

**GABRIEL MAZETTI BLASQUES**

**AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO COMUM EM ENSAIOS MULTI-AMBIENTES USANDO FATOR ANALÍTICO E VARIÁVEIS AMBIENTAIS**

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: Luiz Antônio dos Santos Dias

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2024**

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

T

B644a  
2024 Blasques, Gabriel Mazetti, 2000-  
Avaliação de linhagens de feijoeiro comum em ensaios  
multi-ambientes usando fator analítico e variáveis ambientais /  
Gabriel Mazetti Blasques. – Viçosa, MG, 2024.  
1 dissertação eletrônica (46 f.): il. (algumas color.).

Inclui apêndice.

Orientador: Luiz Antônio dos Santos Dias.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Agronomia, 2024.

Referências bibliográficas: f. 31-34.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.093>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Feijão - Melhoramento genético. 2. Interação  
genótipo-ambiente. I. Dias, Luiz Antônio dos Santos, 1957-.  
II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de  
Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Genética e  
Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 631.52


**GABRIEL MAZETTI BLASQUES**

**AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO COMUM EM ENSAIOS MULTI-AMBIENTES USANDO FATOR ANALÍTICO E VARIÁVEIS AMBIENTAIS**

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: 27 de fevereiro de 2024.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente  
 **GABRIEL MAZETTI BLASQUES**  
Data: 05/03/2024 12:50:13-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Gabriel Mazetti Blasques  
Autor

Documento assinado digitalmente  
 **LUIZ ANTONIO DOS SANTOS DIAS**  
Data: 07/03/2024 15:19:52-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Luiz Antônio dos Santos Dias  
Orientador

## **AGRADECIMENTOS**

Gostaria de expressar minha profunda gratidão e apreço a todos aqueles que tornaram possível a realização deste trabalho.

Em primeiro lugar, meus sinceros agradecimentos aos meus pais, Marcos Blasques e Alessandra Cristina Mazetti Blasques, pelo amor, apoio e encorajamento incondicionais que foram essenciais em todas as etapas da minha jornada.

Um agradecimento especial aos integrantes do Laboratório de Agroenergia, cuja colaboração, conhecimento e amizade foram fundamentais para o desenvolvimento e sucesso deste projeto.

Ao meu orientador, Luiz Antônio dos Santos Dias, pela orientação, paciência e sabedoria, que foram cruciais para o meu crescimento acadêmico e pessoal.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, agradeço pela excelente oportunidade de realizar a pós-graduação em um ambiente tão rico e estimulante.

Um agradecimento especial também ao Instituto Agronômico de Campinas (IAC) pelo suporte técnico e recursos fornecidos, que foram indispensáveis para a execução e sucesso deste trabalho.

Por fim, minha gratidão à Capes e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pela concessão da bolsa de estudos que foi vital para a realização deste trabalho.

A todos, meu mais sincero obrigado.

## RESUMO

BLASQUES, Gabriel Mazetti, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2024. **Avaliação de linhagens de feijoeiro comum em ensaios multi-ambientes usando fator analítico e variáveis ambientais.** Orientador: Luiz Antônio dos Santos Dias.

O feijão comum é um alimento essencial na dieta humana e desempenha um papel importante na agricultura brasileira. Seu cultivo se estende por todo o território nacional, adaptando-se a diversas condições climáticas. Tal distribuição geográfica e sazonal destaca a necessidade de avaliações em ensaios multi-ambientes (MET) e um entendimento mais profundo da interação genótipos por ambientes ( $G \times A$ ). O objetivo desse estudo foi a seleção de linhagens superiores de feijão comum dos tipos 'Carioca' e 'Preto' em METs através da aplicação de Ferramentas de Seleção do Fator Analítico (FAST). O estudo teve como objetivos específicos: (i) realizar uma análise abrangente envolvendo o conjunto total de dados e, simultaneamente, uma análise específica para cada safra; (ii) comparar os avanços genéticos obtidos por meio de diferentes métodos de seleção; e (iii) identificar as condições ambientais mais influentes na resposta dos genótipos. O conjunto de dados foi composto por 59 linhagens, avaliadas em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Essas linhagens foram avaliadas em 15 ambientes no estado de São Paulo, considerando a combinação local  $\times$  ano. Modelos fator analítico com número de fatores variando de 1 a 4 (FA1 a FA4) foram ajustados para a análise do conjunto de dados completo e dos dados referentes a cada safra. Aqueles com menor valor do critério de informação de Akaike, dentre os modelos com mais de 70% de variação explicada (com base na razão média de semivariâncias) foram selecionados. A seleção das linhagens com alto desempenho geral e estabilidade foi realizada via FAST. Além disso, avaliou-se quais das 32 variáveis ambientais explicavam a interação  $G \times A$  durante o cultivo da cultura. O modelo selecionado para o conjunto de dados completo foi o FA4, e para a análise por safra, o FA3. A abordagem de seleção apontou como superiores, de maneira conjunta para todas as safras, as linhagens L48, L45, L42, L37, L31, L28, L47, L46 e L41. Para a safra das águas, os selecionados foram L23, L24, L30, L43, L45, L25, L09, L22 e L34. Para as safras da seca foram selecionadas as linhagens L23, L24, L25, L21, L19, L48, L09, L47 e L46. Finalmente, nas safras de inverno destacaram-se as linhagens L24, L25, L19, L10, L23, L21, L22, L46 e L39. Quanto às variáveis ambientais mais relevantes para a interação destacaram-se temperatura média e mínima, teor de nitrogênio, eficiência do uso de radiação, densidade aparente, capacidade de troca catiônica, fragmentos grossos de solo, radiação líquida e teor de areia, variando conforme as diferentes safras. Estes resultados promovem um melhor entendimento da interação  $G \times A$ , auxiliando melhoristas na seleção de linhagens adaptadas e estáveis sob diferentes condições ambientais.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* (L.). Interação genótipos por ambientes. Modelos mistos fator analítico.

## ABSTRACT

BLASQUES, Gabriel Mazetti, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February 2024. **Evaluation of common bean lines in multi-environment trials using factor analytic and environmental variables.** Advisor: Luiz Antônio dos Santos Dias.

Common bean is a staple food in human diets and plays a significant role in Brazilian agriculture. This crop is cultivated across the entire national territory, adapting to various climatic conditions. Such geographic and seasonal distribution underscores the necessity of evaluations in multi-environment trials (METs) and a deeper understanding of genotype by environment interaction (G × E). The aim of this study was to select superior common bean lines types 'Carioca' and 'Black' in METs through the application of Factor Analytic Selection Tools (FAST). The study had specific objectives: (i) to perform a comprehensive analysis involving the entire data set and, simultaneously, a specific analysis for each crop season; (ii) to compare the genetic gains obtained through different selection methods; and (iii) to identify the environmental conditions most influential in the response of the genotypes. The dataset comprised 59 lines, evaluated in a randomized block design with three replications. These lines were assessed in 15 environments in the state of São Paulo, considering the local × year combination. Factor Analytic models with a number of factors varying from 1 to 4 (FA1 to FA4) were fitted for the analysis of the complete data set and the data for each season. Those with the lowest Akaike information criterion value, among the models with more than 70% of variation explained (based on the average semivariances ratio) were selected. The selection of lines with high overall performance and stability was performed via FAST. In addition, it was evaluated which of the 32 environmental variables explained the G × E interaction during the crop cultivation. The selected model for the complete data set was FA4, and for the seasonal analysis, FA3. The selection pointed out as superior, jointly for all seasons, the lines L48, L45, L42, L37, L31, L28, L47, L46, and L41. For the wet season, the selected lines were L23, L24, L30, L43, L45, L25, L09, L22, and L34. In the dry season, the selected lines were L23, L24, L25, L21, L19, L48, L09, L47, and L46. Finally, in the winter season, L24, L25, L19, L10, L23, L21, L22, L46, and L39. As for the most relevant environmental variables for the interaction, the following stood out: average temperature, minimum temperature, nitrogen content, radiation use efficiency, bulk density, cation exchange capacity, coarse fragments, net radiation, and sand content, varying according to the different crop seasons. These results promote a better understanding of the G × E interaction, assisting breeders in selecting adapted and stable lines under different environmental conditions.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* (L.). Genotype by environment interaction. Factor analytic mixed models.

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1 – Mapa com a localização geográfica das áreas experimentais conduzidas durante quatro anos agrícolas (2018-2021) no estado de São Paulo, Brasil. ....15
- Figura 2 – Representação gráfica do coeficiente de variação experimental (CV, no eixo y) e herdabilidade generalizada (eixo x) para cada um dos ambientes.....22
- Figura 3 – Variância explicada no modelo considerando todas as safras pelos FAK. ....23
- Figura 4 – Mapa de calor com as correlações genéticas entre os 15 ambientes de cultivo. ....24
- Figura 5 – Representação gráfica do desempenho (OP) e estabilidade (RMSD) destacando as linhagens mais produtivas e estáveis considerando três safras em conjunto. a) seleção para tipo carioca, b) seleção para tipo preto .....25
- Figura 6 – Correlação entre as variáveis ambientais avaliadas e as cargas rotacionadas dos fatores para: a) avaliação de todas as safras, b) avaliação nas safras das águas, c) avaliação nas safras da seca e d) avaliação nas safras do inverno. ..27

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 – Resumo das variáveis ambientais considerando os 15 ambientes avaliados no estado de São Paulo, para os anos agrícolas de 2018-2021.....21
- Tabela 2 – Valores de número de parâmetros ( $p$ ), critério de informação de Akaike (AIC) e razão média das semivariâncias (ASR) dos modelos ajustados.....23
- Tabela 3 – Ganhos genéticos (GG) calculados a partir dos 15% de linhagens selecionadas, considerando o conjunto das safras e safra individualmente. ....26

## LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

MET	Ensaio Multi-Ambientes
G × A	Genótipos por Ambientes
FA	Fator Analítico
FAST	Ferramentas de Seleção do Fator Analítico
OP	Desempenho Geral
RMSD	Desvio Quadrático Médio
PCA	Análise de Componentes Principais
AMMI	Efeitos Principais Aditivos e Interação Multiplicativa
GGE	Efeitos Principais do Genótipo mais Interação Genótipos-Ambientes
IAC	Instituto Agrônomo de Campinas
REML	Máxima Verossimilhança Restrita
AIC	Critério de Informação de Akaike
ASR	Razão Média de Semivariâncias
CV	Coeficiente de Variação

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO .....	10
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	11
2.1 A cultura do feijoeiro .....	11
2.2 Análise de experimentos em múltiplos ambientes .....	12
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	15
3.1 Dados fenotípicos e experimentais .....	15
3.2 Análises estatísticas.....	16
3.3 Variáveis ambientais .....	20
3.4 Correlação com variáveis ambientais .....	22
4. RESULTADOS .....	22
5. DISCUSSÃO .....	28
6. CONCLUSÕES .....	29
REFERÊNCIAS .....	31

## 1. INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) desempenha um papel central na dieta e na agricultura brasileira, com destaque para os tipos "Carioca" e "Preto" que juntos correspondem a 90% da produção total e 78% do consumo nacional. A produção desta cultura abrange todo o território brasileiro, adaptando-se a diferentes condições edafoclimáticas e períodos do ano, o que resulta em três principais épocas de cultivo: (i) safra das águas, (ii) safra da seca e (iii) safra de inverno (HEINEMANN et al., 2022). Esta ampla distribuição geográfica e sazonal garante uma produção contínua e diversificada, essencial para atender às necessidades alimentares do país.

Diante da gama de condições ambientais às quais a cultura é exposta, os ensaios multi-ambientes (MET, do inglês *multi-environment trials*) são implementados para avaliar genótipos em uma série de ambientes que representam as regiões de recomendação. A avaliação de diferentes genótipos em múltiplos ambientes revela um efeito a ser considerado em análises estatísticas, a interação genótipos por ambientes ( $G \times A$ ) (VAN EEUWIJK; BUSTOS-KORTS; MALOSETTI, 2016). Esta interação desempenha um papel fundamental na compreensão de como os genótipos se adaptam a variadas condições ambientais, sendo essencial para um processo de seleção e recomendação efetivos (CHAVES et al., 2023b).

A necessidade de avaliação da interação  $G \times A$  resultou no desenvolvimento de metodologias para estimar parâmetros de desempenho e estabilidade no melhoramento de plantas. Entre as mais notáveis estão as normas de reação de Finlay e Wilkinson (1963), métodos baseados em biplot (GABRIEL, 1971), como Efeitos Principais Aditivos e Interação Multiplicativa (AMMI) (KEMPTON, 1984) e os Efeitos Principais do Genótipo mais Interação Genótipo-Ambiente (GGE) (YAN et al., 2000). Todavia, esses métodos iniciais, fundamentados em modelos fixos, apresentam uma série de limitações: (i) necessidade de dados balanceados; (ii) inflexibilidade por não aceitar efeitos aleatórios; e, (iii) dificuldade de modelar as estruturas de covariância como independentes (SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005).

Para superar as limitações dos métodos tradicionais, Piepho (1997) introduziu os modelos de fator analítico (FA) no contexto de dados em MET. Baseando-se nessa inovação, Smith, Cullis e Thompson (2001) desenvolveram uma nova abordagem para o método que posteriormente seria amplamente adotada aplicando o FA nos efeitos de genótipo em cada ambiente, resultado na heterogeneidade de covariâncias de

forma mais parcimoniosa. Entretanto, essa metodologia, carecia inicialmente de ferramentas estatísticas que facilitassem uma avaliação e interpretação mais eficiente dos genótipos a serem selecionados.

Visando superar as limitações do FA, Cullis, Beeck e Cowling (2010) aplicaram mapas de calor das correlações genéticas para ressaltar semelhanças entre ambientes. Sae-lim et al. (2014) avançaram ao integrar dados ambientais para destacar as condições climáticas mais influentes no desempenho dos genótipos. Por fim, Smith e Cullis (2018) criaram as Ferramentas de Seleção do Fator Analítico (FAST), abrangendo a avaliação do desempenho geral (OP) e a estabilidade, medida pelo desvio quadrático médio (RMSD). Essas inovações, ao serem combinadas, aprimoram significativamente o entendimento das interações  $G \times A$ , otimizando a prática de seleção e recomendação de genótipos superiores.

Reconhecendo a complexidade da interação  $G \times A$  como um desafio central na seleção de linhagens de feijão, o objetivo desse estudo foi selecionar linhagens superiores dos tipos "Carioca" e "Preto", avaliando seu desempenho e estabilidade em METs através das FAST. Especificamente, busca-se: (i) empregar uma abordagem de seleção conjunta que considere o total de dados e outra específica para cada safra; (ii) comparar os ganhos genéticos alcançados pelas diferentes estratégias de seleção; e (iii) identificar as condições ambientais que mais influenciam a resposta dos genótipos nos ambientes avaliados, aprofundando o entendimento da interação  $G \times A$ .

## **2. REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1 A cultura do feijoeiro no Brasil**

Feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a leguminosa mais consumida no mundo, sendo o Brasil um dos maiores consumidores e segundo maior produtor mundial (FAO, 2021). No Brasil, os genótipos mais cultivados são *Phaseolus vulgaris* var. *mexicanus*, do centro de origem mesoamericano, que possuem grãos pequenos, proteína phaseolina tipo "T" e são adaptados à temperaturas elevadas (BARROS, 2016). Os tipos "Carioca" e "Preto" dominam a produção nacional, representando 70% e 20% do total, e correspondendo a 61% e 17% do consumo brasileiro, respectivamente (HEINEMANN et al., 2022).

O cultivo do feijão comum se estende por todo o Brasil e se divide em três diferentes safras de cultivo: águas, seca e inverno. As safras das águas e seca são predominantemente dependentes de sistemas de sequeiro, enquanto a safra de inverno é totalmente irrigada (HEINEMANN et al., 2022).

A safra das águas, que ocorre entre os meses de agosto a novembro, é responsável por 36% da produção nacional. A safra da seca ocorre entre os meses de dezembro a abril e participa com 39% da produção nacional. A safra de inverno, que se concentra entre abril a julho, apesar de representar apenas 25% da produção total, é notável por sua eficiência produtiva, apresentando um rendimento médio por hectare até duas vezes superior às outras duas safras (EMBRAPA, 2023).

A agricultura familiar desempenha um papel fundamental na produção de feijão no Brasil. Grande parte do cultivo é realizado em pequenas e médias propriedades rurais, contribuindo substancialmente com a produção total. Este fato destaca a importância do feijão como um pilar na segurança alimentar e no desenvolvimento socioeconômico do país (SILVA, 2015).

Na safra 2022/23 foram produzidas 2,55 milhões de toneladas de feijão comum em território nacional, em uma área de 1,62 milhões de hectares, com rendimento médio de 1571 kg ha<sup>-1</sup>. Os maiores responsáveis por essa produção foram os estados do Paraná (21%), Minas Gerais (18%), Goiás (12%), Mato Grosso (11%) e São Paulo (9%) (EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO, 2023).

## **2.2 Análise de experimentos em múltiplos ambientes**

A investigação estatística no âmbito de ensaios MET tem avançado metodologicamente. O ponto central para esta análise é a avaliação dos efeitos da interação  $G \times A$ , que trata da resposta diferencial dos genótipos frente às diversas condições ambientais (FALCONER; MACKAY, 1996). O propósito dessas avaliações é desvendar se as discrepâncias no rendimento resultam de variações genéticas, ambientais ou da interação entre elas, aumentando a confiança na tomada de decisão em etapas cruciais dos programas de melhoramento (CHAVES et al., 2023b).

Uma das mais memoráveis técnicas neste campo foi introduzida por Finlay e Wilkinson (1963), utilizando regressão linear para avaliar o desempenho de genótipos em vários ambientes. Esta abordagem utiliza o rendimento médio de cada ensaio como uma espécie de índice ambiental. Na regressão linear, o índice ambiental é a

variável preditora, e o desempenho médio dos genótipos em cada ambiente é a variável resposta. A regressão gera coeficientes que refletem a sensibilidade dos genótipos às variações ambientais, fornecendo informações sobre sua estabilidade fenotípica e adaptabilidade.

Com o desenvolvimento das análises multivariadas, e mais especificamente a Análise de Componentes Principais (PCA), Gabriel (1971) propôs a técnica do biplot. Esta técnica transformou a forma como os resultados da PCA são visualizados, permitindo uma interpretação gráfica intuitiva da resposta de genótipos em diferentes ambientes. O direcionamento da PCA como ferramenta para investigação da interação  $G \times A$  foi proposto por Kempton (1984), que introduziu os modelos AMMI. A análise AMMI combina a ANOVA para efeitos principais aditivos e PCA para modelar a interação  $G \times A$ . Esses modelos foram amplamente adotados devido sua robustez para a análise de ensaios multi-ambientes e buscam identificar em biplot padrões de interação para genótipos e ambientes (GAUCH et al., 2008). Uma proposta semelhante foi apresentada por Yan et al. (2000). Nela, a PCA é realizada com a soma dos efeitos genotípicos principais com os efeitos da interação ( $G + GE$ ). Este método oferece uma visão abrangente, combinando o efeito aditivo do genótipo com o efeito multiplicativo da interação  $G \times A$ .

Os métodos mencionados acima são executados a partir de modelos fixos e adotam uma abordagem de análise em duas etapas. Inicialmente, são obtidas as médias para cada genótipo considerando cada experimento individualmente, seguidas de uma análise geral considerando todos os experimentos conjuntamente (VERBYLA, 2023). No entanto, o desenvolvimento e a crescente adoção dos modelos mistos proporcionaram análises em uma única etapa. Os modelos mistos se destacam na avaliação de METs pela robustez em aceitar dados desbalanceados, apresentar flexibilidade de considerar efeitos fixos e aleatórios, e modelar a variação do erro dentro dos experimentos de maneira mais realista (SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005).

Apesar das vantagens substanciais proporcionadas pelas primeiras iniciativas de análise de dados em MET usando os modelos mistos, como as realizadas por Henderson (1975), estas abordagens ainda apresentavam limitações relacionadas as pressuposições de que os efeitos aleatórios seguem distribuição normal e variância homogênea.

Para contornar tais limitações, Piepho (1997) propôs os modelos fator analítico (FA), modelos multiplicativos aplicados a análise da interação  $G \times A$  integrando modelos mistos e análise de fatores. Baseados nessa metodologia Smith, Cullis e Thompson (2001) propuseram uma abordagem que aplica o FA aos efeitos de genótipo em cada ambiente resultando em uma modelagem de  $k$  fatores para as interações  $G \times A$ , permitindo heterogeneidade da variância e covariância dos genótipos entre os ambientes, oferecendo, portanto, representações mais realistas dos efeitos de interação  $G \times A$ . Esse avanço se distingue de modelos anteriores que restringiam os parâmetros de variância e covariância a serem homogêneos (RESENDE e THOMPSON, 2004).

Embora os modelos FA fossem eficazes na análise de MET para estudar a interação  $G \times A$ , estes enfrentavam limitações na entrega de resultados diretos para as tomadas de decisões. Para superar tais limitações, ferramentas estatísticas foram desenvolvidas. Cullis, Beeck e Cowling (2010) aplicaram mapas de calor da correlação genética para revelar semelhanças entre ambientes. Cullis et al. (2014) propuseram a aplicação de gráficos de regressão latente para avaliar o desempenho e a estabilidade dos genótipos. Sae-lim et al. (2014) integraram dados ambientais com análise FA, correlacionando as variáveis ambientais e as cargas fatoriais dos modelos para identificar as variáveis ambientais que mais explicam a variação ambiental e consequentemente influenciam a resposta dos genótipos. Smith e Cullis (2018) criaram as FAST que incluem a estimativa do desempenho geral (OP) e a estabilidade, mensurada pelo desvio quadrático médio (RMSD).

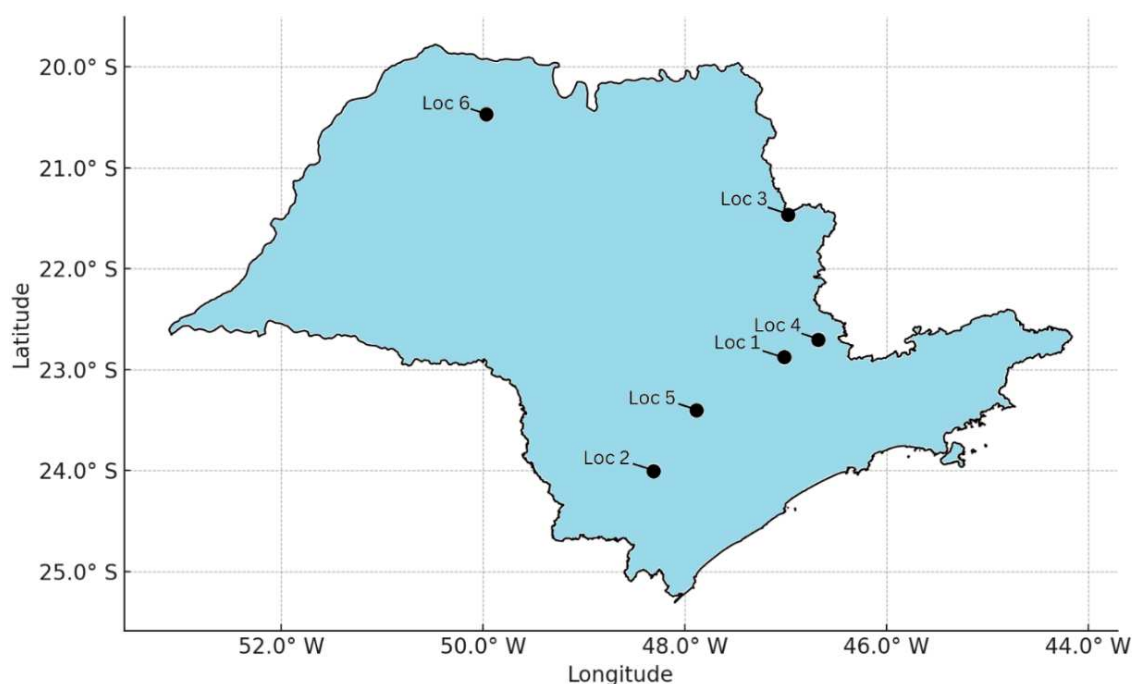
A respeito das análises em uma ou duas etapas, Gogel, Smith e Cullis (2018) propuseram a análise em uma etapa como o padrão ouro para MET, destacando que a alta capacidade de processamento de dados atual favorece essa abordagem na maior parte dos contextos analíticos. Essa preferência é sustentada pelas vantagens da metodologia, que captura integralmente a estrutura de variância relacionada aos efeitos  $G \times A$ , elimina a necessidade de recorrer a aproximações diagonais e resolve os comprometimentos associados ao método em duas etapas, proporcionando uma análise mais acurada e confiável. Este avanço maximiza a utilização das informações disponíveis, proporcionando uma base sólida para decisões estratégicas nos programas de melhoramento.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Dados fenotípicos e experimentais

O conjunto de dados foi coletado de experimentos de Valor de Cultivo e Uso (VCU), composto por 59 linhagens de feijão comum, incluindo os tipos 'preto' (15 linhagens) e 'carioca' (41 linhagens). Essas linhagens foram avaliadas ao longo de quatro anos agrícolas (2018-2021) em seis municípios do estado de São Paulo, abrangendo três safras: águas, seca e inverno (Figura 1 e Figura S2). Os experimentos foram conduzidos pelo Instituto Agronômico de Campinas (IAC), seguindo as normas do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento/Registro Nacional de Cultivares para ensaios de VCU (MAPA/RNC).

Figura 1 – Mapa com a localização geográfica dos experimentos conduzidos durante quatro anos agrícolas (2018-2021) no estado de São Paulo, Brasil.



Os experimentos foram conduzidos usando o delineamento experimental em blocos completos casualizados, com três repetições. Cada parcela foi composta por quatro linhas de quatro metros, espaçadas por 0,50 m entre si, sendo a área útil da parcela representada pelas duas linhas centrais (4 m<sup>2</sup>). A adubação inicial foi

executada com base na análise detalhada do solo e nas exigências específicas da cultura em cada área. Após a colheita, a produtividade de grãos de cada parcela foi mensurada para quantificar a produção de cada genótipo, sendo posteriormente convertida para kg por hectare ( $\text{kg ha}^{-1}$ ).

### 3.2 Análises estatísticas

O método da máxima verossimilhança restrita (REML) foi utilizado para estimação dos componentes de variância (PATTERSON; THOMPSON, 1971) necessários para a predição dos valores genéticos via BLUP (HENDERSON, 1975). Inicialmente, foram avaliados os pressupostos de normalidade usando os gráficos quantil-quantil (KOZAK; PIEPHO, 2018). O seguinte modelo foi ajustado para a análise individual de cada ambiente:

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{X}_1\mathbf{r} + \mathbf{Z}_1\mathbf{g} + \boldsymbol{\epsilon} \quad (1)$$

no qual  $\mathbf{y}$  representa o vetor das observações fenotípicas,  $\mu$  o intercepto,  $\mathbf{r}$  o vetor dos efeitos fixos das repetições,  $\mathbf{g}$  o vetor dos efeitos aleatórios dos genótipos [ $\mathbf{g} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_g^2)$ ] e  $\boldsymbol{\epsilon}$  o vetor dos efeitos aleatórios do erro [ $\boldsymbol{\epsilon} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_\epsilon^2)$ ].  $\mathbf{1}$  é um vetor de uns, e  $\mathbf{X}_1$  e  $\mathbf{Z}_1$  são as matrizes de incidência para os efeitos de repetições e genótipos, respectivamente.

As análises individuais foram utilizadas para a aferição da significância do efeito genotípico via teste da razão de verossimilhança (LRT) (WILKS, 1938):

$$LRT = -2(\text{Log}L - \text{Log}L_R) \quad (2)$$

no qual  $\text{Log}L$  é o logaritmo do ponto máximo da função de verossimilhança do modelo completo e  $\text{Log}L_R$  é o logaritmo do ponto máximo da função de verossimilhança do modelo reduzido (sem o efeito testado). O valor de  $LRT$  foi comparado com valores de qui-quadrado, com 1 grau de liberdade.

A análise conjunta considerou informações de todos os ambientes, seguindo o modelo abaixo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{X}_1\mathbf{a} + \mathbf{X}_2\mathbf{r} + \mathbf{X}_3\mathbf{s} + \mathbf{Z}_1\mathbf{g} + \boldsymbol{\epsilon} \quad (3)$$

no qual  $\mathbf{y}$  representa o vetor das observações fenotípicas,  $\mu$  o intercepto,  $\mathbf{a}$  o vetor dos efeitos fixos dos ambientes,  $\mathbf{r}$  o vetor dos efeitos fixos das repetições dentro de ambientes,  $\mathbf{s}$  o vetor dos efeitos fixos de safra,  $\mathbf{g}$  o vetor dos efeitos aleatórios dos genótipos dentro de ambientes [ $\mathbf{g} \sim NMV(0, \Sigma_g \otimes \mathbf{I}_q)$ ] e  $\boldsymbol{\epsilon}$  é o vetor dos efeitos aleatórios do erro [ $\boldsymbol{\epsilon} \sim NMV(0, \Sigma_e \otimes \mathbf{I}_n)$ ].  $\mathbf{1}$  é um vetor de uns, e  $\mathbf{X}_1$ ,  $\mathbf{X}_2$ ,  $\mathbf{X}_3$  e  $\mathbf{Z}_1$  são as matrizes de incidência para os efeitos de ambientes, repetições, safras e genótipos, respectivamente.  $\otimes$  é o produto de Kronecker.

Os efeitos genotípicos foram modelados utilizando a estrutura fator analítico (Smith, Cullis e Thompson, 2001). Desta forma,  $\Sigma_g$  e os efeitos genotípicos ( $\mathbf{g}$ ) para um modelo FA de ordem  $K$  são representados por:

$$\Sigma_g = (\mathbf{\Lambda}\mathbf{\Lambda}') + \boldsymbol{\Psi} \quad (4)$$

$$\mathbf{g} = (\mathbf{\Lambda} \otimes \mathbf{I}_q)\mathbf{f} + \boldsymbol{\delta} \quad (5)$$

na quais  $\mathbf{\Lambda}$  representa a matriz de cargas fatoriais,  $\boldsymbol{\Psi}$  a matriz diagonal das variâncias específicas,  $\mathbf{f}$  o vetor dos escores dos genótipos e  $\boldsymbol{\delta}$  é o vetor de resíduos.

Quando o número de cargas é maior que um ( $k > 1$ ), a matriz de cargas deixa de ser única. Devido a essa multiplicidade, torna-se necessário a imposição de restrições. A restrição adotada designa os valores da diagonal superior da matriz de cargas como zero. A fim de obter uma representação biológica coerente, foi realizada a rotação baseada na decomposição de valores singulares tornando as colunas de  $\mathbf{\Lambda}$  ortogonais (CULLIS et al., 2010).

Para seleção do melhor modelo FA foram considerados o Critério de Informação de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1974) e a Razão Média das Semivariâncias (ASR) (PIEPHO, 2019; CHAVES et al, 2023a). O modelo mais adequado foi determinado como aquele que apresenta menor valor de AIC dentre os modelos com ASR superior a 70%, calculados conforme as equações abaixo:

$$AIC = -2\log L + 2p \quad (6)$$

na qual  $p$  é o número de parâmetros estimados.

$$ASR = \frac{\frac{2}{J \times (J-1)} \sum_{j=1}^{J-1} \sum_{j'=j+1}^J \frac{1}{2} \times \left( \sum_{k=1}^K \widehat{\lambda}^{*2} k_j d_k + \sum_{k=1}^K \widehat{\lambda}^{*2} k_{j'} d_k \right) - \sum_{k=1}^K \widehat{\lambda}^{*2} k_j \widehat{\lambda}^{*2} k_{j'} d_k}{\frac{2}{J \times (J-1)} \sum_{j=1}^{J-1} \sum_{j'=j+1}^J \frac{1}{2} \times \left[ \left( \sum_{k=1}^K \lambda^{*2} k_j d_k + \psi_j \right) + \left( \sum_{k=1}^K \lambda^{*2} k_{j'} d_k + \psi_{j'} \right) \right] - \sum_{k=1}^K \widehat{\lambda}^{*2} k_j \widehat{\lambda}^{*2} k_{j'} d_k} \times 100 \quad (7)$$

na qual  $J$  é o número de ambientes,  $k$  é o número do fator e  $d_k$  é o  $k$ -ésimo elemento diagonal da matriz  $\mathbf{D}$ .

Após avaliação dos modelos foram estimadas, para cada ambiente, as herdabilidades generalizadas ( $H_j^2$ ) (CULLIS; SMITH; COOMBES, 2006) e os coeficientes de variação experimental ( $CV_j$ ):

$$H_j^2 = 1 - \frac{\bar{V}(\Delta)}{2\sigma_g^2} \quad (7)$$

na qual  $\bar{V}(\Delta)$  é a variância média do erro de predição par a par e  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica do  $j$ -ésimo ambiente.

$$CV_j = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu_j} \quad (8)$$

na qual  $\sigma_e^2$  é a variância do erro do ambiente  $j$ .

As correlações genéticas entre ambientes foram estimadas seguindo a equação abaixo (CULLIS; BEECK; COWLING, 2010):

$$\mathbf{C} = \mathbf{D}(\mathbf{\Lambda}^* \mathbf{\Lambda}^{*'} + \mathbf{\Psi}) \mathbf{D} \quad (9)$$

na qual  $\mathbf{C}$  é a matriz de correlações genéticas entre ambientes,  $\mathbf{D}$  é a matriz diagonal na qual os valores são o inverso das raízes quadradas dos valores diagonais de  $\Sigma_g$  e  $(\mathbf{\Lambda}^* \mathbf{\Lambda}^{*'} + \mathbf{\Psi}) = \Sigma_g$  é a matriz de covariância genotípica.

A partir do modelo selecionado, utilizou-se as ferramentas de seleção do fator analítico (FAST), visando avaliar tanto o desempenho geral (OP) quanto a estabilidade

(RMSD) dos genótipos (Smith e Cullis, 2018). O OP é determinado pelo primeiro fator, o qual deve ser predominantemente composto por cargas positivas, oferecendo assim uma medida generalizada dos efeitos genotípicos principais. O RMSD é determinado pelos fatores subsequentes ao primeiro, que capturam a variabilidade específica de cada ambiente e a interação  $G \times A$  remanescente após a consideração do desempenho geral (STEFANOVA; BUIRCHELL, 2010; SMITH; CULLIS, 2018):

$$OP_i = \frac{1}{J} \sum_1^J \lambda_{1j}^* f_{1i}^* \quad (10)$$

$$RMSD_i = \sqrt{\frac{1}{J} \sum_1^J \epsilon_{ij}^2} \quad (11)$$

em que  $J$  é o número de ambientes,  $\lambda_{1j}^*$  são as cargas rotacionadas do primeiro fator,  $f_{1i}^*$  são os escores rotacionados dos genótipos e  $\epsilon_{ij}$  é  $\lambda_{2j}^* f_{2i}^* + \lambda_{3j}^* f_{3i}^* + \dots + \lambda_{kj}^* f_{ki}^*$ .

Após a avaliação das ferramentas de seleção, adotou-se um critério de ponderação de 2:1 entre OP e RMSD para selecionar as 15% melhores linhagens, segundo a seguinte equação (CHAVES et al., 2023a):

$$I_i = 2 \times \frac{OP_i - \overline{OP}}{\sqrt{V(OP)}} - \frac{RMSD_i - \overline{RMSD}}{\sqrt{V(RMSD)}} \quad (12)$$

na qual  $\overline{OP}$  é a média dos valores do desempenho geral,  $\overline{RMSD}$  é a média dos valores de estabilidade,  $\sqrt{V(OP)}$  é o desvio padrão do desempenho geral e  $\sqrt{V(RMSD)}$  é o desvio padrão da estabilidade.

Além disso, foram calculadas as confiabilidades das linhagens individualmente (Mrode, 2014), através da equação:

$$C_i = 1 - \frac{PEV_i}{\sigma_g^2} \quad (13)$$

na qual  $PEV_i$  é a variância do erro de predição do  $i$ -ésimo genótipo e  $\overline{\sigma_g^2}$  é a variância genotípica média entre os ambientes.

Em seguida, os ganhos genéticos foram calculados, considerando tanto a seleção combinada de todas as safras quanto análises específicas por safra, utilizando a equação 14:

$$GG = \frac{\sum_1^s g_{ij}}{\mu} \quad (14)$$

na qual  $s$  representa o número de linhagens selecionadas,  $\mu$  a média e  $g_{ij}$  são valores preditos das linhagens selecionadas.

Por fim, foi avaliada a natureza das interações  $G \times A$  através de sua decomposição pelo ajuste de um modelo de simetria composta como proposto por Cooper e Delacy (1994), seguindo a equação:

$$\sigma_{ga_c}^2 = 1 - \frac{Var(\sqrt{\sigma_{g_j}^2})}{\sigma_{ga}^2} \quad (15)$$

na qual  $\sigma_{g_j}^2$  é a variância genética no  $j$ -ésimo ambiente e  $\sigma_{ga}^2$  é a variância do efeito da interação  $G \times A$ . Todas as análises foram realizadas utilizando software R, através do pacote *ASReml-R*, versão 4.2 (BUTLER, 2021).

### 3.3 Variáveis ambientais

Dados de 32 variáveis ambientais foram coletados para investigar sua influência na interação  $G \times A$ . Destas variáveis, três são geográficas, 19 são meteorológicas e 10 são de solos (Tabela 1). Os dados foram coletados para cada experimento empregando suas respectivas coordenadas geográficas e datas de plantio e colheita. Para obtenção das variáveis meteorológicas e de solo, foram utilizados os pacotes *EnvRtype* (COSTA-NETO et al., 2021) e *geodata* (HIJMANS et al., 2023) do software R, versão 4.3.2 (R CORE TEAM, 2023). Esses pacotes facilitam o acesso a dados meteorológicos do NASA POWER (NASAPOWER, 2023) e de solo do *SoilGrids* (SOILGRIDS, 2023).

Tabela 1 – Variáveis ambientais coletadas considerando os 15 ambientes avaliados no estado de São Paulo, para os anos agrícolas de 2018-2021.

Grupos	Variáveis	Abrev.	Unid.	Min.	Med.	Max.
Geográficas	Latitude	Lat	°(graus)	-24,01	-22,35	-20,47
	Longitude	Long	°(graus)	-49,97	-47,65	-46,68
	Altitude	Alt	m	495	665,93	806,00
Meteorológicas	Amplitude Térmica	AT	°C dia <sup>-1</sup>	2,62	12,12	21,07
	Déficit de Pressão de Vapor	DPV	hPa	0,10	1,09	3,28
	Duração da Luz Solar	DLS	h	10,60	11,82	13,48
	Eficiência do Uso de Radiação	EUR	-	0,09	0,64	1,00
	Evapotranspiração Potencial	ETP	mm dia <sup>-1</sup>	0,75	7,79	14,01
	Déficit de água atmosférica	DAA	mm dia <sup>-1</sup>	-13,99	-5,21	52,12
	Radiação líquida	RL	W m <sup>-2</sup>	0,75	6,47	9,82
	Graus Dias	GD	°C dia <sup>-1</sup>	3,70	14,04	22,55
	Ponto de Orvalho	PO	°C	0,55	15,16	22,15
	Precipitação Diária	PD	mm dia <sup>-1</sup>	0,00	2,58	56,14
	Pressão de Vapor Saturado	PVS	hPa	0,08	0,16	0,25
	Velocidade do vento	VV	m s <sup>-1</sup>	0,17	1,44	5,09
	Radiação de Onda Curta	ROC	W m <sup>-2</sup>	1,75	17,36	30,71
	Radiação de Onda Longa	ROL	W m <sup>-2</sup>	254,54	363,53	420,73
	Radiação Total	RT	W m <sup>-2</sup>	22,43	32,25	43,00
	Temperatura Máxima	TMax	°C	13,58	28,08	37,80
	Temperatura Média	TMed	°C	9,03	21,27	30,17
	Temperatura Mínima	TMin	°C	2,87	15,97	23,30
	Umidade Relativa	UR	%	34,56	72,11	97,81
	Solo	Capacidade de Troca Catiônica	CTC	mmol Kg <sup>-1</sup>	89,00	107,26
Densidade Aparente		DA	Bdod	112,00	126,79	136,00
Fragmentos Grossos de solo		FG	Cfvo	39,00	52,90	83,00
Teor de Areia		TA	g kg <sup>-1</sup>	383,00	459,84	634,00
Teor de Argila		TArg	g kg <sup>-1</sup>	233,00	354,23	405,00
Teor de Carbono Orgânico		TCO	dg kg <sup>-1</sup>	138,00	180,54	274,00
Teor de Carbono Orgânico Dissolvido		TCOD	g kg <sup>-1</sup>	178,00	238,87	308,00
Teor de Nitrogênio		TN	cg kg <sup>-1</sup>	1286,00	1576,40	2502,00
Teor de Silte		TS	g kg <sup>-1</sup>	133,00	185,79	230,00
Valor do pH x 10		pH	-	51,00	53,47	54,00

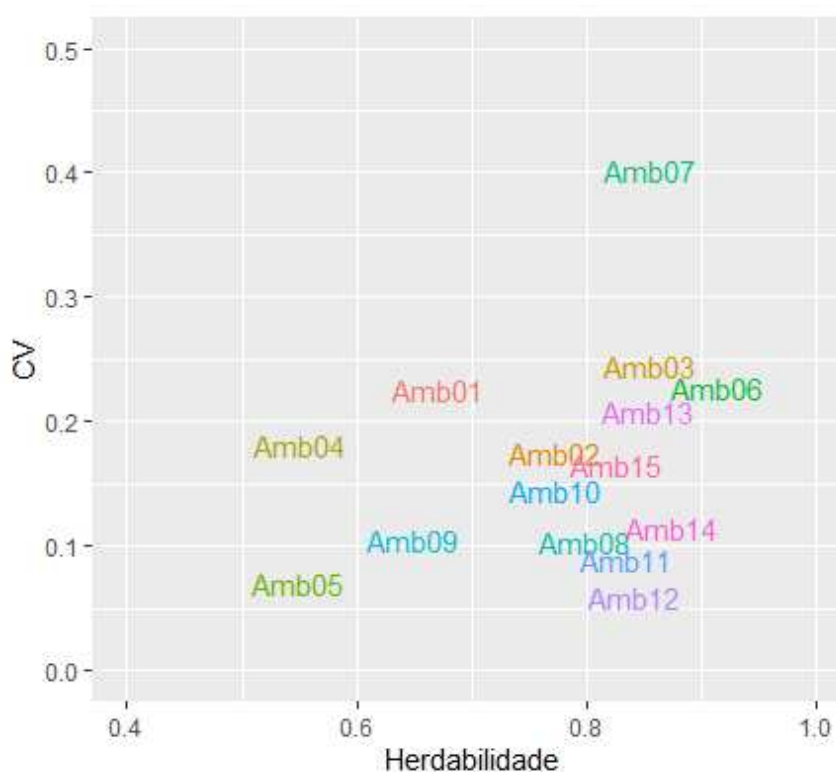
### 3.4 Correlação com variáveis ambientais

Visando um entendimento mais profundo dos fatores que influenciam a interação  $G \times A$  foi realizado o cálculo dos coeficientes de correlação de Pearson entre cada variável ambiental e as cargas fatoriais correspondentes aos ambientes e obtidas a partir da análise FA, conforme descrito por Sae-Lim et al. (2014). Tal abordagem facilita a identificação dos fatores que explicam a variação ambiental para os ambientes analisados.

## 4. RESULTADOS

Pela análise individual dos experimentos, observou-se que os coeficientes de variação ( $CV_j$ ) variaram de 0,05 (Amb 12) a 0,40 (Amb 07). Quanto à herdabilidade ( $H_j^2$ ), as estimativas oscilaram de 0,55 (Amb 05) a 0,91 (Amb 06) (Figura 2). Ademais, todos os ambientes avaliados apresentaram variabilidade genética significativa.

Figura 2 – Representação gráfica do coeficiente de variação experimental ( $CV_j$ , no eixo y) e herdabilidade generalizada ( $H_j^2$ , eixo x) para cada um dos 15 ambientes.



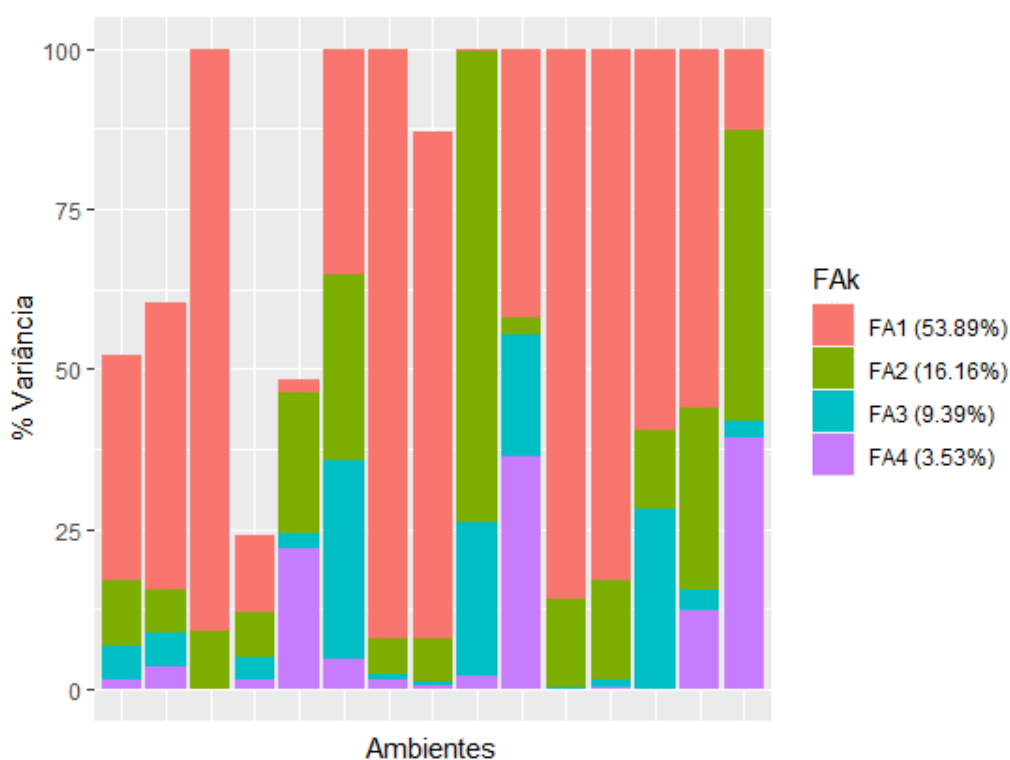
Na análise considerando todas as safras, o modelo FA4 exibiu melhor ajuste, conforme indicado pelo critério de seleção adotado (Tabela 2). Neste modelo, a porcentagem de variação explicada de cada fator foi: 53,89% para o primeiro fator, 16,16% para o segundo, 9,39% para o terceiro e 3,53% para o quarto (Figura 3). Para a análise de cada safra individualmente, modelos com 3 fatores (FA3) foram consistentemente destaques, e foram selecionados seguindo os mesmos critérios de seleção (Tabelas S1, S2 e S3).

Tabela 2 – Valores referentes a número de parâmetros (p), critério de informação de Akaike (AIC) e razão média das semivariâncias (ASR) dos modelos ajustados.

Modelo	LogL	p	AIC	ASR
FA1	-14285,18	39	28652,36	29,69
FA2	-14273,11	51	28650,22	57,25
FA3	-14266,12	64	28658,24	67,50
<b>FA4</b>	<b>-14258,61</b>	<b>74</b>	<b>28665,23</b>	<b>73,71</b>

Modelo selecionado destacado em **negrito**. Modelos com mais de cinco fatores apresentaram dificuldades de convergência.

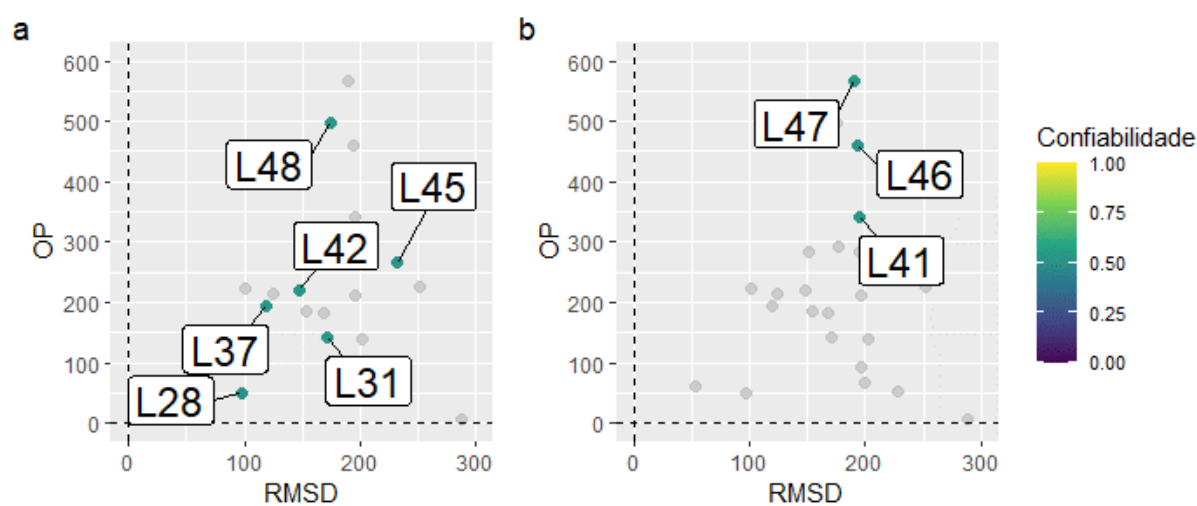
Figura 3 – Variância explicada no modelo considerando todas as safras pelos FAk.





Na análise das safras em conjunto, as linhagens carioca L48, L37, L42, L45, L28 e L31 e as linhagens preto L47, L46 e L41 se destacaram por sua produtividade e estabilidade (Figura 5). Na safra das águas, L23, L24, L25, L45, L43 e L30 (carioca) e L22, L09 e L34 (preto) foram as selecionadas. Na safra da seca, L23, L25, L21, L48 e L19 (carioca) e L47, L09 e L46 (preto) sobressaíram. Na safra de inverno, L24, L25, L19, L10, L21 e L23 (carioca) e L22, L46 e L39 (preto) apresentaram os melhores resultados (Figura S1). As linhagens L23, L24 e L25 mostraram superioridade consistente em todas as condições sazonais. Por outro lado, as linhagens L45, L43, L30, L48, L10, L34, L47 e L39 tiveram desempenho notável apenas em uma safra específica. As seleções para todas as abordagens foram feitas desconsiderando as testemunhas.

Figura 5 – Representação gráfica do desempenho (OP) e estabilidade (RMSD) destacando as linhagens mais produtivas e estáveis, considerando três safras em conjunto. a) seleção para linhagens do tipo carioca, b) seleção para linhagens do tipo preto



A abordagem de seleção por safra para o tipo carioca resultou em ganhos genéticos maiores em comparação a análise conjunta, principalmente nas safras da seca e inverno, nas quais as diferenças foram expressivas. Contudo, para as linhagens pretas a seleção por safra reduziu os ganhos (Tabela 3).

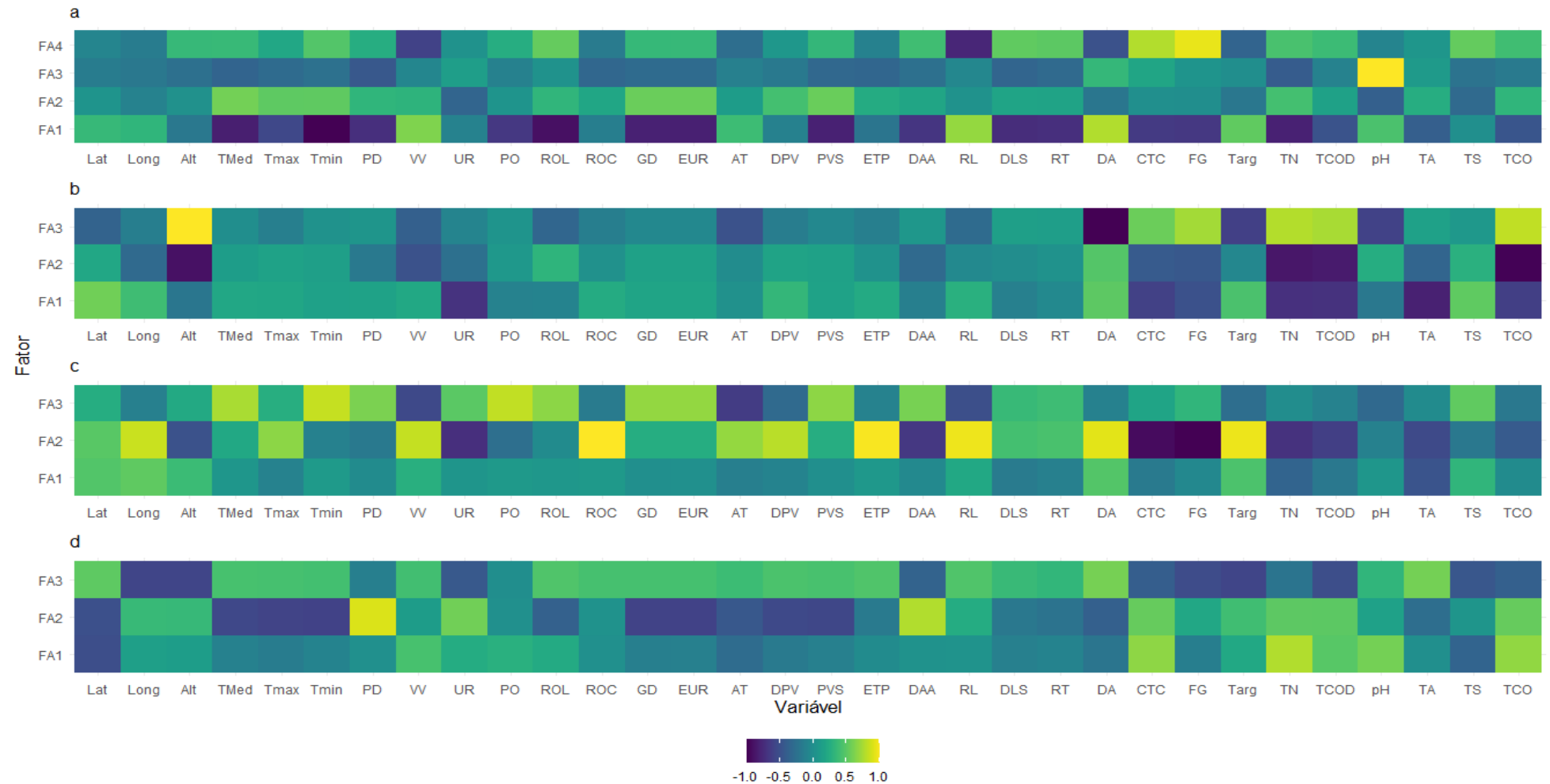
Tabela 3 – Ganhos genéticos (GG) calculados a partir dos 15% de linhagens selecionadas considerando o conjunto das safras e safras individualmente.

Seleção	GG (%)	
	Carioca	Preto
Conjunta	12,23	10,43
Águas	13,38	2,5
Seca	24,78	3,64
Inverno	18,85	5,36

As correlações lineares entre as variáveis ambientais e as cargas dos fatores do FA4 revelaram padrões distintos de associação, dependendo do fator (Figura 6). As variáveis PD, GD, VV, PVS, RL, DLS, CTC, FG e pH exibiram alta correlação com um único fator, indicando influência direta e específica sobre os efeitos capturados no fator específico. Por outro lado, as variáveis Tmin, EUR, ROL e TN mostraram alta correlação com dois fatores, sugerindo o papel amplo dessas variáveis na interação G × A. Adicionalmente, a variável Tmed apresentou alta correlação com três fatores, refletindo influência ainda mais abrangente e diversificada dela na interação G × A.

No que concerne as avaliações sazonais, na safra das águas, a correlação entre as variáveis e as cargas do FA3 mostrou que Lat, TA e TS estiveram correlacionadas com um fator, enquanto Alt, TCO e TCO<sub>D</sub> apresentaram correlações altas com dois fatores e TN e DA apresentaram altas correlações com todos os três fatores (Tabela S4). Na safra da seca, Lat, Long, Tmed, Tmin, PO, ROC, EUR, AT, ETP, RL, DA, CTC, FG, Targ e TA mostraram-se altamente correlacionadas com um fator (Tabela S5). Por fim, na safra de inverno, observaram-se altas correlações para Lat, Alt, Long, Tmin, PD, GD, EUR, DAA, DA, CTC, Targ, pH, TA, TCO e TN com um fator (Tabela S6).

Figura 6 – Correlação entre as variáveis ambientais avaliadas e as cargas rotacionadas dos fatores para: a) avaliação de todas as safras, b) avaliação na safra das águas, c) avaliação na safra da seca e d) avaliação na safra do inverno.



\* Veja a Tabela 1 para os nomes das variáveis

## 5. DISCUSSÃO

Neste estudo foram empregados os modelos FA e as FAST na avaliação de METs para selecionar linhagens sob diferentes condições climáticas nas três safras praticadas para a cultura. Esta abordagem, aliada as informações ambientais possibilitaram uma análise detalhada da interação  $G \times A$ , elucidando as mais prováveis causas das respostas diferenciadas às flutuações ambientais. Foram realizadas seleções conjuntas para todas as safras e específicas para cada uma, comparando os ganhos genéticos de ambas as estratégias. Adicionalmente, correlações genéticas entre ambientes foram calculadas para revelar semelhanças entre eles. Estes métodos fornecem informações fundamentais para aprimorar a seleção e o melhoramento de linhagens, considerando a complexidade ambiental e suas implicações no desempenho genotípico.

Os modelos FA são reconhecidos pela sua flexibilidade e robustez na modelagem de matrizes de variância-covariância genética, sendo particularmente eficazes em análises de MET (SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005). Esses modelos se destacam por serem mais parcimoniosos em relação aos modelos não estruturados e por sua capacidade de considerar a heterogeneidade da covariância genética, o que proporciona representações mais coerentes dos efeitos da interação  $G \times A$  (SMITH; CULLIS, 2018). Além disso, a abordagem FA, que não requer balanceamento e considera o efeito de genótipo como aleatório, é especialmente vantajosa em programas de melhoramento onde a exclusão de genótipos pouco produtivos ao longo dos anos é comum, resultando em dados frequentemente desbalanceados (TOLHURST et al., 2022).

As altas correlações genéticas positivas entre determinados ambientes sugerem baixa interação  $G \times A$  do tipo complexa entre eles. Curiosamente, a baixa interação não implica, como descrito por Chaves et al. (2023b), em uma proximidade geográfica entre os ambientes. Exemplificando tal constatação, foram observadas altas correlações entre ambientes distantes, como entre os ambientes 03 (Local 1) e 12 (Local 6) (Figura 4). Essas descobertas sublinham a importância de refinar a rede experimental avaliada para compreender a dinâmica da interação  $G \times A$ , permitindo uma avaliação mais representativa de diferentes ambientes. Esses padrões de correlação destacam a resposta diferencial das linhagens avaliadas e podem ser utilizados estrategicamente na definição de mega ambientes (OLIVEIRA et al., 2020).

A abordagem de seleção por safra demonstrou que pode levar a maiores ganhos genéticos, indicando influência das diferentes condições ambientais entre safras na seleção. No entanto, a aplicabilidade de recomendações específicas para cada safra pode ser questionável no contexto do cultivo do feijoeiro, já que grande parte da área plantada é representada por pequenos e médios produtores que tem interesse em usar a mesma linhagem com desempenho estável em todas as safras (SILVA, 2015). Apesar disso, considerando que grande parte da interação  $G \times A$  entre safras no feijoeiro é causada pelas diferentes condições climáticas e doenças prevalentes em cada época (TORGA et al., 2012; BRUNO et al., 2017), a seleção por safra se justifica para direcionar cruzamentos visando a piramidização de genes de resistência.

Consistentemente com as descobertas desta pesquisa, investigações anteriores identificaram fatores críticos que afetam a cultura do feijoeiro, como o estresse hídrico e térmico, conforme descrito por Müller et al. (2014) e Beebe et al. (2011). Pesquisas mais recentes, incorporando variáveis ambientais, destacaram a importância de elementos como temperatura mínima, precipitação diária, teor de nitrogênio e eficiência do uso de radiação na performance do feijoeiro (TEIXEIRA; STONE; HEINEMANN, 2015; HEINEMANN et al., 2022). Além disso, o presente estudo revelou uma gama mais ampla de fatores ambientais que exercem impacto significativo na resposta a diferentes ambientes. Tais descobertas enriquecem o conhecimento sobre as causas potenciais da interação  $G \times A$ , oferecendo percepções valiosas para melhoristas no desenvolvimento de linhagens bem adaptadas às especificidades regionais (BAKARE et al., 2022).

## 6. CONCLUSÕES

A seleção de linhagens produtivas e estáveis identificou L48, L37, L42, L45, L28, L31, L47, L46 e L41 como superiores na análise das safras em conjunto. Para as safras específicas, destacaram-se L23, L24, L25, L45, L43, L30, L22, L09 e L34 na safra das águas; L24, L23, L25, L21, L48, L19, L47, L09 e L46 na safra da seca; e L24, L25, L19, L10, L21, L23, L22, L46 e L39 na safra de inverno. Os ganhos genéticos foram mais significativos para as safras da seca e do inverno considerando as linhagens carioca, demonstrando a eficácia da seleção específica por safra. As condições ambientais mais influentes variaram conforme a safra, evidenciando fatores

como temperatura média, temperatura mínima, teor de nitrogênio, eficiência do uso de radiação, densidade aparente, capacidade de troca catiônica, fragmentos grossos, radiação líquida e teor de areia.

## REFERÊNCIAS

- AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Trans Autom Control**, v. 19, p. 716-723, 1974.
- BAKARE, M. A.; KAYONDO, S. I.; AGHOGHO, C. I.; WOLFE, M. D.; PARKES, E. Y.; KULAKOW, P.; EGESI, C.; JANNINK, J.-L.; RABBI, I. Y. Parsimonious genotype by environment interaction covariance models for cassava (*Manihot esculenta*). **Frontiers in Plant Science**, v. 13, p. 978248, 2022.
- BARROS, R. L. N. Crescimento e produtividade de grãos do feijoeiro comum sob inoculação com *Rhizobium* e adubação nitrogenada. 2016. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Instituto de Agronomia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2016.
- BEEBE, S.; RAMIREZ, J.; JARVIS, A.; RAO, I. M.; MOSQUERA, G.; BUENO, J. M.; BLAIR, M. W. Genetic Improvement of Common Beans and the Challenges of Climate Change. **Crop Adaptation to Climate Change**. Wiley, 2011. p. 356–369, 2011.
- BUTLER, D. **Asreml**: fits the linear mixed model. 2021. Disponível em: [www.vsni.co.uk](http://www.vsni.co.uk).
- BRUNO, A.; CLARE, M. M.; STANLEY, N. T.; PAUL, G.; MAXWELL, M. G.; PATRICK, R.; RICHARD, E. Variety × Environment × Management Interaction of Diseases and Yield in Selected Common Bean Varieties. **Agronomy Journal**, v. 109, n. 6, p. 2450–2462, 2017.
- CHAVES, S. F. S.; ALVES, R. S.; DIAS, L. A. S.; ALVES, R. M.; DIAS, K. O. G.; EVANGELISTA, J. S. P. C. Analysis of repeated measures data through mixed models: An application in *Theobroma grandiflorum* breeding. **Crop Science**, v. 63, n. 4, p. 2131-2144, 2023a.
- CHAVES, S. F. S.; EVANGELISTA, J. S. P. C.; TRINDADE, R. S.; DIAS, L. A. S.; GUIMARÃES, P. E.; GUIMARÃES, L. J. M.; ALVES, R. S.; BHERING, L. L.; DIAS, K. O. G. Employing factor analytic tools for selecting high-performance and stable tropical maize hybrids. **Crop Science**, v. 63, n. 3, p. 1114-1125, 2023b.
- COOPER, M.; DELACY, I. H. Relationships among analytical methods used to study genotypic variation and genotype-by-environment interaction in plant breeding multi-environment experiments. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 88, p. 561–572, 1994.
- COSTA-NETO, G.; GALLI, G.; CARVALHO, H. F.; CROSSA, J.; FRITSCHÉ-NETO, R. *EnvRtype*: a software to interplay enviromics and quantitative genomics in agriculture. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, v. 11, n. 4, p. jkab040, 2021.
- CULLIS, B. R.; JEFFERSON, P.; THOMPSON, R.; SMITH, A. B. Factor analytic and reduced animal models for the investigation of additive genotype-by-environment

interaction in outcrossing plant species with application to a *Pinus radiata* breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 127, n. 10, p. 2193–2210, 2014.

CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; BEECK, C. P.; COWLING, W. A. Analysis of yield and oil from a series of canola breeding trials. Part II. Exploring variety by environment interaction using factor analysis. **Genome**, v. 53, n. 11, p. 1002–1016, 2010.

CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 11, n. 4, p. 381–393, 2006.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. Dados conjunturais da produção de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2022): área, produção e rendimento. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2023. Disponível em: <https://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>. Acesso em: 10 dez. 2023.

EMBRAPA. Estatística da produção de feijão. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao/pre-producao/socioeconomia/estatistica-da-producao#:~:text=Na%20m%C3%A9dia%20de%202020%2D2022,Mato%20Grosso%20e%20S%C3%A3o%20Paulo>. Acesso em: 10 dez. 2023.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. 4. ed. Edinburgh: Pearson, 1996. 464 p.

FINLAY, K.; WILKINSON, G. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 14, n. 6, p. 742, 1963.

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

GAUCH, H. G.; PIEPHO, H.; ANNICCHIARICO, P. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE: Further Considerations. **Crop Science**, v. 48, n. 3, p. 866–889, 2008.

GOGEL, B.; SMITH, A.; CULLIS, B. Comparison of a one- and two-stage mixed model analysis of Australia's National Variety Trial Southern Region wheat data. **Euphytica**, v. 214, n. 2, p. 44, 2018.

HEINEMANN, A. B. et al. Enviromic prediction is useful to define the limits of climate adaptation: A case study of common bean in Brazil. **Field Crops Research**, v. 286, 2022.

HENDERSON, C. R. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423, 1975.

HIJMANS, R. J. et al. geodata: download geographic data. 2023. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=geodata>.

KEMPTON, R. A. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. **The Journal of Agricultural Science**, v. 103, n. 1, p. 123–135, 1984.

KOZAK, M.; PIEPHO, H.-P. What's normal anyway? Residual plots are more telling than significance tests when checking ANOVA assumptions. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v. 204, n. 1, p. 86–98, 2018.

MRODE, R. A. Linear models for the prediction of animal breeding values. 3. ed. CABI, 2014.

MÜLLER, B. S. D. F.; SAKAMOTO, T.; SILVEIRA, R. D. D.; ZAMBUSSI-CARVALHO, P. F.; PEREIRA, M.; PAPPAS, G. J.; DO CARMO COSTA, M. M.; GUIMARÃES, C. M.; PEREIRA, W. J.; BRONDANI, C.; VIANELLO-BRONDANI, R. P. Differentially Expressed Genes during Flowering and Grain Filling in Common Bean (*Phaseolus vulgaris*) Grown under Drought Stress Conditions. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 32, n. 2, p. 438–451, 2014.

NASAPOWER. Prediction of worldwide energy resource. 2023. Disponível em: <https://power.larc.nasa.gov/data-access-viewer>.

ORGANIZAÇÃO DAS NAÇÕES UNIDAS PARA A ALIMENTAÇÃO E A AGRICULTURA (FAO). FAO STAT: banco de dados de estatísticas. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>. Acesso em: 10 dez. 2023.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545–554, 1971.

PIEPHO, H. P. Analyzing Genotype-Environment Data by Mixed Models with Multiplicative Terms. **Biometrics**, v. 53, n. 2, p. 761, 1997.

PIEPHO, H. P. A coefficient of determination ( $R^2$ ) for generalized linear mixed models. **Biometrical Journal**, v. 61, n. 4, p. 860–872, 2019.

R CORE TEAM. R: A Language and Environment for Statistical Computing. Viena, Áustria: R Foundation for Statistical Computing, 2023. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.

Resende, M. D. V. and Thompson, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, 22 (2), p. 31-52, 2004.

SAE-LIM, P.; KOMEN, H.; KAUSE, A.; MULDER, H. A. Identifying environmental variables explaining genotype-by-environment interaction for body weight of rainbow trout (*Onchorynchus mykiss*): reaction norm and factor analytic models. **Genetics Selection Evolution**, v. 46, n. 1, p. 16, 2014.

SILVA, F. C. Interação de genótipos com ambientes para qualidade de grãos carioca e caracteres agrônômicos em feijoeiro-comum. 2015. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, 2015.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R. Plant breeding selection tools built on factor analytic mixed models for multi-environment trial data. **Euphytica**, v. 214, n. 8, p. 143, 2018.

SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Analyzing Variety by Environment Data Using Multiplicative Mixed Models and Adjustments for Spatial Field Trend. **Biometrics**, v. 57, n. 4, p. 1138–1147, 2001.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **The Journal of Agricultural Science**, v. 143, n. 6, p. 449–462, 2005.

SOILGRIDS. Soilgrids — global gridded soil information. 2023. Disponível em: <https://www.isric.org/explore/soilgrids/>.

STEFANOVA, K. T.; BUIRCHELL, B. Multiplicative mixed models for genetic gain assessment in lupin breeding. **Crop Science**, v. 50, n. 3, p. 880–891, 2010.

TEIXEIRA, G. C. DA S.; STONE, L. F.; HEINEMANN, A. B. Eficiência do uso da radiação solar e índices morfofisiológicos em cultivares de feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v. 45, n. 1, 2015.

TOLHURST, D. J. et al. Genomic selection using random regressions on known and latent environmental covariates. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 135, p. 3393–3415, 2022.

TORGA, P. P.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C. DE; PELOSO, M. J. D.; MELO, L. C. Interaction of common beans cultivars of the black group with years, locations and sowing seasons. **Euphytica**, v. 189, p. 239–248, 2013.

VAN EEUWIJK, F.A.; BUSTOS-KORTS, D.V.; MALOSETTI, M. What Should Students in Plant Breeding Know About the Statistical Aspects of Genotype × Environment Interactions?. **Crop Science**, v. 56, p. 2119-2140, 2016.

VERBYLA, A. On two-stage analysis of multi-environment trials. **Euphytica**, v. 219, n. 11, p. 121, 2023.

WILKS, S. S. The large-sample distribution of the likelihood ratio for testing composite hypotheses. **Annals of Mathematical and Statistics**, v.9, p.60–62, 1938.

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.

**Material suplementar**

Tabela S1 – Valores referentes a número de parâmetros (p), critério de informação de Akaike (AIC) e razão média das semivariâncias (ASR) dos modelos ajustados para a safra das águas. Modelo selecionado destacado em negrito.

Modelo	LogL	p	AIC	ASR
FA1	-5280,916	24	10609,832	27,604
FA2	-5273,498	33	10612,996	40,691
<b>FA3</b>	<b>-5271,919</b>	<b>37</b>	<b>10617,838</b>	<b>86,098</b>

Tabela S2 – Valores referentes a número de parâmetros (p), critério de informação de Akaike (AIC) e razão média das semivariâncias (ASR) dos modelos ajustados para a safra da seca. Modelo selecionado destacado em negrito.

Modelo	LogL	p	AIC	ASR
FA1	-4211.353	20	8462,705	32,666
FA2	-4209,082	24	8466,164	61,341
<b>FA3</b>	<b>-4204,958</b>	<b>28</b>	<b>8465,916</b>	<b>77,993</b>

Tabela S3 – Valores referentes a número de parâmetros (p), critério de informação de Akaike (AIC) e razão média das semivariâncias (ASR) dos modelos ajustados para a safra de inverno. Modelo selecionado destacado em negrito.

Modelo	LogL	p	AIC	ASR
FA1	-4056,945	19	8151,891	54,367
FA2	-4053,933	24	8155,867	67,633
<b>FA3</b>	<b>-4052,818</b>	<b>27</b>	<b>8159,635</b>	<b>96,962</b>

Figura S1 – Representação gráfica do desempenho (OP) e estabilidade (RMSD) destacando as linhagens mais produtivas e estáveis. a) e b) Seleção considerando safra das águas, c) e d) Seleção considerando safra da seca, e e) e f) Seleção considerando safra de inverno.

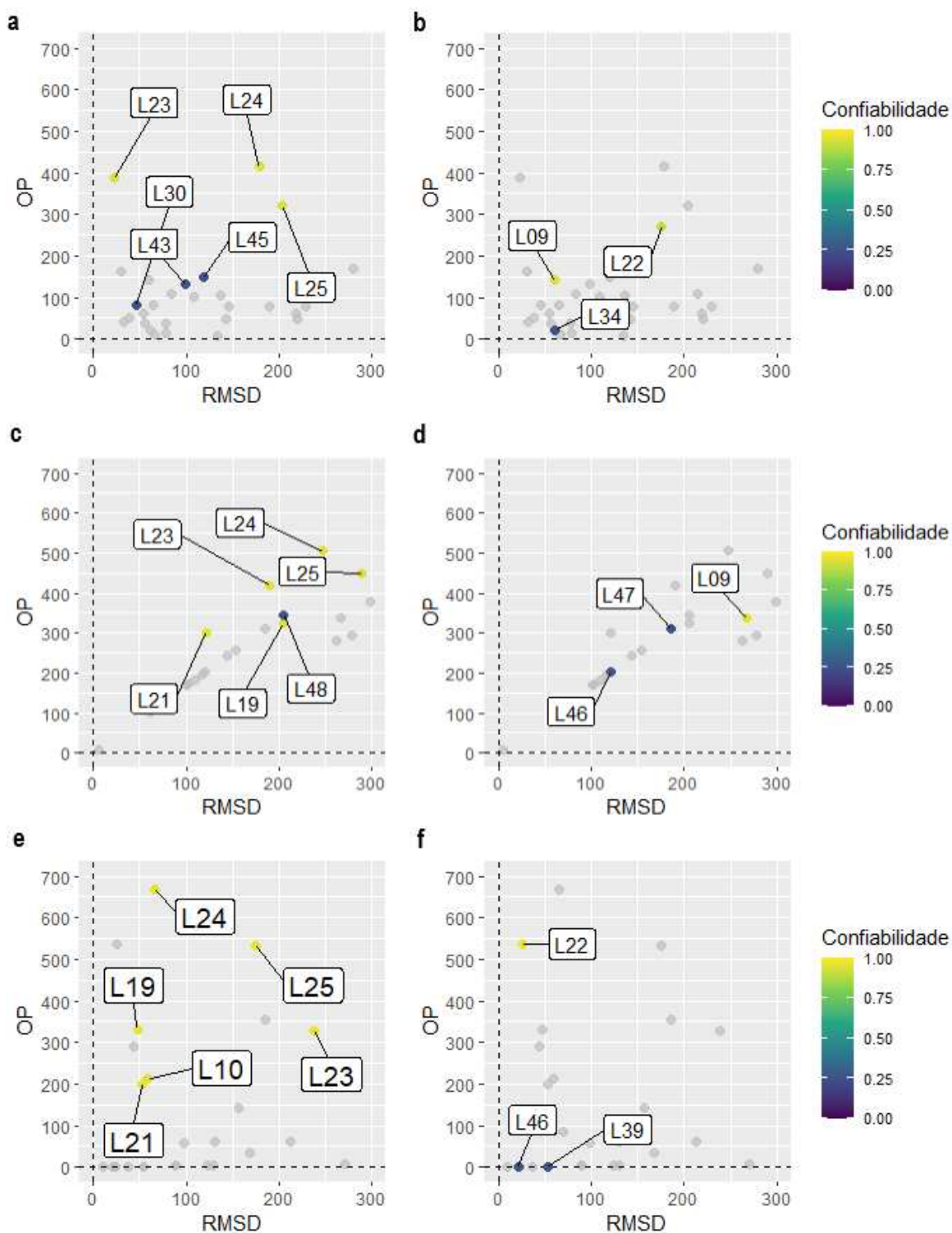




Tabela S4 - Correlação entre as variáveis ambientais avaliadas e as cargas de cada fator do modelo FA3 (análise individual: safra das águas). Maiores correlações por fator destacadas em negrito.

Variável	FA1	FA2	FA3
Lat	<b>0.531</b>	0.240	-0.191
Long	0.386	-0.146	-0.023
Alt	-0.071	<b>-0.606</b>	<b>0.863</b>
TMed	0.240	0.176	0.078
Tmax	0.237	0.215	-0.017
Tmin	0.201	0.190	0.108
PD	0.212	-0.052	0.129
VV	0.247	-0.287	-0.210
UR	-0.451	-0.110	0.020
PO	0.005	0.148	0.120
ROL	0.012	0.325	-0.174
ROC	0.266	0.101	-0.023
GD	0.225	0.207	0.043
EUR	0.225	0.209	0.044
AT	0.099	0.071	-0.289
DPV	0.346	0.221	-0.029
PVS	0.213	0.209	0.047
ETP	0.264	0.113	-0.013
DAA	-0.017	-0.149	0.139
RL	0.302	0.052	-0.139
DLS	-0.010	0.075	0.186
RT	0.053	0.109	0.183
DA	<b>0.480</b>	<b>0.454</b>	<b>-0.671</b>
CTC	-0.376	-0.240	0.517
FG	-0.293	-0.254	0.654
Targ	0.426	0.037	-0.380
TN	<b>-0.463</b>	<b>-0.583</b>	<b>0.691</b>
TCOD	-0.455	<b>-0.565</b>	<b>0.664</b>
pH	-0.059	0.281	-0.372
TA	<b>-0.536</b>	-0.175	0.202
TS	<b>0.488</b>	0.306	0.146
TCO	-0.391	<b>-0.664</b>	<b>0.719</b>

Tabela S5 - Correlação entre as variáveis ambientais avaliadas e as cargas de cada fator do modelo FA3 (análise individual: safra da seca). Maiores correlações por fator destacadas em negrito.

Variável	FA1	FA2	FA3
Lat	<b>0.380</b>	0.400	0.185
Long	<b>0.425</b>	0.716	-0.143
Alt	0.295	-0.464	0.160
TMed	0.024	0.155	<b>0.634</b>
Tmax	-0.124	0.556	0.202
Tmin	0.050	-0.134	<b>0.706</b>
PD	-0.061	-0.193	0.508
VV	0.208	0.702	-0.516
UR	0.014	-0.670	0.409
PO	0.041	-0.267	<b>0.694</b>
ROL	0.026	-0.060	0.556
ROC	0.041	<b>0.858</b>	-0.179
GD	-0.032	0.186	0.574
EUR	-0.027	0.184	<b>0.576</b>
AT	-0.150	0.578	<b>-0.595</b>
DPV	-0.112	0.674	-0.299
PVS	-0.030	0.193	0.559
ETP	0.037	<b>0.844</b>	-0.124
DAA	-0.072	-0.622	0.497
RL	0.150	<b>0.814</b>	-0.484
DLS	-0.175	0.334	0.282
RT	-0.143	0.352	0.307
DA	<b>0.385</b>	0.784	-0.137
CTC	-0.184	<b>-0.853</b>	0.122
FG	-0.083	<b>-0.903</b>	0.253
Targ	<b>0.359</b>	0.811	-0.271
TN	-0.341	-0.653	-0.047
TCOD	-0.200	-0.577	-0.121
pH	0.024	-0.133	-0.310
TA	<b>-0.444</b>	-0.511	-0.063
TS	0.252	-0.199	0.429
TCO	-0.062	-0.402	-0.202

Tabela S6 - Correlação entre as variáveis ambientais avaliadas e as cargas de cada fator do modelo FA3 (análise individual: safra de inverno). Maiores correlações por fator destacadas em negrito.

Variável	FA1	FA2	FA3
Lat	<b>-0.527</b>	-0.511	0.505
Long	0.124	0.350	<b>-0.589</b>
Alt	0.106	0.341	<b>-0.588</b>
TMed	-0.131	-0.572	0.416
Tmax	-0.165	-0.601	0.413
Tmin	-0.109	<b>-0.609</b>	0.400
PD	-0.003	<b>0.892</b>	-0.147
VV	0.416	0.097	0.394
UR	0.228	0.572	-0.450
PO	0.270	-0.004	-0.017
ROL	0.218	-0.386	0.452
ROC	-0.007	0.009	0.411
GD	-0.141	<b>-0.603</b>	0.412
EUR	-0.140	<b>-0.607</b>	0.409
AT	-0.300	-0.457	0.370
DPV	-0.187	-0.563	0.431
PVS	-0.139	-0.578	0.421
ETP	-0.044	-0.186	0.450
DAA	0.022	<b>0.770</b>	-0.371
RL	0.024	0.228	0.449
DLS	-0.134	-0.201	0.351
RT	-0.105	-0.238	0.315
DA	-0.221	-0.398	<b>0.587</b>
CTC	<b>0.662</b>	0.531	-0.408
FG	-0.154	0.189	-0.546
Targ	0.200	0.388	<b>-0.588</b>
TN	<b>0.770</b>	0.500	-0.234
TCOD	0.479	0.498	-0.527
pH	<b>0.578</b>	0.137	0.311
TA	-0.011	-0.290	<b>0.580</b>
TS	-0.362	0.045	-0.463
TCO	<b>0.672</b>	0.531	-0.398

Tabela S7 – Correlação entre as variáveis ambientais avaliadas e as cargas rotacionadas de cada fator do modelo FA4 (análise conjunta das safras). Maiores correlações por fator destacadas em negrito.

Variável	FA1	FA2	FA3	FA4
Lat	0.238	0.033	-0.108	-0.052
Long	0.213	-0.075	-0.128	-0.104
Alt	-0.125	0.008	-0.176	0.238
TMed	<b>-0.552</b>	<b>0.394</b>	<b>-0.236</b>	0.242
Tmax	-0.376	0.345	-0.200	0.137
Tmin	<b>-0.664</b>	<b>0.349</b>	-0.168	0.317
PD	-0.483	0.213	<b>-0.301</b>	0.171
VV	0.421	0.206	-0.047	<b>-0.402</b>
UR	-0.074	-0.230	0.085	0.016
PO	-0.450	0.030	-0.078	0.172
ROL	<b>-0.611</b>	0.214	0.018	<b>0.362</b>
ROC	-0.094	0.129	-0.221	-0.113
GD	-0.543	<b>0.374</b>	-0.202	0.234
EUR	<b>-0.546</b>	<b>0.374</b>	-0.199	0.236
AT	0.258	0.074	-0.083	-0.184
DPV	-0.077	0.279	-0.122	0.044
PVS	-0.543	<b>0.373</b>	-0.217	0.225
ETP	-0.141	0.156	-0.226	-0.081
DAA	-0.457	0.127	-0.176	0.266
RL	0.466	0.014	-0.043	<b>-0.523</b>
DLS	-0.498	0.117	<b>-0.231</b>	0.353
RT	-0.483	0.117	-0.204	0.341
DA	0.524	-0.135	0.230	-0.329
CTC	-0.440	0.000	0.126	<b>0.526</b>
FG	-0.450	-0.004	0.029	<b>0.634</b>
Targ	0.352	-0.132	-0.003	-0.237
TN	<b>-0.544</b>	0.278	<b>-0.278</b>	0.291
TCOD	-0.324	0.102	-0.076	0.254
pH	0.296	-0.257	<b>0.678</b>	-0.058
TA	-0.262	0.173	0.061	0.043
TS	0.000	-0.204	-0.154	0.360
TCO	-0.313	0.212	-0.118	0.267

Tabela S8 – Valores de desempenho ( $OP_i$ ), estabilidade ( $RMSD_i$ ) e confiabilidade ( $C_i$ ) de cada uma das linhagens avaliadas.

Linhagem	$OP_i$	$RMSD_i$	$C_i$
L01	-379,35	115,02	0,93
L02	-195,73	158,25	0,93
L03	-464,76	171,26	0,93
L04	-580,6	83,19	0,93
L05	-262,74	181,98	0,93
L06	-371,65	223,86	0,93
L07	-316,44	162,82	0,93
L08	-428,03	272,68	0,93
L09	-6,25	226,01	0,93
L10	-31,31	272,15	0,93
L11	-237,11	53,73	0,93
L12	-249,99	275,75	0,92
L13	-18,39	136,1	0,93
L14	-301,02	128,23	0,92
L15	-18,41	290,85	0,93
L16	-70,34	98,93	0,92
L17	-213,08	157,91	0,92
L18	-20,75	278,3	0,92
L19	29,75	322,43	0,93
L20	-215,93	221,74	0,93
L21	-29,08	208,61	0,93
L22	380,83	301,16	0,92
L23	227,69	259,83	0,93
L24	392,74	391,09	0,93
L25	290,15	410,24	0,92
L26	-37,62	298,2	0,55
L27	-195,25	283,7	0,54
L28	25,8	104,69	0,52
L29	136,9	199,99	0,55
L30	-24,27	302,9	0,55
L31	149,29	170,38	0,55
L32	46,44	228,97	0,55
L33	-17,11	45,88	0,53
L34	192,35	156,87	0,55
L35	200,54	202,27	0,55
L36	293,28	179,02	0,55
L37	216,38	114,25	0,55
L38	-41,94	90,18	0,55
L39	51,46	55,88	0,54
L40	200,01	131,46	0,55
L41	295,05	217,15	0,55

L42	222,27	148,45	0,54
L43	110,35	198,97	0,55
L44	88,2	203,03	0,55
L45	278,83	233,39	0,54
L46	466,88	189,92	0,54
L47	562,99	191,05	0,55
L48	526,37	177,9	0,55
T01	-327,25	192,08	0,93
T02	177,03	176,57	0,55
T03	-304,87	205,2	0,92
T04	300,44	165,66	0,94
T05	279,99	195,28	0,55
T06	-150,27	145,23	0,93
T07	-275,86	149,39	0,92
T08	232,45	99,97	0,94
T09	-393,74	324,55	0,93
T10	-62,95	229,37	0,92
T11	-132,36	161,09	0,94

---

Tabela S9 – Correspondências dos locais e das combinações de Locais e Anos que constituem os Ambientes.

Local	Codificação do local	Ano	Ambiente (Local x Ano)
Campinas	Loc1	2019	Amb01
		2020	Amb02
		2018	Amb03
		2021	Amb13
Capão Bonito	Loc2	2019	Amb04
		2018	Amb05
		2020	Amb14
Mococa	Loc3	2020	Amb06
		2019	Amb07
		2018	Amb08
Monte Alegre do Sul	Loc4	2019	Amb09
Tatuí	Loc5	2020	Amb10
Votuporanga	Loc6	2019	Amb11
		2018	Amb12
		2020	Amb15