

FERNANDA CUPERTINO RODRIGUES

**ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL VIA GGE BILOT PARA OTIMIZAÇÃO DE
REDE DE ENSAIOS DE SOJA**

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2019**

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

T

R696e
2019
Rodrigues, Fernanda Cupertino, 1994-
Estratificação ambiental via GGE biplot para otimização de
rede de ensaios de soja / Fernanda Cupertino Rodrigues. –
Viçosa, MG, 2019.

105 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui apêndices.

Orientador: Felipe Lopes da Silva.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 42-50.

1. Soja - Melhoramento genético - Métodos estatísticos.
2. Interação genótipo-ambiente. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 633.342

FERNANDA CUPERTINO RODRIGUES

**ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL VIA GGE BILOT PARA OTIMIZAÇÃO DE
REDE DE ENSAIOS 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: Felipe Lopes da Silva

Coorientadores: Pedro Crescêncio Souza
Carneiro
Leonardo Lopes Bhering
Luiz Alexandre Peternelli

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2019**

FERNANDA CUPERTINO RODRIGUES

**ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL VIA GGE BIPLLOT PARA OTIMIZAÇÃO
DE REDE DE ENSAIOS 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: 26 de julho de 2019.



Fernanda Cupertino Rodrigues
Autora



Felipe Lopes da Silva
Orientador

A todos que de alguma forma contribuíram para meu aprendizado.
DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela graça da vida e por me guiar pelos caminhos que me trouxeram até aqui.

À minha família, pelo apoio compreensão e amor.

Aos meus queridos amigos, que sempre caminham comigo, seja por qual caminho for.

Ao professor Felipe Lopes da Silva, por todo o suporte.

Ao amigo Francisco Charles Santos Silva, por todo incentivo, apoio e descontração.

Aos estagiários, funcionário e demais amigos de pós-graduação pelas ideias compartilhadas, discussões técnicas científicas, apoio e amizade.

Ao Programa Soja, pela oportunidade de crescimento pessoal e profissional.

À Universidade Federal de Viçosa, bem como ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento e ao Departamento de Fitotecnia pelo acolhimento e pelas oportunidades a mim concedidas e por todo aprendizado ao longo desses anos.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

Às agências de fomento CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) e Fapemig (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais)

À empresa GDM Seeds, pela concessão dos dados utilizados.

Nothing is as ours as our dreams.
(Friedrich Nietzsche)

RESUMO

RODRIGUES, Fernanda Cupertino, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2019. **Estratificação ambiental via GGE Biplot para otimização de rede de ensaios de soja.** Orientador: Felipe Lopes da Silva. Coorientadores: Pedro Crescêncio Souza Carneiro, Leonardo Lopes Bhering e Luiz Alexandre Peternelli.

Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) são conduzidos por programas de melhoramento genético de soja com o intuito de selecionar e recomendar novas cultivares superiores para regiões específicas. Estes ensaios demandam muito trabalho e são financeiramente dispendiosos. Assim, encontrar ferramentas que, na prática, podem contribuir para a otimização deste processo através do aumento de sua eficiência e da minimização dos custos é muito importante. Diante disso, objetivou-se com este estudo, por meio da estratificação ambiental via GGE Biplot, otimizar redes de ensaios de soja distribuídos em municípios dos estados do Mato Grosso do Sul, Paraná, São Paulo e Santa Catarina. Para tanto, utilizou-se os dados de produção de 43 ensaios, distribuídos em 23 municípios dos estados de Mato Grosso do Sul, Paraná, São Paulo e Santa Catarina em quatro safras (2011/12; 2012/13; 2013/14 e 2015/16). Para a realização das análises utilizou-se o método de estratificação GGE Biplot, este é um método biplot que faz uso das análises de componentes principais, e identifica a existência de estratos ambientais por meio da avaliação da interação genótipo x ambiente (interação GA). Deste modo, os estratos serão formados de modo que a interação seja minimizada e que as cidades que participam do mesmo estrato tenham características ambientais homogêneas. Plotou-se para cada ensaio um gráfico GGE Biplot, os quais deram origem a uma matriz de coincidência que, por sua vez, deu origem a uma rede de similaridade ambiental para cada safra. Também foram construídas, através das matrizes, redes de similaridade envolvendo três safras e outra envolvendo todas as safras. Por meio das redes foi possível identificar a formação de alguns estratos. A rede conjunta de todas as safras revelou a existência de quatro estratos, sendo o primeiro composto pelos municípios de Toledo e Palotina; o segundo pelos municípios de Cafelândia, Palotina e Mamborê; o terceiro pelos municípios de Mamborê, Palotina e Maracaju e quarto composto pelos municípios de Maracaju, Naviraí e Dourados. As cidades de Bela Vista do Paraíso e Rolândia não foram alocadas em um estrato, sendo, portanto, consideradas cidades essenciais para os ensaios, uma vez que estas possuem características ambientais diferentes das demais. As cidades que compõem um mesmo estrato são consideradas redundantes, deste modo, algumas podem ser eliminadas ou substituídas, afim de que a região seja melhor representada. Concluiu-se que para esta região os nove municípios coincidentes entre as safras podem ser representados por quatro, sendo estes: Maracaju, Palotina, Rolândia

e Bela Vista do Paraíso. Deste modo, cinco municípios foram eliminados, e os recursos que eram a estes investidos podem ser remanejados para a introdução mais ambientes e /ou genótipos nestes ensaios.

Palavras-chave: interação GA. GGE Biplot. mega-ambientes.

ABSTRACT

RODRIGUES, Fernanda Cupertino, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2019. **Environment stratification via GGE Biplot to optimization of soybean trials.** Advisor: Felipe Lopes da Silva. Co-advisors: Pedro Crescêncio Souza Carneiro, Leonardo Lopes Bhering e Luiz Alexandre Peternelli.

Multi-environment trials are performed by soybean breeding programs to select and recommend new superior cultivars to specific regions. These trials require a lot of work and are costly. Thus, finding tools that contribute to the optimization of this process by increasing its efficiency and minimizing costs is very important. Therefore, the aim of this study was to optimize soybean trials distributed in cities in the states of Mato Grosso do Sul, Paraná, São Paulo and Santa Catarina, through the mega-environments identification via GGE Biplot. For this, the yield data from 43 trials, distributed in 23 cities of the states of Mato Grosso do Sul, Paraná, São Paulo and Santa Catarina in four agricultural years (2011/12; 2012/13; 2013/14; 2015/16) were used. In order to identify the mega-environments, the GPL Biplot method was used, this is a biplot method that makes use of principal component analysis, and identifies the existence of mega-environment through the evaluation of the genotype x environment interaction (GE interaction). In this way, the strata will be performed so the interaction is minimized and the cities that are in the same stratum have homogeneous environmental characteristics. A GGE Biplot was plotted for each trial, which gave rise to a coincidence matrix that, in turn, gave rise to a network of environmental similarity for each crop season. Similarity networks involving three agricultural years and one involving all agricultural years were also built through the matrices. Through the networks it was possible to identify mega-environments. All analyses were performed in Genes software and R platform. The joint network of all the years revealed the existence of four mega-environments, the first being composed of the municipalities of Toledo and Palotina; the second by the municipalities of Cafelândia, Palotina and Mamborê; the third by the municipalities of Mamborê, Palotina and Maracaju and fourth composed by the municipalities of the municipalities of Maracaju, Naviraí and Dourados. The cities of Bela Vista do Paraíso and Rolândia were not allocated in a mega-environment, and are therefore considered essential cities for the trials, since these have environmental characteristics different from the others. Cities that make up the same mega-environment are considered redundant, so some can be eliminated or replaced, then the region will be better represented. It was concluded that for this region the nine municipalities coinciding between all agricultural years can be represented by four municipalities, being these: Maracaju, Palotina, Rolândia and Bela Vista do Paraíso. In

this way, five municipalities were eliminated, and the resources that were invested in these could be re-directed to the introduction of more environments and/or genotypes in these trials.

Keywords: GE interaction. GGE Biplot. mega-environments.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	11
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	13
1.1.	Estratificação ambiental.....	13
2.4	Diferentes métodos de estratificação ambiental	16
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	20
2.1	Dados experimentais.....	20
3.2	Análise de Variância.....	23
3.3	Identificação de estratos ambientais	23
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
4.3	Análise global das safras.....	27
4.2	Análise das safras agrupadas em trio	29
4.1	Análises individuais das safras	35
4	CONCLUSÕES	41
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	42
	APÊNDICES	51

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é apontada como uma das culturas mais importante do mundo. A produção brasileira para a safra 2018/19 está estimada em 114,4 milhões de toneladas e a área plantada soma 35,8 milhões de hectares (CONAB 2019). Esta é a cultura que mais deverá crescer nas próximas décadas, tanto em área plantada quanto em produção.

O constante crescimento da produção e os avanços tecnológicos alcançados espelham o empenho das pesquisas que têm buscado a maximização dos mesmos. Grande parte deste crescimento e avanços ocorreram em decorrência do desenvolvimento de cultivares de soja mais produtivas e mais adaptadas às diferentes regiões do Brasil pelos programas de melhoramento.

Os programas de melhoramento objetivam, principalmente, o lançamento de novas cultivares mais produtivas. Entretanto, a produtividade é um caractere que envolve muitos genes em seu controle e é altamente influenciado pelo ambiente e pela interação genótipos x ambientes (interação GA). Esta interação pode causar divergências na seleção de genótipos e influenciar no ganho de seleção, o que dificulta o trabalho dos melhoristas, interferindo na seleção e recomendação de cultivares superiores.

Existem duas maneiras de se contornar os efeitos da interação GA: por meio da identificação de genótipos mais adaptados e/ou estáveis; e por meio da estratificação ambiental. A estratificação ambiental consiste em subdividir áreas heterogêneas em grupos de regiões que conferem o menor efeito da interação GA dentro de cada grupo. Na fase final de um programa de melhoramento ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) são plantados em várias locais formando uma rede de ensaios, o que envolve custos elevados. Deste modo, a estratificação ambiental, além de reduzir os efeitos da interação GA propicia a seleção de ambientes que melhor representam a região alvo de cultivo, assim, ambientes redundantes podem ser eliminados ou substituídos. Portanto, a estratificação aumenta a eficiência de seleção e recomendação de genótipos e pode reduzir os custos de instalação dos ensaios.

Para tanto, existem alguns métodos que possibilitam a formação destes estratos ambientais, como os propostos por Horner e Frey (1957), Wricke (1965), Abou-El-Fittouth et al. (1969), Singh et al. (1999), Lin (1982), Cruz e Castoldi (1991), Gauch e Zobel (1997) e Murakami e Cruz (2004).

Atualmente um dos métodos mais utilizados na estratificação ambiental é o método GGE Biplot proposto por Yan et al. (2000). O método considera o efeito principal de genótipo

e a interação GA. Este método destaca-se por permitir a estimação de dados faltantes em caso de dados desbalanceados e também porque o cosseno do ângulo entre dois ambientes corresponde à correlação genética entre eles, o que torna esta metodologia mais eficiente em relação a outras técnicas baseadas em biplot. O maior mérito da metodologia GGE Biplot é quando um grande número de genótipos é testado em diversas condições ambientais e quando o padrão da interação GA é de maior complexidade. Atualmente, as análises GGE podem ser realizadas em diversos *softwares*, como R (Frutos et al., 2013; R Core Team, 2018), GenStat (Payne et al., 2011), SAS (SAS Institute Inc., 2015), Genes (CRUZ, 2013) e GGEbiplot (Yan, 2001).

Para que em uma análise de estratificação ambiental conclusões possam ser tiradas e decisões possam ser tomadas de maneira assertiva, as análises devem ser realizadas por meio de dados obtidos de ensaios conduzidos por vários anos. Entretanto, ensaios multi-anos, como são chamados, possuem uma vasta quantidade de dados e geralmente estão desbalanceados em detrimento de modificações dos locais e/ou genótipos testados ao longo dos anos.

Para tentar solucionar este empasse algumas estratégias vem sendo propostas, dentre elas a análise individual das safras tem sido frequentemente utilizada (YAN et al., 2000; 2010; 2011^a; 2011^c; CASANOVES et al., 2005; NAVABI et al., 2006; MOHAMMADI et al., 2009; GUPTA et al., 2013; YAN, 2014; 2001). No entanto, apesar de ser uma alternativa, as análises individuais não são conclusivas, uma vez que, ao longo dos anos, os genótipos e os locais podem não seguir um padrão, o que torna impossível a tomada de decisão com base em dados de uma única safra.

Yan (1999), através da análise de ensaios de trigo de um único ano levantou a hipótese de que duas cidades ao leste de Ontário (Ottawa e Kemptville), no Canadá, possuíam características diferentes das demais cidades produtoras de trigo da região e que, portanto, estas poderiam constituir um estrato ambiental. Diante do levantamento desta hipótese, Yan (1999) realizou novas pesquisas e, desta vez, analisou dados provenientes de 11 anos de ensaios de trigo realizados nesta região, desta forma sua hipótese pôde ser comprovada e o estrato ambiental envolvendo as duas cidades foi identificado.

Assim sendo, embora conclusões com base na análise de um único ano não sejam válidas e decisivas para gerar afirmações, ainda assim estas podem conter sugestões valiosas para os melhoristas. Portanto, o método GGE Biplot também é uma ferramenta útil para a análise individual de safras.

Dado o exposto, a estratificação ambiental possibilita a otimização das redes de ensaios dos programas de melhoramento genético de soja, sendo extremamente útil para o aumento da eficiência de seleção, recomendação de cultivares e otimização dos custos operacionais do programa. Neste sentido, objetivou-se com este estudo, por meio da estratificação ambiental via GGE Biplot, otimizar a rede de ensaios de soja nos estados de Mato Grosso do Sul, Paraná, São Paulo e Santa Catarina.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

1.1. Estratificação ambiental

Um dos principais objetivos e desafios de um programa de melhoramento de soja é o incremento no rendimento de grãos, sendo este o principal caractere utilizado na avaliação e seleção de linhagens. Programas de melhoramento genético de todo o mundo tem conseguindo significativos aumentos da produtividade ao longo dos anos.

O ganho genético para rendimento de grãos pode variar entre 9,97 kg ha⁻¹ ano⁻¹ e 43 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (DE FELIPE et al., 2016; WANG et al., 2016). Estudos realizados em países como EUA (KOESTER et al., 2014), Canadá (MORRISON et al., 2000), Índia (RAMTEKE et al., 2011) e China (QIN et al., 2017), têm demonstrado um aumento significativo para este caractere. No Brasil, Todeschini (2018) demonstrou que há, em média, na região Sul do país, um ganho genético de 39,42 kg ha⁻¹ ano⁻¹ para genótipos lançados entre 1965 e 2011.

No Brasil, a soja é amplamente cultivada, é semeada do Rio Grande do Sul à Roraima, o que confere grande variação nas condições de cultivo da cultura. Em muitos casos a variação anual dos ambientes é a maior fonte de variação da produção, o que pode gerar a impressão de que as predições com relação ao rendimento produtivo da cultura serão mais eficientes quando se tem um número maior de anos de avaliações. No entanto, alguns autores (LIMA et al., 2008) concluem quem a eficiência de seleção de cultivares pode ser maior se a variação de locais for mais explorada em detrimento da variação de anos.

Os programas de melhoramento genético de plantas têm como objetivo o rápido lançamento de novas cultivares. Como consequência disso, Chaves (2001) observou que os genótipos têm permanecidos menos tempo nos ensaios de avaliação, enquanto que o número de locais de avaliação tem aumentado. Alguns estudos corroboram com esta afirmação (ALLIPRANDINI et al., 1994; ARANTES, 1979; YAN e RAJCAN, 2002). Euystes estudos

mostram que a redução do número de anos e o aumento do número de ambientes pode agilizar o processo de lançamento de novas cultivares.

Neste sentido, os ensaios finais dos programas de melhoramento, denominados de Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), estão sendo implantados em vários locais. Busca-se com os VCUs obter a melhor representatividade da região à qual se destinam os genótipos a serem selecionados e recomendados (BRANQUINHO et al., 2014) e, também, gerar informações que mostram a ocorrência de similaridade ou dissimilaridade entre os locais de plantio.

A avaliação de linhagens em ensaios de VCU exige muita mão de obra, profissionais qualificados, vários locais de plantio, além de ser oneroso e financeiramente dispendioso. Segundo Kang (1998), experimentos em vários ambientes produzem as melhores estimativas dos componentes de variância, tornando possível identificar cultivares com desempenho consistente de ano para ano, variabilidade temporal, e de local para local, variabilidade espacial.

No entanto, para evitar redundância ambiental nos estudos, é de fundamental importância identificar se, dentre estes locais, existem ambientes que seguem padrões similares de resposta dos genótipos. Assim, ambientes similares são agrupados formando o que se denomina de mega-ambientes ou estratos ambientais. Com a estratificação os ambientes poderão ser classificados em ambientes geradores de informações redundantes ou complementares (PEREIRA et al., 2010), o que permite que os locais de avaliação sejam mais representativos e que a interação GA dentro dos grupos seja minimizada (OLIVEIRA, 2004). Vale ressaltar que Cruz et al. (2004) apontam a estratificação ambiental com uma das duas possibilidades para otimizar o rendimento de genótipos na presença da interação GA.

Cordeiro e Silva (1980) agrupam os métodos de estratificação em três linhas gerais. A primeira se fundamenta principalmente nas características de ambiente e procura ajustar as necessidades da cultura às disponibilidades do ambiente. Outra linha parte das reações dos genótipos, quando expostos a diferentes ambientes, considerando o efeito das características do ambiente sobre os genótipos, sem requerer um conhecimento específico dessas características. A última linha considera relevante as características do ambiente e as reações dos genótipos às essas características. Essa última linha, entretanto, tem sido pouco utilizada pela falta de registro de dados ambientais em experimentos.

Um dos primeiros trabalhos descritos na literatura visando a estratificação ambiental para o teste de recomendação de cultivares foi realizado por Horner e Frey (1957) com aveia. Neste trabalho, foram avaliadas a produção de 18 cultivares em nove locais durante cinco anos.

Foi verificado que a subdivisão do estado de Iowa (EUA) em quatro sub-regiões, reduziu em 30% a interação GA, aumentando o ganho com seleção dentro de cada região. No Canadá, May e Kozub (1995) ao estudar a possibilidade de agrupar locais de avaliação de cevada, observaram que oito dos 20 locais estudados poderiam ser eliminados da rede de experimentos sem perda de informação sobre o potencial das cultivares. No Brasil, Oacheo (2003), estudando zoneamento e a adaptação produtiva em cultivares de soja no estado do Mato Grosso, observou que os locais apresentavam divergências quanto à interação GA, permitindo identificar quatro zonas agronômicas, sendo que uma destas mostrou menor contribuição para a interação GA revelando-se apropriada para a utilização em fases preliminares do programa de seleção. Em Goiás, Felipe et al. (2010) demonstraram que o número de pontos para a instalação e condução da rede de ensaios de avaliação de variedades de milho pode ser reduzido em 16,7%. Num estudo de estratificação para a região do Cerrado, Branquinho et al. (2014) concluíram que é possível uma redução do tamanho da rede de ensaios de soja de cerca de 20%, pela eliminação ou substituição de alguns locais.

Por outro lado, avaliando o desempenho de cultivares de milho em 11 locais do estado do Paraná, Garbuglio (2007) concluiu que apenas dois locais não interagiam, indicando, portanto, que a experimentação em praticamente todos os locais era importante. Silva et al. (2004) em estudos com clones de cana de açúcar no estado de Alagoas, concluíram que os nove ambientes estudados possuíam boa representatividade, não sendo necessário substituir ou reduzir os ambientes.

Assim sendo, nos programas de melhoramento, em termos experimentais, em que se dispõe de uma rede de ambientes para avaliação das cultivares, a estratificação ambiental é uma ferramenta importante. Através da estratificação é possível tomar decisões com relação à eliminação ou substituição de locais de plantio ambientalmente redundantes por outros com propriedades ainda não amostradas no conjunto de ambientes. Deste modo, será promovida uma melhor alocação de recursos do programa de melhoramento, sem que ocorra perda da eficiência ou precisão do processo seletivo, permitindo também avaliar um maior número de cultivares por experimento (HUHN e TRUBERG, 2002; VENCOVSKI et al., 1990; CRUZ; REGAZZI, 2007; OLIVEIRA et al., 2004). Além disso, a divisão dos locais em estratos ambientais de avaliação também implica em herdabilidades mais elevadas (GAUCH, 2013).

Neste sentido, a estratificação ambiental desempenha um importante papel como medida atenuadora dos efeitos negativos da interação GA, constituindo-se numa ferramenta muito importante para capitalizar os efeitos positivos dessa interação, e, com isso, melhorar a

eficiência de seleção de linhagens promissoras e aperfeiçoar as estratégias dos programas de melhoramento genético de plantas.

2.4 Diferentes métodos de estratificação ambiental

Existem alguns métodos que possibilitam a formação de estratos ambientais, dentre eles: método de Horner e Frey (1957), método de Wricke (1965), método de About-El-Fittouth et al. (1969), método de Singh et al. (1999), método de Lin (1982), método de Cruz e Castoldi (1991), método de Gauch e Zobel (1997), método de Murakami e Cruz (2004) e o método GGE Biplot.

O Método de Horner e Frey (1957) é tido como o mais antigo. Nele, avalia-se a similaridade dos ambientes através da significância do quadrado médio da interação GA. Para tanto, são feitas análises conjuntas de variância envolvendo todos os possíveis pares de locais; e, o par de localidades cuja magnitude da interação GA for não significativa pode ser agrupado no mesmo estrato ambiental (HORNER e FREY, 1957; BRANQUINHO et al., 2011; MARANHA et al., 2005).

O método proposto por Wricke (1965) inicialmente foi utilizado para medir a contribuição de cada genótipo na interação GA. No entanto, como demonstrado por Pereira et al. (2010), este método também pode ser utilizado para avaliar a contribuição de cada ambiente para a interação GA. Para tanto, decompõe-se a soma de quadrados da interação em frações relacionadas a esses ambientes e, desta forma, os locais com menor estimativa de ecovalência serão considerados pouco informativos (SILVA, 2016; BORNHOFEN et al., 2017).

O método de Abou-El-Fittouth et al. (1969) utiliza análise de agrupamento para a classificação de locais. Adota-se como critério a redução da interação GA e, inicialmente, consideram uma matriz dos efeitos desta interação. A partir dessa matriz obtém-se duas matrizes de similaridade entre todos os pares de locais, um coeficiente de distância e um coeficiente de correlação. Os locais que demonstrarem interações mais similares são alocados num mesmo grupo. About-El-Fittouth et al. (1969), concluíram através deste método que a medida mais adequada é o coeficiente de distância (MARANHA, 2005; PIANA, 2009; BRANQUINHO, 2011; SILVA, 2016).

Singh et al. (1999) propuseram uma alternativa para o método de Abou-El-Fittouth et al. (1969) baseada em análise de regressão. Deste modo, os locais são divididos em dois grupos, e o escore ambiental, no qual as interações cruzadas alcançam máxima frequência, é o ponto onde os locais são divididos (BRANQUINHO, 2011).

No método de Lin (1982), agrupa-se os pares de locais com interação GA não significativa, estimam-se as somas de quadrados entre genótipos e grupos de três ambientes, formados pelo par de locais agrupado no primeiro momento, mais cada um dos locais remanescentes; o conjunto de três locais com interação GA não significativa é, então, agrupado. A não significância é dada pelo teste F, que avalia a possibilidade de inclusão de um ambiente em um determinado grupo (LIN, 1982; RIBEIRO, 2011).

Quando a interação GA é significativa entre pares de ambientes, o método de Cruz e Castoldi (1991) pode ser utilizado. Esta metodologia identifica o percentual relativo à parte simples da interação GA. Com isto é possível a união de ambientes cuja interação, mesmo com magnitude significativa, seja de natureza predominantemente simples, isto é, sem mudanças no ordenamento dos genótipos.

Gauch e Zobel (1997) sugeriram que o agrupamento de ambientes fosse feito observando-se os genótipos de maior produtividade em cada ambiente, denominados de genótipos vencedores. Os estratos serão formados pelos ambientes que, em comum, apresentam os mesmos genótipos vencedores.

A metodologia de Murakami e Cruz (2004) reduz um grande número de variáveis originais em um menor número de variáveis abstratas que são chamadas de fatores, isto é feito utilizando-se o princípio da similaridade. Cada fator irá agrupar um conjunto de ambientes altamente correlacionados entre si e fracamente correlacionados com os ambientes agrupados nos demais fatores (MURAKAMI e CRUZ, 2004; GARBUGLIO et al., 2007).

O método GGE Biplot foi proposto por Yan (2000), este agrupa o efeito adicional do genótipo com o efeito multiplicativo da interação GA submetendo-os a análise de componentes principais. Este método fornece informações gráficas sobre a interação GA, possibilitando a identificação de diferentes estratos ambientais.

2.4.1. Método GGE Biplot

Para que a estratificação ambiental seja feita de maneira eficiente métodos estatísticos precisos e confiáveis devem ser utilizados para a análise dos ensaios multi-ambientes. Para a análise de variáveis, os métodos estatísticos são divididos em dois grupos: um analisa as variáveis de maneira isolada, estatística univariada, e o outro de forma conjunta, a estatística multivariada (VICINI, 2005).

A análise multivariada corresponde a métodos e técnicas que fazem uso de todas as variáveis na interpretação teórica do conjunto de dados (NETO, 2004). Esta é uma análise exploratória de dados, os métodos e/ou técnicas a serem utilizados devem ser escolhidos de acordo com os objetivos da pesquisa. Vicini (2005) comenta que quando o interesse é verificar o quanto os elementos em estudos se relacionam, ou seja, o quanto são semelhantes entre si, de acordo com as variáveis estudadas, destacam-se dois métodos: a análise de agrupamento hierárquico e a análise fatorial com análise de componentes principais.

A ideia central da análise de componentes principais (ACP) baseia-se na redução do conjunto de dados a ser analisado (VICINI, 2005), com a menor perda possível de informação (HONGYU, 2015). A técnica foi inicialmente descrita por Pearson (1901) e uma descrição de métodos computacionais práticos veio mais tarde com Hotellong (1993, 1936) que usou a ACP com o propósito de analisar as estruturas de correlação (HONGYU et al., 2015). A ACP é considerada um método fatorial, pois a redução do número de variáveis não se faz por uma simples seleção de algumas variáveis, mas pela construção de novas variáveis sintéticas, obtidas pela combinação linear das variáveis iniciais, por meio dos fatores (BOUROCHE, 1982).

Além de possibilitar a análise de um grande número de dados, a ACP possibilita a identificação de medidas responsáveis pelas maiores variações entre os resultados, sem perdas significativas de informação (VICINI, 2015) e também possibilita o agrupamento de indivíduos, no qual é feito de acordo com a variação dos dados, ou seja, de acordo com a variância (HONGYU et al., 2015) agrupa-se os indivíduos similares mediante exames visuais, em dispersões gráficas no espaço bi ou tridimensional (VICINI, 2015).

A ACP transforma linearmente um conjunto original de variáveis, inicialmente correlacionadas entre si, num conjunto substancialmente menor de variáveis não correlacionadas que contém a maior parte da informação do conjunto original, as novas variáveis geradas denominam-se componentes principais (CP) e são colocadas em ordem decrescente por suas variâncias: $VAR CP_1 > VAR CP_2 > \dots > VAR CP_n$ (VERDINELLI, 1980; JOHNSON e WICHERN, 1998; HONGYU et al., 2015).

O número máximo de CPs para um conjunto de dados de dupla entrada (m colunas e n linhas) é calculado por $k = \min(m, n)$. Se não existirem correlações lineares entre linhas e colunas, a proporção da variação total explicada por PC será $1/k$ (YAN e TINKER, 2006). Por outro lado, quando existirem correlações lineares, o número total de CPs da variação explicada pode ser maior ou menor que $1/k$ (YAN e TINKER, 2006; ZDZIARSKI, 2018).

Após o cálculo do número máximo de CPs para um conjunto de dados de dupla entrada $m \times n$, é possível calcular a capacidade máxima de explicação de cada CP. Quando mais de dois CPs forem necessários para explicar os dados, um biplot 3D pode ser utilizado para exibir uma soma de quadrados maior (LUO et al., 2015).

O uso da análise biplot é uma maneira de representar graficamente os resultados da ACP e foi desenvolvida por Gabriel (1971) e demonstra dois fatores simultaneamente. As primeiras aplicações da análise biplot na agricultura foram demonstradas em trabalhos realizados por Bradu e Grabriel (1978), Kempton (1984), Gauch (1992) e Cooper e DeLacy (1994). Silva e Benin (2012) ressaltam que a análise biplot tem sido cada vez mais utilizada na análise de dados agronômicos com interações de natureza complexa. Estas análises são realizadas através da multiplicação de matrizes (GABRIEL, 1971; YAN e TINKER, 2006; FRUTOS et al., 2015).

Atualmente o modelo GGE (*Genotype Main Effect Plus Genotype \times Environment Interaction*), desenvolvido por Yan et al. (2001), tem sido amplamente empregado nas análises biplot (SOLONECHNYI et al., 2015; DOGAN et al., 2016; HOCAOĞLU et al., 2017; TODD et al., 2017; BOŢOVIĆ et al., 2018). O termo GGE Biplot enfatiza o entendimento de que o genótipo e a interação GA são as duas variantes mais relevantes para a formação de estratos ambientais, pois ele leva em consideração o efeito principal de genótipo somado à interação GA.

Por meio dos gráficos GGE Biplot é possível extrair as seguintes informações: (i) classificação dos genótipos com base no seu desempenho em qualquer ambiente; (ii) classificação dos ambientes com base no desempenho relativo dos genótipos; (iii) comparar o desempenho de qualquer par de genótipos em ambientes diferentes, (iv) identificar o melhor genótipo em cada ambiente; (v) agrupamento dos ambientes baseados nos melhores genótipos; (vi) avaliação de genótipos com base no seu rendimento médio e no seu padrão de adaptabilidade e estabilidade; (vii) avaliar os ambientes quanto a sua representatividade e sua capacidade de discriminação de genótipos superiores (YAN et al., 2000; LEITE, 2011; MATTOS, 2013; KUANG, 2015; SANTOS, 2017).

A metodologia GGE Biplot tem sido utilizada para a realização de estratificação ambiental para várias culturas, tais como: soja (YAN e RAJCAN, 2002; ZDZIARSKI et al., 2019), arroz (KRISHNANMURTHY et al., 2017), trigo (MUNARO et al., 2014; GERRISH et al., 2019), trigo duro (ABATE et al., 2015), aveia (YAN et al., 2010), milho (CHOUDHARY et al., 2019), cana de açúcar (LUO et al., 2019) e cevada (MENG et al., 2016).

Na metodologia GGE, o cosseno do ângulo formado entre dois ambientes corresponde à correlação genética entre eles. Outros tipos de biplot não apresentam essa propriedade (YAN et al., 2007), o que torna essa metodologia mais eficiente em relação às outras técnicas baseadas em biplot (YAN, 2011; SILVA e BENIM; 2012). Além disso, o modelo GGE explora com mais eficácia a interação GA, possibilitando maior acurácia à identificação de estratos ambientais. O maior mérito da metodologia GGE biplot é quando um grande número de genótipos é testado em diversas condições ambientais e quando o padrão da interação GA é de maior complexidade (SILVA e BENIN, 2012).

As análises GGE podem ser realizadas em diversos *softwares*, como R (FRUTOS et al., 2013; R Core Team, 2018), GenStat (PAYNE et al., 2011), SAS (SAS Institute Inc., 2015), Genes (CRUZ, 2013) e GGE biplot (YAN, 2001).

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Dados experimentais

Foram utilizados dados de produção de grãos de linhagens e cultivares de soja provenientes da rede de ensaios de VCU. Os dados foram gentilmente cedidos pela empresa GDM (GDM Genética do Brasil S.A.).

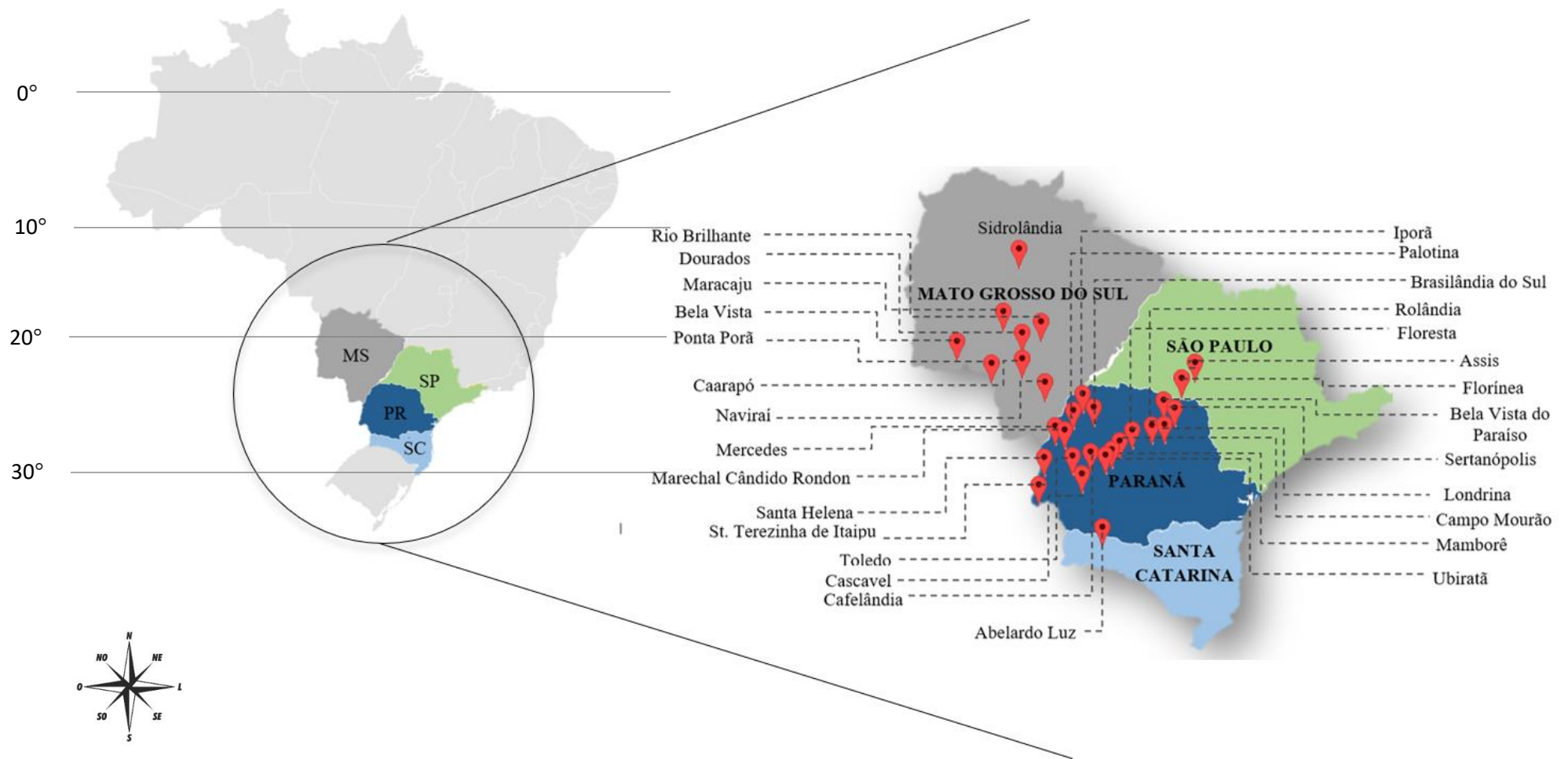
Foram conduzidos, no total, 43 ensaios durante as safras 2011/12, 2012/113, 2013/14, e 2015/16, sendo que cada ensaio VCU possuía em média 17 ambientes (Apêndice 88). Os VCUs foram implantados sob delineamento experimental de blocos com tratamentos casualizados e com três repetições. O manejo seguiu as recomendações técnicas para a cultura da soja em cada local de plantio.

Os ambientes foram compostos por 23 municípios nos estados de Mato Grosso do Sul, Paraná, São Paulo, Santa Catarina (Tabela 1; Figura 1). Vale ressaltar que nem todos os ambientes estavam contidos em cada VCU e que para cada VCU um conjunto de aproximadamente 30 genótipos foram avaliados e a maioria destes genótipos não eram coincidentes entre os VCUs avaliados.

Tabela 1 – Locais de plantio e suas respectivas coordenadas geográficas.

Estado	Municípios	Altitude	Latitude	Longitude
Mato Grosso do Sul	Dourados	430	22° 13' 18" S	54° 48' 23" O
	Maracaju	384	21° 36' 52" S	55° 10' 06" O
	Naviraí	362	23° 3' 55" S	54° 11' 26" O
	Ponta Porã	755	22° 32' 11" S	55° 43' 36" O
	Sidrolândia	483	20° 55' 54" S	54° 58' 10" O
Paraná	Bela Vista Do Paraíso	611	22° 59' 41" S	51° 11' 9" O
	Cafelândia	563	24° 37' 5" S	53° 19' 18" O
	Campo Mourão	596	24° 2' 46" S	52° 23' 2" O
	Cascavel	782	24° 57' 20" S	53° 27' 19" O
	Floresta	392	23° 35' 56" S	52° 04' 51" O
	Francisco Alves	323	24° 3' 50" S	53° 50' 21" O
	Iporá	584	16° 26' 29" S	51° 7' 11" O
	Londrina	550	23° 17' 34" S	23° 55' 46" O
	Mamborê	763	24° 16' 30" S	52° 30' 41" O
	Marechal Cândido Rondon	420	24° 33' 24" S	54° 3' 24" O
	Palotina	341	24° 16' 54" S	53° 50' 25" O
	Rolândia	736	23° 18' 38" S	51° 22' 10" O
	Santa Terezinha De Itaipu	284	25° 26' 56" S	54° 24' 26" O
	Toledo	550	24° 43' 12" S	53° 44' 36" O
Ubiratã	507	24° 33' 18" S	52° 58' 40" O	
Santa Catarina	Abelardo	771	26° 34' 2" S	52° 20' 2" O
São Paulo	Assis	546	22° 39' 42" S	50° 24' 44" O
	Florínea	360	22° 54' 12" S	50° 44' 16" O

Figura 1 – Representação do mapa do Brasil com os locais de cultivo dos ensaios de soja da empresa GDM



Fonte: a autora.

3.2 Análise de Variância

Devido à baixa concordância de genótipos similares avaliados entre os ensaios de VCU na mesma safra e entre safras, adotou-se a estratégia de análise de cada ensaio de VCU separadamente. Assim, foram realizadas análises de variância conjunta para cada VCU de acordo com o modelo estatístico descrito na equação:

$$Y_{ijk} = \mu + B/A_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} + e_{ijk}$$

Onde:

Y_{ijk} = observação do i-ésimo genótipo avaliado no k-ésimo bloco do j-ésimo ambiente;

μ = média geral dos experimentos;

B/A_{jk} = efeito do bloco k dentro do j-ésimo ambiente;

G_i = efeito do i-ésimo genótipo considerado como fixo;

A_j = efeito do j-ésimo ambiente considerado como aleatório;

GA_{ij} = efeito aleatório da interação entre o genótipo i e o ambiente j; e

e_{ijk} = erro aleatório associado a observação Y_{ijk} .

As análises de variância foram realizadas utilizando o programa estatístico Genes (Cruz, 2013).

3.3 Identificação de estratos ambientais

As análises realizadas para a identificação dos estratos ambientais de cada safra foram divididas em três passos. No primeiro passo foram plotados individualmente para cada ensaio VCU, em cada safra, gráficos GGE Biplot (Figura 2). Estas análises GGE Biplot foram realizadas considerando o seguinte modelo (YAN, 2001):

$$Y_{ij} - \bar{Y}_j = \xi_{i1}^* \eta_{j1}^* + \xi_{i2}^* \eta_{j2}^* + \epsilon_{ij}$$

Onde:

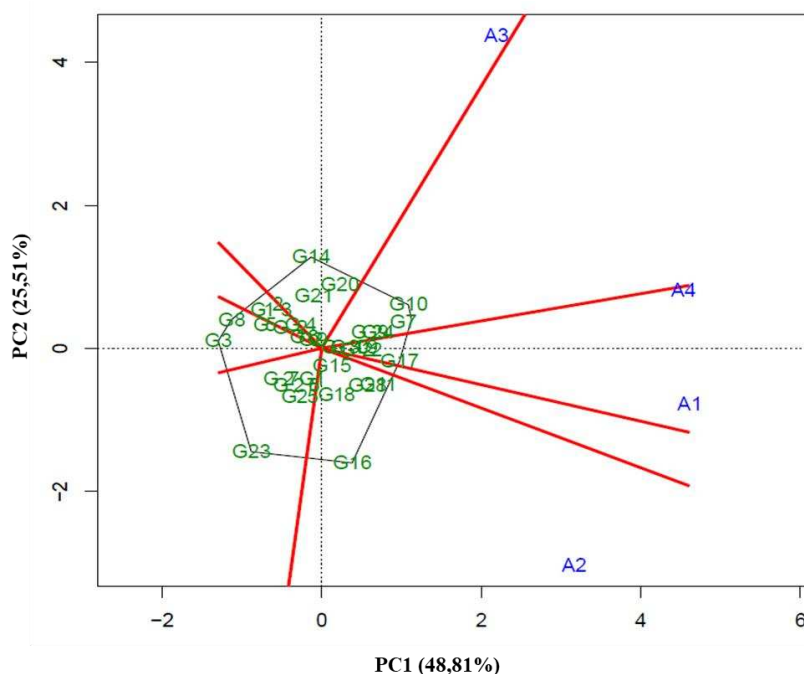
Y_{ij} = produtividade média do genótipo i no local j;

\bar{Y}_j = produtividade média de todos os genótipos no local j;

ξ_{i1} e ξ_{i2} = valores singulares do CP1 e CP2, respectivamente, para o genótipo i;

η_{j1} = valores singulares do CP1 e CP2, respectivamente, para o ambiente j ;
 ε_{ij} = erro associado ao modelo bidimensional, ou seja, a porcentagem dos efeitos
 $G + G \times E$ não explicada pelos dois primeiros CPs;
 $\xi_{in}^* = \lambda_n^{1/2} \xi_{in}$; e
 $\eta_{jn}^* = \lambda_n^{1/2} \eta_{jn}$.

Figura 2 – Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 1 da safra 2011/2012.



O gráfico GGE Biplot é construído com base no eixo dos dois primeiros componentes principais, no qual apresentam as informações de percentual da variação explicada por cada componente principal. A porcentagem mínima de explicação indicada para a análise GGE Biplot é de 70% (YAN, 2000).

A identificação dos estratos ambientais é feita por meio do polígono que é formado ligando os genótipos mais afastados do centro de origem do gráfico, sendo estes os genótipos que apresentam maior interação com os ambientes e, por consequência disso, são os mais discrepantes.

Posteriormente linhas originadas do ponto de origem do gráfico são traçadas de forma que passam perpendicularmente a cada aresta do polígono. O número de linhas traçadas são iguais ao número de arestas do polígono. As linhas traçadas formarão os chamados setores e, os ambientes agrupados nestes setores formam os estratos ambientais ou mega-ambiente. Estes estratos ambientais influenciam de forma semelhante o desempenho dos genótipos que estão no mesmo grupo. O cosseno do ângulo entre os vetores de dois ambientes corresponde à correlação genética entre eles. A presença de ângulos obtusos é um indicativo de uma forte interação GxA complexa (YAN, 2006).

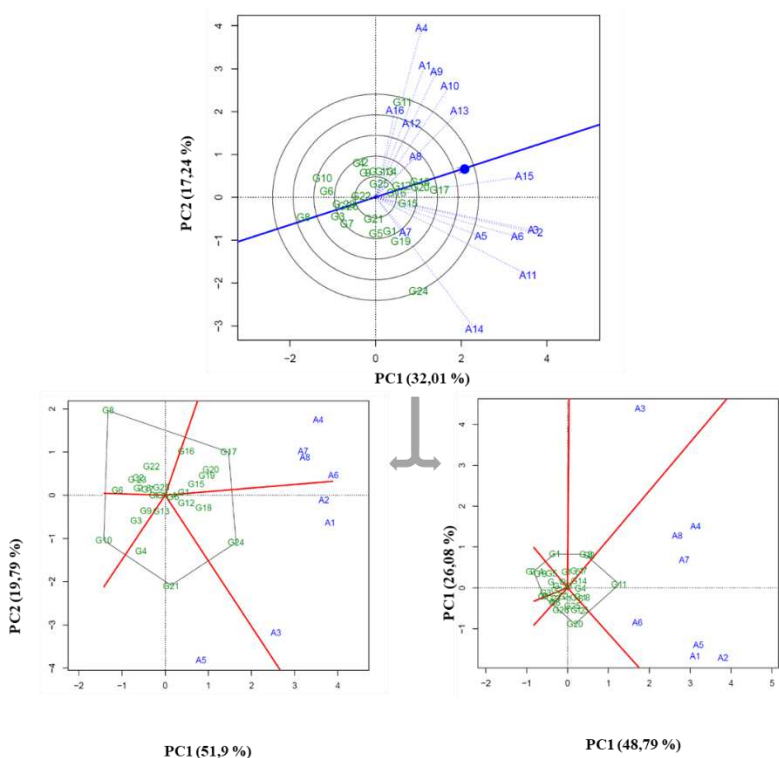
Quando em um ensaio de VCU a soma dos dois CPs representou menos de 70% da variação total, adotou -se a estratégia de gerar, através do primeiro biplot, outros biplots, subdividindo os primeiros estratos encontrados. Deste modo, os ambientes contidos neste ensaio foram particionados em dois grupos de acordo com o eixo do ambiente médio (EAM), posteriormente, para cada um destes grupos, plotou-se novos gráficos GGE, o processo foi repetido até se obter, no mínimo, 70% de explicação da variação total dos dados em todos os biplots (Figura 3).

Para a realização do passo dois da estratégia de agrupamento de ambientes, após a plotagem dos gráficos e a formação dos estratos ambientais, obteve-se uma matriz de coincidência de agrupamento, indicando o número de vezes que cada par de ambiente foi agrupado em um mesmo estrato ambiental, congregando assim, as informações contidas em todos os biplots para uma mesma safra de cultivo. Para melhor visualização a matriz de coincidência foi representada meio de uma rede de similaridade ambiental. A rede de similaridade foi realizada por meio do *software* Genes (Cruz, 2013).

As redes de similaridade possibilitam a visualização das informações geradas pelas matrizes de coincidência. Quanto mais próximo um local estiver de outro, mais serão similares, do mesmo modo, quanto mais espessa for a linha que interliga dois locais, mais homogêneos

estes serão. Estas redes estão associadas a pontos de corte, em que foi adotado a metade do número de vezes máximo que os locais poderiam se associar.

Figura 3 - GGE Biplot com os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2), correspondente à representação de genótipos e ambientes, para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 22 da safra 2011/12 subdividido com base na média dos dados.



Primeiramente as análises foram realizadas envolvendo todas as safras coincidentes entre todas as safras estudadas, deste modo foi possível construir uma matriz de coincidência global, a qual envolveu as quatro safras e as cidades coincidentes entre estas. Esta matriz global foi representada por meio de uma rede de similaridade ambiental global. Assim, ambientes considerados homogêneos em todas as safras puderam ser identificados e estratos ambientais globais foram formados para a rede de e ensaios utilizadas.

Além da análise global, também foram realizadas análises individuais das safras e análises das safras agrupadas em trio. Também foram geradas matrizes de coincidência e redes de similaridade para representa-las. Estas análises foram feitas com o intuito de se estudar as cidades que não aparecem em todas as safras e, assim, não puderam ser estudadas na análise global. Além disso, estudadas as safras separadamente ou em trio nos permite perceber padrões e/ou identificar características que não puderam ser observadas na análise global.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variância indicaram que os efeitos dos genótipos e da interação GA foram significativos ($p \leq 0,01$) para todos os 43 ensaios (Apêndices 1 a 4), o que sugere a existência de diferentes estratos ambientais dentro da região de estudo, possibilitando a aplicação de técnicas de estratificação ambiental, como o GGE Biplot, para identificação de ambientes homogêneos.

O uso dos dois primeiros componentes principais não explicou em conjunto ao menos 70% da variação total para 21 dos ensaios avaliados. Assim, para estes ensaios, os ambientes foram particionados em dois grupos de acordo com o eixo do ambiente médio (EAM), conforme recomendado por Zdziarski (2018), e, posteriormente, para cada um dos grupos, efetuou-se uma nova análise de GGE Biplot.

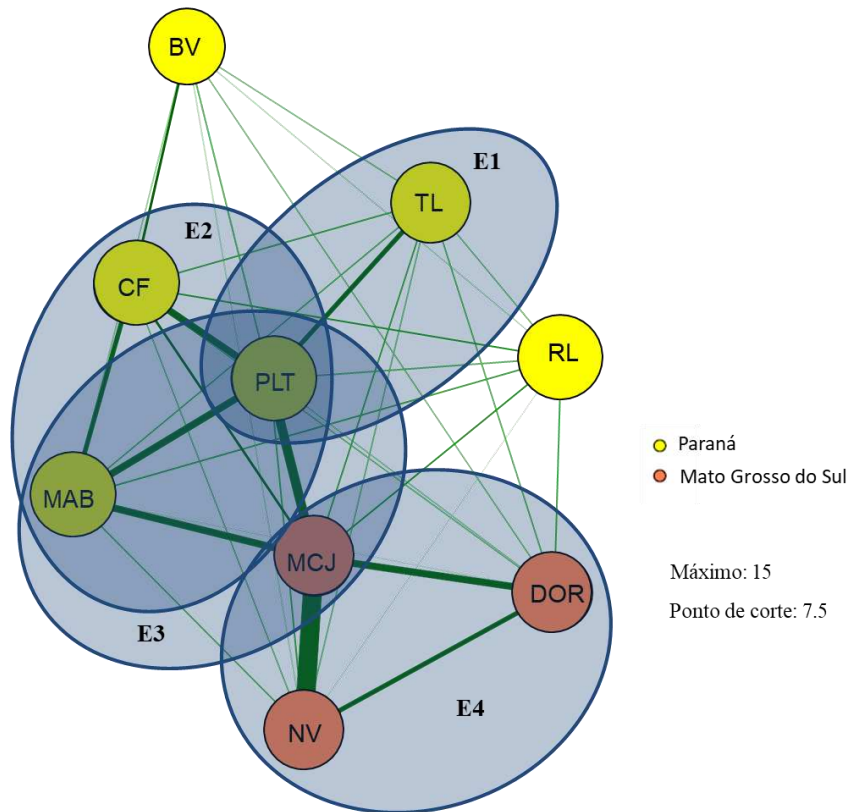
Ao final das análises GGE biplot foram obtidos 59 gráficos de estratificação (Apêndices 5 a 87), sendo 24 para a safra 2011/12; 15 para a safra 2012/13; 6 para 2013/14 e 14 para 2015/16. Por meio destes gráficos as matrizes de coincidência foram obtidas, para cada uma das safras, sendo as mesmas representadas por meio de redes de similaridade ambiental.

4.3 Análise global das safras

Para a realização da análise global foram utilizados nove municípios coincidentes entre as quatro safras, sendo estes: Bela Vista do Paraíso (BV), Toledo (TL), Rolândia (RL), Cafelândia (CF), Palotina (PLT) e Mamborê (MAB), pertencentes ao estado do Paraná e Maracaju (MCJ) Naviraí (NV) e Dourados (DOR), pertencentes ao estado do Mato Grosso Do Sul. A rede de similaridade para esta análise está apresentada na Figura 4.

Baseado nas análises GGE Biplot e na rede de similaridade o padrão de agrupamento dos municípios ao longo dos quatro anos revelou a existência de quatro estratos ambientais. O estrato ambiental um (EA1) foi formado pelos municípios de Toledo (TL) e Palotina (PLT). O estrato ambiental dois (EA2) foi formado pelos municípios de Cafelândia (CF), Palotina (PLT) e Mamborê (MAB). O estrato ambiental três (EA3) foi formado pelos municípios de Mamborê (MAB), Palotina (PLT) e Maracaju (MCJ). Já o estrato ambiental quatro (EA4) foi formado pelos municípios de Maracaju (MCJ), Naviraí (NV) e Dourados (DOR). Municípios pertencentes a um mesmo estrato promovem efeito semelhantes sobre os genótipos testados, reduzindo o efeito da interação GA. Neste sentido, eles podem ser considerados ambientalmente redundantes para representar o estrato ambiental formado

Figura 4 – Rede de similaridade ambiental global para as safras 2011/12, 2012/13, 2013/14 e 2015/16.



*BV = Bela Vista do Paraíso; TL = Toledo; CF = Cafelândia; PLT = Palotina; RL = Rolândia; MAB = Mamborê; MCJ = Maracaju; NV = Naviraí; DOR = Dourados

A partir das informações geradas pela rede de similaridade foi possível notar a independência dos municípios Bela Vista do Paraíso e Rolândia com relação aos outros municípios. Ambos não foram alocados em um estrato ambiental, o que demonstra que estes possuem características ambientais diferentes dos demais. Deste modo, para a região em estudo, estes são considerados ambientes essenciais para a implantação de ensaios VCU de soja. Isto faz com que a representatividade da região em estudo seja mais eficiente, garantindo maior confiabilidade na seleção de recomendação de cultivares de soja. Também foi possível notar que os municípios Maracaju, Palotina e Mamborê estão presentes em mais de um estrato ambiental, o que demonstra que estes possuem, em relação aos demais municípios pertencentes aos estratos ambientais em questão, características ambientais que influenciam de forma semelhante os genótipos avaliados, ou seja, estes são municípios que podem representar mais de um estrato ambiental.

A metodologia GGE Biplot tem sido utilizada para direcionar o planejamento de programas de melhoramento em várias regiões e situações (MARCOLIN, 2017; ZDZIARSKI, 2018). No presente trabalho foi possível identificar municípios capazes de otimizar a implantação de ensaios VCU para a região do macroprograma dois de soja no Brasil.

É importante reiterar que, para que a região seja bem representada, os locais de teste devem representar a heterogeneidade ambiental da região, sendo assim, municípios ambientalmente redundantes que não contribuem para a representatividade de toda a região devem ser substituídos ou descartados. Também é importante ressaltar que os municípios ambientalmente distintos dos demais devem ser mantidos, deste modo haverá uma melhor representatividade da região por meio da complementariedade destes locais.

Tendo isto em vista, a otimização da rede de ensaios para a região em estudo pode ser empregada. Verificou-se que os quatro estratos ambientais identificados (Figura 4) possuem intercessões, nestas intercessões estão alocados municípios aos quais podem representar os respectivos estratos. Deste modo recomenda-se que estes ensaios sejam conduzidos em quatro dos nove ambientes coincidentes avaliados, sendo estes: Palotina, Maracaju, Bela Vista do Paraíso e Rolândia. Os municípios de Bela Vista do Paraíso e Rolândia foram incluídos em vista de serem considerados ambientes essenciais na representatividade da região sojícola em estudo, já que se diferem dos demais. As cidades de Palotina e Maracaju foram incluídas nos ambientes para a realização dos ensaios em vista de ambas pertencerem a mais de um estrato, podendo assim, representá-los. Palotina representa os estratos E1 e E2 e Maracaju representa os estratos E3 e E4.

Na recomendação dos municípios para representar a região em estudo, por meio da análise de rede de similaridade considerando todas as safras avaliadas e os municípios coincidentes entre estes, foi possível uma redução de 55,6 % do número de municípios incluídos nas avaliações. Os recursos que antes eram direcionados para todas estes municípios que fornecem informações redundantes dos genótipos, podem ser realocados para a inclusão de outros ensaios em municípios que ainda não foram adotados na rede de ensaios e/ou podem ser direcionados para a inclusão de mais genótipos a serem avaliados nos municípios representantes desta rede de ensaios.

4.2 Análise das safras agrupadas em trio

Para que as análises sejam conclusivas o método GGE Biplot demanda pelo menos três anos de teste para que seja analisada a formação dos estratos (YAN e FRÉGEAU-REID, 2018).

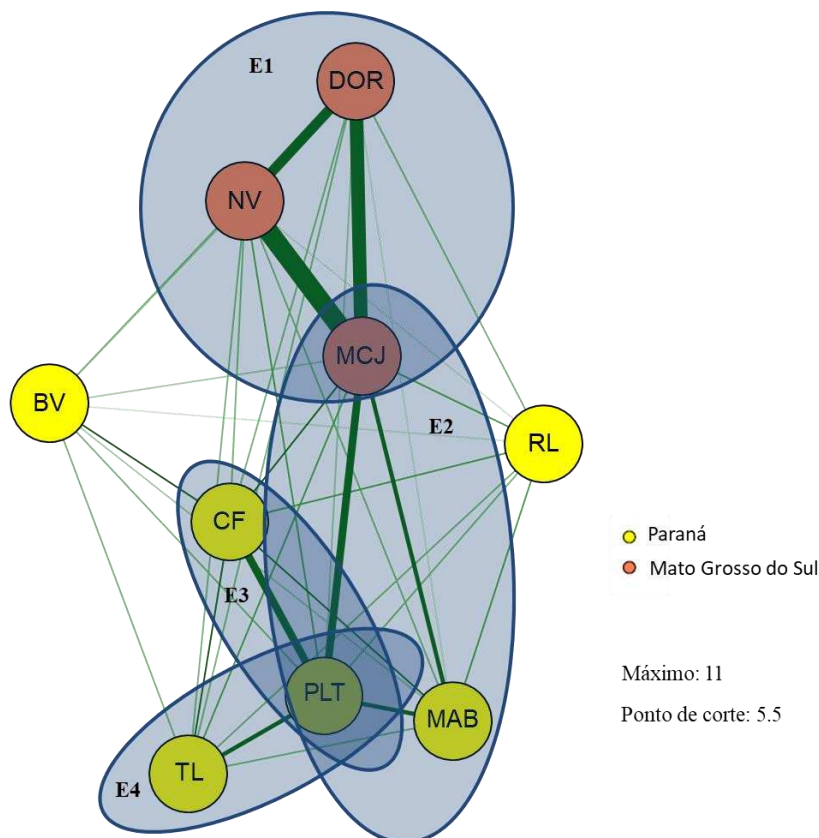
Assim sendo, além da análise conjunta das quatro safras, também foram realizadas análises das safras agrupadas em trios. Deste modo é possível visualizar alguns padrões e/ou características que não ocorreram na análise global. As análises foram feitas com as cidades coincidentes entre o trio de safras avaliadas.

Nesta primeira análise considerando três safras de forma simultânea (2011/12, 2012/13 e 2013/14), as cidades coincidentes entre as mesmas são: Dourados (DOR), Naviraí (NV), Maracaju (MCJ), Bela Vista do Paraíso (BV), Cafelândia (CF), Palotina (PLT), Toledo (TL), Rolândia (RL) e Mamborê (MAB). Foram observadas a formação de quatro estratos ambientais compostos por sete municípios (Figura 5). O EA1 compreende os municípios de Dourados (DOR), Naviraí (NV) e Maracaju (MCJ). O EA2 é composto pelos municípios de Maracaju (MCJ), Palotina (PLT) e Mamborê (MAB). O EA3 é composto pelos municípios de Cafelândia (CF) e Palotina (PLT). O EA4 é composto pelas cidades de Palotina (PLT) e Toledo (TL).

Comparando esta análise com a análise global das safras, percebe-se que Mamborê, Palotina e Cafelândia permaneceram juntas em um mesmo estrato. No entanto, Palotina permanece junto com Cafelândia e também com Toledo, formando outros dois estratos. O que condiz com a escolha de Palotina para representar estas cidades na análise global.

Os municípios de Maracaju e Palotina continuam fazendo parte de mais de um estrato, o que reforça a similaridades destas com as cidades pertencentes a todos os estratos que estas fazem parte. As cidades de Rolândia e Bela Vista do Paraíso, como na análise global, não foram alocadas em um estrato ambiental, o que nos permite constatar que estas se diferem ambientalmente das demais, tendo sido muito importantes na composição dos locais de testes dos VCUs.

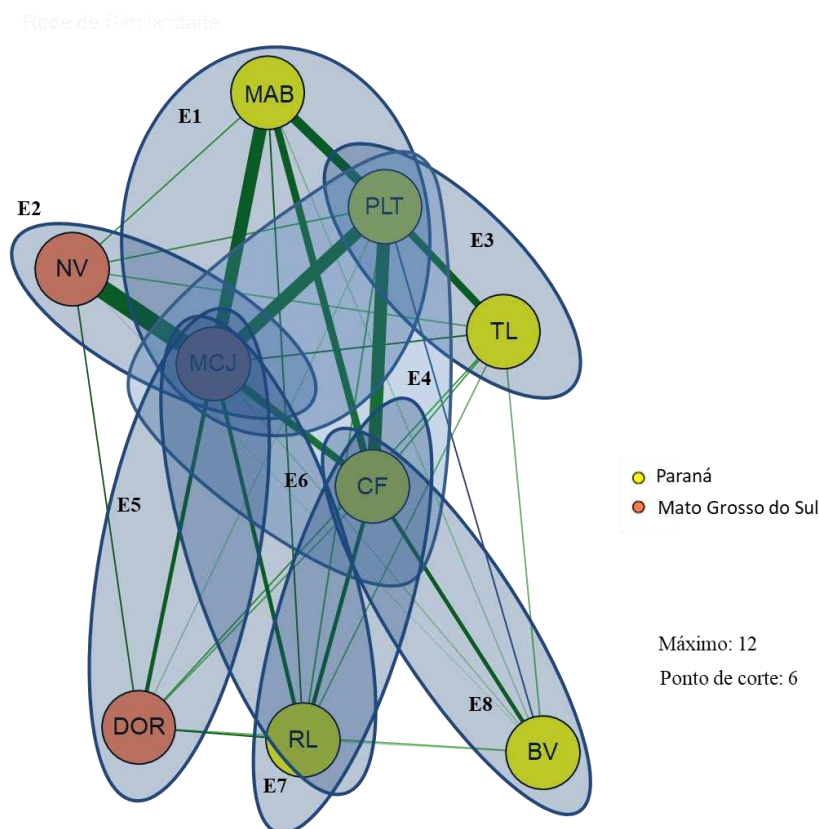
Figura 5 – Rede de similaridade ambiental conjunta para as safras 2011/12, 2012/13 e 2013/14.



*DOR = Dourados; NV = Naviraí; MCJ = Maracaju; BV = Bela Vista; RL = Rolândia; Cafelândia (CF); Palotina (PLT); Toledo (TL); Mamborê (MAM)

Para o trio das safras 2011/12; 2012/13 e 2015/16 as cidades coincidentes foram: Mamborê (MAB), Palotina (PLT), Naviraí (NV), Maracaju (MCJ), Toledo (TL), Cafelândia (CF), Dourados (DOR), Rolândia (RL), Bela Vista (BV). Nesta análise, foram identificados oito estratos ambientais (Figura 6). O EA1 é composto pelos municípios de Mamborê (MAB), Palotina (PLT) e Maracaju (MCJ). O EA2 é composto pelas cidades de Naviraí (NV) e Maracaju (MCJ). O EA3 é composto pelos municípios de Palotina (PLT) e Toledo (TL). O EA4 é composto pelos municípios de Palotina (PLT), Cafelândia (CF) e Maracaju. O EA5 é composto pelos municípios de Maracaju (MCJ) e Dourados (DOR). O EA6 é composto pelos municípios de Maracaju (MCJ) e Rolândia (RL). O EA7 é composto pelos municípios de Cafelândia (CF) e Rolândia (RL). O EA8 é composto pelos municípios de Cafelândia (CF) e Bela Vista do Paraíso (BV).

Figura 6 – Rede de similaridade ambiental conjunta para as safras 2011/12, 2012/13 e 2015/16.



*MAB = Mamborê; PLT = Palotina; TL = Toledo; NV = Naviraí; MCJ = Maracaju; CF = Cafelândia; DOR = Dourados; RL = Rolândia e BV = Bela Vista do Paraíso

Para esta análise os municípios de Maracaju, Palotina, Cafelândia e Rolândia estão presentes em mais de um estrato. Nenhum município foi considerado discrepantes dos demais, todos foram alocados em um estrato ambiental. Deste modo, os municípios de Maracaju, Cafelândia e Palotina poderiam representar os demais locais. Esta análise reforça que os municípios de Palotina e Maracaju são ambientalmente semelhantes a mais de um município e podem representá-los nestes ensaios para esta região.

Analisando as safras 2011/12; 2013/14 e 2015/16 em conjunto foram avaliadas 11 cidades coincidentes, das quais formaram nove estratos ambientais (Figura 7). O EA1 é composto pelas cidades de Toledo (TL) e Palotina (PLT). O EA2 é composto pelos municípios de Naviraí (NV) e Maracaju (MCJ). O E3 é composto pelos municípios de Dourados (DOR), Marechal Cândido Rondon (MCH) e Floresta (FRT). O EA4 é composto pelos municípios de Palotina (PLT), Maracaju (MCJ) e Mamborê (MAB). O EA5 é composto pelos municípios de Maracaju (MCJ), Mamborê (MAB) e Cafelândia (CF). O EA6 é composto pelos municípios de Marechal Cândido Rondon (MCH), Floresta (FRT) e Rolândia (RL). O EA7 é composto pelos

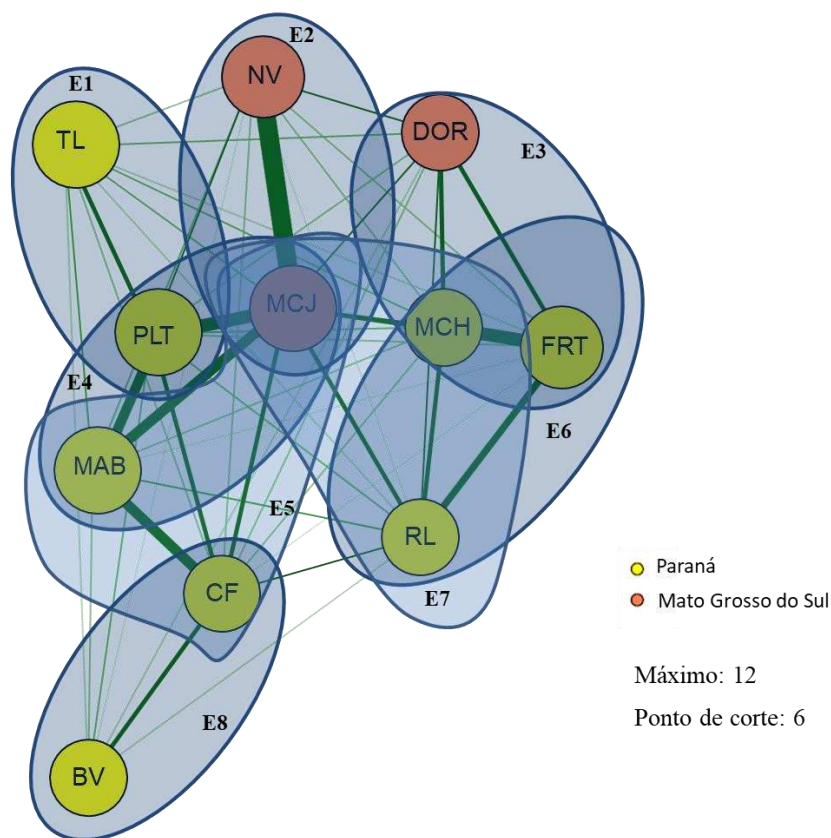
municípios de Maracaju (MCJ), Marechal Cândido Rondon (MCH) e Rolândia. O EA8 é composto pelos municípios de Cafelândia (CF) e Bela Vista do Paraíso (BV).

Para esta análise três cidades que ainda não haviam sido estudadas foram adicionadas, sendo estas: Floresta e Marechal Cândido Rondon pertencentes ao estado do Paraná e Naviraí pertencente ao estado do Mato Grosso do Sul.

Nenhum município foi considerado independente dos demais, todos pertencem a um estrato ambiental. É interessante notar que, apesar de estarem fisicamente mais próximos e pertencem a um mesmo estado, os municípios de Naviraí, Maracaju e Dourados não estão alocados em um mesmo estrato, o que demonstra que uma menor distância linear entre dois locais não necessariamente implica em uma homogeneidade ambiental entre estes.

Os municípios de Maracaju, Cafelândia, Rolândia e Mamborê mais uma vez aparecem alocados em mais de um estrato. Os municípios de Marechal Cândido Rondon e Floresta, sendo estudados pela primeira vez nesta análise, também aparecem em mais de um estrato, além disso, estão alocados em um mesmo estrato, o que nos permite concluir que estes são ambientalmente redundantes e que apenas um destes locais será selecionado para instalação dos experimentos. Para este caso, Floresta é o município selecionado, já que Marechal Cândido Rondon também pode ser representado por Maracaju e não representa o município de Dourados.

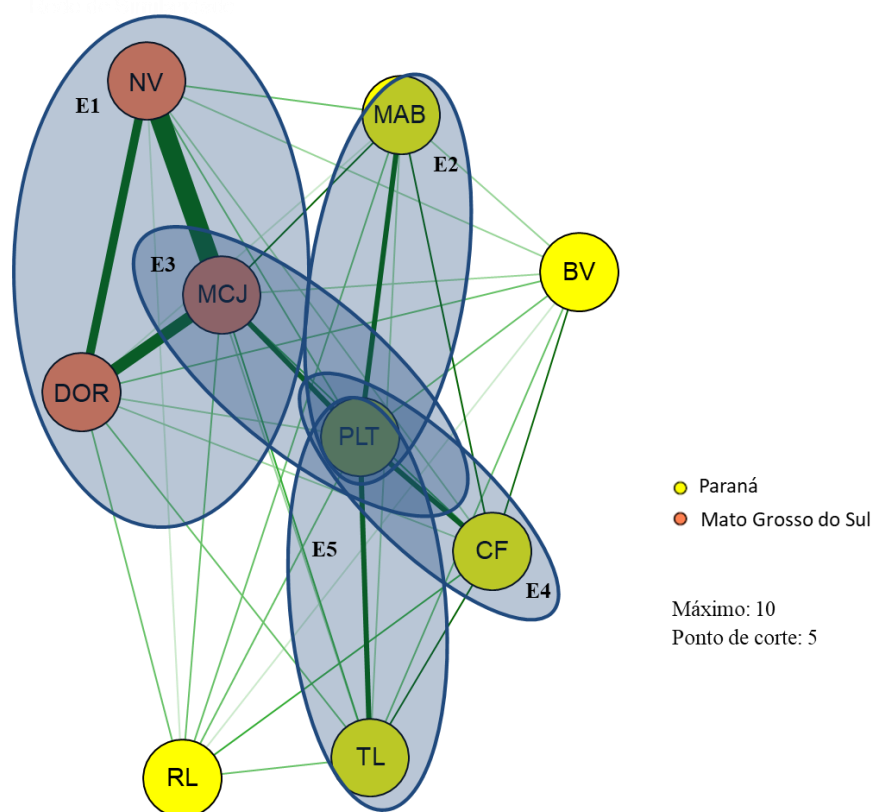
Figura 7 – Rede de similaridade ambiental conjunta para as safras 2011/12, 2013/14 e 2015/16.



*NV = Naviraí; TL = Toledo; PLT = Palotina; MCJ = Maracaju; DOR = Dourados; MCH = Marechal Cândido Rondon; FRT = Floresta; MAB = Mamborê; CF = Cafelândia e BV = Bela Vista do Paraíso e RL = Rolândia.

Na avaliação onde foram analisadas as safras 2012/13; 2013/14 e 2015/16, foram envolvidas nove cidades coincidentes, as quais sete formaram cinco estratos ambientais (Figura 8). O EA1 é composto pelos municípios de Naviraí (NV), Maracaju (MCJ) e Dourados (DOR). O EA2 é composto pelos municípios de Mamborê (MAB) e Palotina (PLT). O EA3 é composto pelos municípios de Maracaju (MCJ) e Palotina (PLT). O EA4 é composto pelos municípios de Palotina (PLT) e Cafelândia (CF). O EA5 composto pelos municípios de Palotina (PLT) e Toledo (TL).

Figura 8 – Rede de similaridade ambiental conjunta para as safras 20012/13, 2013/14 e 2015/16.



*DOR= Dourados; NV = Naviraí; MCJ = Maracaju; BV = Bela Vista do Paraíso; RL = Rolândia; CF = Cafelândia; PLT = Palotina; MAB = Mamborê; TL = Toledo

Como na análise global, as cidades de Bela Vista do Paraíso e Rolândia se mostraram discrepantes das demais, não pertencendo a um estrato. Mais uma vez os municípios de Maracaju e Palotina estão incluídos em mais de um estrato, e podem representar outros municípios.

Estas redes de similaridade traçadas com três safras em conjunto confirmaram alguns padrões que puderam ser observados na análise global, bem como possibilitaram o estudo de duas cidades que não estavam presentes em tal análise. Deste modo, as análises em trio podem gerar informações importantes, além de serem conclusivas.

4.1 Análises individuais das safras

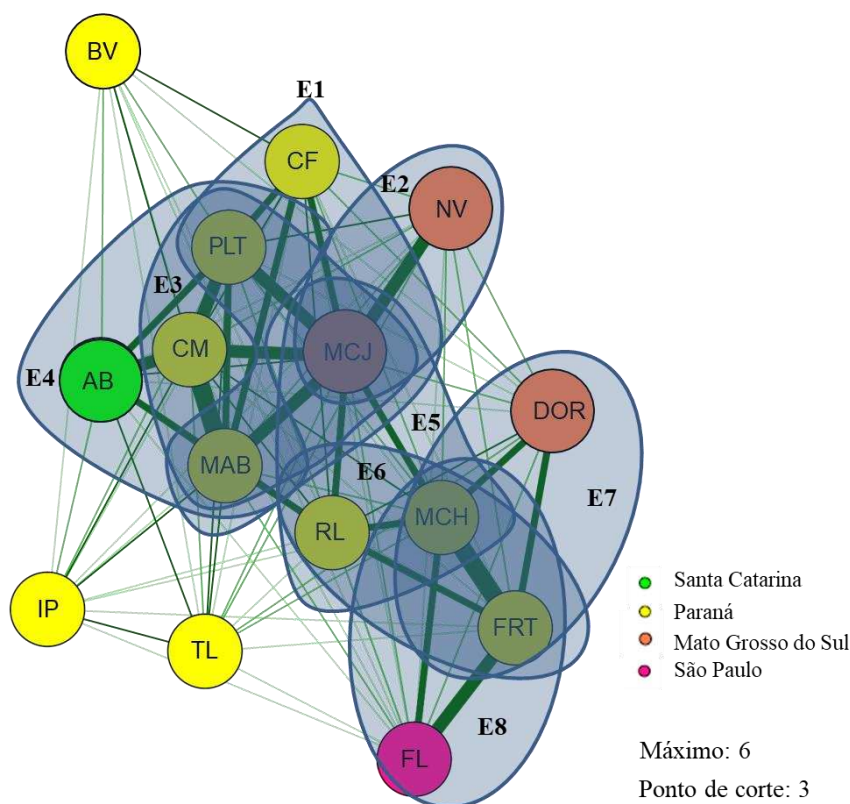
Tendo em vista que nem todos os municípios que participaram dos ensaios para esta região puderam ser estudados na análise global e nas análises em trio, também foram realizadas análises individuais para cada safra, deste modo todos os municípios puderam ser estudados.

Embora a análise individual não seja conclusiva, esta pode servir de auxílio em tomadas de decisão e também podem servir para caracterizar uma safra em específico.

Na safra 2011/12 os ensaios VCU foram avaliados em 15 municípios, os quais 12 foram agrupados em oito estratos ambientais (Figura 9). O estrato ambiental um (EA1) é composto por Cafelândia (CF), Palotina (PLT) e Mamborê, Maracaju (MCJ). O estrato ambiental dois (EA2) é composto pelos municípios de Naviraí (NV) e Maracaju (MCJ). O estrato ambiental três é composto pelos municípios de Palotina (PLT), Campo Mourão (CM) e Mamborê (MAB), Maracaju (MCJ). O estrato ambiental quatro é composto pelas cidades de Abelardo Luz (AB), Palotina (PLT), Campo Mourão (CM), Mamborê (MAB). O estrato ambiental cinco é composto pelos municípios de Maracaju (MCJ), Rolândia (RL) e Marechal Cândido Rondon (MCH). O estrato ambiental seis é composto pelos municípios de Rolândia (RL), Marechal Cândido Rondon (MCH) e Floresta (FRT). O estrato ambiental sete (EA7) é composto pelos municípios de Dourados (DOR), Marechal Cândido Rondon (MCH) e Floresta (FRT).

Nota-se que os municípios de Palotina, Maracaju, Mamborê, Rolândia, Marechal Cândido Rondon e Floresta apresentaram ambiguidade, pertencendo a mais de um estrato.

Figura 9 – Rede de similaridade ambiental para a safra 2011/12.



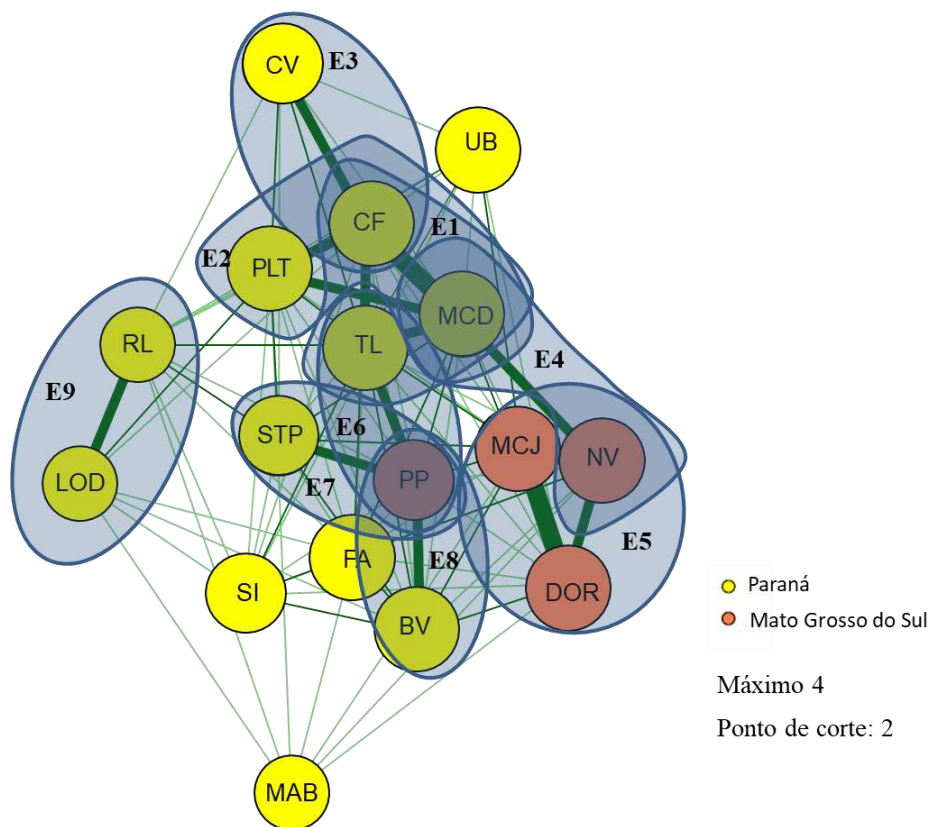
*BV= Bela Vista do Paraíso; CF = Cafelândia; PLT= Palotina; NV= Naviraí; CM= Campo Mourão; MCJ= Maracaju; AB = Abelardo Luz; MAB = Mamborê; DOR = Dourados; RL = Rolândia; MCH = Marechal Cândido Rondon; FRT= Floresta; FL = Florínea; IP = Iporá e TL = Toledo.

Os municípios de Bela Vista , Iporá e Toledo, pertencentes ao estado do Paraná, não se ajustaram em um grupo, o que sugere que estas tenham características ambientais específicas e diferentes dos demais. Assim, estes municípios são importantes para a complementariedade dos ambientes testados na rede experimental.

Nesta análise também é possível observar que Dourados, Naviraí e Maracaju que pertencem a um mesmo estado e estão fisicamente mais próximos não foram alocados em um mesmo estrato. O município de Abelardo pertencente ao estado de Santa Catarina e os municípios de Palotina, Campo Mourão e Mamborê pertencem a um mesmo grupo. O município de Florínea, pertencente ao estado de São Paulo e os municípios de Marechal Cândido Rondon e Floresta pertencentes ao estado do Paraná também foram alocados em um mesmo estrato. O que reforça que não necessariamente municípios mais próximos e/ou pertencentes a um mesmo estado serão ambientalmente similares.

Para a safra 2012/13 foram avaliados 17 municípios, dos quais 13 formaram nove estratos ambientais (Figura 3). O EA1 constitui-se dos municípios de Cafelândia (CF), Marechal Cândido Rondon (MCD) e Toledo (TL). O EA2 constitui-se dos municípios de Cafelândia (CF), Palotina (PLT) e Marechal Cândido Rondon (MCD). O EA3 é composto pelos municípios de Cafelândia (CF) e Cascavel (CV). O EA4 é composto pelos municípios de Marechal Cândido Rondon e Naviraí (NV). O EA5 é composto pelos municípios de Naviraí (NV), Maracaju (MCJ) e Dourados (DOR). O EA6 é composto pelos municípios de Ponta Porã (PP) e Toledo (TL). O EA7 é composto pelos municípios de Ponta Porã (PP) e Santa Terezinha de Itaipu (STP). O EA8 é composto pelos municípios de Rolândia (RL) e Londrina (LOD).

Figura 3 – Rede de similaridade ambiental para a safra 2012/13.



*CV = Cascavel; UB = Ubitatã; CF = Cafelândia; PLT = Palotina; TL = Toledo; MCD = Marechal Cândido Rondon, TL = Toledo; RL = Rolândia; LOD = Londrina; STP = Santa Terezinha de Itaipu; PP = Ponta Porã; FA = Francisco Alves; BV = Bela Vista do Paraíso; SI = Sidrolândia; MAB = Mamborê; MCJ = Maracaju; NV = Naviraí e DOR = Dourados.

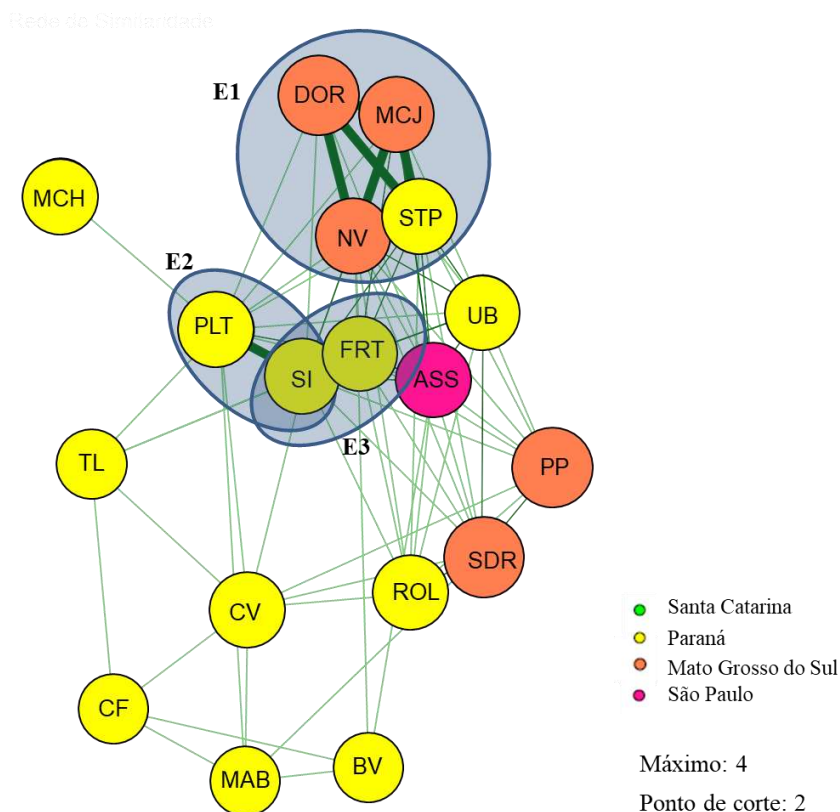
O município de Ponta Porã (PP), no Mato Grosso do Sul, apresentou coincidência significativa com os municípios de Bela Vista do Paraíso (BV) e Santa Terezinha de Itaipu (STP) e Toledo (TL), evidenciando que a influência ambiental deste município sobre os genótipos avaliados é semelhante aos demais municípios citados. O mesmo ocorre para os municípios de Cafelândia, Toledo, Marechal Candido Rondon e Naviraí que também apresentam coincidência significativa com outros municípios pertencentes a outros estratos ambientais.

Os demais municípios, Sidrolândia (SI), Ubitatã (UB), Mamborê (MAB) e Francisco Alves (FA), pertencentes ao estado do Paraná, não se agruparam em um estrato, o que indica uma possível divergência da influência ambiental sobre os genótipos entre estes e os demais municípios pertencentes aos estratos ambientais formados para esta safra.

Na safra 2013/14 foram implantados ensaios de VCU em 18 municípios, dos quais, sete foram agrupados em três estratos ambientais (Figura 4). O EA1 é composto pelos municípios

de Dourados (DOR), Maracaju (MCJ), Naviraí (NV) e Santa Terezinha de Itaipu (STP). O EA2 é composto pelos municípios de Palotina (PLT) e Sidrolândia (SI). O EA 3 é composto pelos municípios de Sidrolândia (SI) e Floresta (FRT). Os demais municípios não pertenceram a nenhum estrato ambiental.

Figura 4 – Rede de similaridade ambiental para a safra 2013/14.



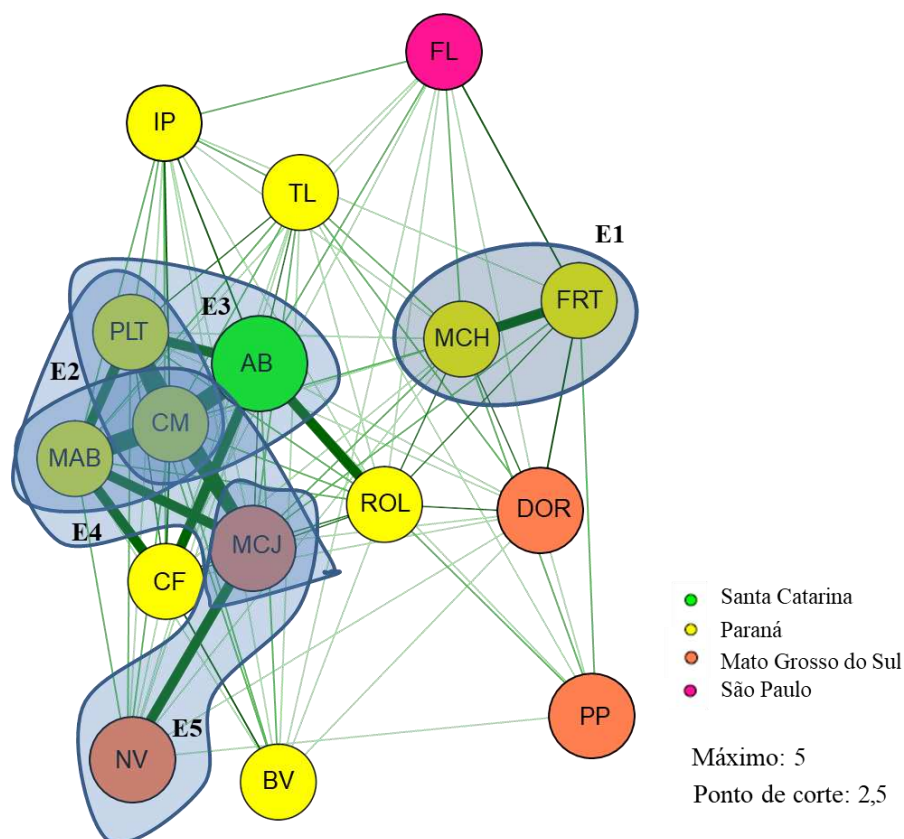
*DOR = Dourados; MCJ = Maracaju; NV = Naviraí; STP = Santa Terezinha de Itaipu; PLT = Palotina; SI = Sidrolândia; FRT = Floresta; MCH = Marechal Cândido Rondon; UB = Ubitatã; ASS Assis; PP = Ponta Porã; SDR = Sidrolândia; ROL = Rolândia; BV = Bela Vista do Paraíso; CV = Cascavel; MAB = Mamborê; CF = Cafelândia; TL = Toledo.

Nota-se que, como na safra anterior (2012/13), os municípios de Dourados, Maracaju e Naviraí permanecem alocados em um mesmo estrato.

Avaliando o agrupamento obtido para a safra 2015/16, verificou-se que dos 16 municípios avaliados, oito formaram seis estratos ambientais (Figura 5). No primeiro estrato (EA1) estão incluídos os municípios de Marechal Cândido Rondon (MCH) e Floresta (FRT). O EA2 é composto pelos municípios de Palotina (PLT), Campo Mourão (CM) e Abelardo Luz (AB). O EA3 é composto pelos municípios de Palotina (PLT), Campo Mourão (CM) e Maracaju

(MRJ). O EA5 é composto pelos municípios de Maracaju (MCJ) e Naviraí (NV). E o EA6 é composto pelos municípios de Abelardo (AB) e Rolândia (ROL).

Figura 5 – Rede de similaridade ambiental para a safra 2015/16.



*FL = Florínea; IP = Iporá; TL = Toledo; MCH = Marechal Cândido Rondon; FRT = Floresta; DOR = Dourados; PP = Ponta Porã; ROL = Rolândia; BV = Bela Vista do Paraíso; PLT = Palotina; CM = Campo Mourão; MAB = Mamborê; AB = Abelardo Luz; MCJ = Maracaju; NV = Naviraí e CF = Cafelândia.

Estas análises individuais podem ajudar o pesquisador a visualizar padrões que podem existir entre os dados, estes padrões podem se repetir ao longo dos anos e, conhecer estes padrões de maneira individual pode ser útil na identificação e solução de problemas. Além disso, os padrões observados nos biplots baseados em um único ano podem servir como geradores de hipóteses, as quais podem ser posteriormente testadas utilizando-se uma base de dados multi-anos e uma estatística mais rigorosa.

Por meio das análises realizadas foi possível identificar alguns padrões de estratificação ao longo das safras. Os municípios de Naviraí (NV) e Maracaju (MCJ), permaneceram no mesmo estrato ambiental em todas as safras avaliadas. Já os municípios de Bela Vista do Paraíso

(BV), Toledo (TL) e Rolândia (RL) aparecem afastados das demais não permanecendo em nenhum grupo nas safras de 2011/12; 2013/14 e 2015/16.

4 CONCLUSÕES

A análise conjunta dos nove ambientes coincidentes entre as safras identificou a formação de quatro estratos ambientais. O EA1 é composto pelos municípios de Toledo e Palotina. O EA2 é composto pelos municípios de Cafelândia, Palotina e Mamborê. O EA3 é composto pelos municípios de Mamborê, Palotina e Maracaju. Já o EA4 é composto pelos municípios de Maracaju, Naviraí e Dourados.

A região pode ser representada pelos municípios de Palotina, Maracaju, Bela Vista do Paraíso e Rolândia, o que reduz o número de municípios a serem avaliados e otimiza os ensaios nesta região.

As cidades de Rolândia e Bela Vista do Paraíso possuem características ambientais diferentes das demais. Assim sendo, não fornecem informações redundantes e são importantes para compor os ambientes testados para seleção e recomendação de soja para esta região.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABOU-EL-FITTOUH, H.; RAWLINGS, J. O.; MILLER, P. A. Classification of environments to control genotypes by environment interaction to cotton. **Crop Science**, v. 9, p. 135-140, 1969.

ALLARD, R. E.; BRADSHAW, R. W. Implications of genotype-environment interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v. 4, p. 503-508, 1964.

ALLIPRANDINI, L. F.; TOLEDO, J. F. F.; FONSECA JÚNIOR, N. S.; KIIHL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A. Ganho genético em soja no Estado do Paraná, via melhoramento no período de 1985/86 a 1989/90. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 28, n. 4, p. 489-497, 1993.

ALLIPRANDINI, L. F.; TOLEDO, J. F. F.; FONSECA JÚNIOR., N.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Efeitos da interação genótipos x ambiente sobre a produtividade da soja no estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 29, n. 9, p. 1433- 1444, 1994.

ALLIPRANDINI, L. F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P. F.; CAVASSIM, J. E.; GABE, H. L.; KUREK, A.; MATSUMOTO, M. N.; OLIVEIRA, M. A. R.; PITOL, C.; PRADO, L. C.; STECKLING, C. Understanding soybean maturity groups in brazil: environment, cultivar classification and stability. **Crop Science**, v. 49, p. 801-808, 2009.

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; MIRANDA, M.; CAMPELO, G. J. A. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. In: Queiroz, M. A.; Goedert, C. O.; Ramos, S. R. R. (Editores). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o nordeste brasileiro**. Embrapa Semi-Árido, Petrolina – PE, 1999.

ANNICCHIARICO, P.; BELLAH, F.; CHIARI, T. Defining subregions and estimating benefits for a specific-adaptation strategy by breeding programs. **Crop Science**, v. 45, p. 1741-1749, 2005.

ARANTES, N. E. **Interação genótipos x ambiente e estudo de alternativas para seleção de variedades de soja (*Glycine max* (L.) Merrill), com base em testes regionais**. 1979. 65 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1979.

BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Análise de adaptabilidade e estabilidade em soja (*Glycine max* L.) em Mato Grosso. **Ambiência**, v. 6, n. 1, p. 75-88, 2010.

BEZERRA, A. R. G; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M. Importância economia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A. (Editores). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015, 333 p.

BONATO, E. R. **Estabilidade fenotípica da produção de grãos de dez cultivares de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) nas condições do Rio Grande do Sul**. 1978. 75 f. Dissertação

(Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1978.

BORNHOFEN, E.; BENIN, G.; STORCK, L.; WOYANN, L.; DUARTE, T.; STOCO, M.; VOLMIR MARCHIORO, S. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade em trigo. **Bragantia**, v. 76, n. 1, p. 1-10, 2017.

BRANQUINHO, R. G.; DUARTE, J. B.; SOUZA, P. I. M.; NETO, S. P. S.; PACHECO, R. M. Estratificação ambiental e otimização de rede de ensaios de genótipos de soja no Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 10, p. 783-795, 2014.

CAMARGO-BUITRAGO, I.; INTIRE, E. Q-Mc; GÓRDON-MENDOZA, R. Identificación de mega-ambientes para potenciar el uso de genotipos superiores de arroz en Panamá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, p. 1061-1069, 2011.

CAMPOS, M. C. Expansão da soja no território nacional: o papel da demanda internacional e da demanda interna. **Revista Geografares**, n. 8, 2010.

CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A.; OLIVEIRA, M. F. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 7, p. 989-1000, 2002.

CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; OLIVEIRA, M. F.; HIROMOTO, D. M.; TAKEDA, C. Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 2, p. 187-193, 2003.

CARVER, B. F.; BURTON, J. W.; CARTER, T. E.; WILSON, R. F. Response to environmental variation of soybean lines selected for altered unsaturated fatty acid composition. **Crop Science**, v. 26, n. 6, p. 1176-1181, 1985.

CHAVES, L. J.; VENCOVSKY, R.; GERALDI, I. O. Modelo não-linear aplicado ao estudo da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 2, p. 259-268, 1989.

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

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Série Histórica – Soja**. 2019. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/conteudos.php?a=1252&t=>. Acesso em: 04 jun. 2019.

CORREIA, W. R. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em Minas Gerais**. 2007. 29 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2007.

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

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J., CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4ª edição, Viçosa, MG: Editora UFV, 2012, 514 p.

CUCOLOTTI, M.; PÍPOLO, V. C.; GARBUGLIO, D. D.; FONSECA, N. S.; DESTRO, D.; KAMIKOGA, M. K. Genotype x environment interaction in soybean: evaluation through three methodologies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, n. 3, p. 270-277, 2007.

DE FELIPE, M.; GERDE, J. A.; ROTUNDO, J. L. Soybean genetic gain in maturity groups III to V in Argentina from 1980 to 2015. **Crop Science**, v. 56, p. 1–12, 2016.

DOĞAN, Y., KENDAL, E., ORAL, E. Identifying of relationship between traits and grain yield in spring Barley by GGE biplot analysis. **The Journal Agriculture and Forestry**. v. 62, n. 4, p. 239-252, 2016.

DUARTE, J. B. **Estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica em cultivares de feijão mulatinho (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1988. 155 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 1988.

DUARTE, J. B.; ROLIM, R. B.; OLIVEIRA, P. M. F.; SOUZA, J. R. Adaptabilidade e estabilidade de rendimento de genótipos de soja (*Glicine max* (L.) Merrill) nas condições de Goiás e Distrito Federal. **Anais da Escola de Agronomia e Veterinária**, v. 24, n. 1, p. 90-109, 1994.

DUARTE, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. Adaptabilidade e estabilidade de rendimento de genótipos de feijoeiro comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 1, p. 25-32, 1994.

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

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

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Tecnologia de produção de soja: Região Central do Brasil 2012 e 2013**. Londrina, PR: Embrapa Soja, 2011a. 264 p.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Cultivares de soja convencionais: Mato Grosso – Safra 2010/2011**. Londrina, PR: Embrapa Soja, 2011b. 16 p.

FELIPE, C. R. P.; DUARTE, J. B.; CAMARGO, L. F. Estratificação ambiental para avaliação e recomendação de variedades de milho no estado de Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 40, n. 2, p. 186-199, 2010.

FOX, P. N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype x environment interaction. In: KEMPTON, R. A.; FOX, P. N. **Statistical methods for plant variety evaluation**. London: Chapman and Hall, p.117-138. 1997.

FRUTOS, E.; GALINDO, M. P.; LEIVA, V. An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. **Stochastic Environmental Research and Risk Assessment**, v. 28, n. 7, p. 1629-1641, 2014.

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

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

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Accuracy and selection success of statistical analysis of yield trials. **Theoretical Applied of Genetics**, v. 76, p. 1-10, 1988.

GAUCH, H. G. Full and reduced models for yield trials. **Theoretical Applied of Genetics**, v. 80, p. 153-160, 1990.

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

GRAVOIS, K. A.; MOLDENHAUER, K. A. K.; ROIIMAN, P. C. Genetic and genotype x environment effects for rough rice and head rice yields. **Crop Science**, v. 31, n. 4, p. 907-911, 1991.

GURMU, F.; MOHAMMED, H.; ALEMAW, G. Genotype x environment interactions and stability of soybean for grain yield and nutrition quality. **African Crop Science Journal**, v. 17, n. 2, p. 87-99, 2009.

HORNER, T. W.; FREY, K. J. Methods for determining natural areas for oat varieties recommendation. **Agronomy Journal**, v. 49, p. 313-315, 1957.

HUHN, M.; TRUBERG, B. Contributions to the analysis of genotype x environment interactions: experimental results of the application and comparison of clustering techniques for the stratification of field test sites. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v. 188, n. 2, p. 113-122, 2002.

JOHNSON, R. A.; WINCHERNIN, D. W. **Applied Multivariate Statical Analysis**. Prentice Hall: New Jersey, 4 edition, 1998.

KANG, M. S. Using genotype by environment interaction for crop cultivar development. **Advances in Agronomy**, v. 62, p. 199-252, 1998.

KOESTER, R. P.; SKONECZKA, J. A.; CARY, T. R.; DIERS, B. W.; AINSWORTH, E. A. Historical gains in soybean (*Glycine max* Merr.) seed yield are driven by linear increases in light interception, energy conversion, and partitioning efficiencies. **Journal of Experimental Botany**, v. 65, n. 12, p. 3311-3321, 2014.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “bootstrap” no modelo AMMI**. 2003. 166 p. Tese (Doutorado em Agronomia: Estatística e

Experimentação Agrônômica) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

LAVORANTI, O. J.; LINS, A. C.; SILVA, H. D.; FERREIRA, C. A. **Modelagem AMMI para estudos de interação em modelos estatísticos de efeitos fixos**. Comunicado Técnico, 124, Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 7 p.

LIMA, W. F.; PÍPOLO, A. E.; MOREIRA, J. U. V.; CARVALHO, C. G. P.; PRETE, C. E. C.; ARIAS, A. A. A.; OLIVEIRA, M. F.; SOUZA, G. E.; TOLEDO, J. F. F. Interação genótipo-ambiente de soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no estado do Paraná. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 43, n. 6, p. 729-736, 2008.

LIN, C. S. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype environment interaction mean square. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 62, p. 277-280, 1982.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 76, p. 425-430, 1988.

LIN, C. S.; BUTLER, G. A data-based approach for selecting locations for regional trials. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 68, p. 651-659, 1988.

LIN, C. S.; MORRISON, M. J. Selection of test locations for regional trials of barley. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 83, p. 968-972, 1992.

MAIA, M. C. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, M. M.; PINHEIRO, J. B.; SILVA, N. F. S. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agrônômicos através de método uni-multivariado. **Bragantia**, v. 65, n. 2, p. 215-22, 2006.

MAPA - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Projeções do Agronegócio – Brasil 2017/2018 a 2027/2028**. 2019. 112 p. Disponível em: http://www.agricultura.gov.br/assuntos/politica-agricola/todas-publicacoes-de-politica-agricola/projecoes-do-agronegocio/banner_site-03-03-1.png/view. Acesso em: 04 jun. 2019.

MARANHA, F. G. C. B. **Estratificação ambiental para avaliação de genótipos de algodoeiro no estado do Mato Grosso**. 2005. 79 p. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 2005.

MORRISON, M. J.; VOLDENG, H. D.; COBER, E. R. Agronomic changes from 58 years of genetic improvement of short-season soybean cultivars in Canada. **Agronomy Journal**, v. 92, p. 780-784, 2000.

MURAKAMI, D. M.; CRUZ, C. D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, p. 7-11, 2004.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; BARROS, H. B.; TEIXEIRA, R. C. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Editor). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina, PR: Mecenias, 2009, p.7-16.

NOGUEIRA, A. P. O., SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA R. C. T.; DESTRO, D. Estádios de desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Editor). **Tecnologia de produção de sementes de soja**. Londrina, PR: Mecenas, 2013. p. 15-44.

OLIVEIRA, A. B.; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 3, p. 357-364, 2003.

OLIVEIRA, A. M. S.; HAMAWAKI, O. T.; OLIVEIRA NETO, J. O.; PENNA, J. C. V.; JULIATTI, F. C.; SOUZA, S. A. Estabilidade fenotípica de cultivares de soja no Brasil central. **Bioscience Journal**, v. 20, p. 9-19, 2004.

OLIVEIRA, A. B.; DUARTE, J. B.; CHAVES, L. J.; COUTO, M. A. Environmental and genotypic factors associated with genotype by environment interactions in soybean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 6, n. 1, p. 79-86, 2006.

PACHECO, R. M.; DUARTE, J. B.; ASSUNÇÃO, M. S.; NUNES, J. CHAVES, A. A. P. Zoneamento e adaptação produtiva de genótipos de soja de ciclo médio de maturação para Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 33, n. 1, p. 23-27, 2003.

PACHECO, R. M. **Estratificação de ambientes em cerrados do Brasil Central para fins de seleção e recomendação de cultivares de soja**. 2004. 170 p. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia. 2004.

PACHECO, R. M.; DUARTE, J. B.; SOUZA, P. I. M.; ABUD, S.; NUNES JÚNIOR, J. Key locations for soybean genotype assessment in Central Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 5, p. 478-486, 2009.

PAYNE, R. W.; MURRAY, D. A.; HARDING, S. A. **An Introduction to the GenStat Command Language** (14th Edition). VSN International, Hemel Hempstead, UK. 2011.

PELUZIO, J. M.; GEROMINNI, G. D.; SILVA, J. P. A.; AFFÉRI, F. S.; VENDRUSCOLO, J. B. G. Estratificação e dissimilaridade ambiental para avaliação de cultivares de soja no estado de Tocantins. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 3, p. 332-337, 2012.

PEREIRA, D. G.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; REIS, M. S.; GOMES, J. L. L.; TEIXEIRA, R. C.; NOGUEIRA, A. P. O. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja avaliados para resistência ao oídio. **Ciência Rural**, v. 38, n. 7, p. 1836- 1842, 2008.

PIANA, C. F. B. **Regionalização para o cultivo do feijão no Rio Grande do Sul com base na interação genótipo x ambiente**. 2009. 122 p. Tese (Doutorado em Agronomia) Universidade Federal de Pelotas.

PRADO, E. E.; HIROMOTO, D. M.; GODINHO, V. P. C.; UTUMI, M. M.; RAMALHO, A. R. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 4, p. 625-635, 2001.

QIN, X.; FENG, F.; LI, D.; HERBERT, S. J.; LIAO, Y.; SIDDIQUE, K. H. M. Changes in yield and agronomic traits of soybean cultivars released in China in the last 60 years. **Crop and Pasture Science**, v. 68, p. 973–984, 2017.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU A. F. B.; SANTOS J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 522 p., 2012.

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, p. 2241-2246, 1999.

RAMTEKE, R.; GUPTA, G. K.; MURLIDHARAN, P.; SHARMA, S. K. Genetic progress of soybean varieties released during 1969 to 2008 in India. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 71, p. 333-340, 2011.

RAO, M. S. S.; MULLINIX, B. G.; RANGAPPA, M.; CEBERT, E.; BHAGSARI, A. S.; SAPRA, V. T.; HOSHI, J. M.; DADSON, R. B. Genotype x environment interactions and yield stability of food-grade soybean genotypes. **Agronomy Journal**, v. 94, n. 1, p. 72-80, 2002.

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

ROCHA, M. M. **Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade e estabilidade fenotípica**. 2002. 173 p. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

ROCHA, M. M.; VELLO, N. A.; MAIA, M. C. C.; LOPES, A. C. A. Magnitude da interação genótipos x ambientes para o caráter teor de óleo em linhagens de soja. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, v. 6, n. 3, p. 617-625, 2002.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; BARROS, H. B. Origem, evolução e importância econômica. In: SEDIYAMA, T. (Editor). **Tecnologias de produção e uso da soja**. Londrina, PR: Mecenias, 2009, p. 1-5.

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

SILVA, R. R.; BENIN, G.; SILVA, G. O.; MARCHIORO, V. S.; ALMEIDA, J. L.; MATEI, G. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de trigo em diferentes épocas de semeadura, no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, p. 1439-1447, 2011.

SILVA, E. S. **Interação genótipo x ambiente de componentes agrônômicos e físico-químicos de feijão-macuco (*Pachyrhizus spp.*) em terra firme e várzea na região metropolitana de Manaus-AM**. 2019. 93 p. Tese (Doutorado em Agronomia Tropical) - Universidade Federal do Amazonas, Manaus, 2019.

TODESCHINI, M. H. **Progresso genético da soja no Brasil quanto a caracteres fisiológicos e agrônômicos**. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Produção Vegetal) – Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Pato Branco, PR, 2018.

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D.; SILVA, A. C. Uma avaliação do potencial de diferentes locais para discriminação genotípica entre cultivares de milho. **Revista Brasileira de Genética**, v. 13, n. 2, p. 323-334, 1990.

VICINI, L. **Análise multivariada da teoria à prática**. Monografia, 2005, 215 p. Santa Maria: UFSM. 2005

WANG, C.; WU, T.; SUN, S.; XU, R.; REN, J.; WU, C.; JIANG, B.; HOU, W.; HAN, T. Seventy-five years of improvement of yield and agronomic traits of soybean cultivars released in the yellow-huai-hai river valley. **Crop Science**, v. 56, p. 2354-2364, 2016.

WRICKE, G. Zur Berechnung der okevalenz bei sommerweizen und hafer. **Zeitschrift fur Pflanzenzuchtung**, v. 52, p. 127-138, 1965.

WYSMIERSKI, P. T. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras**. 2010. (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2010.

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, v. 40, n. 3, p. 597-605, 2000.

YAN, W. GGE biplot—A Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, v. 93, n. 5, p. 1111–1118. 2001.

YAN, W. Singular-value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data. **Agronomy Journal**, v. 94, n. 5, p. 990-996, 2002.

YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, v. 42, n. 1, p. 11-20, 2002.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists**. Flórida: Boca Raton, 286 p., 2003.

YAN, W.; TINKER, A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 86, n. 3, p. 623-645, 2006.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE Biplots vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop science**, v. 47, n. 2, p. 643-655, 2007.

YAN, W. Optimal use of biplots in analysis of multi-location variety test data. **Acta Agronomica Sinica**, v. 36, n. 11, p. 1805-1819, 2010.

YAN, W.; HOLLAND, J. B. A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. **Euphytica**, v. 171, n. 3, p. 355-369, 2010.

YAN, W.; FRÉGEAU-REID, J.; PAGEAU, D.; MARTIN, R.; MITCHELL-FETCH, J.; ETIENNE, M.; ROWSELL, J.; SCOTT, P.; PRICE, M.; HAAN, B.; CUMMISKEY, A. Identifying essential test locations for oat breeding in eastern Canada. **Crop Science**, v. 50, n. 2, p. 504-515, 2010.

YAN, W. GGE biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. **Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics**, v. 65, n.2, p. 181-193, 2011.

YAN, W. Biplot analysis of incomplete two-way data. **Crop Science**, v. 53, n. 1, p. 48–57. 2013.

YAN, W. **Crop Variety Trials: Data Management and Analysis**. Chichester, West Sussex, UK: Wiley Blackwell. 2014.

YAN, W. Mega-environment analysis and test location evaluation based on unbalanced multiyear data. **Crop Science**, v. 55, n. 1, p. 113-122. 2015.

YAN, W.; FRÉGEAU-REID, J.; MARTIN, R.; PAGEAU, D.; MITCHELL-FETCH, J. How many test locations and replications are needed in crop variety trials for a target region? **Euphytica**, v. 202, n. 3, p. 361-372. 2015.

YAN, W. Analysis and handling of $G \times E$ in a practical breeding program. **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2106-2118. 2016.

ZANON, A. J.; WINCK, J. E. M.; STRECK, N. A.; RICHTER, G. L.; ROCHA, T. S. M.; CERA, J. C.; LAGO, I.; SANTOS, P. M.; MACIEL, L. R.; GUEDES, J. V. C.; MARCHESAN, E. Desenvolvimento de cultivares de soja em função do grupo de maturação e tipo de crescimento em terras altas e terras baixas. **Bragantia**, v. 74, p. 400-411, 2015.

ZDZIARSKI, D. A. **Grupos – chave de maturidade relativa e formação de mega-ambientes para cultivo e melhoramento de soja no Brasil**. 2018. 115 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Produção Vegetal) – Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Paraná. 2018.

APÊNDICES

APÊNDICE 1 – Resumo da análise de variância para os dados de produção das linhagens e cultivares avaliados em VCUs na safra de 2011/2012.

Fontes de Variação	Grau de Liberdade				Quadrado Médio			
	VCU 1	VCU 11	VCU 21	VCU 22	VCU 1	VCU 11	VCU 21	VCU 22
Blocos/Ambientes	8	10	32	32	304391,11**	133247,61**	181237,01**	203620,80**
Genótipos (G)	29	28	29	25	1473010,36**	2332615,90**	2643335,58**	1361120,72**
Ambientes (A)	3	4	15	15	93397279,83**	5075198,89**	102231082,85**	78166226,04**
GxA	87	112	435	375	553915,04**	2358179,55**	393728,05**	374116,26**
Resíduo	232	280	928	800	262042,05**	217706,06**	192909,57**	191155,62**
Média	-	-	-	-	3403,08	3576,09	3911,71	4045,87
CV (%)	-	-	-	-	15,04	13,05	11,23	10,81

Fontes de Variação	Grau de Liberdade				Quadrado Médio			
	VCU 23	VCU 24	VCU 25	VCU 26	VCU 23	VCU 24	VCU 25	VCU 26
Blocos/Ambientes	36	36	24	26	128545,75**	245809,53**	276230,86**	162333,05**
Genótipos (G)	29	29	26	22	1585077,74**	1085093,19**	1.224.243,28**	961741,71**
Ambientes (A)	17	17	11	12	114352267,36**	103257925,81**	140601619,96**	43250145,74**
GxA	493	493	286	264	406001,04**	354106,63**	917370,11**	431808,94**
Resíduo	1044	1044	624	572	168529,88**	181033,45**	180499,30**	202958,10**
Média	-	-	-	-	3998,23	3920,58	4065,04	3720,96
CV (%)	-	-	-	-	10,27	10,85	10,45	12,11

(continuação)

Fontes de Variação	Grau de Liberdade			Quadrado Médio		
	VCU 121	VCU 122	VCU 123	VCU 121	VCU 122	VCU 123
Blocos/Ambientes	30	28	30	201418,39**	305788,83**	317016,29**
Genótipos (G)	28	28	26	4746354,61**	5891747,00**	4716669,12**
Ambientes (A)	14	13	14	72984896,32**	56076629,60**	46779333,18**
GxA	392	364	364	684168,61**	654670,55**	528604,09**
Resíduo	840	784	780	193226,89**	206133,88**	251233,12**
Média	-	-	-	3947,93	4164,88	4167,33**
CV (%)	-	-	-	11,13	10,90	12,03**
Fontes de Variação	Grau de Liberdade			Quadrado Médio		
	VCU 124	VCU 125	VCU 126	VCU 124	VCU 125	VCU 126
Blocos/Ambientes	32	26	26	219920,40**	356571,13**	299072,84**
Genótipos (G)	26	29	28	3495062,24**	2629047,02**	1551681,61**
Ambientes (A)	15	12	12	46476265,41**	30081370,10**	29377771,48**
GxA	390	348	336	485333,03**	687247,88**	649072,28**
Resíduo	832	754	728	249764,29**	203800,23**	210241,39**
Média	-	-	-	4131,26	3968,63	4146,34
CV (%)	-	-	-	12,10	11,38	11,06

** = significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

APÊNDICE 2 – Resumo da análise de variância para os dados de produção das linhagens e cultivares avaliados em VCUs na safra de 2012/2013.

Fontes de Variação	Grau de Liberdade				Quadrado Médio			
	VCU 2	VCU 11	VCU 15	VCU 21	VCU 2	VCU 11	VCU 15	VCU 21
Blocos/Ambientes	16	14	8	16	449331,45**	258.307,40**	82978,98**	346610,79**
Genótipos (G)	29	29	29	28	1983092,89**	9561569,13**	1198258,23**	5240731,85**
Ambientes (A)	7	6	3	7	269935657,92**	62590994,54**	142130313,88**	107993478,20**
GxA	203	174	87	196	129430,97**	1048171,39**	242905,93**	586332,97**
Resíduo	464	406	232	448	302601,32**	233826,84**	97249,30**	254333,45**
Média	-	-	-	-	4205,07	4585,85	3279,07	4740,27
CV (%)	-	-	-	-	13,08	10,54	9,51	10,64

Fontes de Variação	Grau de Liberdade				Quadrado Médio			
	VCU 22	VCU 23	VCU 24	VCU 25	VCU 22	VCU 23	VCU 24	VCU 25
Blocos/Ambientes	18	34	32	32	196562,51**	348857,58**	231383,89**	210831,49**
Genótipos (G)	29	29	29	29	5331349,35**	3694543,06**	3063050,54**	1019499,67**
Ambientes (A)	8	16	15	15	91252636,17**	224117350,96**	164097177,54**	108073067,99**
GxA	232	464	435	435	583851,93**	364449,95**	534364,50**	834433,23**
Resíduo	522	986	928	928	246825,40**	175942,84**	202410,07**	160930,03**
Média	-	-	-	-	4890,29	4064,40	4116,88	3747,93
CV (%)	-	-	-	-	10,16	10,32	10,93	10,70

Fontes de Variação	Grau de Liberdade			Quadrado Médio		
	VCU 26	VCU 27	VCU 28	VCU 26	VCU 27	VCU 28
Blocos/Ambientes	30	26	28	275381,24**	213576,56**	159892,39**
Genótipos (G)	29	29	29	2531346,86**	3855323,16**	4069607,48**
Ambientes (A)	14	12	13	199310689,81**	184870853,68**	163039241,95**
GxA	406	348	377	379431,26**	676533,64**	839026,32**
Resíduo	870	754	812	16669525533,00**	148631,66**	146889,53**
Média	-	-	-	4164,26	3826,66	3708,58
CV (%)	-	-	-	9,80	10,07	10,33

** = significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

APÊNDICE 3 – Resumo da análise de variância para os dados de produção das linhagens e cultivares avaliados em VCUs na safra de 2013/2014.

Fontes de Variação	Grau de Liberdade			Quadrado Médio		
	VCU 3	VCU 4	VCU 11	VCU 3	VCU 4	VCU 11
Blocos/Ambientes	18	16	4	108497,54**	109811,19**	86448,94**
Genótipos (G)	28	28	25	2227655,41**	3277901,41**	10968942,62**
Ambientes (A)	8	7	1	78244190,39**	64825653,31**	50193116,31**
GxA	224	196	25	1198489,61**	1285018,89**	7519944,03**
Resíduo	504	448	100	144624,46**	159959,71**	130699,38**
Média	-	-	-	3356,88	3566,92	3615,97
CV (%)	-	-	-	11,33	11,21	10,00

Fontes de Variação	Grau de Liberdade			Quadrado Médio		
	VCU 21	VCU 22	VCU 24	VCU 21	VCU 22	VCU 24
Blocos/Ambientes	36	36	18	153053,17**	244324,53**	93699,78**
Genótipos (G)	29	28	29	2096898,58**	2146373,29**	11437479,22**
Ambientes (A)	17	17	8	48878720,56**	41742621,82**	71342503,41**
GxA	493	476	232	311659,16**	362393,61**	441693,01**
Resíduo	1044	1008	522	175683,00**	159853,47**	136323,64**
Média	-	-	-	3402,00	3547,34	3245,55
CV (%)	-	-	-	12,32	11,27	11,37

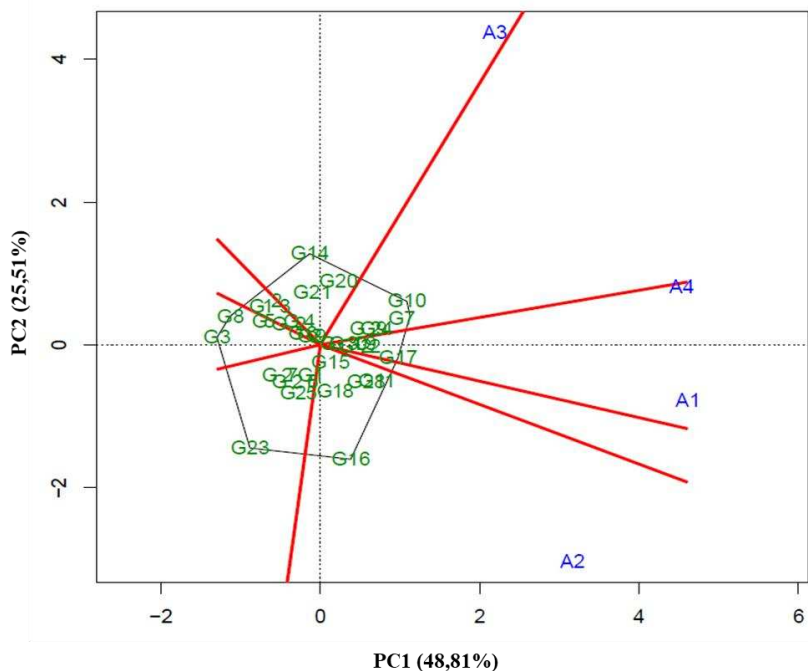
** = significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

APÊNDICE 4 – Resumo da análise de variância para os dados de produção das linhagens e cultivares avaliados em VCUs na safra de 2015/2016.

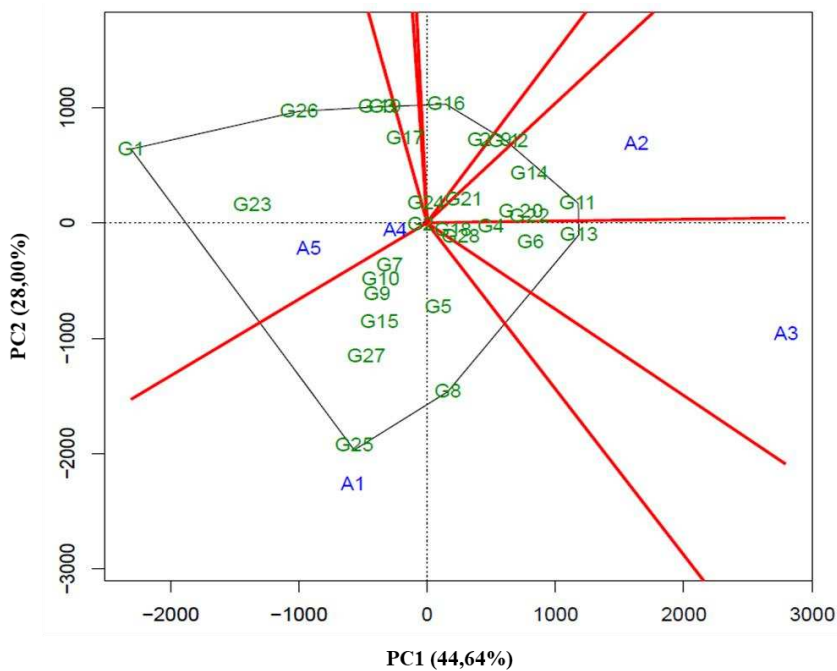
Fontes de Variação	Grau de Liberdade			Quadrado Médio		
	VCU 73	VCU 74	VCU 521	VCU 73	VCU 74	VCU 521
Blocos/Ambientes	20	20	22	542030,77**	403337,39**	537007,40**
Genótipos (G)	27	27	28	2704775,23**	664602,58**	3608248,14**
Ambientes (A)	9	9	10	46205762,99**	41873982,92**	83912518,04**
GxA	243	243	280	732431,69**	302034,84**	390564,99**
Resíduo	540	540	616	367320,99**	174210,57**	172916,67**
Média	-	-	-	4017,05	4287,16	4023,57
CV (%)	-	-	-	15,09	9,74	10,33
Fontes de Variação	Grau de Liberdade			Quadrado Médio		
	VCU 522	VCU 721	VCU 722	VCU 522	VCU 721	VCU 722
Blocos/Ambientes	22	38	38	352030,00**	237.26,49**	274640,66**
Genótipos (G)	28	29	29	691566,73**	1615318,01**	1843959,96**
Ambientes (A)	10	18	18	65404959,81**	37582880,61**	41180269,17**
GxA	280	522	522	561361,92**	368385,71**	352259,47**
Resíduo	616	1102	1102	249288,42**	161612,02**	169726,12**
Média	-	-	-	4108,66**	4089,87	4109,89
CV (%)	-	-	-	12,15**	9,83	10,02

** = significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

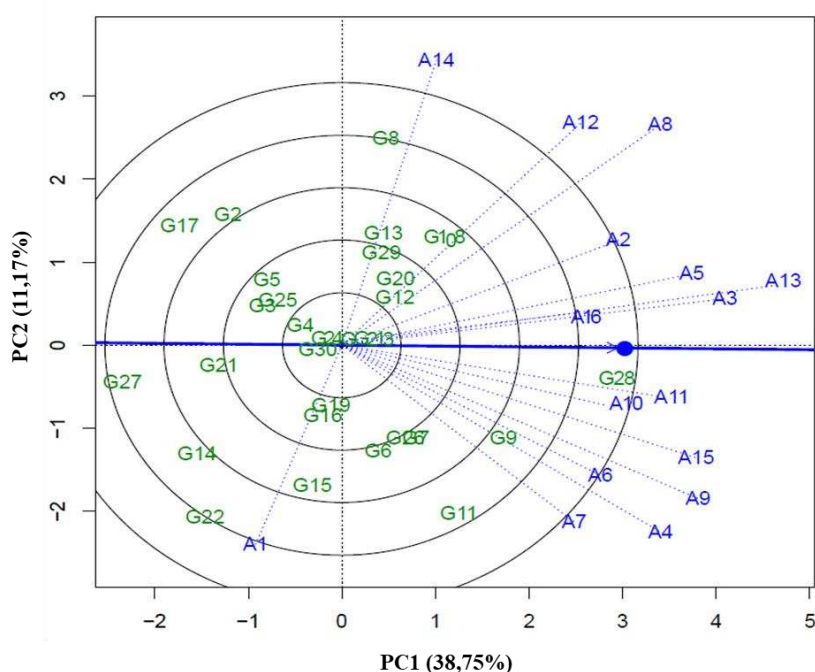
APÊNDICE 5 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 1 da safra 2011/2012.



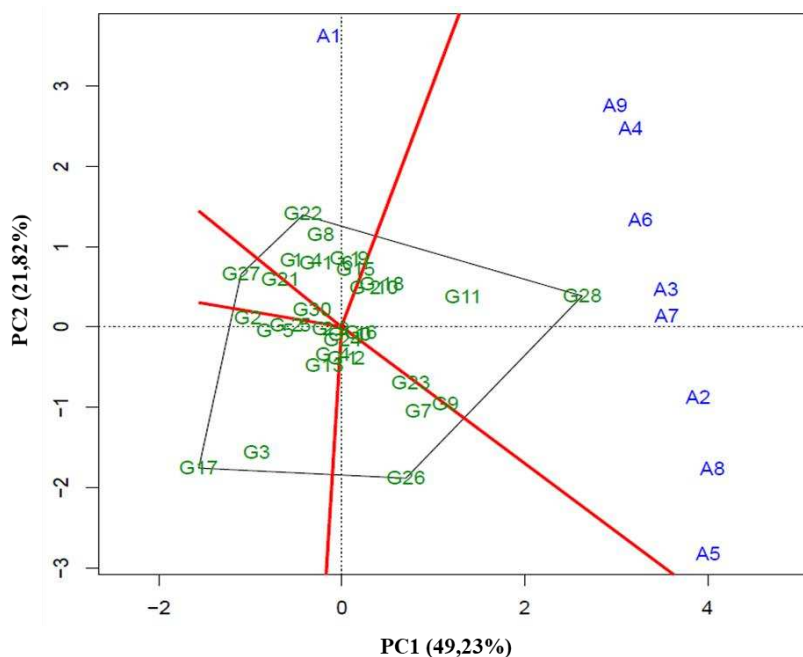
APÊNDICE 6 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 11 da safra 2011/2012.



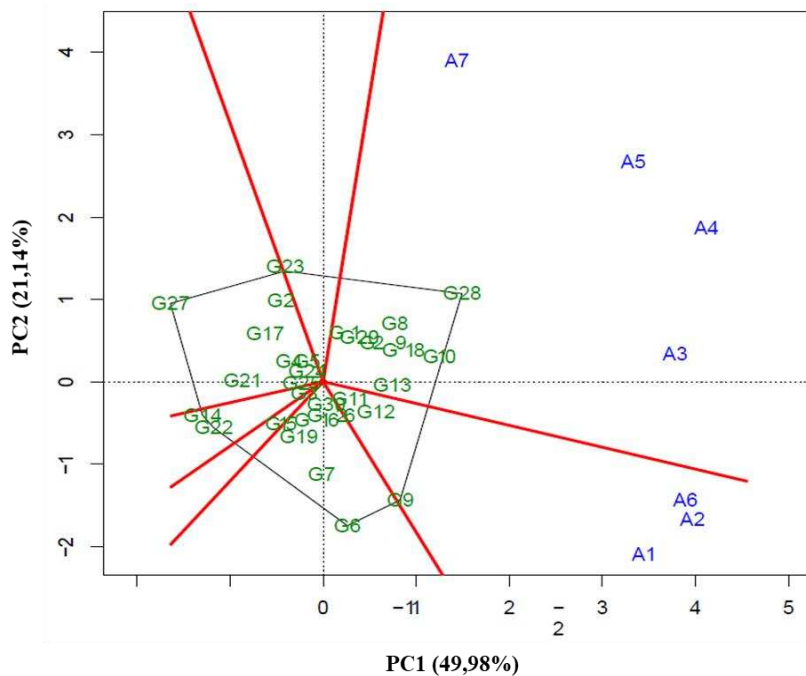
APÊNDICE 7 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 21 da safra 2011/2012.



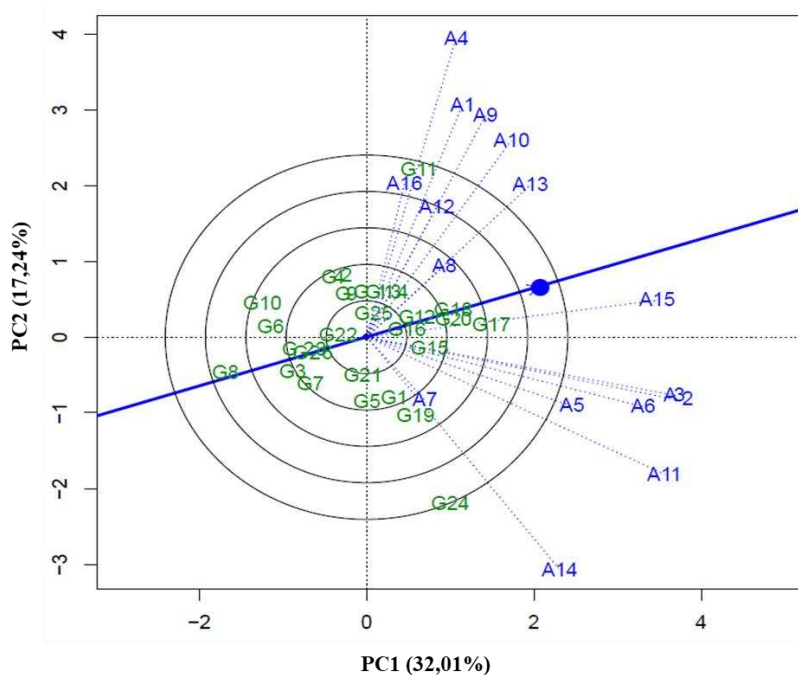
APÊNDICE 8 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 21 – GR(1) da safra 2011/2012.



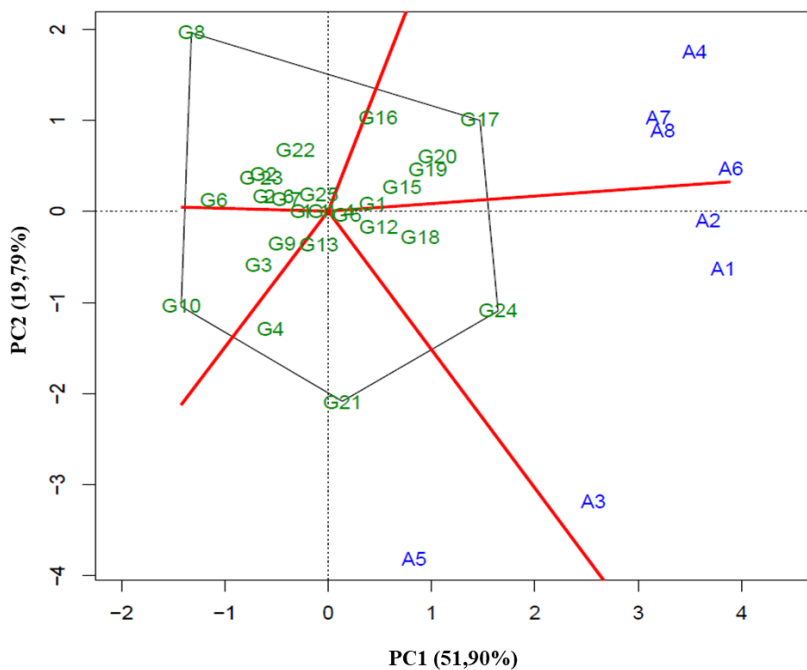
APÊNDICE 9 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 21 – GR(2) da safra 2011/2012.



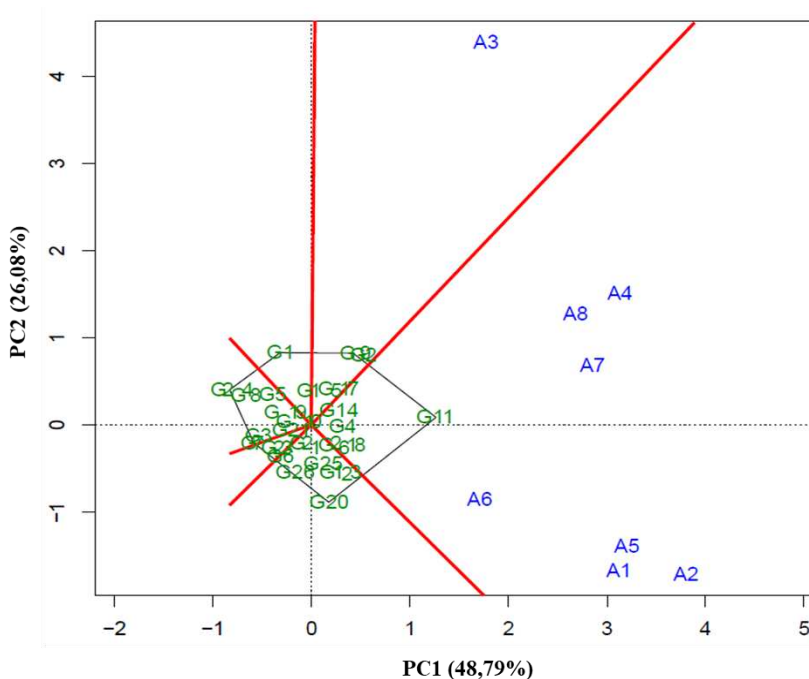
APÊNDICE 10 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 22 da safra 2011/2012.



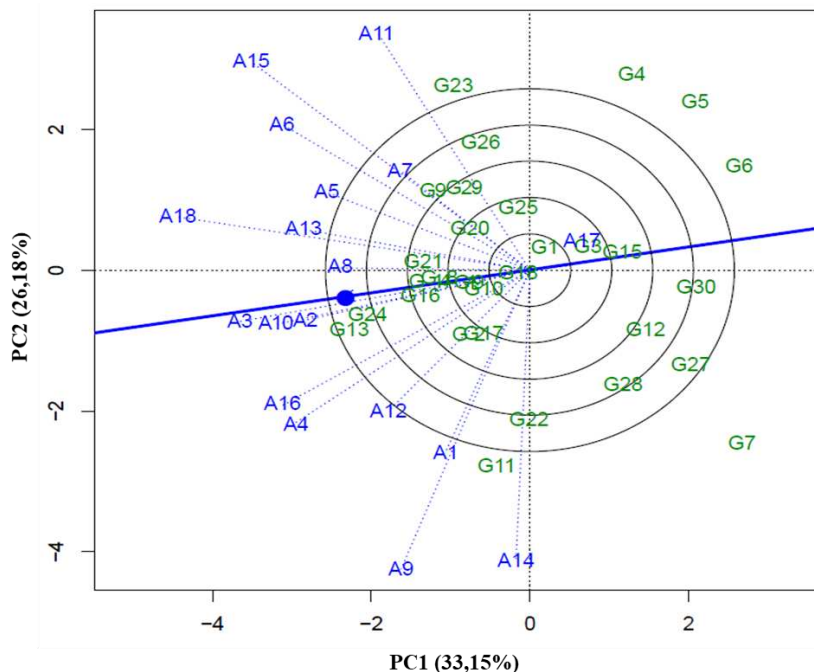
APÊNDICE 11 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 22 – GR(1) da safra 2011/2012.



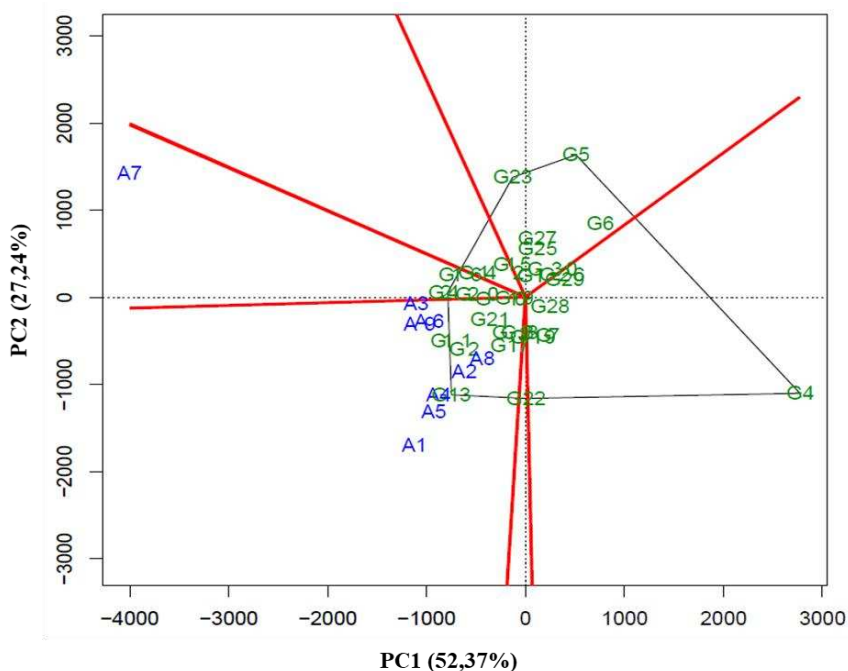
APÊNDICE 12 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 22 – GR(2) da safra 2011/2012.



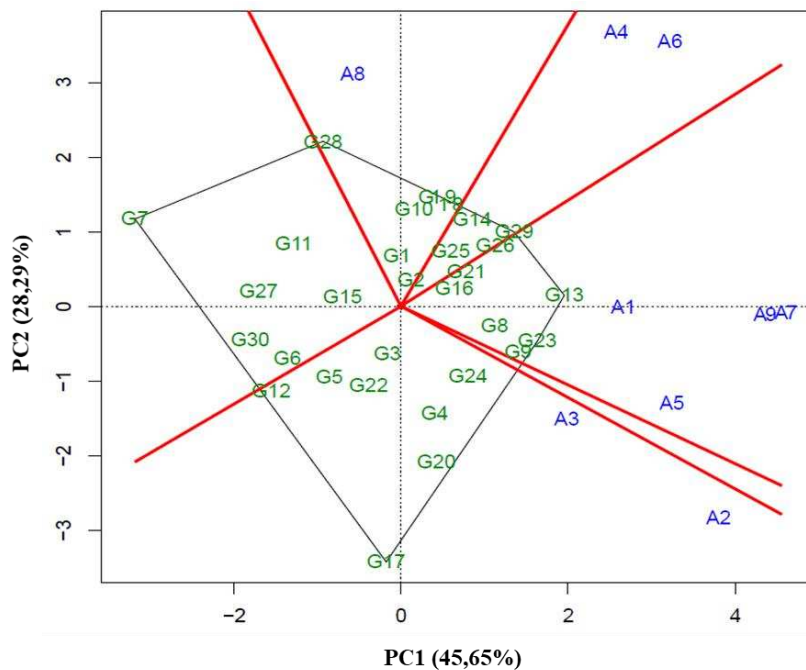
APÊNDICE 13 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 23 da safra 2011/2012.



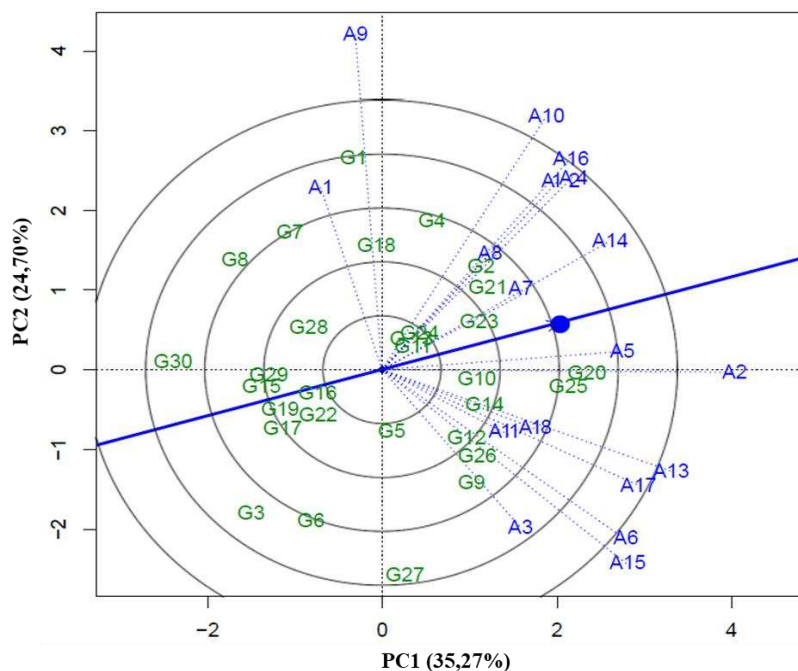
APÊNDICE 14 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 23 – GR(1) da safra 2011/2012.



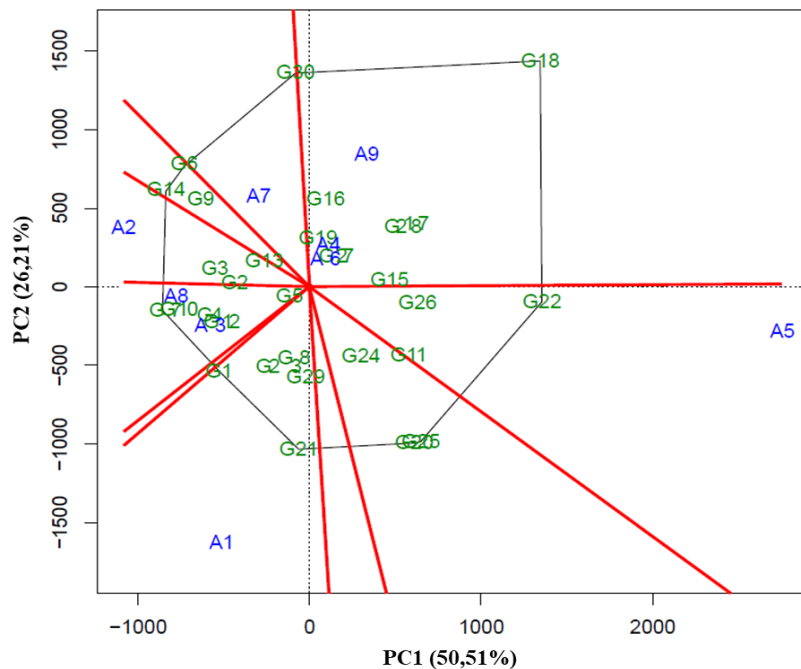
APÊNDICE 15 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 23 – GR(2) da safra 2011/2012.



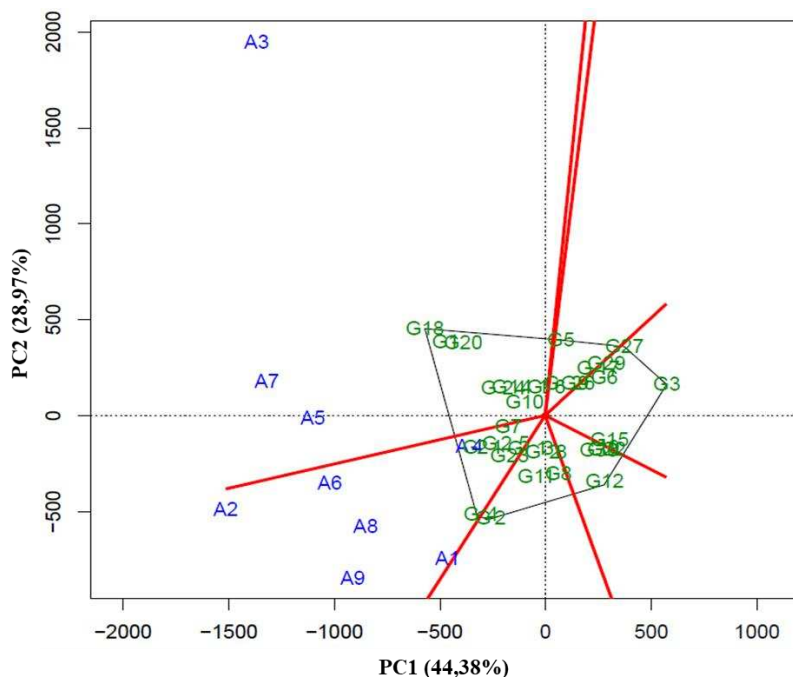
APÊNDICE 16 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 24 da safra 2011/2012.



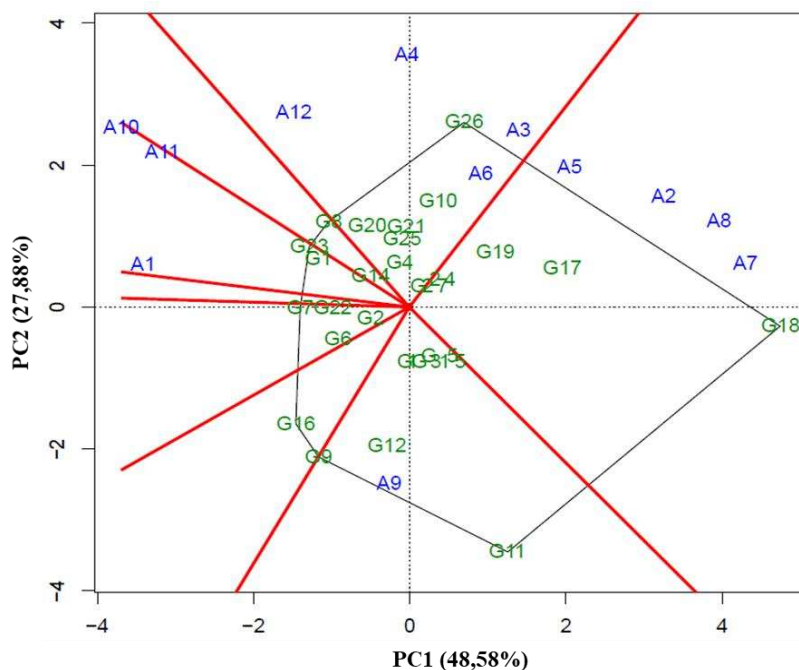
APÊNDICE 17 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 24 – GR(1) da safra 2011/2012.



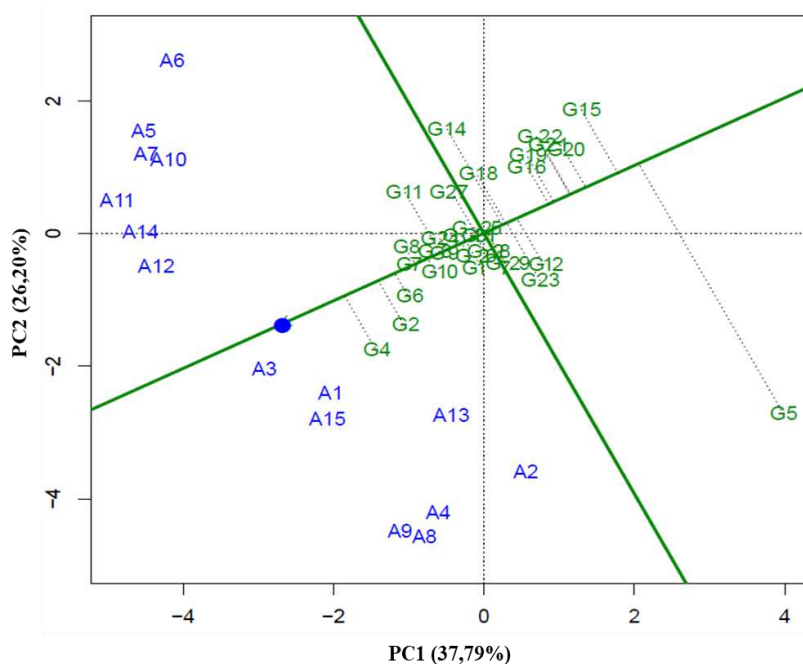
APÊNDICE 18 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 24 – GR(2) da safra 2011/2012.



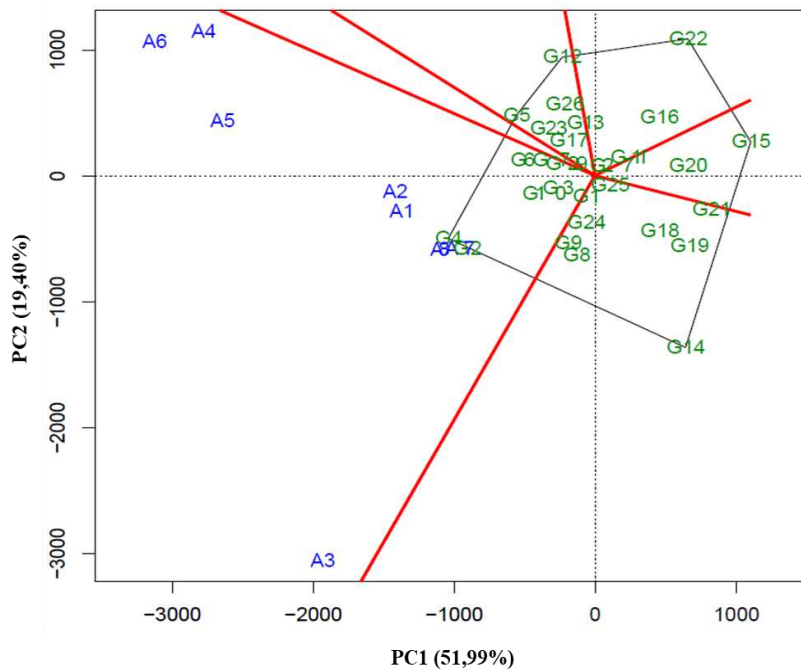
APÊNDICE 19 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 25 da safra 2011/2012.



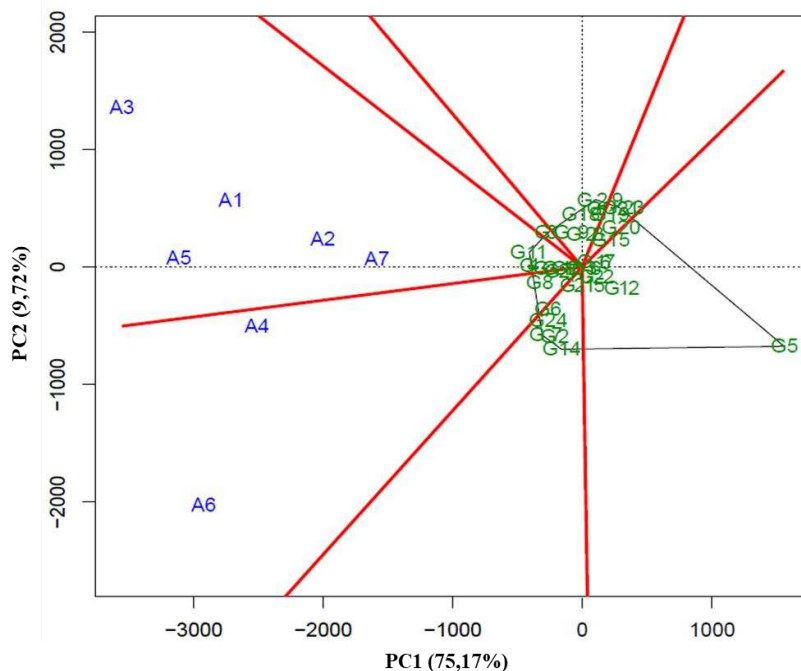
APÊNDICE 20 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 121 da safra 2011/2012.



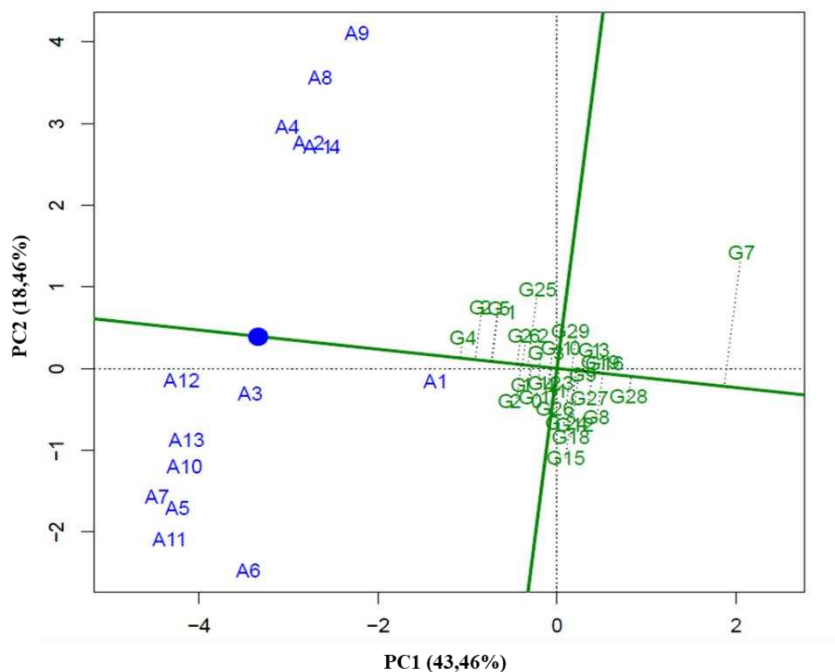
APÊNDICE 21 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 121 – GR(1) da safra 2011/2012.



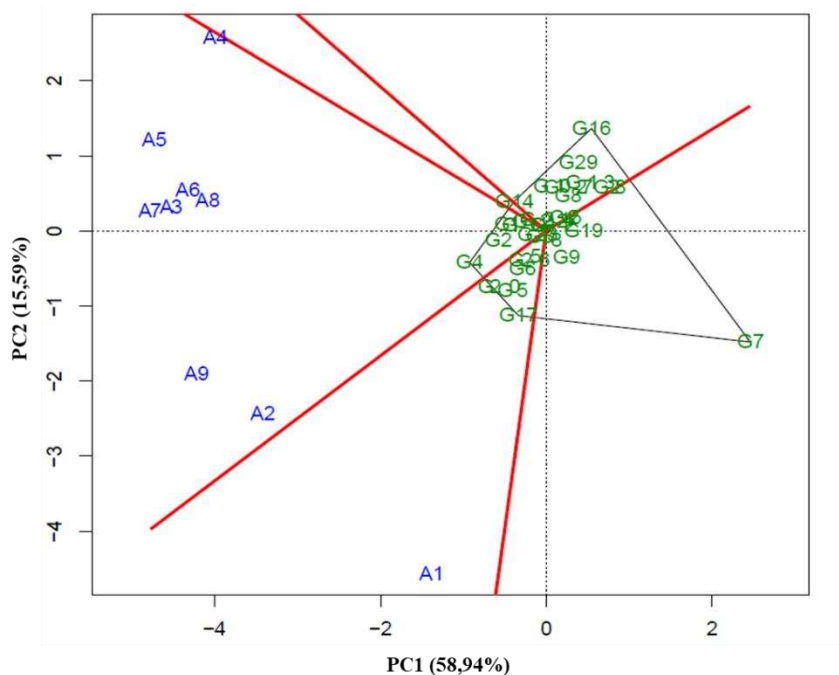
APÊNDICE 22 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 121 – GR(2) da safra 2011/2012.



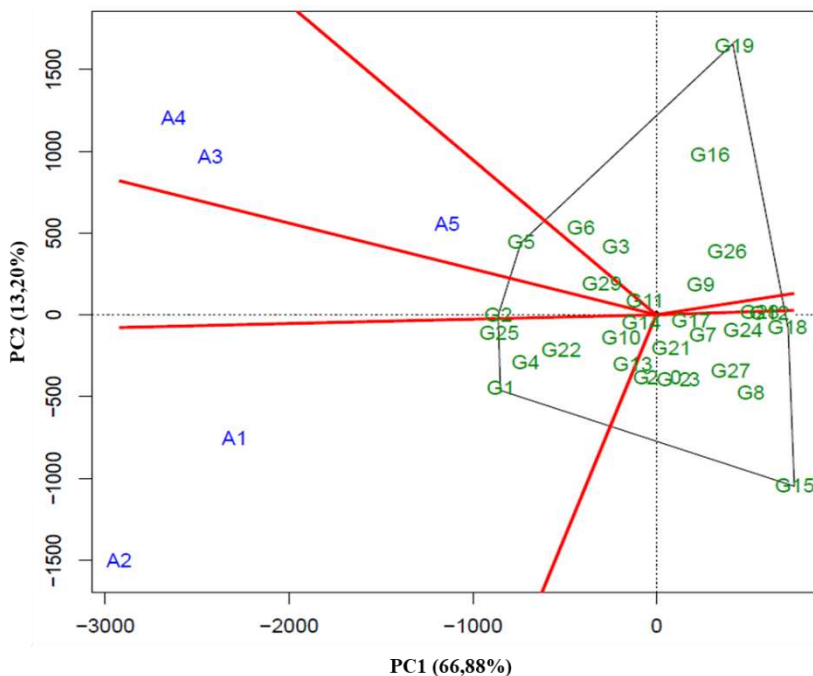
APÊNDICE 23 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 122 da safra 2011/2012.



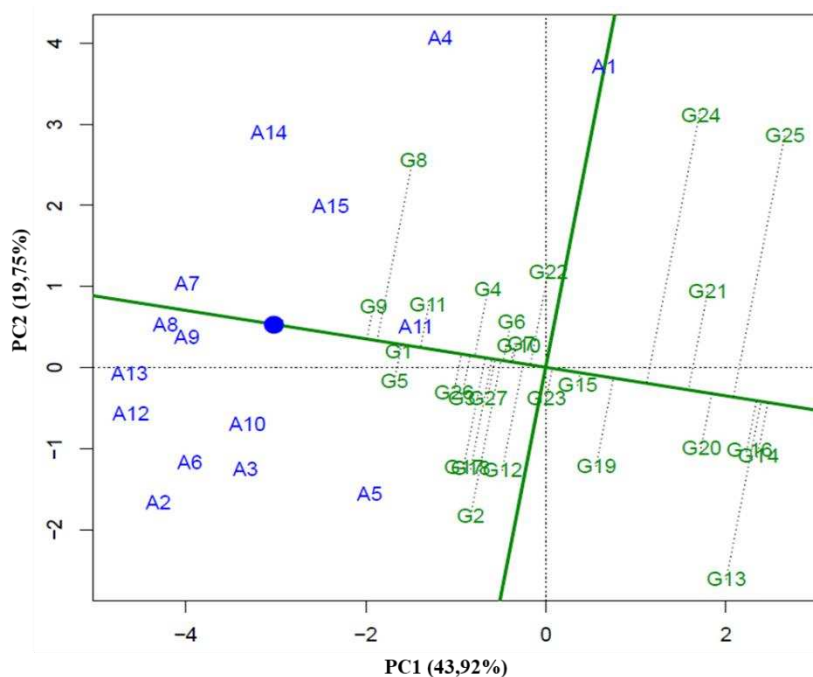
APÊNDICE 24 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 122 – GR(1) da safra 2011/2012.



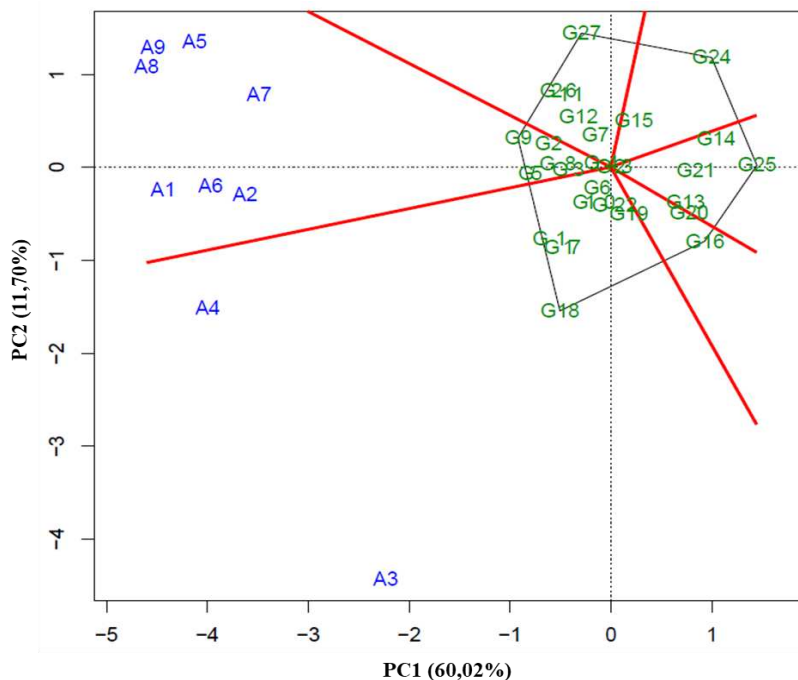
APÊNDICE 25 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 122 – GR(2) da safra 2011/2012.



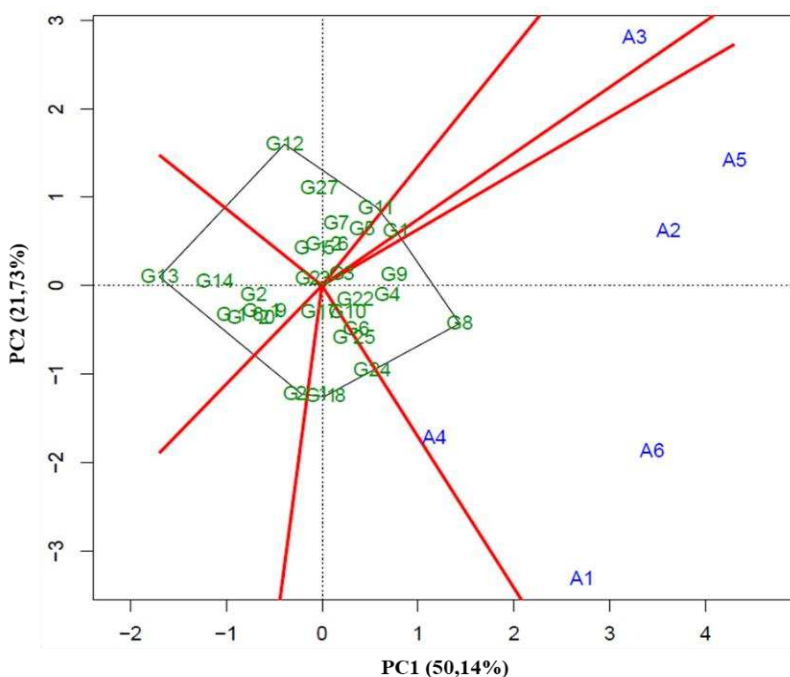
APÊNDICE 26 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 123 da safra 2011/2012.



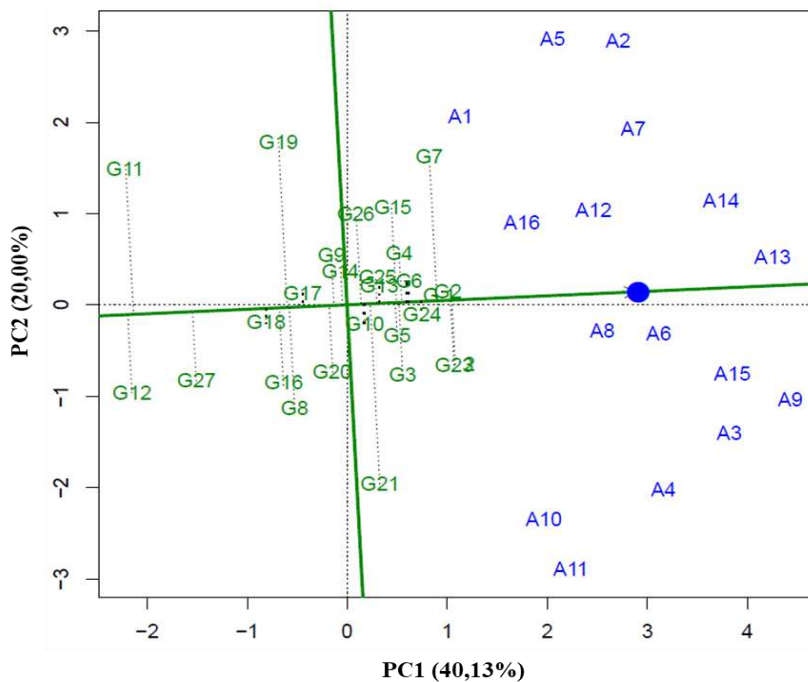
APÊNDICE 27 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 123 – GR(1) da safra 2011/2012.



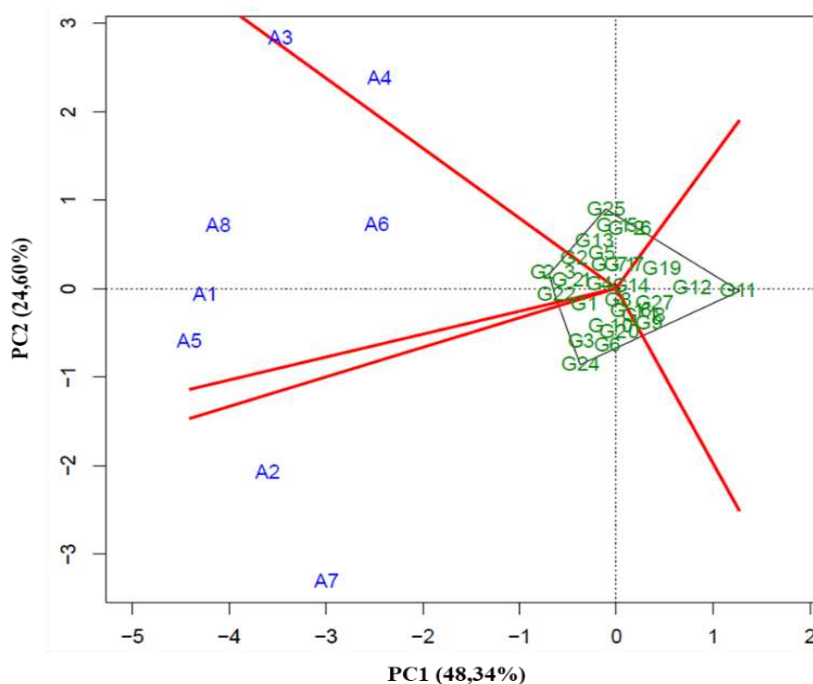
APÊNDICE 28 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 123 – GR(2) da safra 2011/2012.



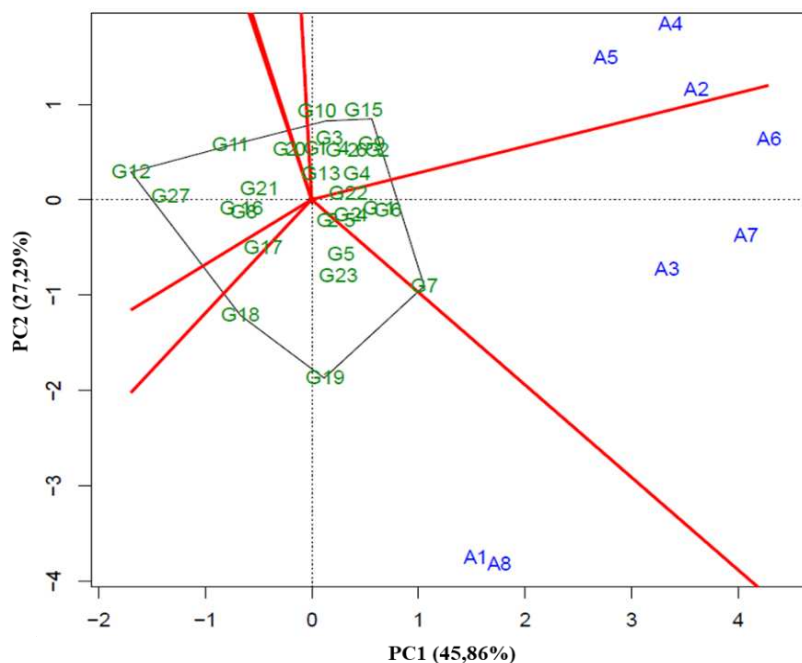
APÊNDICE 29 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 124 da safra 2011/2012.



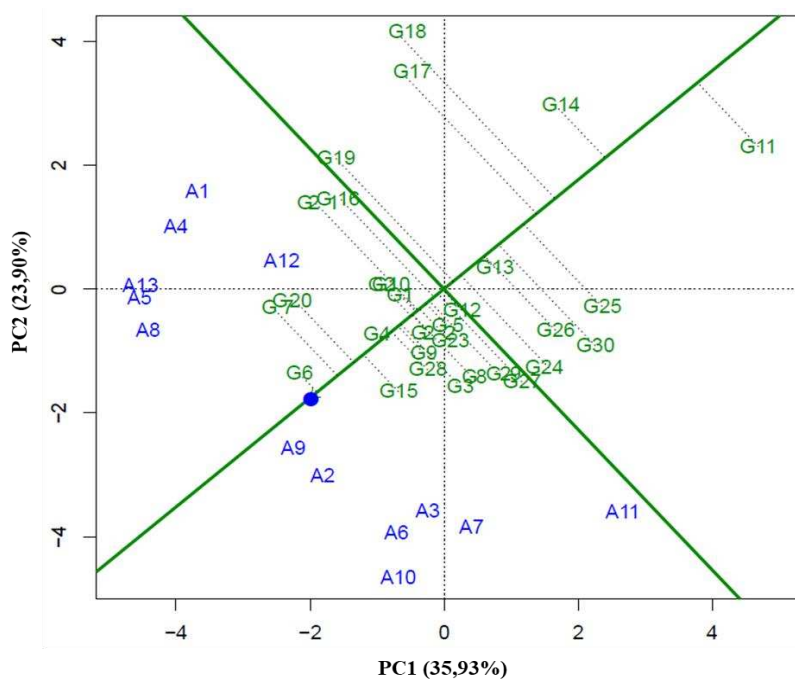
APÊNDICE 30 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 124 – GR(1) da safra 2011/2012.



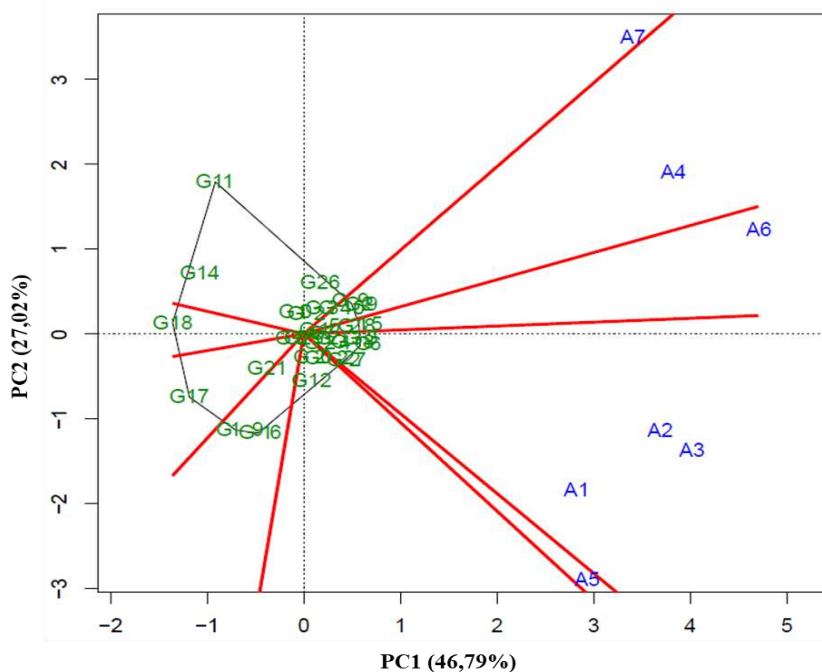
APÊNDICE 31 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 124 – GR(2) da safra 2011/2012.



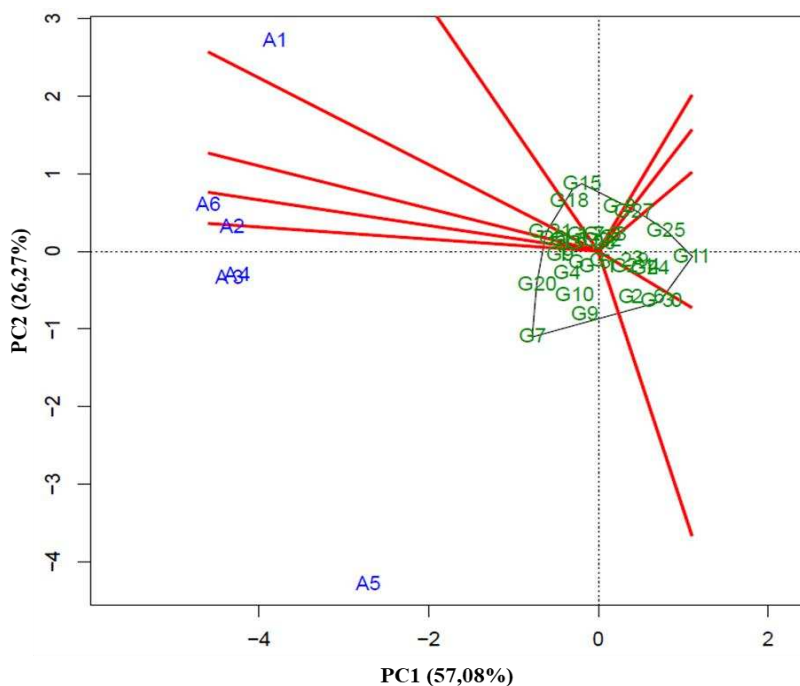
APÊNDICE 32 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 125 da safra 2011/2012.



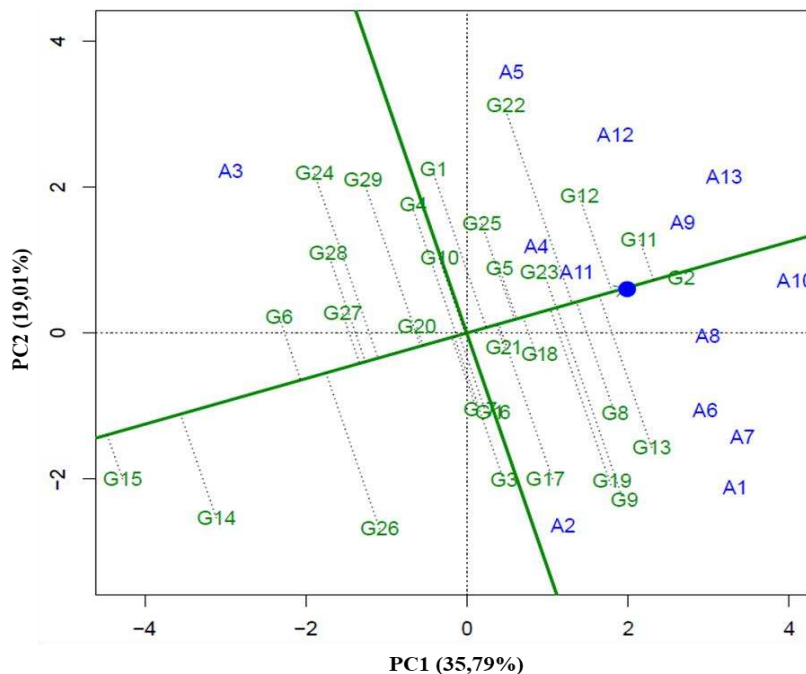
APÊNDICE 33 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 125 – GR(1) da safra 2011/2012.



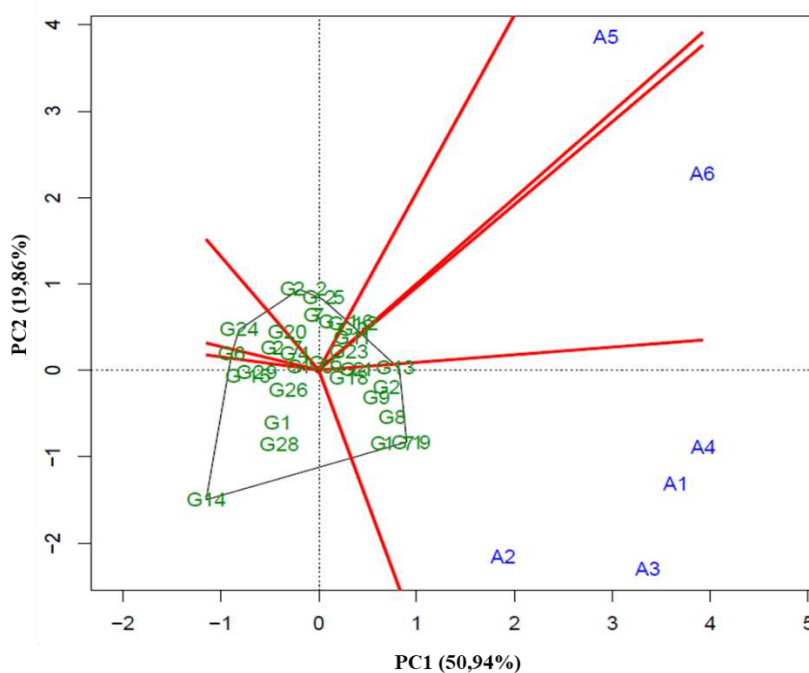
APÊNDICE 34 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 125 – GR(2) da safra 2011/2012.



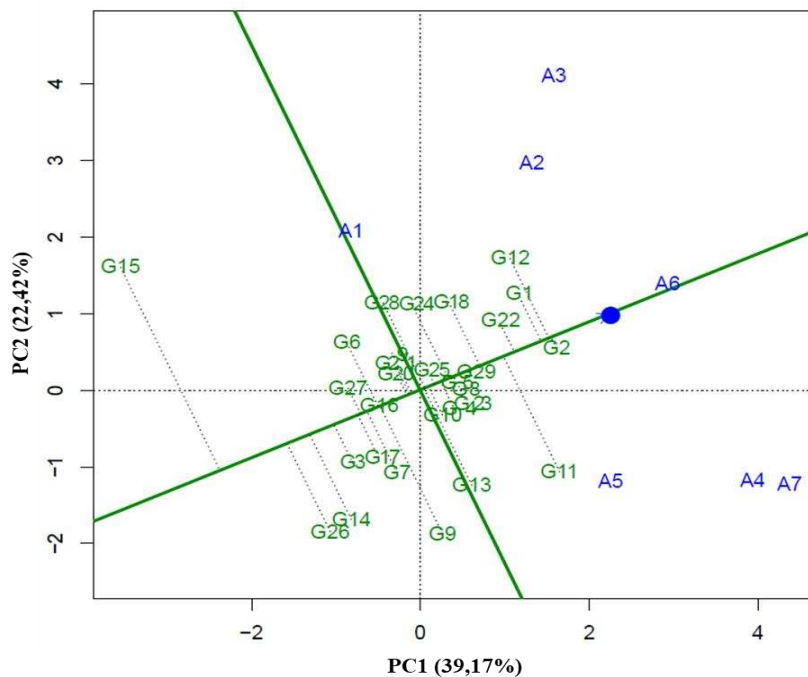
APÊNDICE 35 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 126 da safra 2011/2012.



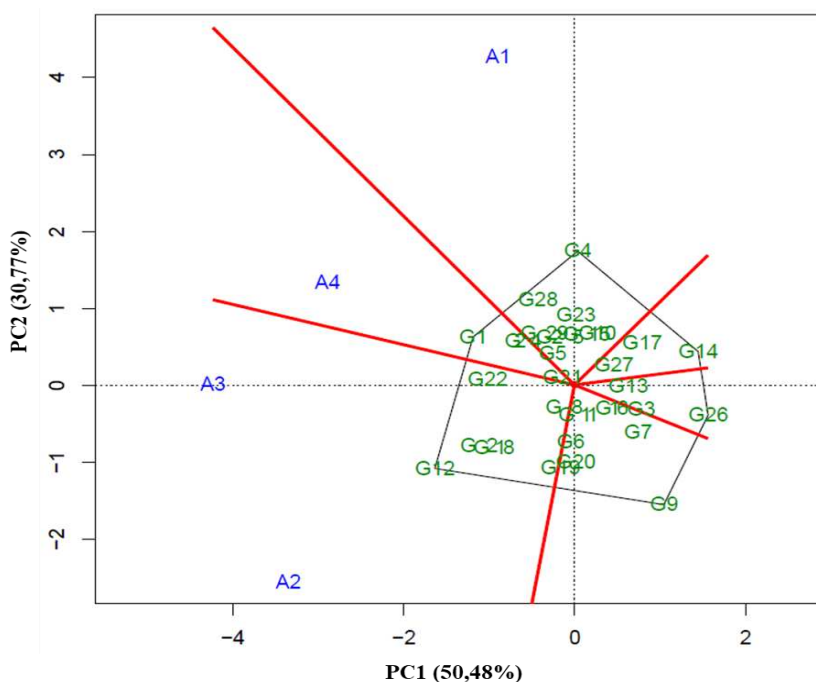
APÊNDICE 36 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 126 – GR(1) da safra 2011/2012.



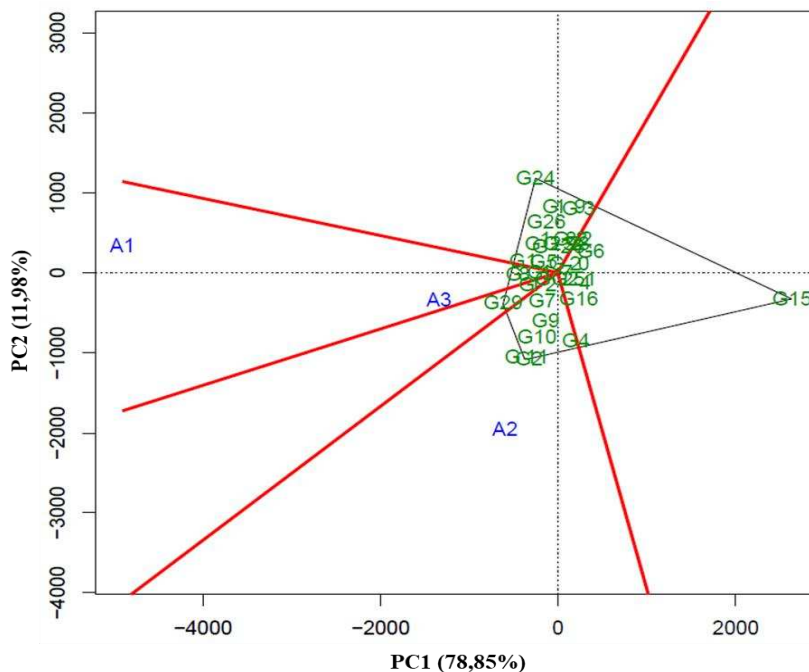
APÊNDICE 37 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 126 – GR(2) da safra 2011/2012.



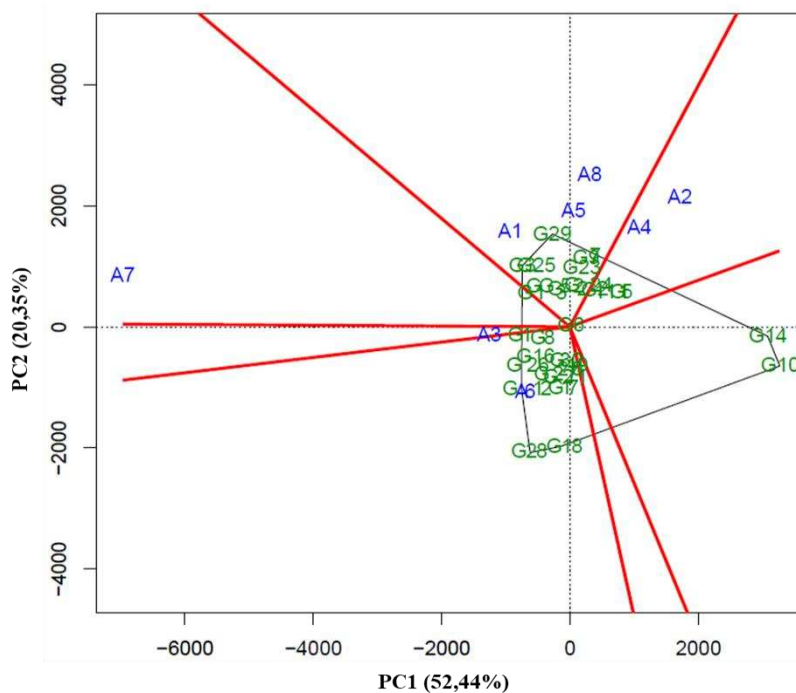
APÊNDICE 38 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 126 – GR(2 - 1) da safra 2011/2012.



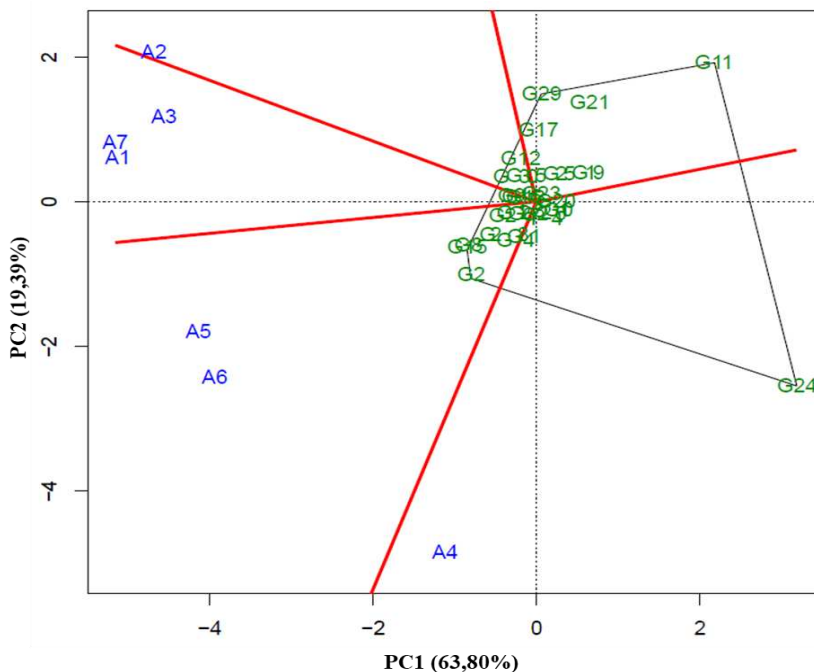
APÊNDICE 39 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 126 – GR(2 - 2) da safra 2011/2012.



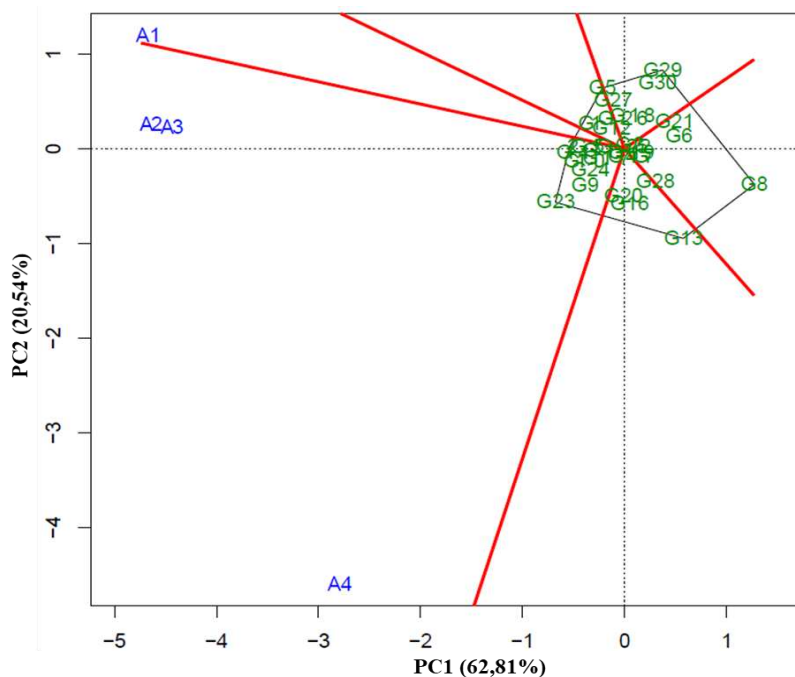
APÊNDICE 40 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 2 da safra 2012/2013.



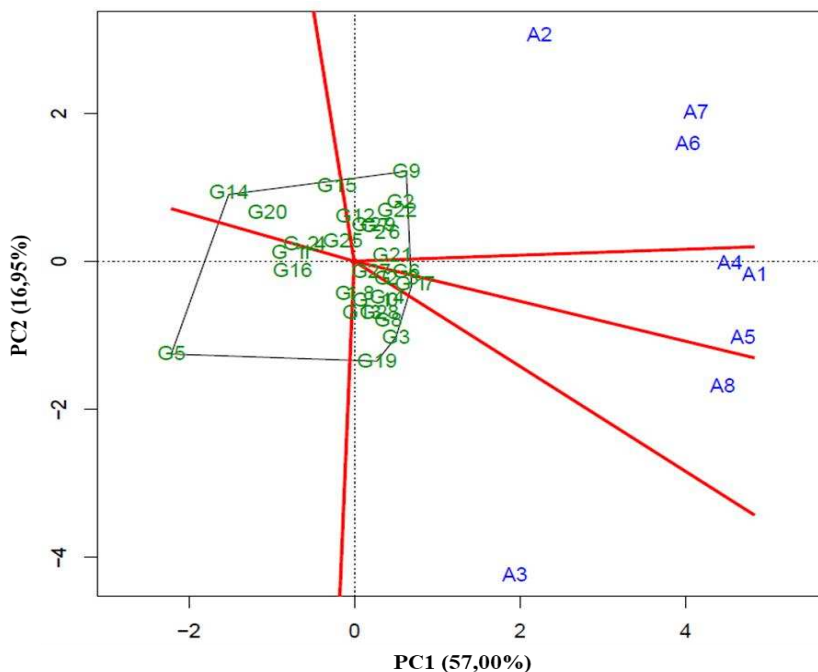
APÊNDICE 41 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 11 da safra 2012/2013.



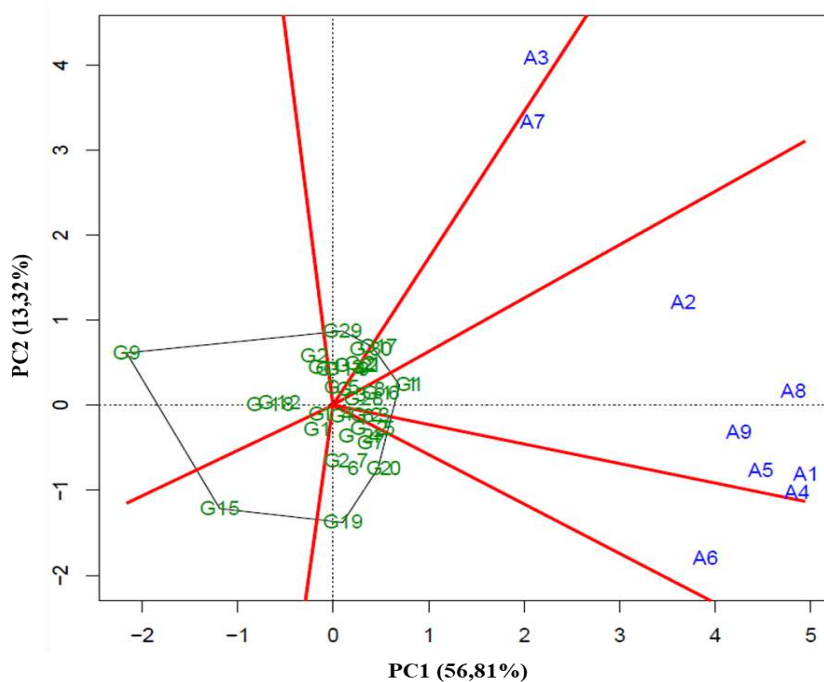
APÊNDICE 42 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 15 da safra 2012/2013.



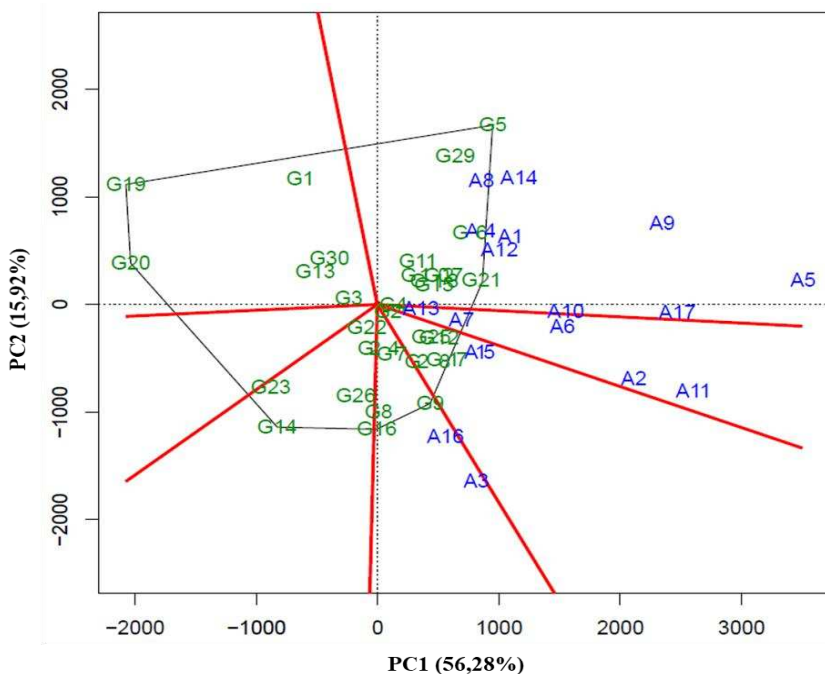
APÊNDICE 43 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 21 da safra 2012/2013.



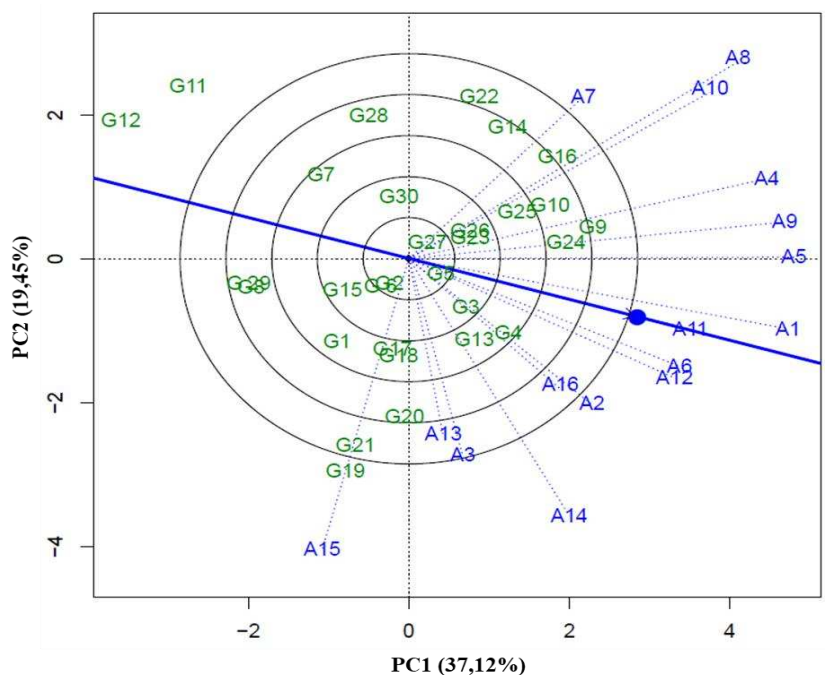
APÊNDICE 44 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 22 da safra 2012/2013.



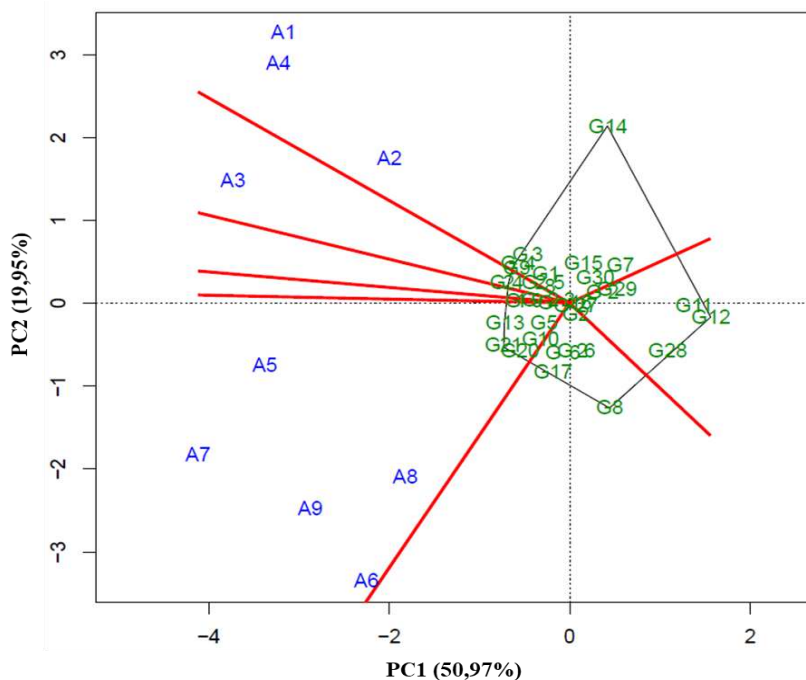
APÊNDICE 45 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 23 da safra 2012/2013.



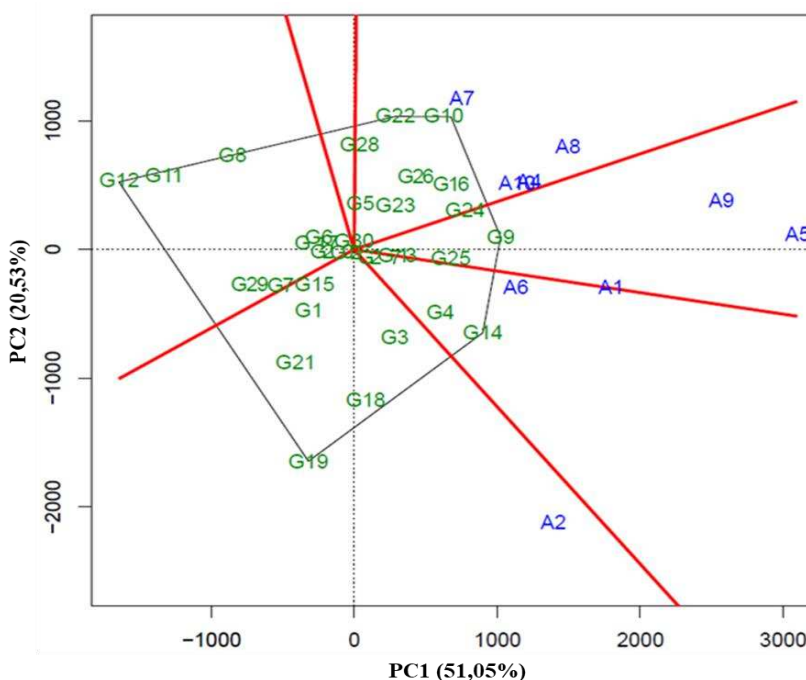
APÊNDICE 46 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 24 da safra 2012/2013.



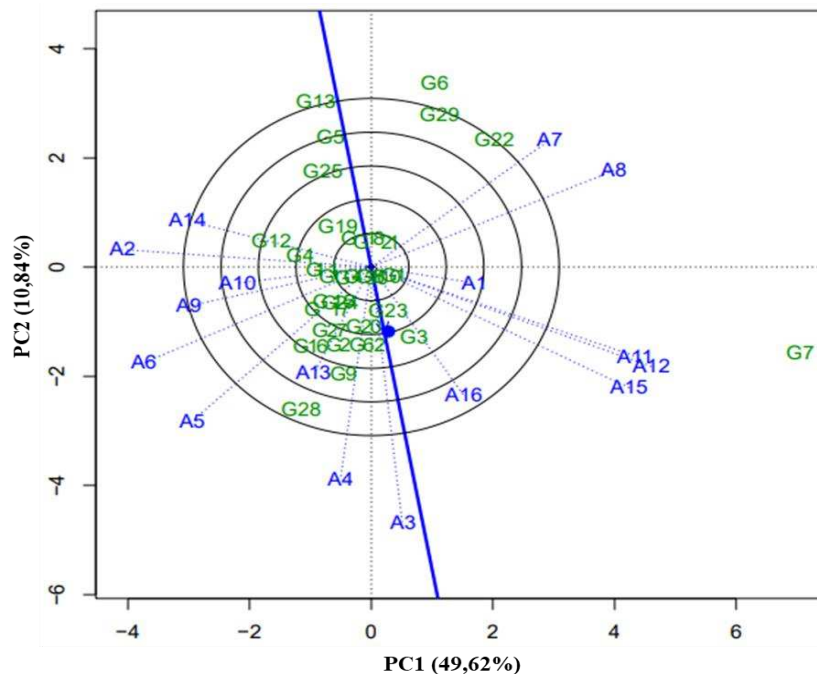
APÊNDICE 47 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 24 – GR(1) da safra 2012/2013.



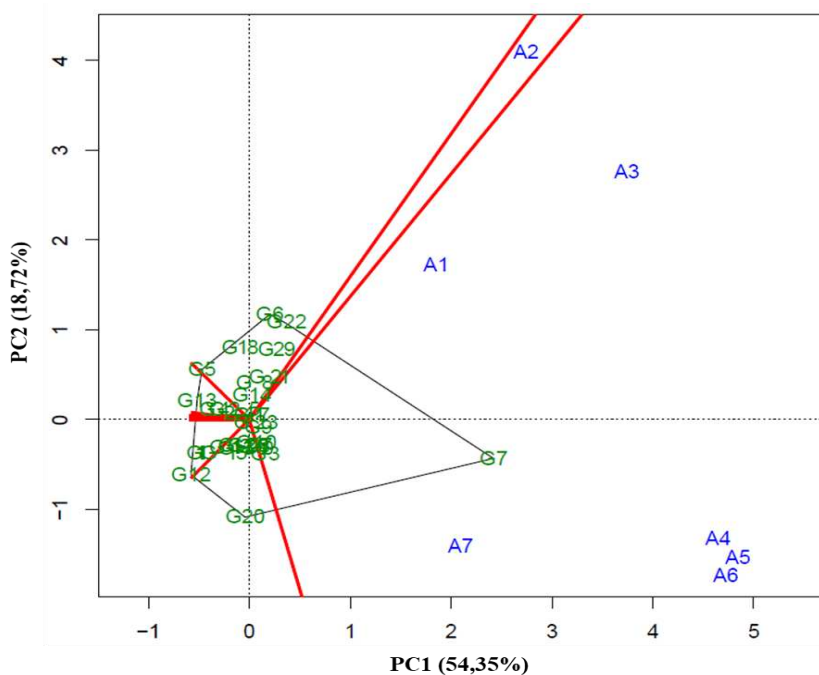
APÊNDICE 48 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 24 – GR(2) da safra 2012/2013.



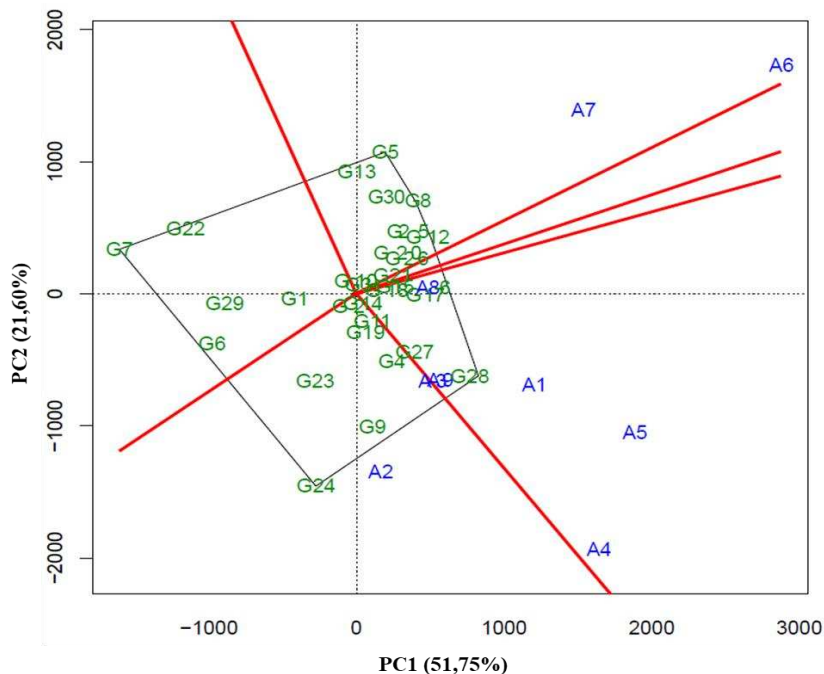
APÊNDICE 49 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 25 da safra 2012/2013.



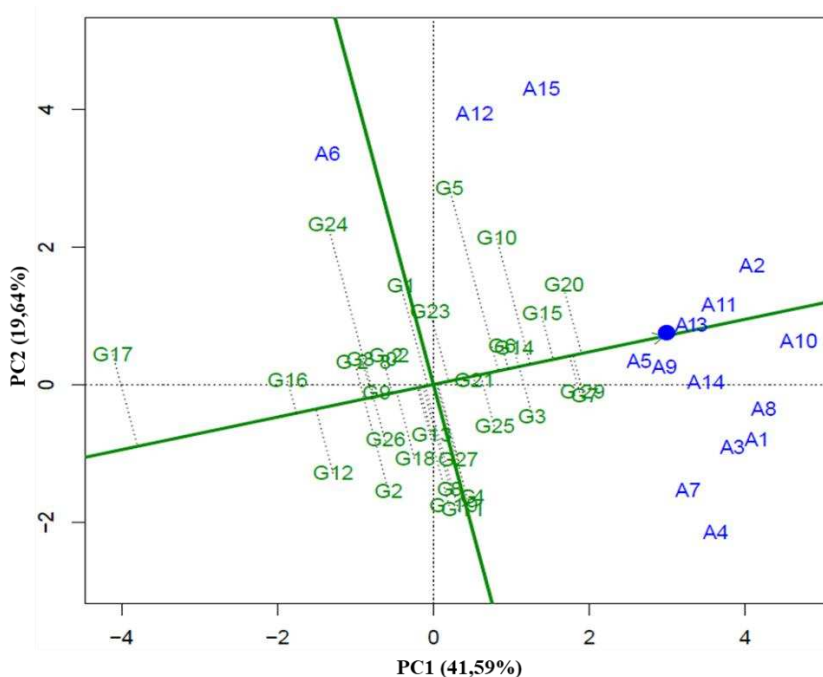
APÊNDICE 50 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 25 – GR(1) da safra 2012/2013.



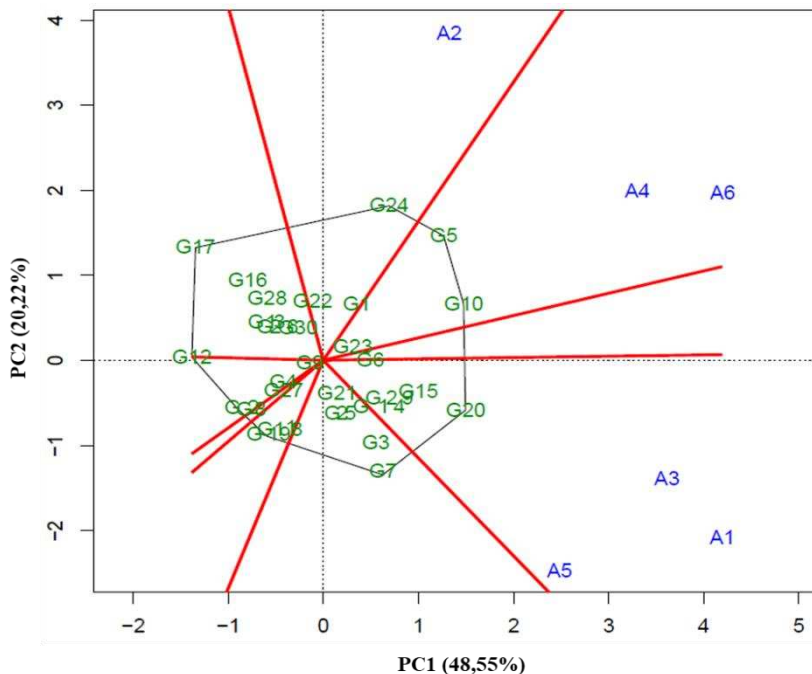
APÊNDICE 51 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 25 – GR(2) da safra 2012/2013.



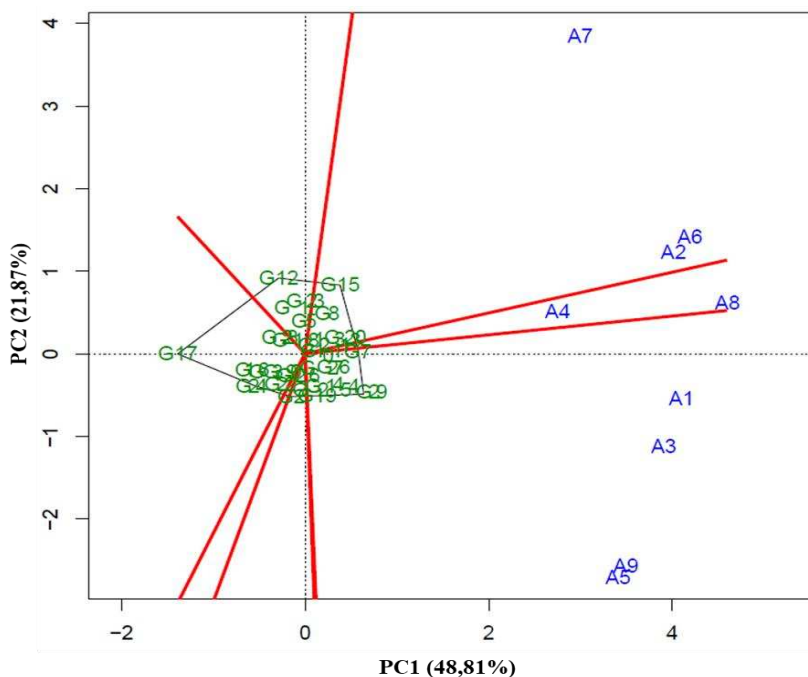
APÊNDICE 52 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 26 da safra 2012/2013.



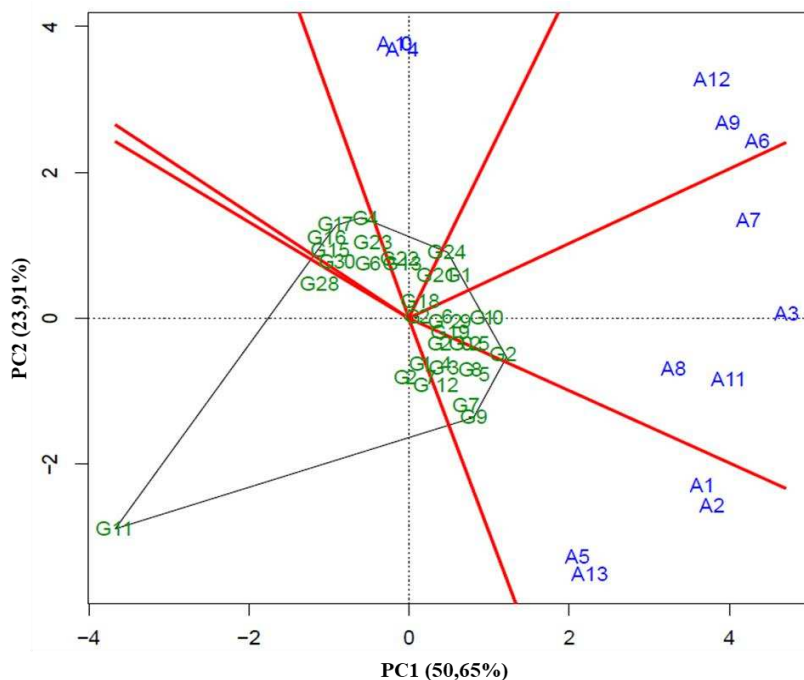
APÊNDICE 53 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 26 – GR(1) da safra 2012/2013.



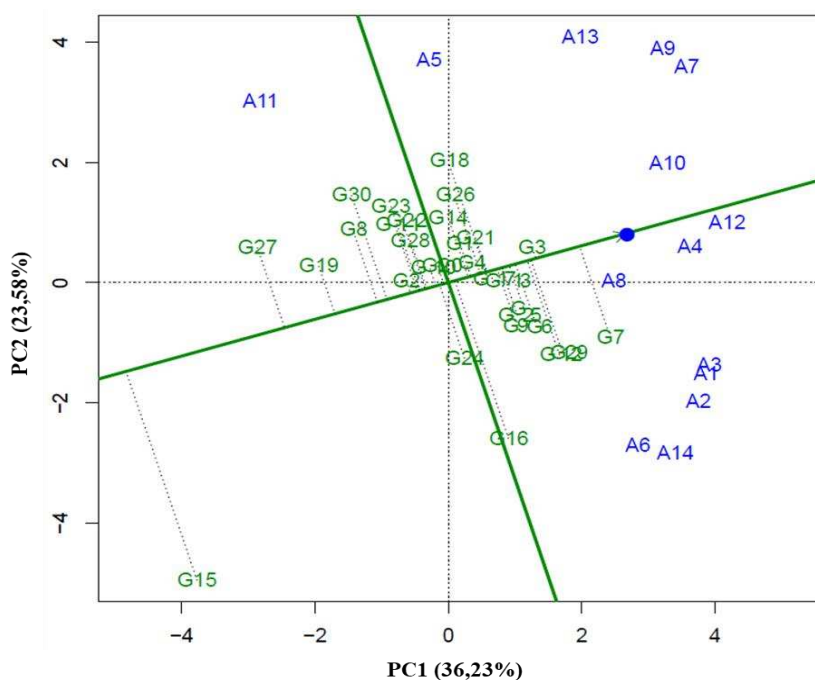
APÊNDICE 54 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 26 – GR(2) da safra 2012/2013.



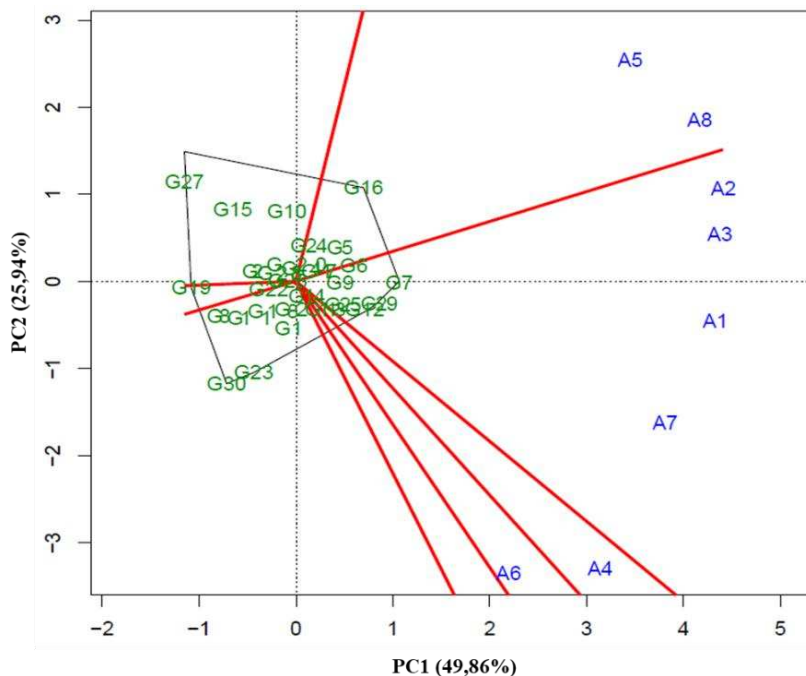
APÊNDICE 55 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 27 da safra 2012/2013.



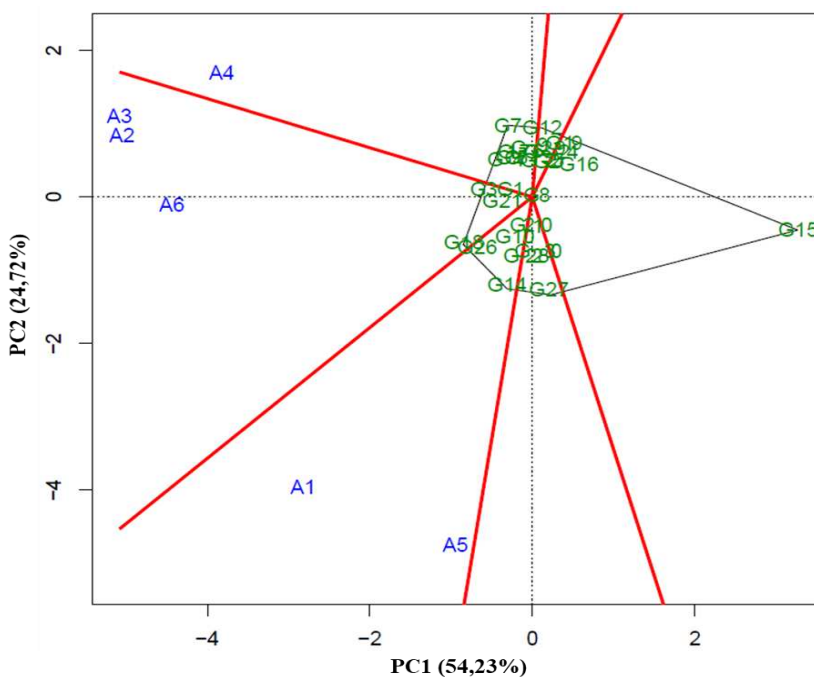
APÊNDICE 56 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 28 da safra 2012/2013.



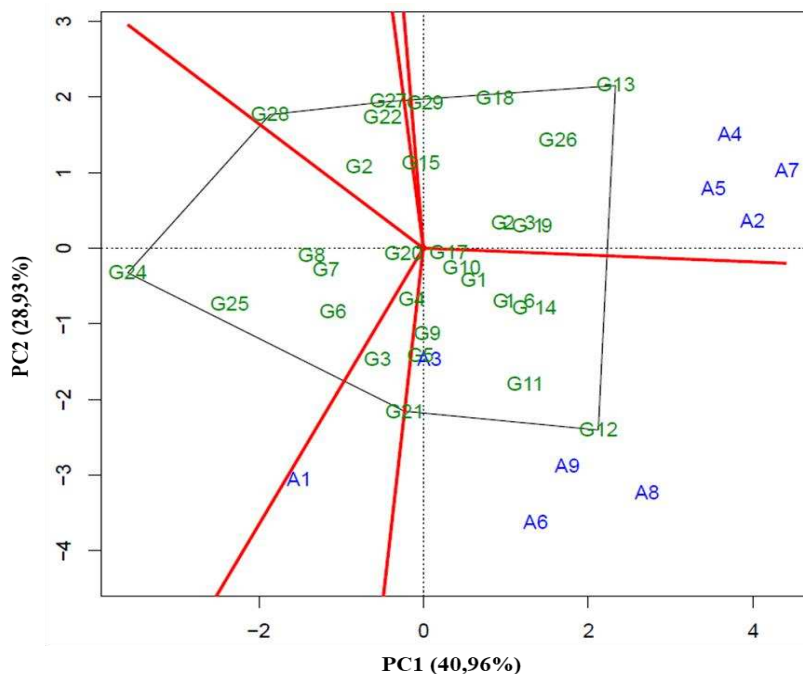
APÊNDICE 57 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 28 – GR(1) da safra 2012/2013.



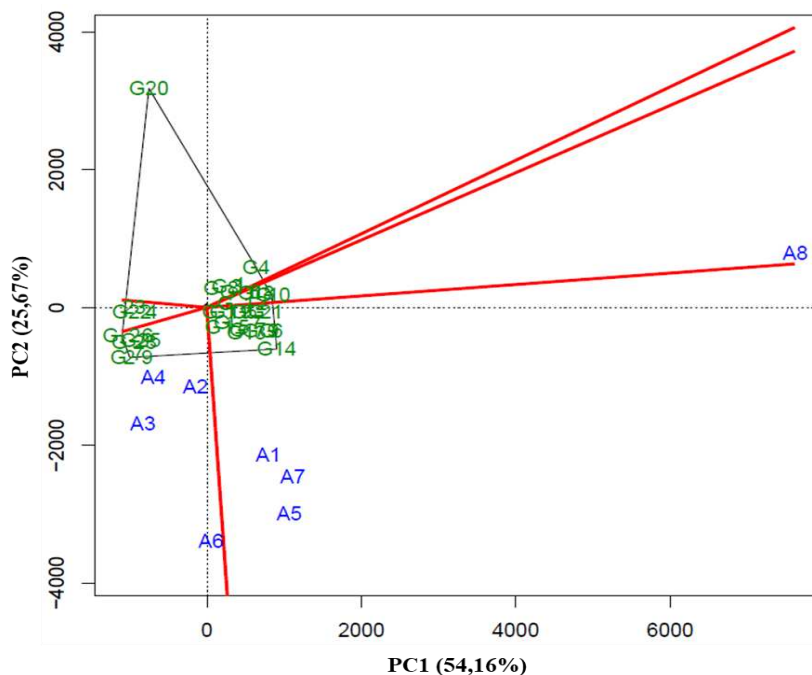
APÊNDICE 58 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 28 – GR(2) da safra 2012/2013.



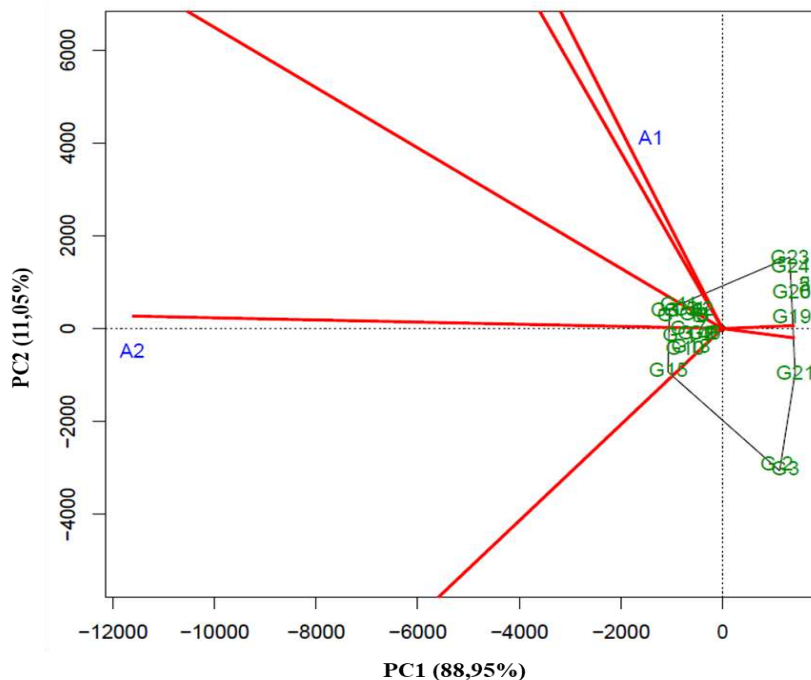
APÊNDICE 59 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 3 da safra 2013/2014.



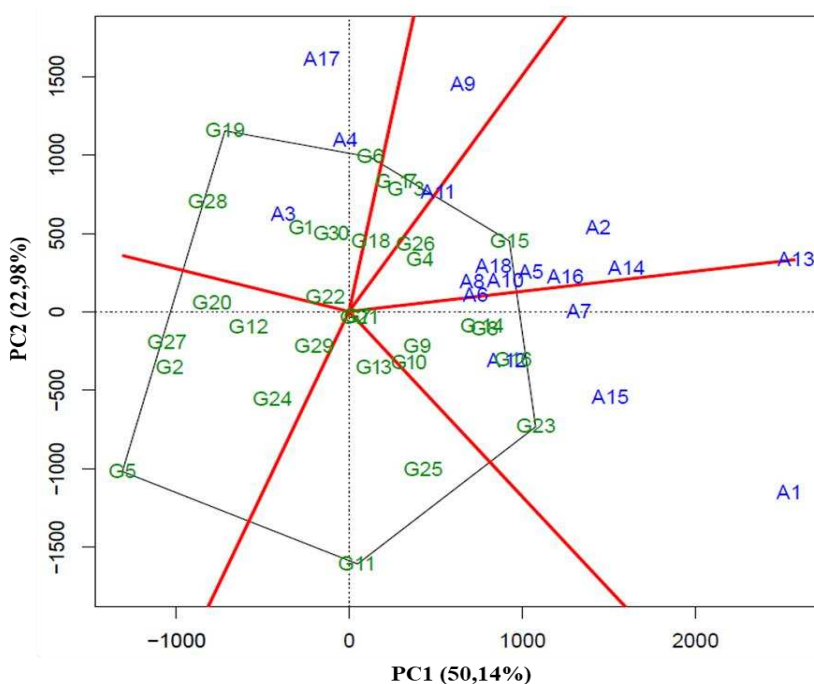
APÊNDICE 60 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 4 da safra 2013/2014.



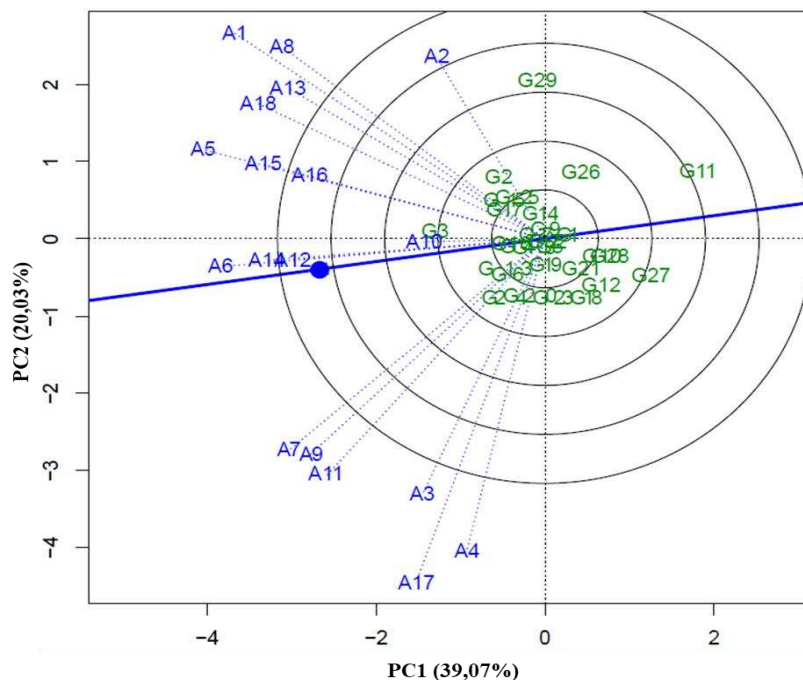
APÊNDICE 61 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 11 da safra 2013/2014.



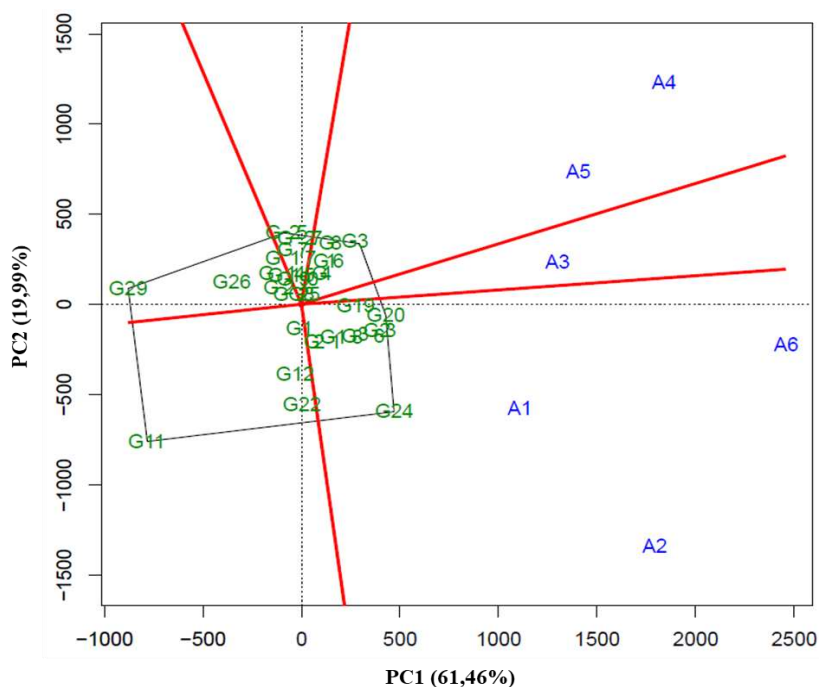
APÊNDICE 62 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 21 da safra 2013/2014.



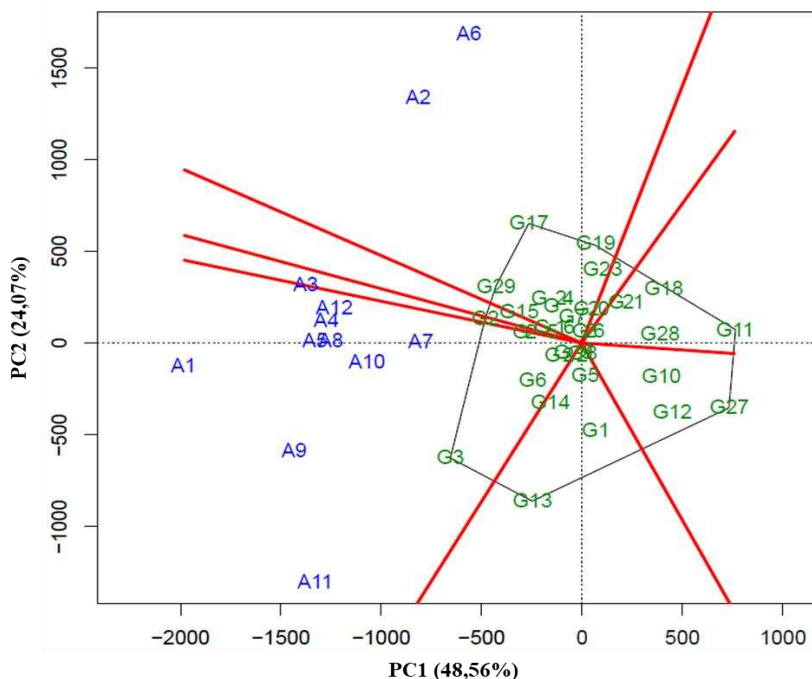
APÊNDICE 63 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 22 da safra 2013/2014.



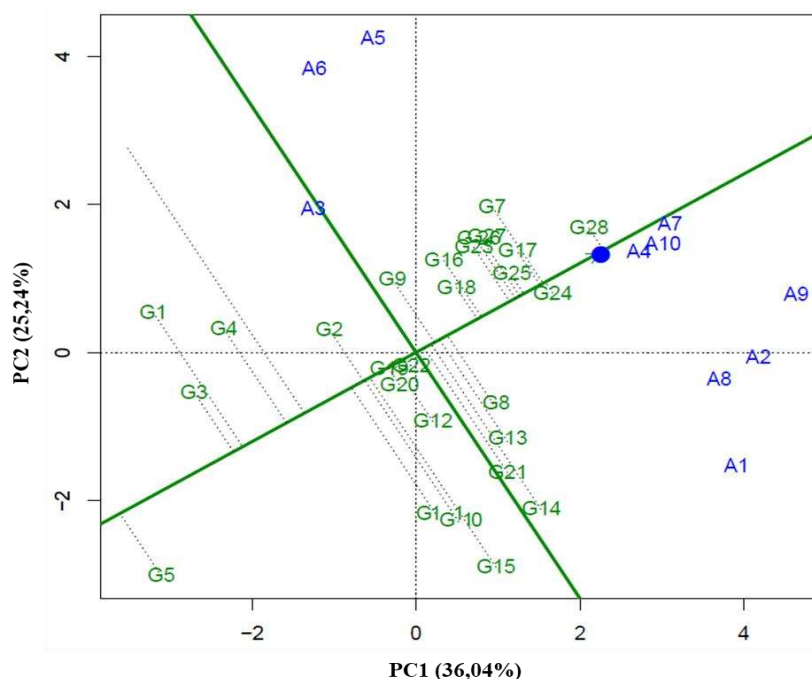
APÊNDICE 64 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 22 – GP(1) da safra 2013/2014.



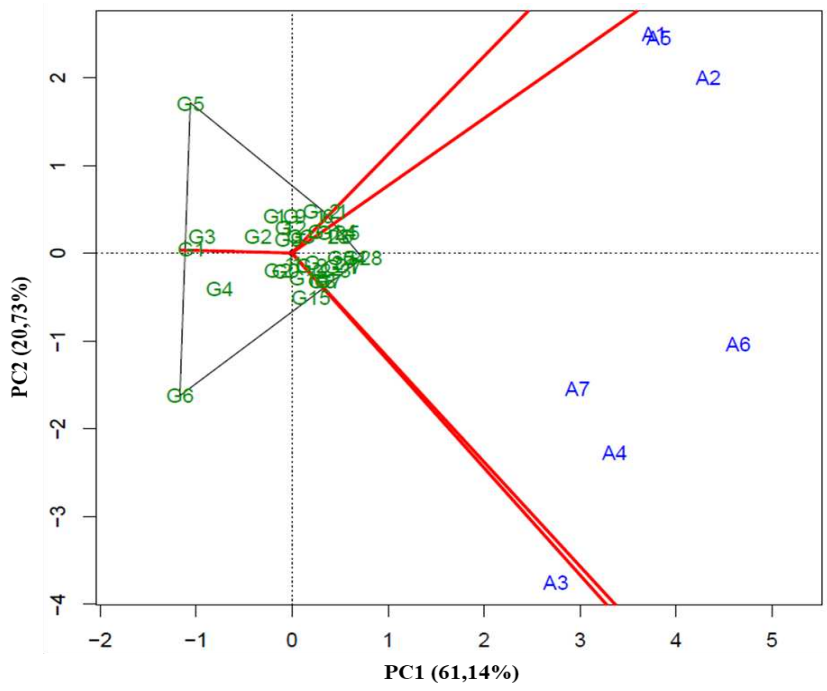
APÊNDICE 65 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 22 – GP(2) da safra 2013/2014.



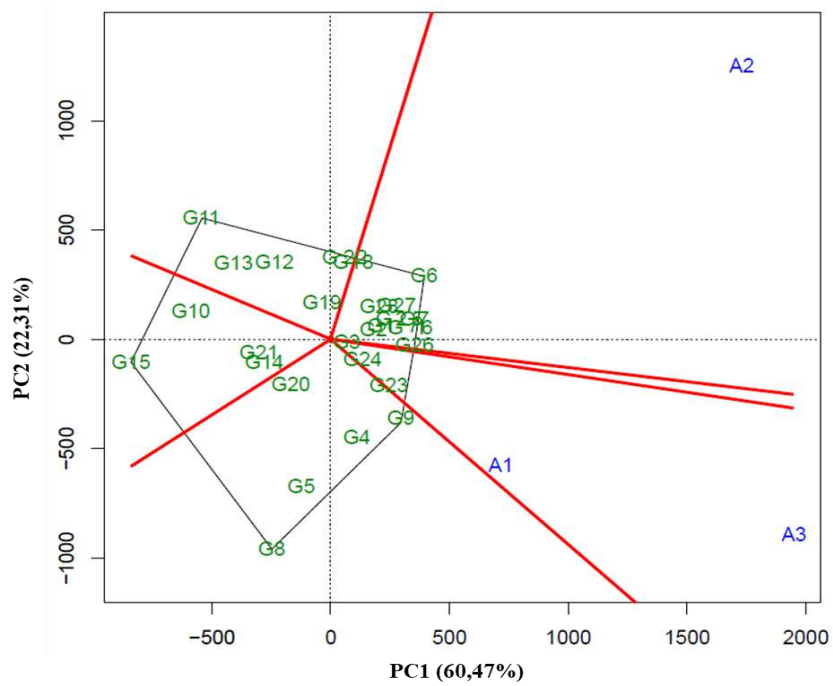
APÊNDICE 66 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 73 da safra 2015/2016.



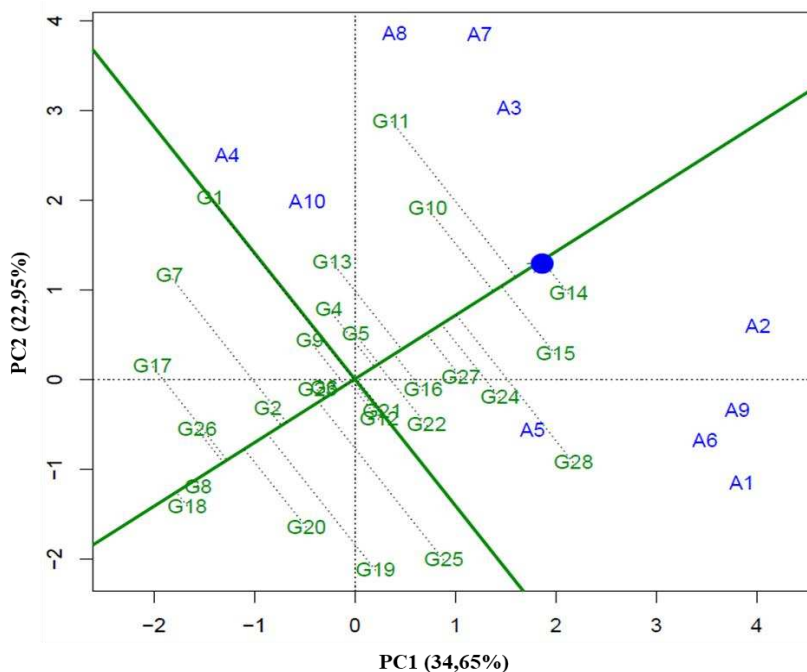
APÊNDICE 67 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 73 – GP(1) da safra 2015/2016.



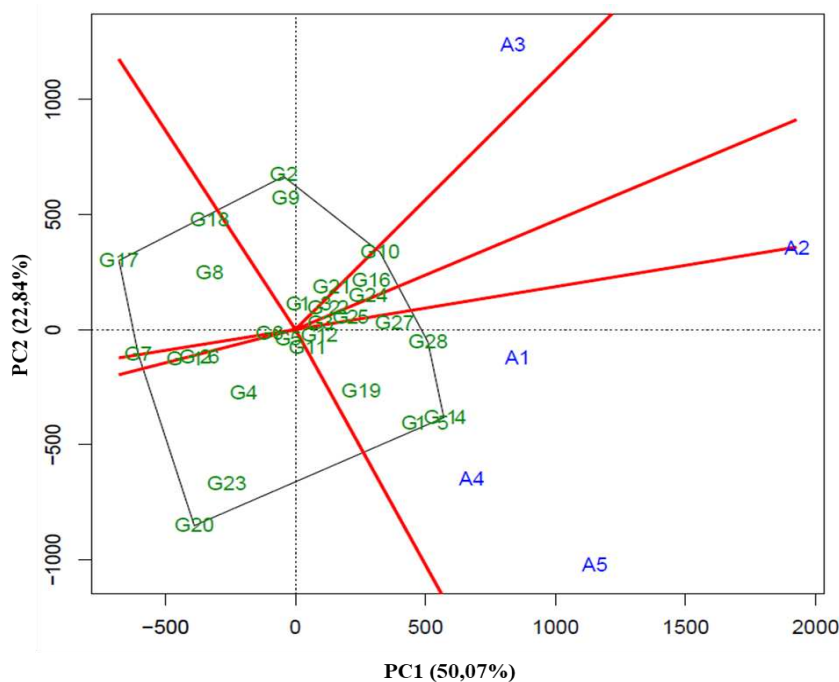
APÊNDICE 68 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 73 – GP(2) da safra 2015/2016.



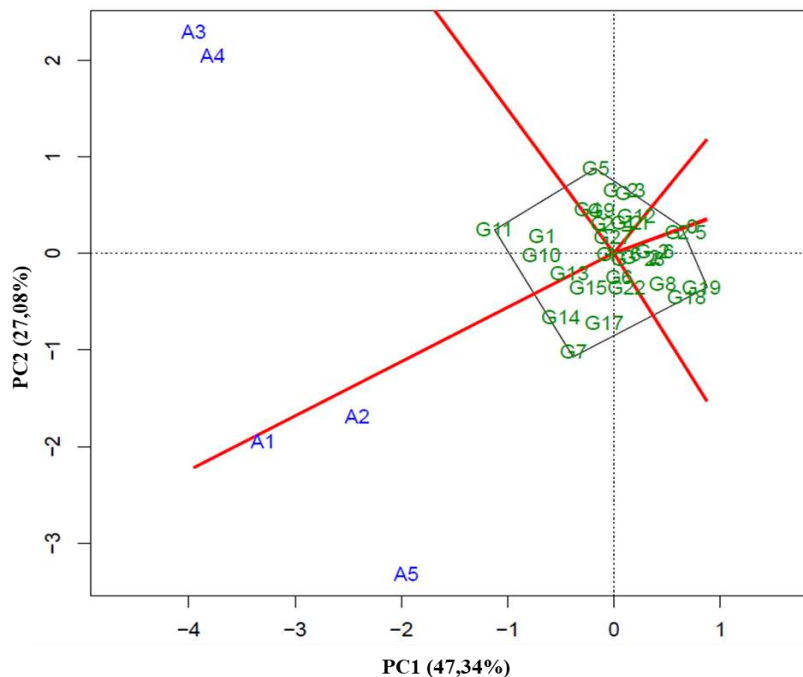
APÊNDICE 69 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 74 da safra 2015/2016.



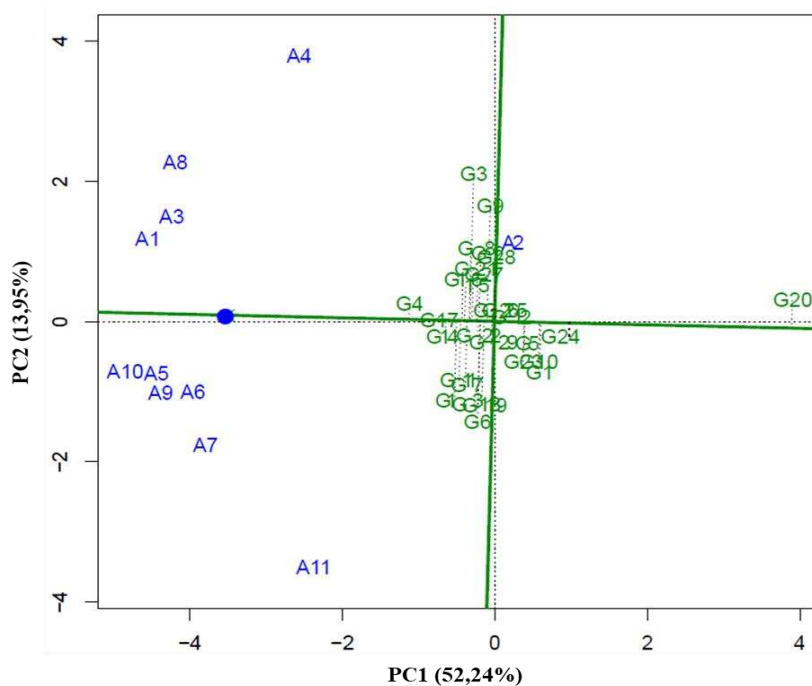
APÊNDICE 70 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 74 – GP(1) da safra 2015/2016.



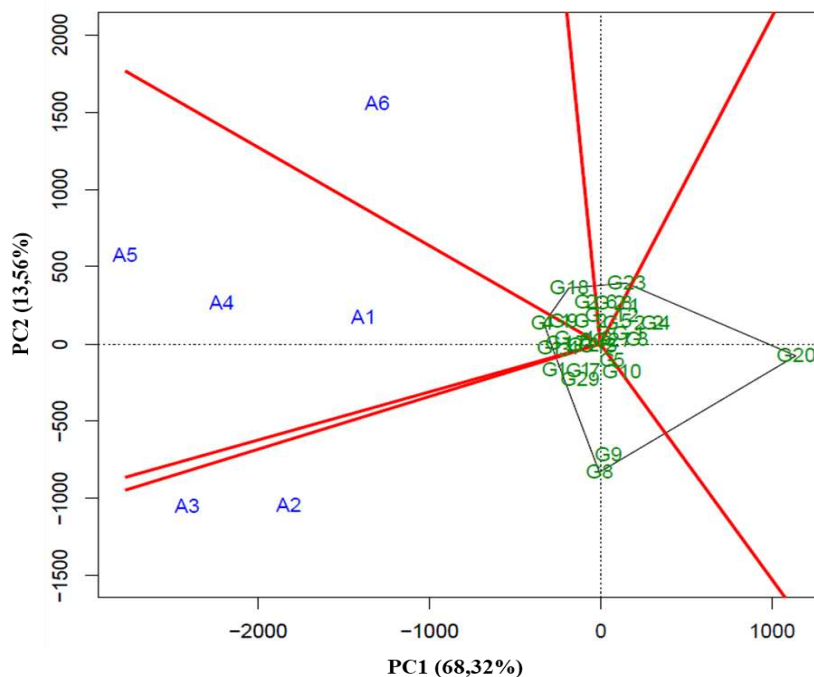
APÊNDICE 71 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 74 – GP(2) da safra 2015/2016.



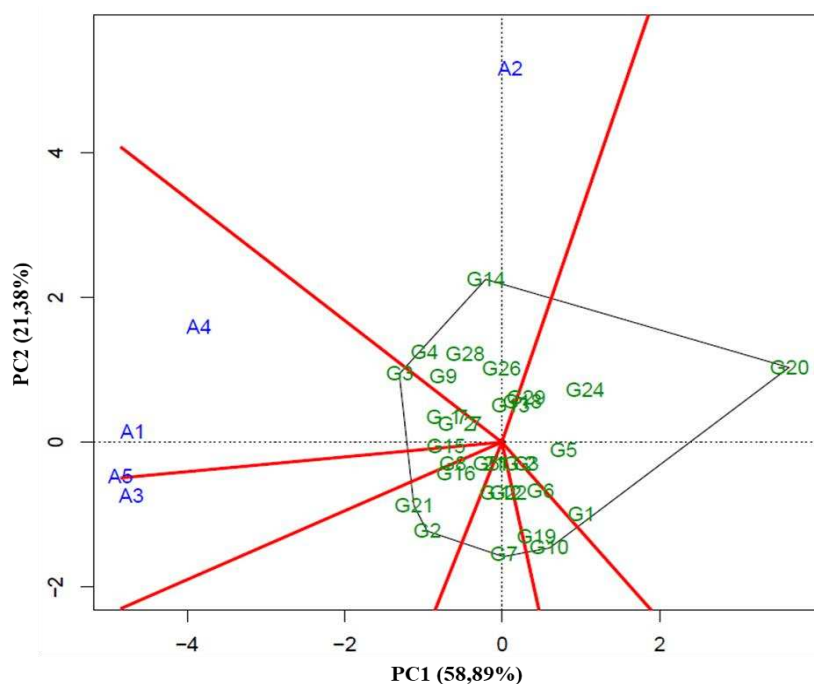
APÊNDICE 72 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 521 da safra 2015/2016.



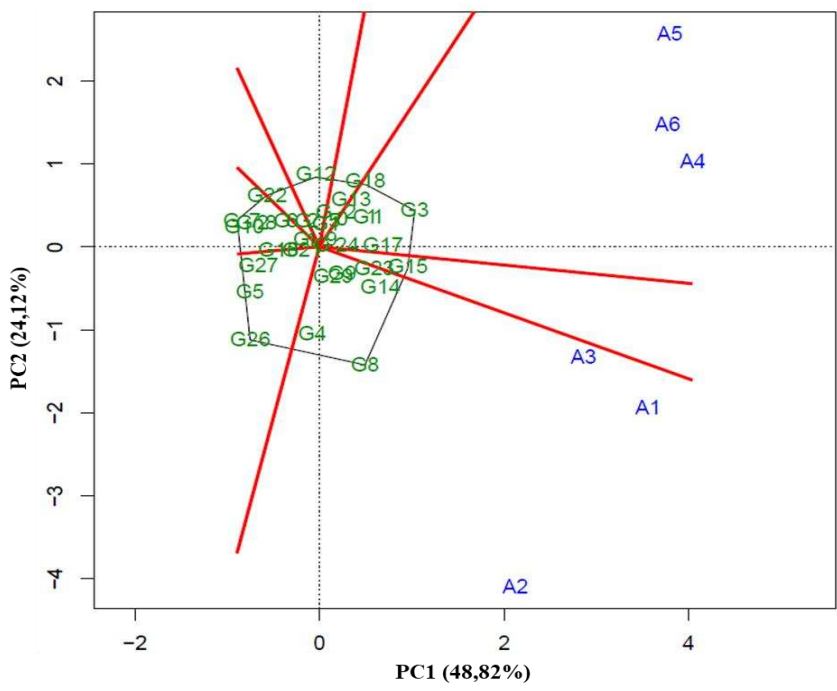
APÊNDICE 73 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 521 – GP(1) da safra 2015/2016.



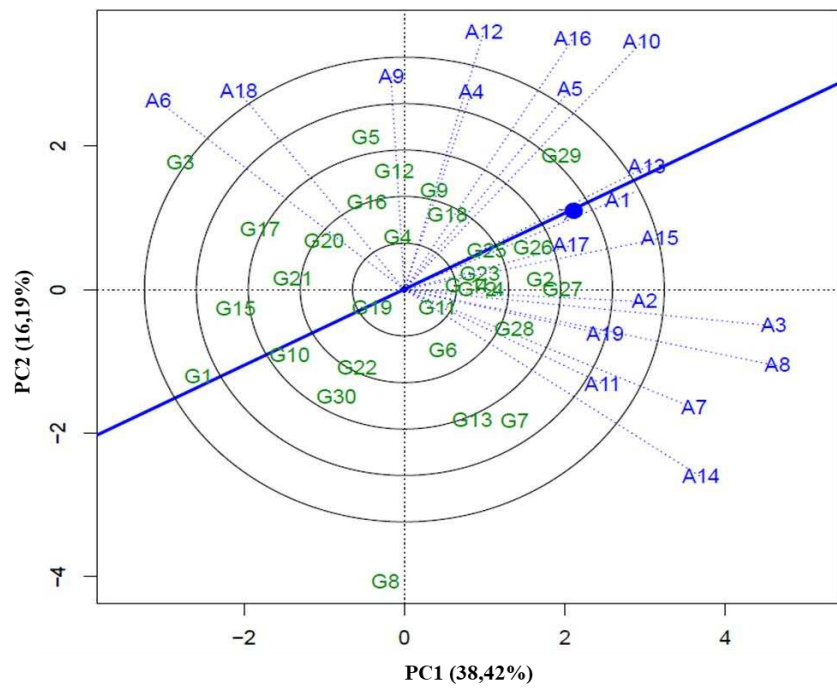
APÊNDICE 74 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 521 – GP(2) da safra 2015/2016.



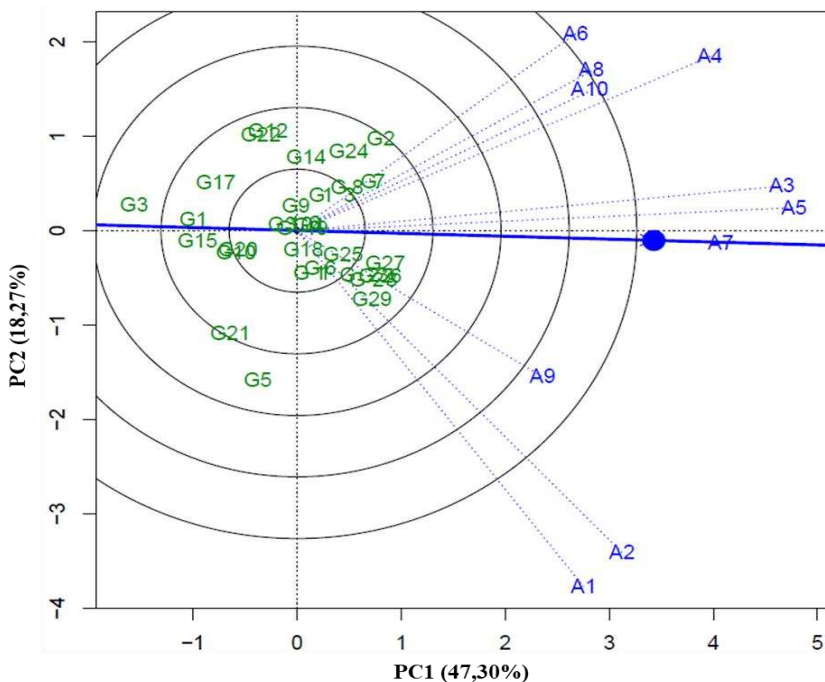
APÊNDICE 77 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 522 – GP(2) da safra 2015/2016.



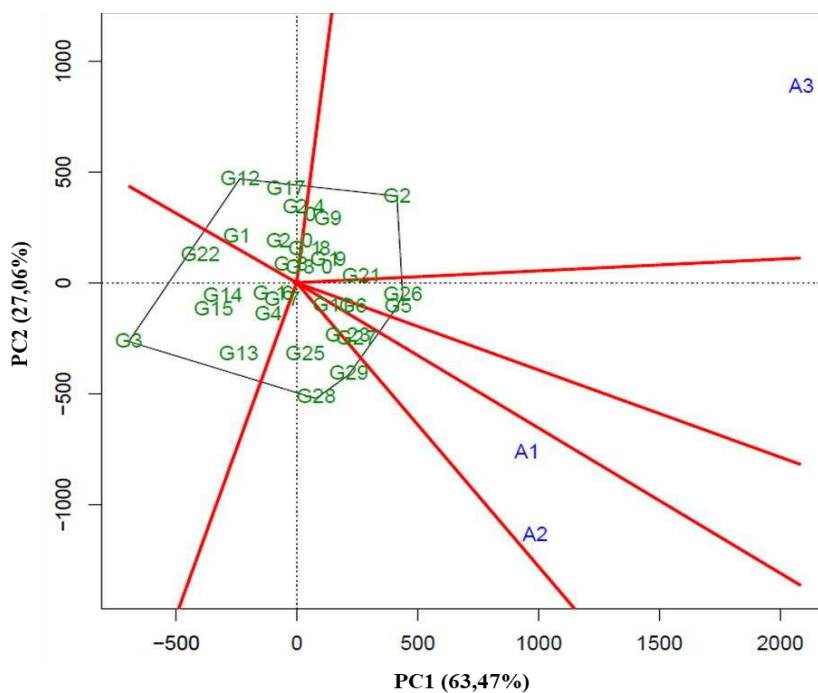
APÊNDICE 78 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 721 da safra 2015/2016.



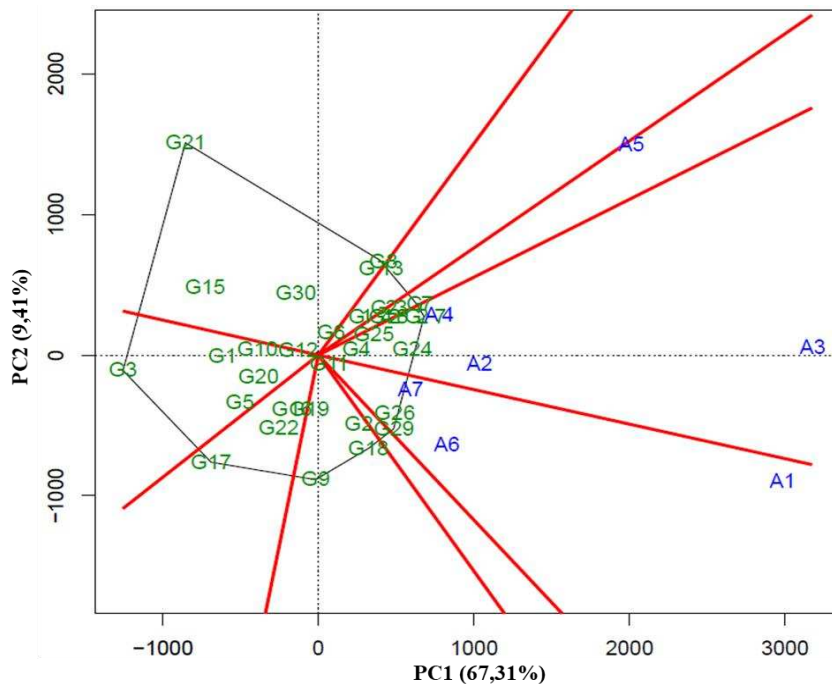
APÊNDICE 79 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 721 – GP(1) da safra 2015/2016.



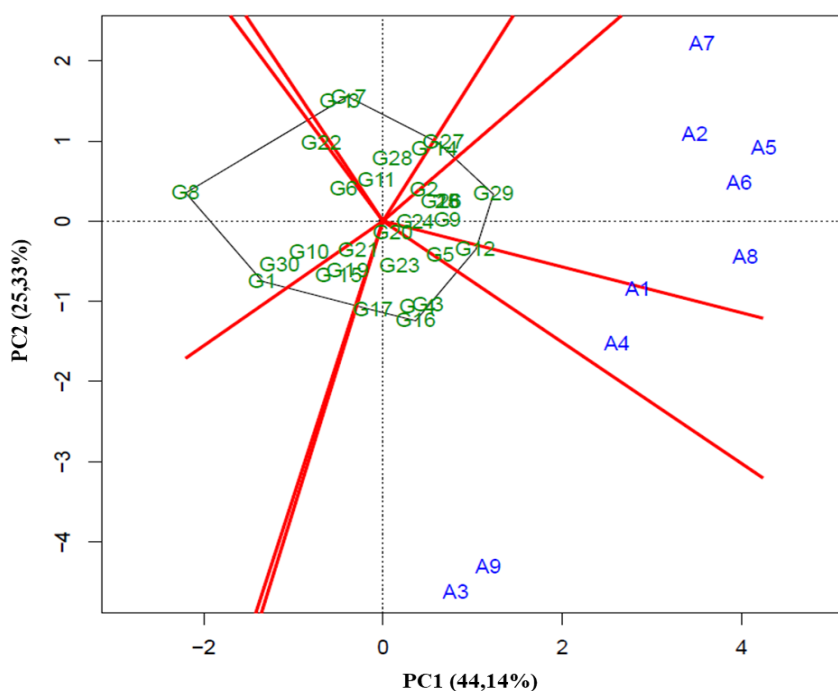
APÊNDICE 80 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 721 – GP(1 - 1) da safra 2015/2016.



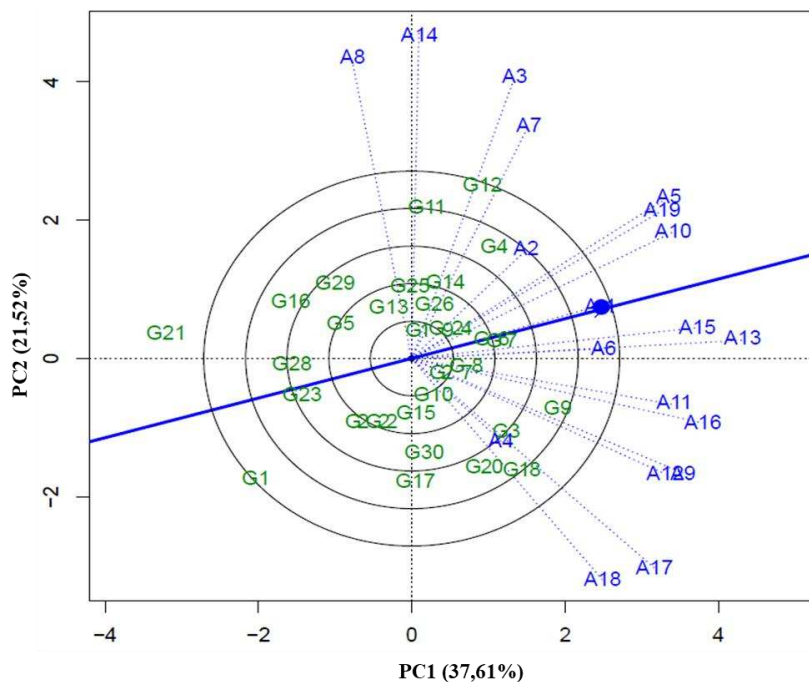
APÊNDICE 81 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 721 – GP(1 - 2) da safra 2015/2016.



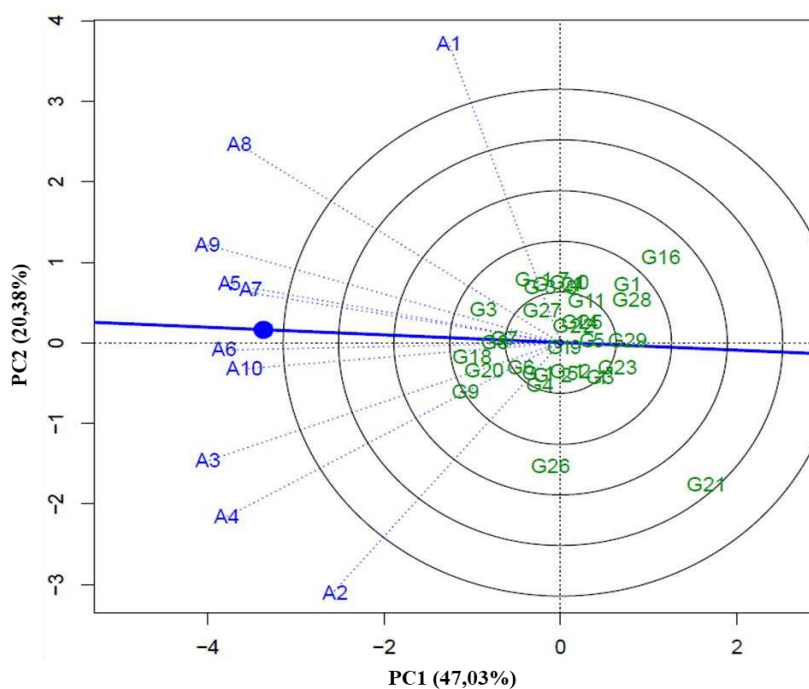
APÊNDICE 82 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 721 – GP(2) da safra 2015/2016.



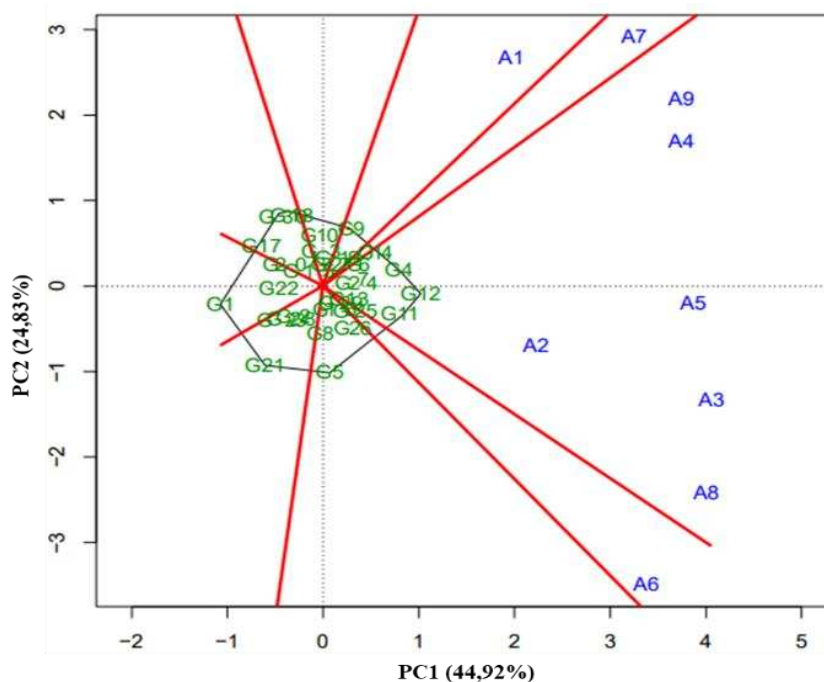
APÊNDICE 83 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 722 da safra 2015/2016.



APÊNDICE 84 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 722 – GP(1) da safra 2015/2016.



APÊNDICE 87 - Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondente à representação de genótipos (números precedidos da letra G) e ambientes (números precedidos da letra A), para identificação de estratos ambientais nos locais de plantio do VCU 722 – GP(2) da safra 2015/2016.



APENDICE 88 – Tabela com os ensaios realizados e seus respectivos municípios e safras de plantio.

Ensaio	Municípios	Safras			
		2011/12	2012/13	2013/14	2015/16
VCU 1	PALOTINA	X	X		
	ROLANDIA	X	X		
	TOLEDO	X	X		
	CAMPO MOURÃO			X	
	DOURADOS			X	
	LONDRINA			X	
	ST TEREZINHA DE ITAIPU			X	
	UBIRATÃ			X	
VCU 2	MARACAJU	X	X		
	PALOTINA	X	X		
	CAMPO MOURÃO			X	
	DOURADOS			X	
	LONDRINA			X	
	ROLANDIA			X	
	ST TEREZINHA DE ITAIPU			X	
UBIRATÃ			X		
VCU 3	CASCADEL				X

	DOURADOS			X
	FLORESTA			X
	MARACAJU			X
	NAVIRAÍ			X
	PALOTINA			X
	ST TEREZINHA DE ITAIPU			X
	TOLEDO			X
VCU 4	CASCADEL			X
	DOURADOS			X
	MARACAJU			X
	NAVIRAÍ			X
	PALOTINA			X
	ST TEREZINHA DE ITAIPU			X
	TOLEDO			X
VCU 11	ABELARDO	X		
	CAFELÂNDIA	X	X	
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X		
	PALOTINA	X		
	TOLEDO	X	X	X
	CASCADEL		X	X
	PALOTINA		X	
	ROLANDIA		X	
VCU 15	ST TEREZINHA DE ITAIPU		X	
	DOURADOS		X	
	MARACAJU		X	
	NAVIRAÍ		X	
VCU 21	ABELARDO	X		
	BELA VISTA	X		
	CAFELÂNDIA	X	X	X
	CAMPO MOURÃO	X		
	DOURADOS	X		X
	FLORESTA	X		X
	FLORINEA	X		
	IPORA	X		
	MAMBORE	X		X
	MARACAJU	X		X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X		X
	NAVIRAÍ	X		X
	PALOTINA	X		
	PONTA PORÃ	X		X
	ROLANDIA	X	X	X
	TOLEDO	X	X	X
CASCADEL		X	X	
MAMBORE		X		

	UBIRATÃ		X	
	ASSIS			X
	PALOTINA		X	X
	PONTA PORÃ			
	ST TEREZINHA DE ITAIPU			X
	UBIRATÃ			X
	ABELARDO	X		
	BELA VISTA	X		
	CAFELÂNDIA	X	X	X
	CAMPO MOURÃO	X		
	FLORINEA	X		
	DOURADOS	X		
	FLORESTA	X		
	IPORA	X		
	MAMBORE	X	X	
	MARACAJU	X		
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X		X
	NAVIRAI	X		X
	PALOTINA	X	X	X
VCU 22	PONTA PORÃ	X		X
	ROLANDIA	X	X	X
	TOLEDO	X	X	X
	CASCADEL		X	X
	UBIRATÃ		X	X
	ASSIS			X
	BELA VISTA			X
	DOURADOS			X
	FLORESTA			X
	MAMBORE			X
	MARACAJU			X
	PONTA PORÃ			X
	SIDROLÂNDIA			X
	ST TEREZINHA DE ITAIPU		X	X
	ABELARDO	X		
	BELA VISTA	X		
	CAFELÂNDIA	X		
	CAMPO MOURÃO	X		
	IPORA	X		
VCU 23	MAMBORE	X		
	MARACAJU	X		
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X		X
	NAVIRAI	X		
	PALOTINA	X		
	PONTA PORÃ	X		X

	ROLANDIA	X		X
	TOLEDO	X	X	
	CAFELÂNDIA		X	X
	CASCADEL		X	
	DOURADOS	X	X	X
	FRANCISCO ALVES		X	
	LONDRINA		X	
	MAMBORE		X	
	NAVIRAÍ		X	X
	PALOTINA		X	X
	ST TEREZINHA DE ITAIPU		X	X
	UBIRATÃ		X	X
	ASSIS			X
	BELA VISTA		X	X
	DOURADOS			
	FLORINEA	X		
	FLORESTA	X		X
	MAMBORE			X
	MARACAJU			X
	PONTA PORÃ		X	
	ROLANDIA		X	
	SIDROLÂNDIA			X
	TOLEDO			X
	ABELARDO	X		
	CAFELÂNDIA	X	X	
	BELA VISTA	X	X	X
	CAMPO MOURÃO	X		X
	DOURADOS	X	X	
	FLORINEA	X		
	IPORA	X		
	MAMBORE	X		X
	MARACAJU	X	X	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X		X
VCU 24	NAVIRAÍ	X	X	X
	PALOTINA	X	X	X
	PONTA PORÃ	X	X	X
	ROLANDIA	X		X
	TOLEDO	X	X	X
	CASCADEL		X	
	FRANCISCO ALVES		X	
	LONDRINA		X	X
	MAMBORE		X	X
	ST TEREZINHA DE ITAIPU		X	X
	UBIRATÃ			

	ASSIS		X
	FLORESTA	X	X
	MAMBORE		
	SIDROLÂNDIA		X
	UBIRATÃ		X
VCU 25	ABELARDO	X	
	DOURADOS	X	
	FLORINEA	X	
	IPORA	X	
	MARACAJU	X	
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X	
	NAVIRAI	X	X
	PALOTINA	X	X
	PONTA PORÃ	X	X
	ROLANDIA	X	X
	TOLEDO	X	X
	BELA VISTA		X
	CAFELÂNDIA		X
	FLORESTA		X
	FRANCISCO ALVES		X
	LONDRINA		X
	MAMBORE		X
ST TEREZINHA DE ITAIPU		X	
VCU 26	ABELARDO	X	
	DOURADOS	X	
	FLORINEA	X	
	IPORA	X	
	MARACAJU	X	
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X	
	NAVIRAI	X	
	PALOTINA	X	X
	PONTA PORÃ	X	X
	ROLANDIA	X	X
	TOLEDO	X	X
	BELA VISTA		X
	CAFELÂNDIA		X
	DOURADOS		X
	FRANCISCO ALVES		X
	LONDRINA		X
	MAMBORE		X
MARACAJU		X	
NAVIRAI		X	
ST TEREZINHA DE ITAIPU		X	
VCU 27	DOURADOS		X

	FLORESTA	X	
	FRANCISCO ALVES	X	
	LONDRINA	X	
	MARACAJU	X	
	NAVIRAÍ	X	
	PALOTINA	X	
	PONTA PORÃ	X	
	ROLANDIA	X	
	ST TEREZINHA DE ITAIPU	X	
	UBIRATÃ	X	
	BELA VISTA	X	
	DOURADOS	X	
	FLORESTA	X	
	FRANCISCO ALVES	X	
	LONDRINA	X	
VCU 28	MARACAJU	X	
	NAVIRAÍ	X	
	PALOTINA	X	
	PONTA PORÃ	X	
	ROLANDIA	X	
	ST TEREZINHA DE ITAIPU	X	
	UBIRATÃ	X	
	ASSIS		X
	BELA VISTA		X
	CAMPO MOURÃO		X
	FRANCISCO ALVES		X
VCU 73	LONDRINA		X
	MARACAJU		X
	NAVIRAÍ		X
	PALOTINA		X
	PONTA PORÃ		X
	ST TEREZINHA DE ITAIPU		X
	ASSIS		X
	BELA VISTA		X
	CAMPO MOURÃO		X
	FRANCISCO ALVES		X
VCU 74	LONDRINA		X
	MARACAJU		X
	NAVIRAÍ		X
	PALOTINA		X
	PONTA PORÃ		X
	ST TEREZINHA DE ITAIPU		X
VCU 121	ABELARDO	X	
	BELA VISTA	X	

	CAFELÂNDIA	X
	CAMPO MOURÃO	X
	FLORINEA	X
	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
	IPORA	X
	MAMBORE	X
	MARACAJU	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X
	NAVIRAÍ	X
	PALOTINA	X
	ROLANDIA	X
	TOLEDO	X
	ABELARDO	X
	BELA VISTA	X
	CAFELÂNDIA	X
	CAMPO MOURÃO	X
	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
	FLORINEA	X
	IPORA	X
	MAMBORE	X
	MARACAJU	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X
	NAVIRAÍ	X
	ROLANDIA	X
	TOLEDO	X
VCU 122	ABELARDO	X
	BELA VISTA	X
	CAFELÂNDIA	X
	CAMPO MOURÃO	X
	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
	FLORINEA	X
	IPORA	X
	MAMBORE	X
	MARACAJU	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X
	NAVIRAÍ	X
	ROLANDIA	X
	TOLEDO	X
	ABELARDO	X
	BELA VISTA	X
	CAFELÂNDIA	X
	CAMPO MOURÃO	X
	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
	FLORINEA	X
	IPORA	X
	MAMBORE	X
	MARACAJU	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X
	NAVIRAÍ	X
	ROLANDIA	X
	TOLEDO	X
VCU 123	ABELARDO	X
	CAFELÂNDIA	X
	CAMPO MOURÃO	X
	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
	FLORINEA	X
	IPORA	X
	MAMBORE	X
	MARACAJU	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X
	NAVIRAÍ	X
	ROLANDIA	X
	TOLEDO	X
	ABELARDO	X
VCU 124	CAFELÂNDIA	X
	CAMPO MOURÃO	X

	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
	FLORINEA	X
	IPORA	X
	MAMBORE	X
	MARACAJU	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X
	NAVIRAÍ	X
	PALOTINA	X
	ROLANDIA	X
	TOLEDO	X
	ABELARDO	X
	BELA VISTA	X
	CAFELÂNDIA	X
	CAMPO MOURÃO	X
	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
	FLORINEA	X
VCU 125	IPORA	X
	MAMBORE	X
	MARACAJU	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X
	NAVIRAÍ	X
	PALOTINA	X
	ROLANDIA	X
	TOLEDO	X
	ABELARDO	X
	CAFELÂNDIA	X
	CAMPO MOURÃO	X
	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
VCU 126	FLORINEA	X
	IPORA	X
	NAVIRAÍ	X
	PALOTINA	X
	ROLANDIA	X
	TOLEDO	X
	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
	NAVIRAÍ	X
VCU 521	PALOTINA	X
	ROLANDIA	X
	BELA VISTA	X
	CAFELÂNDIA	X

	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X
	PONTA PORÃ	X
	ST TEREZINHA DE ITAIPU	X
	TOLEDO	X
	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
	NAVIRAÍ	X
	PALOTINA	X
	ROLANDIA	X
VCU 522	BELA VISTA	X
	CAFELÂNDIA	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X
	PONTA PORÃ	X
	ST TEREZINHA DE ITAIPU	X
	TOLEDO	X
	ASSIS	
	BELA VISTA DO PARAÍSO	
	CAFELÂNDIA	
	DOURADOS	
	FLORESTA	
	IPORA	
	LONDRINA	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X
	PALOTINA	
	ASSIS	
	PONTA PORÃ	
	ROLANDIA	
	SANTA TEREZINHA DE ITAIPU	
	UBIRATÃ	X
VCU 721	ASSIS	X
	BELA VISTA	X
	CAARAPO	X
	CAFELÂNDIA	X
	CAMPO MOURÃO	X
	CASCADEL	X
	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
	FRANCISCO ALVES	X
	MARACAJU	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	
	NAVIRAÍ	X
	PALOTINA	X
	PONTA PORÃ	X
	RIO BRILHANTE	X

	ROLANDIA	X
	LONDRINA	X
	ST TEREZINHA DE ITAIPU	X
	TOLEDO	X
	ASSIS	X
	BELA VISTA DO PARAÍSO	
	CAFELÂNDIA	X
	DOURADOS	X
	FLORESTA	X
	IPORA	
	LONDRINA	X
	MARECHAL CÂNDIDO RONDON	X
	PALOTINA	X
	PONTA PORÃ	X
	ROLANDIA	
VCU 722	SANTA TEREZINHA DE ITAIPU	
	SIDROLÂNDIA	
	TOLEDO	X
	UBIRATÃ	X
	BELA VISTA	X
	CAARAPO	X
	CAMPO MOURÃO	X
	CASCATEL	X
	FRANCISCO ALVES	X
	NAVIRAÍ	X
	RIO BRILHANTE	X
	ROLANDIA	X
	ST TEREZINHA DE ITAIPU	X