figura S1. Macroregiões Sojícolas do Brasil. Fonte: Embrapa

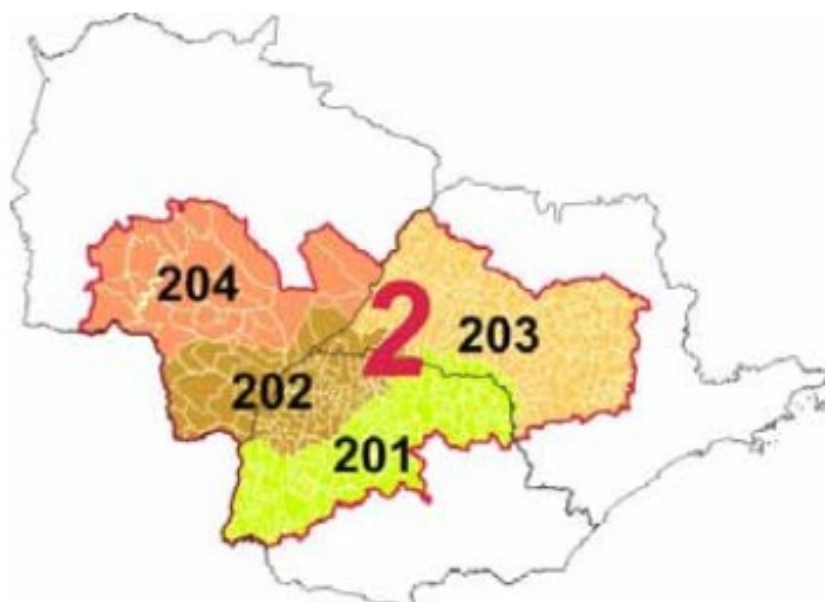


Figura S2. Macroregião 2 Sojícola. Fonte: Embrapa Soja

Tabela S2 Valores genotípicos (BLUP) por local e para todos os locais.

Genótipo	u+g+ge										u+g
	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 3	Ambiente 4	Ambiente 5	Ambiente 6	Ambiente 7	Ambiente 8	Ambiente 9	Ambiente 10	todos
13	1993.35	4420.90	1793.08	5648.60	2670.27	5651.12	3543.63	2829.47	1792.06	5703.66	3616.39
14	2087.02	4702.10	1774.24	5779.78	2813.95	6065.69	3499.78	2748.11	1789.88	5805.67	3707.37
18	2133.08	4614.81	1720.29	5742.50	2572.47	6107.59	3391.65	2877.53	1915.13	5801.73	3690.48
19	2179.86	5015.82	1854.58	5718.43	2852.62	6150.20	3388.42	2599.25	1736.87	5402.59	3692.43
20	2582.32	5094.52	2195.82	5951.32	3098.01	6362.25	3775.51	2882.15	2140.63	5823.02	3960.62
21	2419.49	5163.76	2190.05	5983.06	3158.92	6327.31	3653.05	3163.93	2393.23	5804.74	3992.01
25	2112.16	4527.21	1820.22	5888.27	2964.12	6128.34	3416.57	2610.73	1627.50	5584.94	3672.93
31	2097.45	4858.40	1726.33	5702.70	2911.90	6522.03	3389.36	2812.73	1837.83	6132.83	3789.90
32	2178.59	4989.54	1799.13	5825.51	2938.87	6357.29	3574.69	2610.48	1827.28	6130.62	3811.35
36	1856.57	4800.88	1760.49	5966.07	2758.53	6024.73	3698.57	2730.20	1776.92	5566.88	3696.10
37	2154.66	5182.32	1887.72	5947.45	2894.10	6041.65	3288.21	2849.10	1770.02	5657.79	3761.49
42	2230.08	5020.20	1900.63	6177.06	3202.90	6407.00	3630.34	2887.01	1666.24	5632.01	3857.86
43	1839.86	4546.63	1718.78	5770.17	2841.84	5906.05	3390.15	2771.84	1934.46	5537.68	3635.24
44	1776.00	4647.58	1532.18	5629.41	2542.73	5934.17	3008.60	2514.40	1385.30	5751.15	3498.25
47	2135.87	4642.60	1881.43	5928.65	2912.81	6560.45	3732.00	2913.65	1867.91	5729.50	3817.85
48	1908.19	5083.13	1617.67	5764.91	2769.91	6096.66	3476.58	2958.28	1468.60	6061.68	3719.80
49	2121.91	4887.02	1963.33	6160.57	3078.05	6354.79	3255.46	2970.54	1586.00	5990.59	3823.50
50	2623.20	4826.48	1922.85	5474.15	2808.37	6193.46	3423.36	2980.07	2051.02	5995.96	3817.32
58	1651.29	3737.11	1342.67	5356.55	2119.84	5113.20	2947.36	2395.73	1124.95	4894.86	3138.09
59	1564.94	3999.61	1342.62	5344.00	2111.46	4950.62	2855.63	2404.01	1229.08	5269.87	3172.73
62	2297.81	5087.92	2039.20	5886.38	3020.57	6501.51	3602.22	3000.57	1879.82	5753.91	3886.08
63	2114.25	5033.55	1955.66	5882.02	2507.79	6076.25	3351.98	3037.88	1961.60	5878.74	3772.79
64	1987.73	4572.15	1714.11	5762.35	2429.79	5764.87	3298.98	2780.69	1526.58	5750.73	3575.52
65	2142.19	5007.31	1741.89	5776.61	2756.60	6058.34	3588.29	2749.10	1845.06	5910.85	3752.86
68	2236.46	5114.09	1773.65	6166.76	3125.92	6365.15	3711.73	2855.88	1843.47	5709.23	3871.14
70	1963.42	4728.52	1650.63	5760.36	2807.04	6154.62	3167.49	2712.02	1387.07	5794.58	3623.49
71	2131.56	4963.34	1685.42	6032.69	2983.51	5831.01	3415.13	2809.32	1928.73	5741.85	3748.07
72	2168.84	5013.13	1835.22	5669.90	2883.27	6497.57	3385.73	2921.62	1742.52	5691.62	3773.66
74	2462.66	4948.55	2158.21	5863.70	2893.70	6612.19	3705.45	2661.17	2330.52	5585.37	3899.60
79	2025.84	4578.41	1746.39	5622.75	2961.14	5821.14	3209.39	2624.42	1832.89	5798.66	3631.99

Tabela S3 Ganho de seleção por local e para todos os locais pelo índice FAI-BLUP.

Ranque	Genótipo	GS%										Todos
		Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 3	Ambiente 4	Ambiente 5	Ambiente 6	Ambiente 7	Ambiente 8	Ambiente 9	Ambiente 10	
1	21	14.89	7.72	21.57	3.05	12.30	3.76	6.63	13.45	34.96	1.31	7.50
2	62	12.00	6.93	17.38	2.22	9.84	5.19	5.89	10.53	20.48	0.86	6.07
3	20	15.54	6.71	18.88	2.31	9.93	4.91	7.33	8.13	20.56	1.12	6.27
4	72	12.40	6.18	14.63	1.15	8.08	5.32	5.20	7.29	14.99	0.67	5.10
5	63	10.00	5.95	13.42	1.18	4.29	4.18	3.73	7.62	14.11	1.06	4.40
6	47	8.57	4.43	11.92	1.33	4.17	4.75	4.60	7.10	12.65	0.88	4.14
7	32	7.84	4.38	10.20	1.19	4.21	4.68	4.56	5.17	11.28	1.75	3.92
8	65	7.08	4.39	8.51	0.98	3.43	4.01	4.59	4.35	10.37	1.93	3.56
9	37	6.55	4.80	8.10	1.14	3.37	3.46	3.63	4.10	9.20	1.58	3.31
10	14	5.80	4.13	7.14	0.98	3.04	3.07	3.48	3.55	8.37	1.55	2.96
11	18	5.39	3.42	6.08	0.79	1.98	2.80	3.08	3.51	8.34	1.52	2.64
12	31	4.91	3.25	5.22	0.58	2.11	3.15	2.73	3.29	7.95	1.98	2.59
13	71	4.63	3.27	4.33	0.83	2.42	2.57	2.50	3.10	8.01	1.85	2.46
14	74	5.51	3.27	5.43	0.85	2.45	2.99	2.90	2.55	9.68	1.54	2.64
15	49	5.19	3.18	5.67	1.20	2.91	3.07	2.38	2.81	8.33	1.74	2.66
16	68	5.25	3.40	5.22	1.51	3.43	3.15	2.75	2.79	8.06	1.61	2.76
17	79	4.72	2.93	4.73	1.23	3.53	2.70	2.22	2.28	7.78	1.58	2.47
18	13	4.16	2.34	4.44	1.02	3.06	2.14	2.28	2.23	7.41	1.47	2.19
19	50	5.24	2.25	4.56	0.66	2.89	2.11	2.16	2.48	7.84	1.64	2.22
20	19	5.15	2.37	4.48	0.55	2.81	2.05	2.00	2.01	7.35	1.27	2.08
21	43	4.30	2.01	4.05	0.50	2.73	1.80	1.85	1.89	7.43	1.05	1.88
22	42	4.37	2.14	4.12	0.76	3.23	1.95	2.04	1.96	6.82	0.92	1.97
23	64	3.94	1.84	3.73	0.70	2.50	1.63	1.79	1.86	5.92	0.90	1.73
24	25	3.79	1.53	3.61	0.73	2.62	1.58	1.70	1.52	5.33	0.76	1.61
25	36	3.16	1.48	3.38	0.81	2.44	1.47	1.95	1.38	5.12	0.61	1.52
26	48	2.68	1.65	2.86	0.75	2.28	1.41	1.94	1.56	4.27	0.81	1.47
27	70	2.33	1.54	2.44	0.69	2.19	1.39	1.58	1.40	3.30	0.82	1.33
28	44	1.69	1.38	1.82	0.56	1.77	1.25	1.09	1.00	2.40	0.81	1.07
29	59	0.74	0.76	0.88	0.27	0.85	0.56	0.48	0.49	1.26	0.50	0.53
30	58	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

CONCLUSÕES GERAIS

- Seleção de genótipos baseada no método MHPRVG se mostrou adequada aos objetivos dos programas de melhoramento da soja.
- A estratificação ambiental não se mantém constante através dos anos.
- Os ambientes 1 e 9 são muito semelhantes se mantendo agrupados durante os três anos avaliados.
- Com a seleção pelo índice FAI-BLUP, foram obtidos ganhos em todos os ambientes avaliados.
- O índice FAI-BLUP mostrou-se útil na seleção dos genótipos de soja, e proporcionam ganhos consideráveis para a característica produtividade de grãos.

BIBLIOGRAFIAS

- AKHTER, M.; SNELLER, C. H. Yield and yield components of early maturing soybean genotypes in the mid-south. *Crop science*, 1996.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotypeenvironment interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, v. 4, n. 02, p. 503-507, 1964.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotypeenvironment interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, v. 4, n. 02, p. 503-507, 1964.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. *J. Genet. eBreed.* 46. p. 269-278. 1992.
- BORÉM, A. Melhoramento de plantas. 4 ed. Viçosa: UFV, 2017. 525p
- BRANDÃO, A. S. P.; REZENDE, G. C.; MARQUES, R. W. C. Crescimento agrícola no período 1999/2004, explosão da área plantada com soja e meio ambiente no Brasil. Rio de Janeiro: IPEA, Texto para Discussão nº 1062, 2005.
- CARNEIRO, P.C.S. Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento. 1998. 168p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

CONAB. Central de informações agropecuárias. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuario-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-mensal-de-soja/item/9997-soja-conjuntura-mensal-setembro-2018>

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. *AdvanceAgronomy*, v. 44 p. 55-85, 1990.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3 ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A de.; VENCOVSKY, R. Na alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. *Revista Brasileira de Genetica*, Ribeirão Preto, v. 12, p. 567-580, 1989.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2014. v.2, ed.3 668p.

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, v. 1, n. 05, p. 36-40, 1966.

FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, v.14, p.742-754, 1963.

FREEMAN, G. H. and Perkins, J. M. (1971), Environmental and genotype-environmental components of variability. VIII. Relations between genotypes grown in different environments and measures of these environments. *Heredity*, 27, 1523

GARBUGLIO, D.D.; GERAGE, A.C.; ARAÚJO, P.M. de; FONSECA JUNIOR, N. da S.; SHIOGA, P.S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. Brasília, v.42, n.2, p.183-191. 2007.

GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M.S.; GAUCH, H.G. (Ed.). *Genotype by environment interaction*. Boca Raton: CRC Press, 1996. v.4, p.85-122.

MANDEL, J. A new analysis of variance model for non-additive data. *Technometrics*, Washington, v. 13, n. 1, p. 1-18, Feb. 1971

MARIOTTI, J.A.; OYARZABAL, E.S.; OSA, J.M.; BULACIO, A.N.R.; ALMADA, G.H. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña-de-azúcar. I:

interacciones dentro de una localidad experimental. Revista Agronômica do Noroeste Argentino, v.13, p.105-127, 1976.

NUNES, R. P. Métodos para a Pesquisa Agronômica. Fortaleza: UFC/Centro de Ciências Agrárias, 1998. 564p.

OLIVEIRA, J.S. e; SOUZASOBRINHO, F. de; FERNANDES, S.B.V.; WÜNSCH, J.A.; LAJÚS, C.A.; DUFLOTH, J.H.; ZANATTA, J.C.; MOLETTA, J.L.; PEREIRA, A.V.; LEDO, F.J. da S.; BOTREL, M. de A.; AUAD, M.V. Estratificação de ambientes, adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho para silagem no Sul do Brasil. Ciência Rural, v.34, p.997-1003, 2004.

PERKINS, J. M. e JINKS, J. L. (1968), Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. Heredity, 23, 339-356.

PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. American PotatoJournal, New Jersey, v.36, n.11, p.381-385, 1959

RAIZER, A. J.; VENCOVSKY, R. Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o estado de São Paulo. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 34, n. 12, p. 2241-2246, 1999.

RESENDE, M.D.V. de. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975p.

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

RESENDE, M.D.V. de. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

ROCHA, M. M; VELLO, N. A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de genótipos de soja com diferentes ciclos de maturação. Bragantia, v. 58, n. 01, p. 69-81, 1999.

ROCHA, Rodrigo Barros et al. Avaliação do método centróide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de Eucalyptusgrandis. Ciência Florestal, v. 15, n. 3, p. 255-266, 2005.

SILVA, J.G.C.; BARRETO, J.N. An application of segmented linear regression to the study of genotype x environment interaction. Biometrics, v.41, p.1093, 1986.

TAI, G.C.C. Genotype stability analysis and its application to potato regional trials. Crop Science, Madison, v.11, p.184-190, 1971.

VENCOVSKY, R e BARRIGA, P. (1992). Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto-SP: Sociedade Brasileira de Genética, 486p.

VERMA, M.M.; CHAHAL, G.S.; MURTY, B.R. Limitationofconventionalregressionanalysis: a proposedmodification. Theoretical and Applied Genetics, Berlin, v.53, n.1, p.89-91, Jan. 1978.

WRICKE, G. Zurberechnung der okovalenzbeisommerweizen und hofer. Pflanzenzuchturg, Berlin, v. 52, p. 127.

