



RAFAEL DE MOURA

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS
DE SOJA POR RELM/BLUP E GGE BILOT**

**LAVRAS – MG
2023**

RAFAEL DE MOURA

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA POR
RELM/BLUP E GGEPILOT**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - Profissional, área de concentração Genética e Melhoramento de Plantas para obtenção do título de mestre.

Prof (a). Dr. Aurinelza Batista Teixeira Condé
Orientadora

**LAVRAS - MG
2023**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Moura, Rafael.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS
DE SOJA POR RELM/BLUP E GGE BILOT / Rafael Moura. -
2023.

39 p. : il.

Orientador(a): Aurinelza Batista Teixeira Condé.

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Federal de
Lavras, 2023.

Bibliografia.

1. Glycine max (L). 2. Interação genótipo x ambiente. 3. Multi-
ambientes. I. Condé, Aurinelza Batista Teixeira. II. Título.

RAFAEL DE MOURA

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA POR
RELM/BLUP E GGEPILOT**

**ADAPTABILITY AND STABILITY OF SOYBEAN GENOTYPES BY
RELM/BLUP AND GGEPILOT**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - Profissional, área de concentração Genética e Melhoramento de Plantas para obtenção do título de mestre.

Aprovado em 25 de maio de 2023

Dr^a Jussara Mencalha

Dr. Sebastião Azevedo

EPAMIG

UFLA

Dr^a. Aurinelza Batista Teixeira Condé
Orientadora

**LAVRAS - MG
2023**

Ao meu irmão Rodrigo de Moura pela inspiração e amor.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida, oportunidades e pessoas encontradas.

Ao apoio de meus pais, Lorival e Arlete, pela educação, apoio e auxílio durante toda minha vida,

A minha esposa Inna Gabriela pela paciência, sabedoria e suporte.

Ao meu irmão Rodrigo de Moura, pela inspiração de fazer agronomia, pelo exemplo de pai, amigo e irmão.

A minha orientadora, Dr^a Aurinelza Batista Teixeira Condé, por sua valiosa orientação, aconselhamentos, dedicação e todos os conhecimentos transmitidos durante minha formação.

Aos grandes idealizadores desse trabalho Dr. Cleiton Renato Casagrande, Dr. Rafael Storto Nalin e Dr. Franco Romero Muniz, vocês foram fundamentais para construção e idealização desse projeto.

A empresa BASF e a todas as pessoas que fazem parte dela, pelo provimento de dados para a realização dessa pesquisa, pelo apoio e incentivo a elaboração dos trabalhos.

A Universidade Federal de Lavras e ao programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela oportunidade concedida e pela formação como profissional.

Aos colegas e amigos da BASF, em especial aos meus colegas de trabalho do melhoramento genético de soja, que me auxiliaram na execução desse e de inúmeros outros trabalhos, além de proporcionarem momentos felizes em minha vida, tenho esperança de que nossa amizade nunca se dissipe, mesmo trilhando caminhos diferentes.

Por fim, agradeço a todos aqueles que de alguma forma contribuíram para minha formação.

RESUMO

Com a rápida expansão da soja *Glycine max* (L). no Brasil o estudo da interação genótipo x ambiente se tornou cada vez mais imprescindível visto a alta influência que a cultura sofre sobre essa interação, onde em diferentes regiões com o mesmo genótipo observam-se os mais diferentes fenótipos, dificultando os trabalhos dos melhoristas. Notando-se que há mudanças de ranqueamento de genótipos de um ambiente para outro, não fazendo assim uma correlação perfeita entre genótipo e fenótipo. Portanto faz-se necessário a condução de ensaios multi-ambientes no intuito de testar e selecionar os genótipos na região de interesse. Os dados obtidos por essa gama de locais são geralmente desbalanceados e volumosos, fazendo-se necessário o uso de métodos estatísticos precisos. O uso de metodologias como REML/BLUP e GGE Biplot são altamente utilizadas para fins de classificação de genótipos, seleção, locais de teste e formação de mega ambientes. Portanto, o objetivo desse trabalho foi selecionar genótipos superiores quanto a adaptabilidade, estabilidade e produtividade em diferentes ambientes do cerrado brasileiro, durante os anos agrícolas 2018-2019 e 2019-2020. Em todos os ensaios empregou-se o delineamento em blocos casualizados, com três repetições, avaliando-se principalmente a produtividade de grãos. Foram feitas análises de variância conjunta e a interação genótipo x ambiente se mostrou altamente significativa. Os genótipos mais promissores em relação a produtividade de grãos foram G3, G6 e G4, o ambiente mais discriminativo e representativo foi em Querência – MT 2020, foram também identificados seis mega-ambientes servindo de alocação de locais para futuros testes. Deste modo observa-se que os métodos REML/BLUP e GGE Biplot são altamente correlacionados para fins de seleção e recomendação.

Palavras-chave: *Glycine max* (L). Interação genótipo x ambiente. Multi-ambientes.

ABSTRACT

With the rapid expansion of *Glycine max* (L) soybeans. in Brazil the study of genotype x environment interaction has become increasingly essential given the high influence that culture suffers on this interaction, where in different regions with the same genotype the most different phenotypes are observed, hindering the work of breeders, noting that there are changes in the ranking of genotypes from one environment to another, thus not making a perfect correlation between genotype and phenotype. Therefore, it is necessary to conduct multi-environment tests in order to test and select the genotypes in the region of interest. The data obtained by this range of sites are generally unbalanced and voluminous, making it necessary to use precise statistical methods. The use of methodologies such as REML/BLUP and GGE Biplot are highly used for the purposes of genotype classification, selection, test sites and formation of mega-environments. Therefore, the objective of this work was to select genotypes superior in terms of adaptability, stability and productivity in different environments throughout the Brazilian cerrado during the agricultural years 2018-2019 and 2019-2020. In all assays, a randomized block design was used, with three replications, evaluating mainly the grain yield. Joint analyses of variance were performed, and the genotype x environment interaction was highly significant. The most promising genotypes in relation to grain yield were G3, G6 and G4, the most discriminative and representative environment was Querência – MT 2020, and six mega-environments were identified serving as allocation of sites for future tests. Thus, it is observed that the REML/BLUP and GGE Biplot methods are highly correlated for selection and recommendation purposes.

Keywords: *Glycine max* (L). Genotype x Environment interaction. Multi-environments.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	9
2	OBJETIVOS	11
2.1	Objetivo Geral	11
2.2	Objetivo Específico	11
3	REFERENCIAL TEÓRICO	12
3.1	A soja no Brasil	12
3.2	Interação genótipo x ambiente	12
3.3	Interação G x E na cultura da soja	13
3.4	Adaptabilidade e Estabilidade	14
3.5	Formação de Mega-Ambientes.....	15
4	MATERIAIS E MÉTODOS	17
4.1	Detalhes Experimentais.....	17
4.2	Análises Estatísticas	20
5	RESULTADOS E DISCUSSÕES	22
5.1	Metodologia RELM/BLUP	22
5.2	Metodologia GGE Biplot	29
6	CONCLUSÕES.....	35
	REFERÊNCIAS	36
	ANEXO A – Produto Atrelado.....	40

1 INTRODUÇÃO

Em 2023 completa-se 141 anos do cultivo de soja (*Glycine max* (L.) no Brasil, cultura explorada inicialmente no sul do país e, devido ao surgimento de cultivares adaptadas a menores latitudes, promoveu-se a expansão em praticamente todo território nacional, tornando-se uma das culturas mais importantes do país. Estima-se que na safra atual sejam colhidos aproximadamente 125,5 milhões de toneladas (decréscimo à safra passada de 9,2%), ficando abaixo apenas dos EUA, com uma produção estimada em 134 milhões de toneladas (CONAB, 2022).

Dentre as principais regiões produtoras, o cerrado brasileiro apresenta a maior área de cultivo da oleaginosa, com mais de 21,4 milhões de hectares plantados na safra 2022 e representa 11% do cultivo em todo o bioma (CANAL RURAL, 2022).

A Cultura é explorada principalmente na “primeira safra” (entre os meses de setembro a novembro nos principais estados produtores) beneficiando a cultura posterior devido a sua fixação biológica de nitrogênio, um exemplo bem comum é o milho que é a principal cultura da segunda safra e altamente responsivo ao nitrogênio oriundo da soja, aumentando os níveis de produtividade sem elevar os custos com fertilizantes nitrogenados (PRETE, et al., 2012).

A implementação da cultura nas mais diferentes condições ambientais no estado, promove interações significativas entre as cultivares e o ambiente. A Interação genótipo x ambiente (G x E) é tema de grande importância no melhoramento de plantas, visto que, o comportamento diferenciado dos genótipos nos diferentes ambientes impacta diretamente nas decisões feitas pelo melhorista, que deve levar em conta a adaptação em determinada região, mas também a estabilidade que esses materiais apresentam, ao longo dos anos e locais em que são testados (RAMALHO et al., 2012).

A soja, particularmente, tem seu comportamento influenciado pela duração do dia, interagindo consideravelmente com os locais de cultivo. Essa interação é importante fonte de variação e, deve ser considerada na avaliação e seleção de genótipos. Carvalho et al. (2002) por sua vez, avaliaram o efeito da interação entre genótipos de soja ao longo de seis anos e algumas localidades no estado do Paraná e concluíram que, na seleção de linhagens os locais foram mais importantes que o ano agrícola. Nesse sentido, o registro de novas cultivares impõe que seja incrementado o número de locais em detrimento ao número de anos em que o material deve ser testado. Como ressalta Alliprandini (1992), que após uma série de estudos G x E de soja no estado do Paraná, concluíram que o número de anos de avaliação dos genótipos pode ser reduzido, caso o número de locais seja incrementado, propiciando similar acurácia genética na seleção.

Como o Brasil possui uma diversidade de ecossistemas, tipos de solos e climas, a Embrapa Soja apresentou ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) uma regionalização de testes de valor de cultivo de uso (VCU's) e de indicação de cultivares de soja (3ª aproximação), resultando em cinco macrorregiões sojícolas (MRS) e 20 regiões edafoclimáticas (REC), sendo assim, para a inscrição de uma variedade de soja no Registro Nacional de Cultivares é necessário que seja realizado pelo menos um ensaio durante dois anos em cada região edafoclimática que a cultivar vai ser posicionada (KASTER et al., 2011).

Atualmente a maioria dos programas de melhoramento de soja (público e privado) fazem a condução de linhagens em ensaios multi-ambientes (MET), a fim de avaliar a performance fenotípica e garantir a continuidade de ganho genético. Esses ensaios são conduzidos em uma ampla gama de localidades com o objetivo de cobrir toda uma região alvo, buscando genótipos mais produtivos e adaptados sob diversos aspectos, como: arquitetura de planta, resistência a patógenos e maturidade relativa. Esse último fator é extremamente importante, pois materiais com maturidade relativa, cultivadas em faixas inadequadas de latitude podem propiciar florescimento precoce ou tardio, impactando na produtividade de grãos (ALLIPRADINI et al., 2009).

Entretanto com ajuda de métodos estatísticos modernos como a metodologia de modelos mistos RELM/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado) que utiliza a média harmônica de seus valores genotípicos e permite selecionar simultaneamente para produtividade, estabilidade e adaptabilidade (RESENDE et al. 2007). Outra metodologia distinta é GGE Biplot (*Genotype main effects + genotype environment interaction*) que considera o efeito aditivo do genótipo com o efeito multiplicativo da interação G x E, possibilitando com maior acurácia a identificação de mega-ambientes e seleção de genótipos estáveis e adaptados (SILVA et al., 2012).

Contudo, o objetivo desse estudo foi a identificação dos genótipos superiores em relação a produtividade de grãos, estabilidade e adaptabilidade, e a estratificação ambiental por meio da associação entre as metodologias RELM/BLUP e GGE Biplot.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Identificar linhagens mais produtivas e estáveis, contribuindo para lançamentos e ciclagem de materiais para cruzamentos.

Distinguir a formação de Mega-Ambientes nas regiões de cultivo, a fim de posicionar a rede de ensaios nos ambientes mais adequados.

2.2 Objetivo Específico

Identificar ambientes mais discriminativos e representativos para melhor caracterização de regiões chaves.

Observar a associação entre as metodologias REML/BLUP e GGE Biplot para análises de interesse.

3 REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 A Soja no Brasil

A soja (*Glycine max* (L.)) teve seu primeiro aparecimento na costa leste da Ásia entre os anos 2883 e 2838 AC, com os cruzamentos naturais de espécies selvagens e posteriormente melhoradas por povos que habitavam a região. Apesar de muito consumida na região precursora, só foi inserida na Europa no final do século XV para fins ornamentais, e apenas na segunda década do século XX seu óleo e proteína começaram a despertar interesses econômicos (SEDIYAMA, et al., 1985).

No Brasil, no final da década de 60, dois fatores tornaram a soja um produto comercial, o primeiro foi a utilização da cultura para sucessão ao trigo no sul do Brasil, tornando-se uma cultura de verão, e a segunda era a crescente expansão da produção de suínos e aves gerando uma demanda para o farelo de soja (EMBRAPA, 2022).

Com a rápida adesão junto aos produtores, a cultura foi se alastrando pelo Brasil, e com o desenvolvimento de variedades mais adaptadas e estáveis, a soja passou a ser cultivada no cerrado brasileiro, tornando-o a principal região produtora do país com mais de 63% de todo grão produzido (CARNEIRO et al., 2016).

3.2 Interação Genótipo x Ambiente

Genótipos são altamente influenciados por fatores bióticos e abióticos que caracterizam um ambiente específico, em resposta, sua estabilidade de produção será afetada produzindo respostas diferentes em situações ou localidades diferentes (ALLIPRANDINI, 1992).

Um fator importante para o objetivo do melhoramento é a mensuração da interação, pois pode servir de base para escolha de genitores, identificação de melhores condições para os experimentos e o posicionamento de cultivares mais adaptadas para as regiões. Deste modo, o principal fator para análise fenotípica de estabilidade é distinguir os genótipos que menos se afetam com mudanças nas condições ambientais. Para mensurar essa interação os melhoristas vêm desenvolvendo diversas metodologias que levam em conta fatores como quantidade de ambientes, a precisão do dado e o tipo de dado (CRUZ et al., 2004).

O genótipo de um indivíduo é sua constituição genética, isso significa que é a sequência de nucleotídeos do DNA, que por sua vez é transmitida para seus descendentes. Um indivíduo herda a base genética dos seus pais, porém ela é influenciada pelo ambiente, afetando ou interferindo o desenvolvimento do indivíduo resultando na expressão do fenótipo. Portanto, o ambiente tem grande influência em caracteres quantitativos, que por sua vez são controlados por um alto número de genes apresentando uma baixa herdabilidade em detrimento a influência

ambiental, assim o fenótipo observado não será herdado por razões ambientais (RAMALHO et al., 2012).

Assim sendo, o fenótipo (F) observado vai ser a soma do seu genótipo (G) com o ambiente (E). Entretanto existe um terceiro componente que é o efeito da interação entre o genótipo e o ambiente (G x E) (RAMALHO et al., 2012);

$$F = G + E + (G \times E)$$

Em decorrência dessa interação os efeitos ambientais e genéticos não são independentes, fazendo que não haja uma correlação perfeita entre os genótipos e os fenótipos dificultando a busca de resultados no melhoramento de plantas e o estudo da herdabilidade (BERNARDO, 2010).

Um indivíduo adaptado às condições ambientais exerce uma sofisticação no controle das proteínas específicas melhorando o funcionamento fisiológico da planta, já que o efeito do ambiente pode alterar a expressão de um gene e como consequência mudar seu metabolismo sobre a proteína expressa por ele. Segundo Bradshaw (1965) esse fenômeno é chamado de plasticidade fenotípica onde vários fenótipos são expressos por um único gene, assim, espera-se que genótipos com menor plasticidade se desenvolvam em uma gama menor de ambientes em comparação a genótipos com uma maior plasticidade.

Dessa maneira fica demonstrado que a interação GxE resulta nas diferentes respostas dos genótipos as mudanças ambientais implicando diretamente no melhoramento de plantas e não apenas em um dado estatístico (CHAVES, 2001).

Segundo Allard e Bradshaw (1964) os aspectos ambientais relevantes para a interação podem ter duas classificações, as imprevisíveis que são as variações ambientais como precipitações, temperatura, umidade relativa e outros aspectos não previsíveis, e os previsíveis que basicamente são as variações do ambiente que de forma sistemática interagem com o meio, como o clima, o solo e o fotoperíodo.

3.3 Interação G x E na Cultura da Soja

Se não houvesse a interação entre genótipo e ambiente, uma única seleção de cultivar produtiva apresentaria os mesmos desempenhos para os mais diversos ambientes, assim, seria necessário apenas um local de teste para selecionar e recomendar a mesma (BERNARDO, 2010).

A precisão do estudo da interação é imprescindível desde o início do programa de melhoramento, pois dados enviesados gera um aumento do erro e conseqüentemente uma menor herdabilidade ocasionando um menor ganho de seleção (MATHENSON et al., 1986).

Obtendo a necessidade de mais testes e números de locais e anos para adquirir uma melhor representação, os custos com a implementação de uma rede de ensaios também aumentam (YAN, 2006).

A soja é muito sensível com a interação genótipo x ambiente, por isso deve ser considerada em todas as etapas do programa de melhoramento, e para mensurar a magnitude da interação é primordial a condução de experimentos em grandes números de locais e anos (SILVA, et al., 2006).

Nessa análise de interação há uma combinação entre o local e o ano, e a análise de variância leva em consideração outros fatores: o genótipo (G), o ambiente (E), a interação entre eles (G x E), o local de teste (L) e o ano de teste (Y) (GAUCH et al., 1997). A repetição de vários testes em diversos anos é fundamental para minimizar os efeitos adversos de um ano não representativo, resultando na seleção de produtos inflados e resultados não repetíveis (ANNICCHIARICO, 2009).

3.4 Adaptabilidade e Estabilidade

Empresas de melhoramento genético utilizam constantemente ensaios multi-ambientes, para testar linhagens mais avançadas do programa, entretanto esses dados são volumosos e geralmente desbalanceados exigindo métodos estatísticos precisos e confiáveis para a seleção e recomendação dos genótipos (FRUTOS et al., 2014).

Assim, apesar do abrangente estudo da interação genótipo x ambiente nos programas de melhoramento, ainda carece de informações detalhadas a respeito do comportamento de cada genótipo às variações ambientais onde ele é exposto. Contudo para mitigar esses problemas, são geradas análises de adaptabilidade e estabilidade (CRUZ, 2012), onde, segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), definem adaptabilidade como capacidade dos genótipos responderem de forma positiva as variações ambientais e a estabilidade é a capacidade dos genótipos apresentarem comportamento previsível mesmo com as variações do ambiente.

Para o estudo da adaptabilidade e estabilidade existem abundantes metodologias descritas na literatura, dependendo da informação requerida do melhorista para utilizar tal metodologia (CRUZ et al., 2012). Segundo Carvalho, Damasceno e Rocha (2016), o método mais utilizado é o método multivariado e em modelos mistos. No método multivariado dois modelos se destacam: AMMI e GGE Biplot.

A metodologia AMMI relaciona um modelo aditivo e multiplicativo para explicar a interação G x E, permitindo uma análise mais detalhada da interação, estimativas mais precisas e de fácil interpretação dos resultados por meios de gráficos Biplot (ZOBEL et al., 1988).

Contudo, na metodologia GGE Biplot proposta por Yan et al. (2000), explora a eficácia da interação G x E possibilitando uma maior acurácia a identificação de mega-ambientes e os melhores genótipos (SILVA, et. al., 2012), assim o modelo GGE Biplot resulta na composição dos efeitos dos genótipos e da interação G x E, essa análise agrega os efeitos aditivos dos genótipos com os efeitos multiplicativos da interação e remete estes à análise de componentes principais, resultando na análise gráfica de informações importantes, como: formação de mega-ambientes, genótipos ideais, ambientes mais representativos, ambientes mais discriminantes (YAN, 2001). Os componentes principais (PC's) remetem as informações de percentual de variação, onde o PC1 indica a adaptabilidade dos genótipos e o segundo componente o PC2 indica a estabilidade, assim em um gráfico bidimensional os genótipos mais próximos a zero seriam os mais estáveis (Yan et al., 2000).

Já na abordagem de modelos mistos que também conhecida como REML/BLUP, o procedimento RELM (*Restricted Maximum Likelihood*) ou máxima verossimilhança restrita, estima os componentes de variância necessários ao modelo, BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) ou melhor preditor linear não viesado, é a metodologia de seleção para efeitos genéticos aditivos, dominância e genotípicos (RESENDE, 2016). A análise de adaptabilidade e estabilidade nessa metodologia é feita a partir de três parâmetros: a) média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) que tem como finalidade ordenar os genótipos simultaneamente pela sua produtividade e estabilidade; b) performance relativa dos valores genotípicos (PRVG), que é utilizada para selecionar os genótipos com maior adaptabilidade; c) média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) que seleciona os genótipos quanto a estabilidade, adaptabilidade e produtividade simultaneamente (RESENDE, 2007).

3.5 Formação de Mega-Ambientes

A identificação de locais para o arranjo dos experimentos é um importante componente a ser avaliado, pois somente locais adequados e o número de locais de avaliação podem reduzir custos e aumentar a eficiência do programa (YAN, 2014).

Para analisar os dados de locais e genótipos, devemos analisar a formação de mega ambientes, que são sub-regiões, não obrigatoriamente contíguas, nas quais genótipos semelhantes tem o mesmo desempenho (GAUCH et al., 1997). Caso haja a identificação de dois ou mais mega ambientes a análise do genótipo deve ser realizada dentro de cada mega ambiente e suas respostas encontradas serão reproduzíveis no mega ambiente.

Para a identificação de mega ambientes um único ano de experimento não é suficiente, pois respostas ambientais diferem ao longo prazo, porém para a avaliação e seleção de linhagens

dois anos são suficientes pois a média entre os ambientes possibilita compreender o potencial produtivo do genótipo (YAN, 2014).

Uma análise que pode ser utilizada para avaliar a formação de mega ambientes é a: [(*genotype main effects plus genotype × location interaction*) + (*genotype main effects plus genotype × environment interaction*)] (GGL + GGE).

Essa análise permite que as avaliações sejam realizadas com dados de vários anos, obtendo uma média e facilitando as seleções dos melhores genótipos (YAN, 2014).

Três passos principais são fundamentais para a realização das análises de mega ambientes: o primeiro é gerar um biplot GGE, o segundo é gerar um biplot GGL + GGE, e terceiro gerar um biplot GGS + GGE [(*genotype main effect + genotype × subregion interaction + GGE*)] (YAN, 2014).

Em um conjunto de dados simulados e reais, autores encontraram distintos mega ambientes para culturas de aveia no Canadá e soja no Brasil, assim dois ou mais grupos distintos devem ser observados nas análises GGE e GGL + GGE e posteriormente confirmados pelas análises GGS (YAN, 2016).

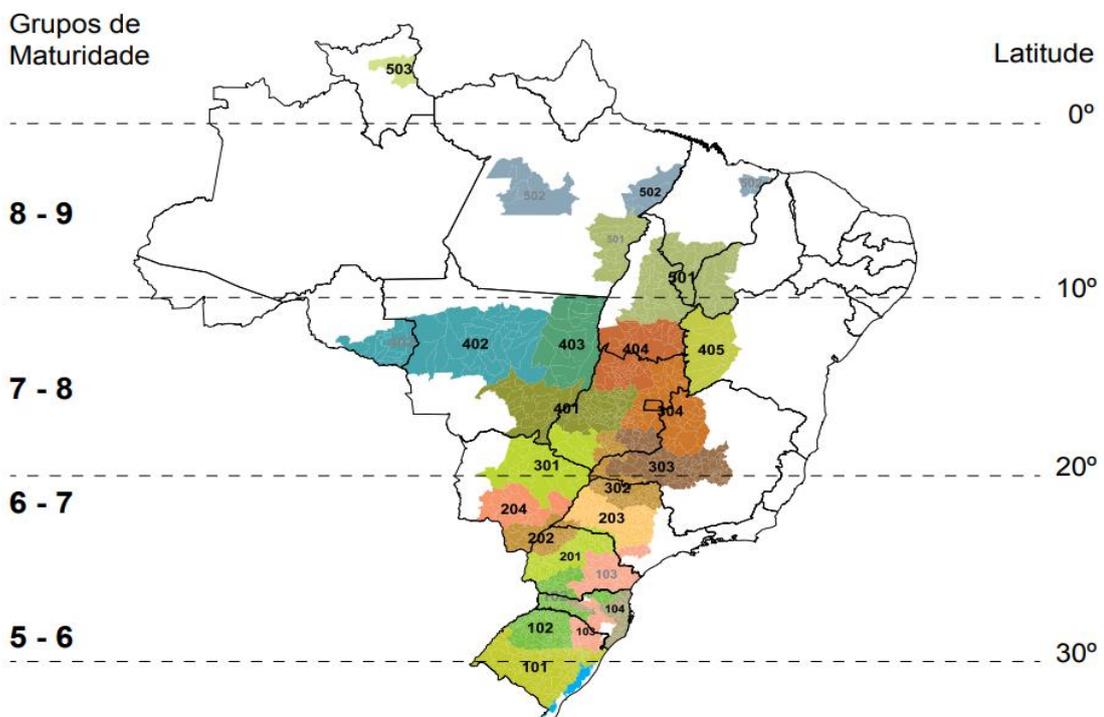
Portanto genótipos superiores estão mais adaptados aos diferentes ambientes, facilitando a visualização dos genótipos mais promissores, pois no estudo de mega-ambientes não é utilizada a média geral e sim a média do mega-ambiente em questão (YAN et al., 2001).

4 MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 Detalhes Experimentais

Foram utilizados dados de produtividade de grãos de soja IPRO e Intacta 2 Xtend, provenientes dos ensaios de VCU's (Valor de Cultivo de Uso) conduzidos e avaliados em uma área do Cerrado Brasileiro, compreendendo as REC's 301, 401, 402, 403, 404, 405 e 501 (FIGURA 1), nas quais se concentram os maiores cultivos de soja do Brasil, ultrapassando na última safra os 10,5 milhões de hectares plantados e produzindo mais de 35 milhões de toneladas do grão (EMBRAPA, 2022).

Figura 1. Distribuição dos grupos de maturidade relativa de cultivares de soja no Brasil, em função da latitude.



Fonte: Embrapa (2017).

Para analisarmos e selecionarmos as linhagens e a formação dos Mega-Ambientes, foram utilizados dados das safras 2019-2020 e 2020-2021. Os dados consistem em 33 genótipos de soja (TABELA 1) em 45 ambientes (TABELA 2 e FIGURA 2).

Tabela 1. Genótipos utilizados na rede de VCU's com seus respectivos anos de registro.

	Genótipo	Empresa	Ano
G1	CHECK	TMG	2018
G2	CHECK	TMG	2018
G3	CHECK	BASF	2019
G4	CHECK	BASF	2019
G5	CHECK	BAYER	2013
G6	CHECK	BASF	2015
G7	CHECK	Genética Dom Mário	2018
G8	CHECK	Genética Dom Mário	2016
G9	CHECK	Genética Dom Mário	2013
G10	LINHAGEM	BASF	2020
G11	LINHAGEM	BASF	2020
G12	LINHAGEM	BASF	2020
G13	LINHAGEM	BASF	2020
G14	LINHAGEM	BASF	2020
G15	LINHAGEM	BASF	2020
G16	LINHAGEM	BASF	2020
G17	LINHAGEM	BASF	2020
G18	LINHAGEM	BASF	2020
G19	LINHAGEM	BASF	2020
G20	LINHAGEM	BASF	2020
G21	LINHAGEM	BASF	2020
G22	LINHAGEM	BASF	2020
G23	LINHAGEM	BASF	2020
G24	LINHAGEM	BASF	2020
G25	LINHAGEM	BASF	2020
G26	LINHAGEM	BASF	2020
G27	LINHAGEM	BASF	2020
G28	LINHAGEM	BASF	2020
G29	LINHAGEM	BASF	2020
G30	LINHAGEM	BASF	2020
G31	LINHAGEM	BASF	2020
G32	LINHAGEM	BASF	2020
G33	LINHAGEM	BASF	2020

Fonte: Do Autor (2023).

Tabela 2. Lista com todos os locais da rede de teste de VCU's e seus respectivos anos de cultivo (Continua).

	LOCAL	REC	longitude	Latitude	Altitude	Data/Plantio
E1	Campo Novo Parecis MT	402	57 ° 78 ' 81 " W	14 ° 28 ' 65 " S	666	23/10/2019
E2	Itaúba MT	402	55 ° 13 ' 61 " W	10 ° 78 ' 50 " S	328	10/10/2019
E3	Nova Mutum MT	402	55 ° 52 ' 80 " W	13 ° 71 ' 74 " S	452	12/10/2019
E4	Sinop MT	402	55 ° 53 ' 93 " W	12 ° 42 ' 75 " S	368	19/10/2019
E5	Sinop MT	402	55 ° 54 ' 26 " W	12 ° 35 ' 23 " S	390	02/10/2019
E6	Sorriso MT	402	55 ° 69 ' 75 " W	12 ° 58 ' 19 " S	383	08/10/2019

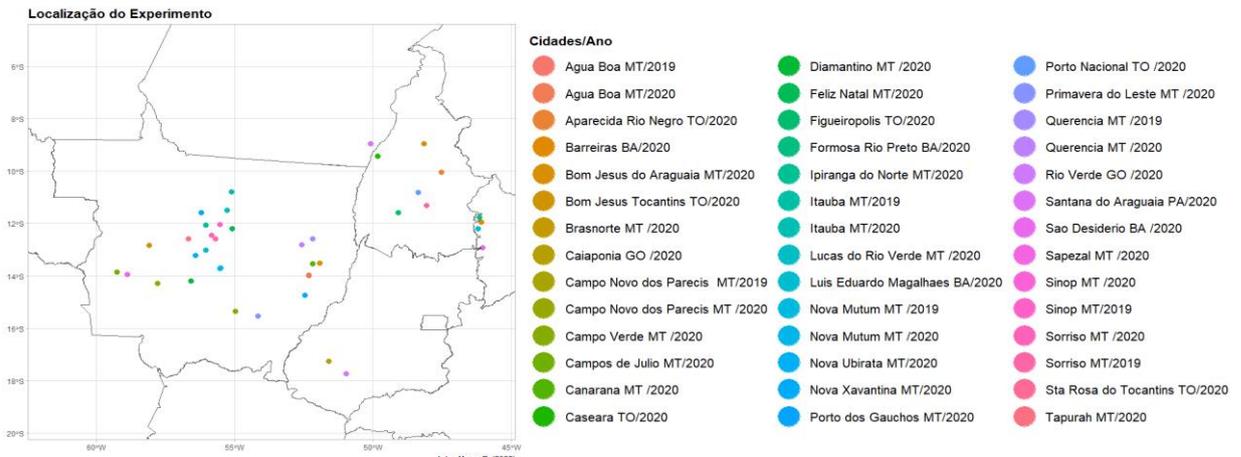
Fonte: Do Autor (2023).

Tabela 2. Lista com todos os locais da rede de teste de VCU's e seus respectivos anos de cultivo (Conclusão).

	LOCAL	REC	longitude	Latitude	Altitude	Data/Plantio
E7	Água Boa MT	403	52 ° 33 ' 15 " W	13 ° 97 ' 45 " S	346	17/10/2019
E8	Querência MT	403	52 ° 19 ' 72 " W	12 ° 57 ' 75 " S	352	28/10/2019
E9	Rio Verde GO	301	50 ° 97 ' 86 " W	17 ° 73 ' 81 " S	734	24/10/2020
E10	Rio Verde GO	301	50 ° 97 ' 86 " W	17 ° 73 ' 81 " S	734	17/11/2020
E11	Caiapônia GO	301	51 ° 62 ' 13 " W	17 ° 24 ' 56 " S	969	05/11/2020
E12	Campo Verde MT	401	54 ° 98 ' 47 " W	15 ° 35 ' 69 " S	657	05/10/2020
E13	Primavera do Leste MT	401	54 ° 17 ' 73 " W	15 ° 53 ' 31 " S	618	16/10/2020
E14	Brasnorte MT	402	58 ° 82 ' 95 " W	12 ° 82 ' 80 " S	471	09/10/2020
E15	Campo Novo Parecis MT	402	57 ° 78 ' 87 " W	14 ° 28 ' 72 " S	666	15/10/2020
E16	Campos de Julio MT	402	59 ° 26 ' 50 " W	13 ° 85 ' 80 " S	621	15/10/2020
E17	Diamantino MT	402	56 ° 58 ' 42 " W	14 ° 19 ' 67 " S	508	18/11/2020
E18	Feliz Natal MT	402	55 ° 10 ' 13 " W	12 ° 20 ' 44 " S	327	23/10/2020
E19	Ipiranga do Norte MT	402	56 ° 41 ' 39 " W	12 ° 57 ' 48 " S	366	19/10/2020
E20	Itaúba MT	402	55 ° 27 ' 73 " W	11 ° 48 ' 11 " S	363	25/10/2020
E21	Lucas do Rio Verde MT	402	56 ° 42 ' 26 " W	13 ° 14 ' 50 " S	408	21/10/2020
E22	Nova Mutum MT	402	55 ° 50 ' 78 " W	13 ° 68 ' 83 " S	474	30/10/2020
E23	Nova Uiratã MT	402	56 ° 41 ' 27 " W	13 ° 22 ' 62 " S	393	15/10/2020
E24	Porto dos Gaúchos MT	402	56 ° 20 ' 51 " W	11 ° 58 ' 13 " S	355	19/10/2020
E25	Sinop MT	402	55 ° 54 ' 26 " W	12 ° 35 ' 23 " S	396	09/10/2020
E26	Sinop MT	402	55 ° 54 ' 26 " W	12 ° 35 ' 23 " S	396	04/11/2020
E27	Sapezal MT	402	58 ° 89 ' 25 " W	13 ° 94 ' 57 " S	658	08/10/2020
E28	Sorriso MT	402	55 ° 83 ' 91 " W	12 ° 43 ' 41 " S	382	28/10/2020
E29	Água Boa MT	403	52 ° 34 ' 18 " W	13 ° 99 ' 69 " S	410	10/11/2020
E30	Bom Jesus do Araguaia MT	403	51 ° 94 ' 43 " W	13 ° 51 ' 43 " S	385	30/10/2020
E31	Canarana MT	403	52 ° 20 ' 22 " W	13 ° 54 ' 49 " S	424	06/11/2020
E32	Nova Xavantina MT	403	52 ° 48 ' 10 " W	14 ° 74 ' 50 " S	530	08/11/2020
E33	Querência MT	403	52 ° 58 ' 51 " W	12 ° 79 ' 72 " S	351	25/10/2020
E34	Figueiropolis TO	501	49 ° 11 ' 26 " W	11 ° 57 ' 65 " S	300	12/11/2020
E35	Porto Nacional TO	501	48 ° 37 ' 98 " W	10 ° 80 ' 24 " S	212	18/11/2020
E36	Sta Rosa do Tocantins TO	501	48 ° 82 ' 82 " W	11 ° 30 ' 38 " S	298	05/11/2020
E37	Barreiras BA	405	46 ° 92 ' 88 " W	11 ° 94 ' 50 " S	754	05/11/2020
E38	Formosa Rio Preto BA	405	46 ° 18 ' 21 " W	11 ° 77 ' 34 " S	828	06/11/2020
E39	Luis Eduardo Magalhaes BA	405	46 ° 22 ' 93 " W	12 ° 19 ' 32 " S	824	08/11/2020
E40	São Desiderio BA	405	46 ° 51 ' 97 " W	12 ° 92 ' 60 " S	872	17/11/2020
E41	Aparecida Rio Negro TO	501	47 ° 54 ' 41 " W	10 ° 44 ' 58 " S	356	08/11/2020
E42	Bom Jesus Tocantins TO	501	48 ° 16 ' 29 " W	8,9 ° 38 ' 36 " S	210	21/11/2020
E43	Caseara TO	501	49 ° 84 ' 44 " W	9,4 ° 22 ' 82 " S	187	02/11/2020
E44	Santana do Araguaia PA	501	50 ° 97 ' 94 " W	8,9 ° 48 ' 85 " S	174	27/10/2020

Fonte: Do Autor (2023).

Figura 2. Distribuição da rede de ensaios dos VCU's e seus respectivos anos de cultivo.



Fonte: Do Autor (2023).

Os ensaios foram conduzidos em delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições. Cada parcela era constituída por quatro linhas de 5 metros e espaçamento de 0,5 metros entre linhas. Na maturação as linhas laterais das parcelas foram descartadas e colhidas apenas as três centrais, totalizando uma área útil de 5 m² e posteriormente avaliou-se o rendimento de grãos com uma umidade corrigida para 13% e estimando para kg ha⁻¹. O manejo se procedeu seguindo as recomendações técnicas da cultura.

4.2 Análises estatísticas

Para obtermos a estimativa dos componentes de variância juntamente com a predição dos efeitos dos valores genotípicos e a interação GxE, foi utilizado a metodologia REML/BLUP. Utilizando o modelo:

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

Em que y é o vetor de valores fenotípicos, X é a matriz de incidência dos efeitos fixos, r é o efeito de cada valor fixo (contemplando todas as repetições de todos os ambientes, juntamente com todos os efeitos dos ambientes e das repetições dentro dos ambientes, somados da média geral), Z é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios, g é o vetor dos efeitos aleatórios (resultados dos valores genotípicos), W é a matriz de incidência da interação GxE, ge é o vetor dos efeitos da interação GxE (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de resíduos (assumidos como aleatórios).

A fim de testar os efeitos aleatórios do modelo, foi realizado o teste da razão da verossimilhança (LRT) por meio da análise de deviance. Por meio da metodologia REML, foram obtidos os componentes de variância e parâmetros genéticos (variância genética (σ_g^2),

variância da interação GxE (σ_{ge}^2), variância residual (σ_e^2), variância fenotípica (σ_p^2), herdabilidade da média dos genótipos ($h_{mg}^2 = \frac{\sigma_g^2}{\left(\frac{\sigma_g^2 + \sigma_e^2}{E}\right)}$ sendo que E é o número de ambientes),

acurácia seletiva ($r_{gg} = \sqrt{h_{mg}^2}$), coeficiente de determinação da interação GxE ($R_{ge}^2 = \frac{\sigma_{ge}^2}{\sigma_{ge}^2 + \sigma_g^2 + \sigma_e^2} = \frac{\sigma_{ge}^2}{\sigma_p^2}$), correlação genotípica da performance dos genótipos ao longo dos ambientes

avaliados ($\sigma_{ge} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2}$), coeficiente de variação genético ($VC_{g\%} = \left(\frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{X}}\right) \times 100$, em que \bar{X} é a média geral), e coeficientes de variação ambiental ($VC_{e\%} = \left(\frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{X}}\right) \times 100$)).

O modelo GGE é construído pelos dois primeiros componentes principais a PC1 e PC2 que são provenientes da decomposição dos valores singulares de dados oriundos dos ensaios multi-ambientes e centrados apenas no ambiente (YAN et al., 2007), assim o método GGE Biplot foi construído com as informações dos valores genotípicos de cada genótipo obtidas da análise RELM/BLUP, a fim de observarmos os materiais mais promissores, juntamente com seus melhores ambientes e a formação de mega-ambientes, este método se baseia na visualização gráfica da matriz de dados, que considera o efeito principal de cada genótipo com o efeito da interação GxE (YAN et al., 2000). Explicitamente, temos:

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

Em que, Y_{ij} é o valor genotípico predito do genótipo i no ambiente j , μ é a média geral dos experimentos, B_j é o efeito do ambiente j . λ_1 e λ_2 são os autovalores associados ao PC1 e PC2 para o genótipo i , η_{1j} e η_{2j} são os valores para os eixos PC1 e PC2 para o genótipo j e ξ_{ij} é a porcentagem dos efeitos do G + G + E não explicado pelos PC's, ou seja, o erro associado ao modelo bidimensional. Todas as análises foram processadas no software R usando o pacote Metan (OLIVOTO et al., 2020).

5 RESULTADOS E DISCUSSÕES

5.1 Metodologia RELM/BLUP

Analisando o teste de máxima verossimilhança restrita (LTR) Tabela 3, observa-se o efeito significativo de genótipo e da interação G x E para o caráter produtividade de grãos onde $p < 0,01$.

Tabela 03. Likelihood Radio Test e parâmetros de 33 genótipos de soja para produtividade de grãos em 44 locais entre os anos agrícolas 2019 e 2020 no cerrado brasileiro.

Efeito		LRT	Pr(>Chisq)
GEN	σ_g^2	44,017088	$3,25522 \times 10^{-11}$
REP(ENV)		24,925835	$5,95786 \times 10^{-07}$
ENV	σ_e^2	249,97571	$2,62867 \times 10^{-56}$
GEN:ENV	σ_{ge}^2	506,35471	$3,9385 \times 10^{-112}$
Parâmetros Genéticos			
Variância Fenotípica	σ_p^2		937860
Herdabilidade	h^2		0,01603
Coefficiente de determinação da interação	R_{ge}^2		0,4065
Herdabilidade média do genótipo	h_{mg}^2		0,7519
Correlação genótipo-ambiente	r_{ge}		0,4233
Acurácia Seletiva	r_{gg}		0,8671
Coefficiente de variação genético	$VC_{g\%}$		2,62
Coefficiente de variação experimental	$VC_{e\%}$		9,772
Razão entre $VC_{g\%}$ e $VC_{e\%}$			0,2681

Fonte: Do Autor (2023).

Em decorrência do elevado efeito da interação G x E e do ambiente, entende-se que o componente de variância que apresentou maior contribuição foi a variância fenotípica (σ_p^2) em relação a variância genotípica (σ_g^2), esse cenário é bastante frequente quando analisamos caracteres governados por muitos genes e que sofrem com uma alta influência ambiental como é o caso da produtividade de grãos.

Como a herdabilidade média do genótipo (h_{gm}^2) foi de 0,75 e a acurácia seletiva (r_{gg}) foi de 0,86 isso demonstra uma alta precisão experimental para a seleção de genótipos segundo Cargnelutti et. al. (2009) e Resende e Duarte (2007), e corroborando para a precisão experimental o VC_e foi de 9,77%. A razão entre coeficiente de variação genético (VC_g) e coeficiente de variação ambiental (VC_e) foi de 0,26 onde foi menor que a unidade, mostrando a dificuldade na seleção em multi-ambientes (VENKOVSKY, 1978).

O valor da correlação genótipo-ambiente (r_{ge}) foi de 0,42 e demonstra que a baixa estimativa desse parâmetro é em decorrência da alta presença da interação G x E, mostrando a alta mudanças de ranks dos genótipos ao decorrer das mudanças de ambientes.

Na tabela 04 estão apresentados os BLUPs com seu valor genotípico representando a interação média com todos os ambientes avaliados. Nota-se pelas estimativas dos genótipos a alta variabilidade ambiental do cerrado brasileiro. O ambiente com maior média foi o em Rio Verde – GO (E9) em 2020 com uma produtividade média de 6.593,8 kg ha⁻¹, seguido pelos ambientes em Rio Verde – GO e Caiapônia – GO (E10 e E11) com uma produtividade média de 6.039,4 e 5.717,3 kg ha⁻¹ respectivamente. Se compararmos com a média nacional de produtividade que é de 3.0263 kg ha⁻¹ (EMBRAPA, 2022) esses ambientes são classificados como altamente favoráveis ou de alta tecnologia empregada. Já os ambientes menos produtivos foram em Ipiranga do Norte – MT em 2020 (E19) com uma produtividade de 3.266,1 kg ha⁻¹, seguido de Porto Nacional – TO (E35) e Luiz Eduardo Magalhães – BA em 2020 (E39), com uma produtividade média de 3.485,8 kg ha⁻¹ e 3.575,6 kg ha⁻¹ respectivamente. Entende-se que esses ambientes com instabilidades climáticas, resultante em muitas vezes na escassez hídrica em algum estágio sensível da cultura, propiciou para produtividades mais baixas.

Tabela 04. BLUPs (best linear unbiased predictor) para 33 genótipos de soja em 44 ambientes e considerando a interação G x E avaliadas nos anos agrícolas 2019 e 2020 no Cerrado Brasileiro (Continua).

Genótipos	Ambientes									
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10
G1	5273,4	4337,3	4707,5	5222,9	4554,5	5435,8	4157,6	4375,2	6958,5	6133,8
G2	6053,7	4054,3	4615,0	4927,5	4369,1	5440,6	4312,1	4965,6	6387,4	5288,7
G3	6315,7	4027,9	5714,3	5420,5	4841,6	5689,8	4227,8	5222,8	6697,7	6544,4
G4	5767,7	3605,0	5061,3	5022,1	4498,8	4881,8	4510,8	5177,8	6537,5	6394,2
G5	5848,8	3682,3	4908,2	5263,7	4495,1	5110,0	4434,0	4787,2	7001,4	6216,9
G6	6375,6	4057,1	5695,1	4998,1	4627,3	5481,2	4605,4	5021,6	6753,1	6154,0
G7	5243,1	3652,3	4673,1	5263,9	4660,0	5107,4	3894,5	4344,1	7002,6	5463,1
G8	5185,8	3857,6	4701,8	4994,0	4461,6	4653,6	4432,0	4455,8	6656,2	5364,1
G9	5495,2	3959,2	5197,8	5126,9	4625,4	4684,5	4408,9	5153,4	6873,0	5838,6
G10	4807,8	3800,8	4636,5	5165,6	4740,8	4598,4	4620,2	4206,3	7014,9	6949,1
G11	5676,9	4307,1	4933,9	5175,3	4741,9	4580,7	4102,2	4414,2	6321,5	6112,6
G12	5765,1	4510,0	5155,2	5299,5	4618,4	4714,7	4053,1	5349,8	5701,4	6553,9
G13	5139,7	3976,8	4676,9	5075,8	NA	4713,7	4289,3	4678,4	6563,2	6405,8
G14	5140,2	4228,9	5129,2	4827,5	4959,3	4701,7	4015,1	4992,4	6969,1	6352,5
G15	5187,6	4687,8	4702,4	5298,3	NA	4241,8	4362,3	4469,3	7187,9	6487,5
G16	5556,1	4184,7	4451,1	5216,5	4578,0	4928,3	4180,1	4419,3	6146,7	5736,3
G17	5331,6	4070,5	5377,2	5814,8	5307,7	4803,0	4522,1	4683,4	6714,2	6513,9
G18	5427,2	4129,7	5595,5	5454,0	5061,8	5056,0	4396,4	5143,3	7063,5	6485,8
G19	5138,9	3633,4	5467,9	5449,2	4991,3	5004,1	4342,6	4483,1	6319,3	6020,7
G20	5910,9	4337,8	4766,4	4904,0	4950,1	5201,7	4193,3	4756,4	7221,3	5880,1
G21	5587,4	4479,7	NA	5296,3	NA	4981,5	4091,1	4627,9	6204,2	5592,1
G22	5414,1	4429,9	5181,1	5084,1	4750,6	4856,4	4586,5	5344,7	6738,2	6155,0
G23	4703,0	4079,0	4634,3	5032,8	4544,6	4614,9	4729,5	5192,1	6364,0	6082,6
G24	5352,6	3808,6	3929,5	5452,5	4467,3	4951,5	4427,6	4478,4	6390,2	5798,9
G25	5357,4	3833,4	5040,0	4924,9	4594,6	4336,8	4145,2	4914,9	6286,6	6718,9
G26	5961,8	3617,6	3364,2	5327,9	NA	5070,0	4640,7	4566,5	6585,4	6210,0
G27	6045,8	4083,3	4843,9	5306,5	4546,8	4974,3	4370,9	4869,4	5738,2	6209,0
G28	5313,3	3723,1	5160,4	5305,2	4594,3	4552,0	3951,4	4633,1	6322,4	5250,5
G29	5391,3	4190,4	4383,4	4989,2	4503,6	4697,9	4238,8	4523,9	6540,8	5296,2
G30	5662,3	4121,7	5136,9	4656,5	4486,0	5202,7	4374,2	4904,3	7279,5	5635,5
G31	5083,8	3675,7	4892,3	4671,0	5058,3	4690,4	4483,9	4579,6	6026,2	5551,0
G32	5545,0	4106,4	5221,9	5015,7	4808,8	5149,3	4192,8	4542,0	7132,2	5585,9
G33	5238,5	3872,1	4817,0	5067,1	4654,4	5152,2	4122,4	4975,1	5898,1	6320,1
Média	5493,9	4034,0	4899,1	5153,0	4692,8	4916,9	4315,6	4765,2	6593,8	6039,4

Fonte: do Autor (2023).

Tabela 04. BLUPs (best linear unbiased predictor) para 33 genótipos de soja em 44 ambientes e considerando a interação G x E avaliadas nos anos agrícolas 2019 e 2020 no Cerrado Brasileiro (Continua).

Genótipos	Ambientes									
	E11	E12	E13	E14	E15	E16	E17	E18	E19	E20
G1	5774,8	5676,2	4243,7	5748,8	5427,0	5210,5	5192,3	5158,0	3285,4	5140,7
G2	5420,0	5213,3	4024,5	6136,4	5027,7	4997,5	5204,4	4892,3	3735,6	4403,6
G3	6072,9	5515,0	4429,5	6481,8	5705,3	5346,0	4873,9	4973,2	3630,3	4839,3
G4	6056,7	5804,2	4313,2	5859,1	5935,9	5315,2	5240,3	4965,4	3200,5	4606,9
G5	5149,3	5473,0	4319,9	5673,6	5004,8	5007,6	5092,0	4786,8	3302,9	4721,4
G6	6549,2	5646,6	4133,7	6344,8	5257,3	5418,0	5300,5	5101,2	3644,6	4793,9
G7	5909,3	5198,0	4330,1	5788,2	5339,6	4979,0	5272,9	5132,2	3514,2	4948,9
G8	5868,5	5410,5	3860,8	5628,7	4978,9	4982,1	5393,4	4940,6	3249,7	4652,2
G9	5226,0	5257,1	4103,1	5443,5	5364,3	4989,6	5432,1	4982,1	3370,2	4521,9
G10	6271,3	5487,2	4752,2	5590,5	5145,9	5325,4	4944,3	4649,6	2893,4	3656,6
G11	5947,5	5379,7	4288,0	5611,6	5121,6	4722,9	4345,1	4562,7	2910,9	4241,1
G12	6253,6	5776,7	4537,1	5753,0	5181,4	5268,8	5129,3	4473,4	3383,0	4988,6
G13	5162,8	5809,7	4160,8	5479,4	5181,0	4674,0	4612,7	4363,3	3235,9	4205,7
G14	5919,9	5303,1	4200,4	5186,2	5847,6	5333,4	4984,3	4406,1	2802,6	4275,5
G15	5539,6	6007,3	4098,4	5345,2	5018,2	5317,9	4897,1	4352,5	2952,7	3745,3
G16	5530,2	5262,8	4019,5	6066,2	5476,0	5026,7	4860,6	4516,2	3131,8	4002,9
G17	6292,4	5861,2	4283,6	4805,0	5384,9	5468,3	5059,3	4984,4	3221,9	5128,6
G18	6221,3	5630,6	4440,1	5253,2	5463,7	5288,2	5403,0	5247,7	3273,3	4807,9
G19	5521,8	5444,9	4146,1	5487,5	5641,0	4983,7	4807,1	4616,6	3009,3	4243,1
G20	6066,5	5040,2	4303,4	6031,3	5556,7	5912,3	4844,8	4670,8	3587,9	4816,9
G21	5375,6	4815,3	4048,5	5618,2	5611,1	4991,6	4715,9	4447,2	3322,7	4159,1
G22	5214,9	5620,4	4569,7	5929,3	5413,1	4729,8	5187,2	4914,7	3411,8	4614,0
G23	5134,0	5070,3	4040,3	5133,4	5059,7	4670,3	4700,4	4970,4	2834,3	4652,1
G24	4696,0	5139,2	3967,1	5541,3	5588,8	4585,5	5106,9	5009,3	3438,0	4760,9
G25	5571,8	5382,4	4458,5	5261,4	5640,3	5077,9	5417,5	4602,8	3402,9	4409,3
G26	6354,4	5386,8	4207,5	5511,8	5363,7	4859,0	5147,9	4889,2	2904,5	4714,5
G27	6272,4	5211,6	4651,1	6105,5	5021,9	4784,4	4685,7	4220,0	3217,2	4225,1
G28	5501,6	4988,3	4166,5	5272,3	5648,9	5502,4	4916,4	4505,0	3070,8	4360,6
G29	5516,0	5217,9	4261,5	5133,4	4852,7	5080,7	4881,9	4582,0	3210,8	3904,0
G30	6252,9	5444,2	4407,2	6407,2	5458,2	5191,5	4970,9	4732,9	3184,6	4374,4
G31	5065,1	5538,3	4072,8	5975,7	5343,5	5106,0	4844,7	5011,4	3276,6	4188,0
G32	5718,2	5633,0	4867,7	6328,5	5594,3	5471,4	4786,0	4751,8	3639,5	4431,1
G33	5245,7	5448,7	4782,0	5958,7	5033,5	5279,3	4965,2	5041,0	3532,9	4485,5
Média	5717,3	5427,1	4287,5	5693,7	5354,2	5118,1	5006,5	4771,3	3266,1	4485,4

Fonte: do Autor (2023).

Tabela 04. BLUPs (best linear unbiased predictor) para 33 genótipos de soja em 44 ambientes e considerando a interação G x E avaliadas nos anos agrícolas 2019 e 2020 no Cerrado Brasileiro (Continua).

Fonte: do Autor (2023).

Genótipos	Ambientes									
	E21	E22	E23	E24	E25	E26	E27	E28	E29	E30
G1	4780,0	4550,4	5493,1	5749,1	4249,1	4693,5	4556,0	3871,5	4832,9	3914,6
G2	4810,4	4308,8	5290,1	5141,7	4516,3	4224,4	4682,2	3857,3	4663,6	3693,1
G3	5002,7	4436,3	6245,6	5312,9	4704,8	4388,0	4106,8	3895,3	4795,2	3846,5
G4	4747,0	4503,2	5748,9	5596,8	4488,0	4348,7	4615,0	3605,1	4822,5	3995,7
G5	4676,6	4306,4	5452,6	4925,3	3901,9	4337,3	4298,0	3031,3	4623,4	3137,6
G6	5216,6	4650,0	6344,6	5481,1	4574,0	4335,8	4098,5	3676,3	4824,4	3963,0
G7	4472,0	4650,1	5687,5	5389,5	4080,8	4471,1	4703,7	3974,7	4936,0	3715,7
G8	4759,5	4121,5	5592,6	5491,7	4144,4	4110,6	4359,3	3633,2	4380,5	3811,4
G9	4994,3	4432,2	5671,1	5215,4	4258,0	4215,6	4416,6	4054,0	4851,3	4193,4
G10	4803,0	4710,2	5694,8	5352,2	4367,4	4286,9	4248,7	3984,9	4965,0	3614,6
G11	4637,7	5252,6	6133,7	5069,1	4076,5	4132,9	3656,8	2955,2	4630,5	3238,1
G12	5338,7	5308,1	6334,3	5213,7	4578,0	4372,6	4058,2	3380,3	4744,7	3303,4
G13	3948,9	4889,4	5995,0	5056,0	3872,6	4211,8	3990,2	3623,8	4768,7	3082,3
G14	4542,0	4459,2	5971,6	4739,2	4548,6	4009,5	4006,7	3974,3	4585,4	3767,1
G15	4139,5	4570,3	5742,4	4995,4	4017,4	4011,7	4095,2	4411,1	4604,8	3516,6
G16	5023,7	4432,7	5395,2	5600,7	4152,7	4333,0	4023,8	3953,4	4739,7	3421,7
G17	4619,3	4427,0	5734,4	5822,4	4258,3	4590,9	4241,9	4280,0	4589,3	3478,8
G18	4798,5	4547,6	5090,8	5689,2	4075,0	4342,6	4727,2	3942,1	4912,4	3731,8
G19	4288,4	4712,5	5518,6	5020,6	3991,3	3845,7	4253,2	3963,5	4584,2	3471,3
G20	4661,1	4603,5	5984,9	5208,8	4288,4	3983,0	4243,7	3662,9	4863,3	3663,3
G21	4455,9	4364,3	5107,6	4630,1	4138,7	3875,0	3916,3	3434,6	4382,9	2798,9
G22	5626,6	4397,5	5900,5	5729,8	4771,0	4940,2	3979,3	4650,5	4765,4	3738,8
G23	4396,6	4798,9	5522,0	5757,5	4305,3	4323,0	3742,3	3787,7	4588,0	3643,2
G24	4644,6	4606,4	5254,2	4972,4	4453,7	4017,6	3895,8	3609,9	4502,7	3428,1
G25	4457,1	4771,8	5221,8	4951,9	4091,8	4129,7	3797,4	4299,8	4728,8	3566,1
G26	4467,0	4875,8	5537,4	5101,5	4085,9	3677,3	4244,5	4035,8	4467,1	3583,1
G27	4890,6	4614,5	5856,0	5561,2	4364,7	4304,8	4128,0	3069,9	4569,9	3370,6
G28	4623,5	4691,0	5292,1	4694,6	3975,9	4051,1	4072,9	3704,4	4727,7	3428,0
G29	4420,1	4477,6	5079,7	5728,2	4189,6	4121,9	3653,2	3764,6	4638,1	3595,1
G30	5195,4	4975,1	5785,5	5783,8	4312,5	4556,3	4090,4	3827,9	4857,7	3387,2
G31	5238,4	4909,4	5523,2	5759,7	4058,5	4211,3	4018,2	3880,9	4346,9	4248,6
G32	4906,2	4748,2	5709,8	5552,8	4413,3	4197,6	4112,3	4230,6	4822,3	3556,9
G33	4861,6	4964,5	5795,4	5341,9	4256,2	4122,0	3966,9	4290,7	4692,6	3544,2
Média	4740,7	4638,4	5657,8	5322,3	4259,4	4235,6	4151,5	3827,8	4691,2	3589,4

Tabela 04. BLUPs (best linear unbiased predictor) para 33 genótipos de soja em 44 ambientes e considerando a interação G x E avaliadas nos anos agrícolas 2019 e 2020 no Cerrado Brasileiro (Continua).

Genótipos	Ambientes									
	E31	E32	E33	E34	E35	E36	E37	E38	E39	E40
G1	4148,8	4119,9	4815,2	4449,9	3556,5	3609,4	5147,6	5172,1	2995,9	5561,8
G2	4245,1	3743,2	4716,2	4810,2	3212,2	3370,3	5975,3	4495,9	3858,3	5210,8
G3	4771,7	4550,8	5084,3	4791,1	3571,5	3741,3	5718,5	4805,9	4373,8	5305,9
G4	4485,8	4091,1	4848,0	4725,9	3337,2	3406,8	6212,0	4837,3	3517,8	5817,4
G5	4059,6	3713,3	4651,0	4421,4	3522,3	3466,5	6064,2	4978,3	4347,5	5347,3
G6	4205,4	4319,1	5030,7	4676,2	4213,2	3542,5	5737,0	4230,6	4574,9	5673,0
G7	4678,0	3574,7	4571,1	4482,9	4170,2	3242,6	4745,8	5478,5	3429,9	5877,3
G8	3946,3	3556,3	4811,5	4481,3	3207,8	3093,8	4923,2	4039,7	3747,5	4947,3
G9	4254,7	3637,6	4562,1	5155,0	3450,7	3963,8	4688,3	4160,5	2648,9	5163,5
G10	4550,4	3362,3	4426,7	4352,1	4006,2	3701,7	4807,1	4396,8	3154,5	6157,5
G11	4711,6	3944,5	4111,1	4229,4	3648,6	3689,9	6311,5	4260,8	3789,0	6080,1
G12	4480,3	4046,2	4495,7	4302,5	3996,4	3738,4	6571,1	4418,3	3412,8	6405,7
G13	4604,4	3783,3	4218,1	4310,7	2572,3	3339,3	4700,3	4783,1	3628,3	6314,7
G14	5110,5	3192,9	4609,1	4730,2	3302,7	3647,5	4959,9	4508,4	3928,4	6416,3
G15	4650,8	3138,2	4543,7	5207,8	3480,8	3621,1	4957,3	4519,6	4018,3	5714,7
G16	3783,8	3499,4	4503,5	4363,4	3723,3	3504,3	5231,7	3978,6	3009,1	5880,5
G17	4413,4	3871,5	5005,8	4898,6	3790,8	3463,6	5902,0	5264,9	3058,5	5503,3
G18	4111,1	3736,3	4746,2	4858,9	3731,2	3173,0	6096,4	5051,4	3084,2	5692,3
G19	3889,4	3417,6	4250,0	4551,8	3326,7	3558,1	5321,1	4754,1	4180,7	5176,0
G20	5061,2	3562,1	4300,1	4589,1	2782,7	3578,6	4987,6	4501,5	4235,0	6298,3
G21	4719,3	3542,8	4121,9	4250,5	3225,6	3090,6	4629,8	4455,7	3246,9	5941,0
G22	4550,7	3661,8	5130,3	4767,5	3554,7	3719,2	4658,9	3970,2	3248,9	5839,1
G23	4163,5	2909,2	4754,6	5395,8	3508,8	3380,4	3572,0	4750,5	NA	5137,5
G24	3944,1	3134,2	4892,0	4812,1	3767,1	3707,2	4718,6	4453,5	3584,7	5195,3
G25	4163,8	3453,6	4258,3	4414,6	2993,2	3552,7	5073,4	4687,0	3618,7	6145,4
G26	4202,3	3803,9	4012,6	4536,9	3264,6	3415,4	5530,6	5162,1	4019,1	5148,1
G27	4318,1	3596,1	4291,2	4218,0	3095,8	3497,9	5757,1	4391,8	3655,9	5926,1
G28	4400,1	3238,2	3978,7	4620,1	2995,3	3343,2	5782,0	4763,3	3593,8	5645,5
G29	4717,8	3237,5	4461,3	4015,6	3209,9	3244,8	5074,7	4499,7	2969,5	5443,8
G30	4178,6	3817,1	4525,6	4814,2	3779,3	4001,5	5109,7	4256,1	3500,6	5582,8
G31	4059,1	3107,4	4524,7	4321,0	3557,0	3869,3	4811,6	4289,3	3061,6	5167,8
G32	5093,1	3600,1	5139,1	4462,4	4122,3	4194,3	5072,3	4569,5	3839,9	5528,6
G33	4998,9	3491,3	4885,2	4464,8	3355,4	3616,0	4667,1	4998,6	3087,1	5536,3
Média	4414,3	3619,8	4584,1	4590,4	3485,8	3548,0	5258,1	4602,5	3575,6	5660,0

Fonte: do Autor (2023).

Tabela 04. BLUPs (best linear unbiased predictor) para 33 genótipos de soja em 44 ambientes e considerando a interação G x E avaliadas nos anos agrícolas 2019 e 2020 no Cerrado Brasileiro (Conclusão).

Genótipos	Ambientes			
	E41	E42	E43	E44
G1	5444,0	3840,0	5115,7	4208,5
G2	5585,3	4137,6	5070,9	4342,2
G3	5800,8	3976,3	5069,6	4273,4
G4	5478,8	4483,5	4894,3	4239,6
G5	5766,9	4199,7	4903,7	3992,2
G6	5632,0	4395,6	4935,9	4246,9
G7	5620,7	4027,1	5059,1	4265,1
G8	5603,4	4089,1	4908,2	3991,1
G9	5605,7	3756,1	4607,6	4335,5
G10	4940,9	4399,3	4577,5	4379,5
G11	4561,7	4173,1	5022,6	4242,2
G12	4641,9	4425,5	5232,0	4284,2
G13	4628,8	4325,0	4778,4	3829,5
G14	5144,2	3939,7	4548,5	4110,6
G15	4961,3	4340,3	5277,7	4136,0
G16	4386,7	4050,9	5055,7	4110,3
G17	5604,3	4305,0	5344,2	4206,3
G18	5565,7	4059,9	5314,6	4446,3
G19	5444,8	3549,4	4509,1	4013,1
G20	5166,3	4343,3	5159,2	3968,5
G21	5301,8	4566,7	4966,7	3782,3
G22	5051,5	4347,4	5146,5	4230,9
G23	5568,0	4056,7	4961,3	3999,3
G24	5549,2	3942,7	5355,8	3834,8
G25	5134,4	4238,0	5255,1	4076,1
G26	5585,6	3772,9	5047,3	3935,1
G27	5120,4	4559,9	5167,3	4327,6
G28	5201,8	4399,0	4893,5	3982,6
G29	4827,2	4518,0	4842,5	4057,6
G30	4600,4	4474,3	5004,4	4055,3
G31	4883,7	3860,2	5101,3	4360,7
G32	4981,7	4597,6	5024,6	4294,0
G33	4187,6	4135,3	4742,2	4355,3
Média	5199,3	4190,5	4996,8	4148,9

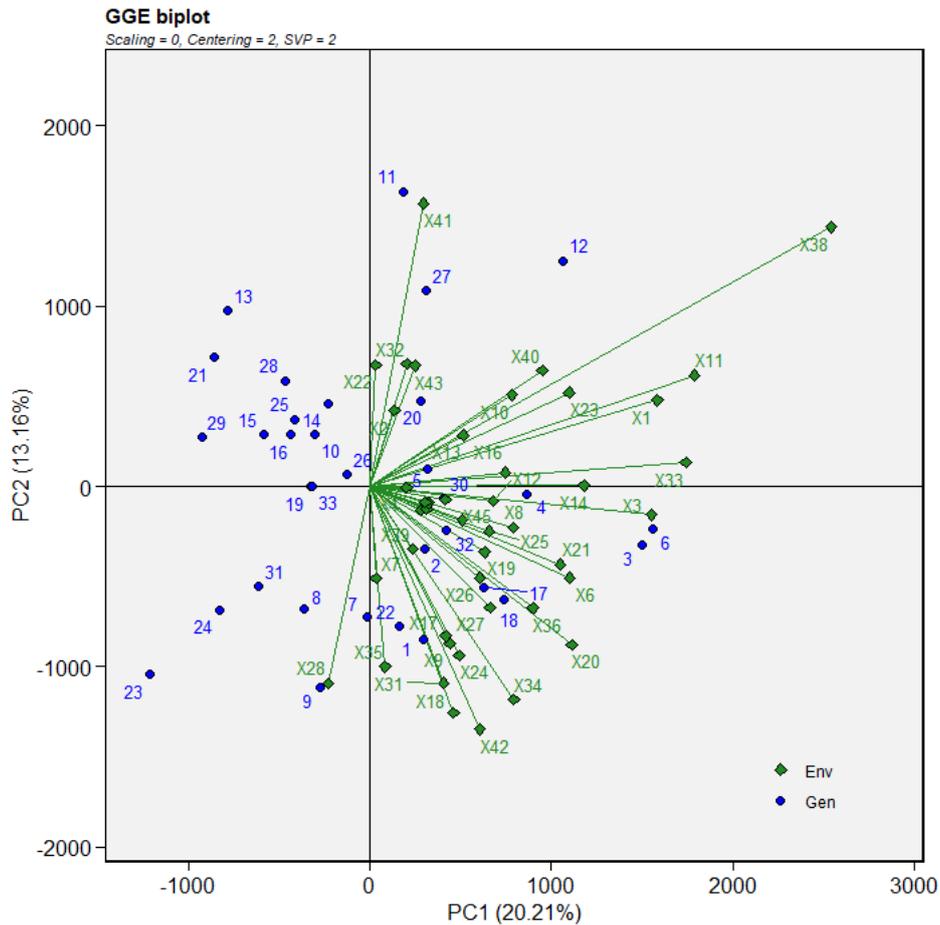
Fonte: do Autor (2023).

5.2 Metodologia GGE Biplot

Na figura 03 está representado o biplot entre os ambientes e os genótipos para produtividade de grãos de soja, que foi construído com os valores singulares focados inteiramente nos ambientes (SVP = 2, escala = 0 e centralizado = 2 (G + G x E)). Os genótipos de soja estão classificados de 1 a 33 (na cor azul) e os ambientes de X1 a X43 (na cor verde). A análise GGE Biplot nos mostra que não tivemos uma boa eficiência, explicando 33,37% da soma dos quadrados de G + G x E, porém, esse resultado é facilmente explicado por Yan, et. al. (2000), que nos mostra que o estudo com uma gama enorme de locais, em pontos bem dispersos, e levando-se em conta a alta sensibilidade da soja com fatores bióticos e abióticos, dificilmente alcançaria uma boa eficiência em um modelo bidimensional.

As linhas traçadas entre a origem até o ambiente são utilizadas para mostrar a inter-relação entre ambientes e genótipos. A performance do genótipo em cada ambiente é demonstrada pelo ângulo entre eles, onde ângulos menores que 90° demonstram que a produtividade do genótipo foi maior que a média, já ângulos maiores que 90° demonstram que foi menor que a média e caso o genótipo estiver precisamente a 90° o genótipo tem uma performance igual a média (YAN, 2006). Nota-se a alta correlação negativa entre os ambientes X28 e X41, essa divergência entre as performances dos genótipos pode ser explicada pelas divergências agroclimáticas entre eles.

Figura 03. GGE biplot para produtividade de grãos, demonstrando a relação entre os genótipos e os ambientes.



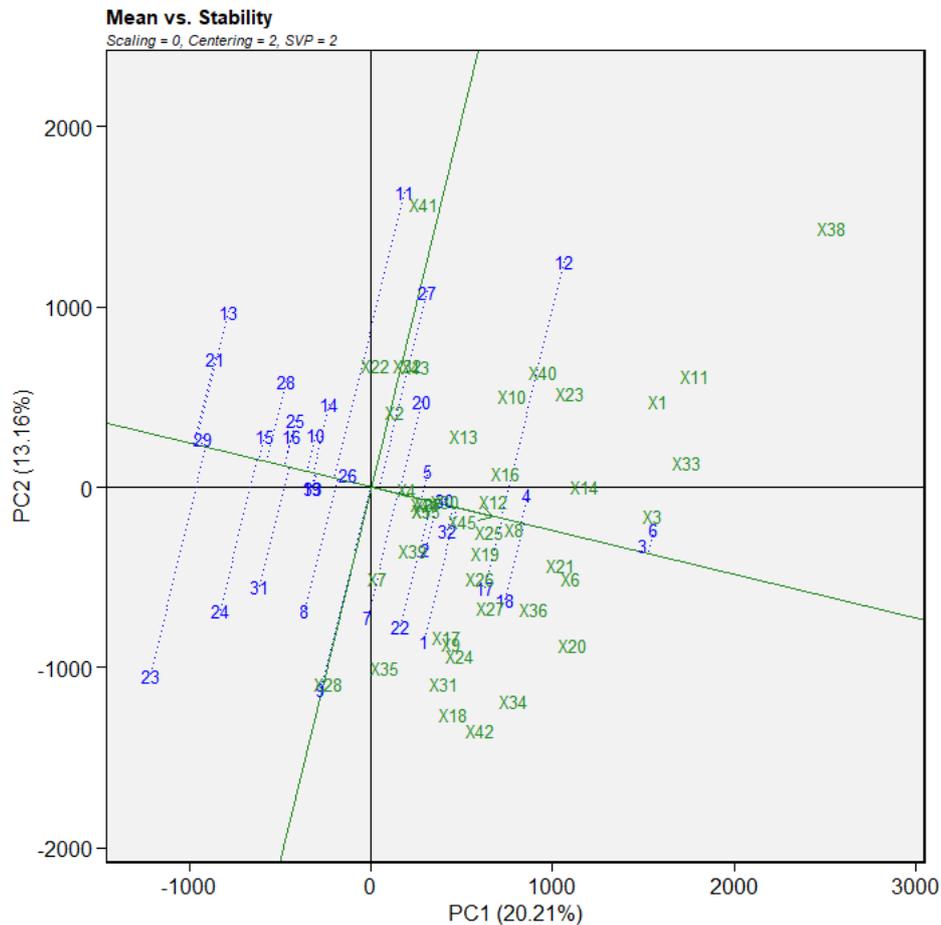
Fonte: Do Autor (2023).

Na Figura 04 temos um gráfico muito utilizado para seleção de linhagens e ciclagem de materiais, que é o de “Médias x Estabilidade”, onde mostram genótipos com médias altas e seu grau de estabilidade. A linha que corta o eixo x é a linha do ambiente médio, a direção da seta da reta demonstra os genótipos e ambientes com as maiores produtividades, a linha perpendicular ao eixo do ambiente média está relacionado a estabilidade do material, em que menor o afastamento do genótipo em relação a linha maior a sua estabilidade.

Os melhores genótipos em relação a produtividade de grãos e estabilidade foram o G3, G4 e G6. O genótipo com maior produtividade foi o G6, porém ele teve uma menor estabilidade em comparação ao G3.

Visando estabilidade os genótipos que mais se mostraram eficientes foram o G3, G26 e G29, entretanto esses dois últimos não performaram bem para produtividade de grãos ficando abaixo da média. Em contrapartida temos o G17, G18 e G12 que tiveram performances boas de produtividade, porém, não tiveram uma boa estabilidade nos ambientes podendo ser direcionados para microrregiões específicas.

Figura 4. GGE biplot “Mean vs. Stability” para produtividade de soja em que mostra a produção média e a estabilidade dos genótipos.



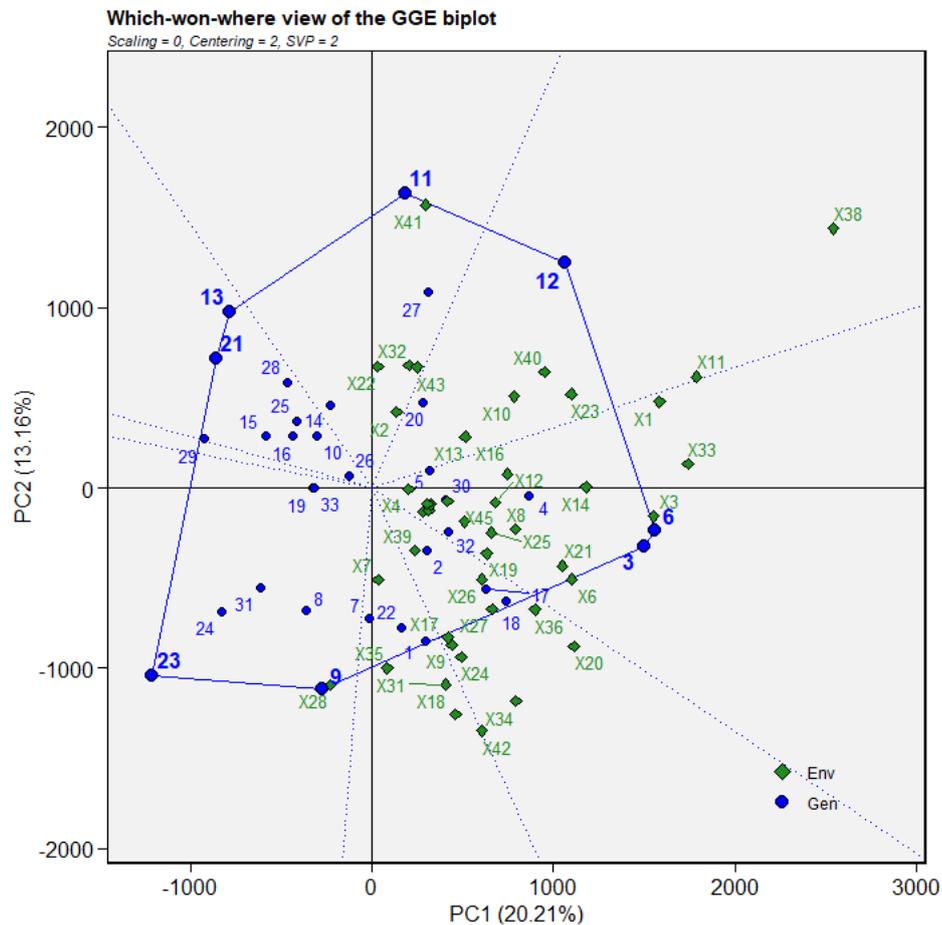
Fonte: Do Autor (2023).

Na Figura 05 temos o agrupamento dos diferentes ambientes formando assim os megas ambientes em detrimento aos melhores genótipos. De acordo com a linha pontilhada saindo da origem do Biplot cada vértice forma um mega-ambiente (ME), e essa divisão é realizada de acordo com a produtividade do genótipo em um determinado grupo de ambientes. Portanto foi extraído seis mega-ambientes: 1°: X2, X22, X32, X41 e X43; 2°: X10, X11, X13, X23, X38 e X40; 3°: X1, X3, X5, X6, X8, X12, X14, X15, X16, X21, X25, X29, X30, X33, X37 e X44; 4°: X4, X9, X17, X19, X20, X24, X26, X27, X34, X36, X39 e X42; 5°: X7, X18, X31 e X35; 6°: X28.

O genótipo em cada vértice do grupo de ambientes representa os melhores genótipos para aquele mega-ambiente. Portanto o genótipo G11 foi o melhor genótipo para o 1° ME, o G12 para o 2° ME e o G6 e G3 para o 3°, 4°, 5° e 6° ME's.

Nos setores onde não foram agrupados nenhum dos ambientes em que estão os genótipos, demonstra que eles obtiveram as piores médias em um ou mais ambientes.

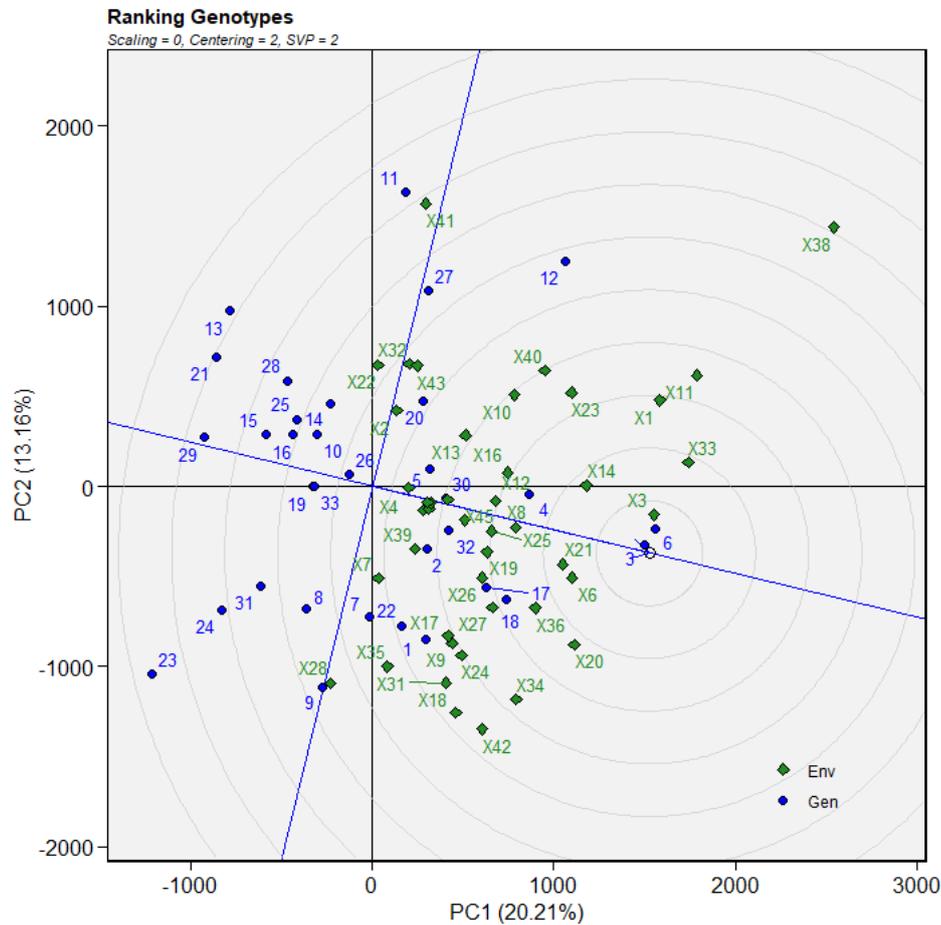
Figura 05: GGE biplot “Which-won-where” para produtividade de grãos de soja, que mostra quais genótipos obtiveram melhor produção em qual ambiente.



Fonte: Do Autor (2023).

A conceituação do ideótipo desejado é usado para descrever as melhores características daquela planta em determinado ambiente, nesse caso o ideótipo desejado seria o com maior produtividade com uma maior estabilidade. A Figura 06 nos mostra o ideótipo desejado nesse conjunto de ambientes, que está representado nos círculos concêntricos, assim os genótipos que se localizam mais próximos ao centro do círculo são considerados próximos ao ideótipo desejado. Nesse caso, os genótipos considerados ideótipos desejados, foram os materiais G3, seguidos do G6 e G4.

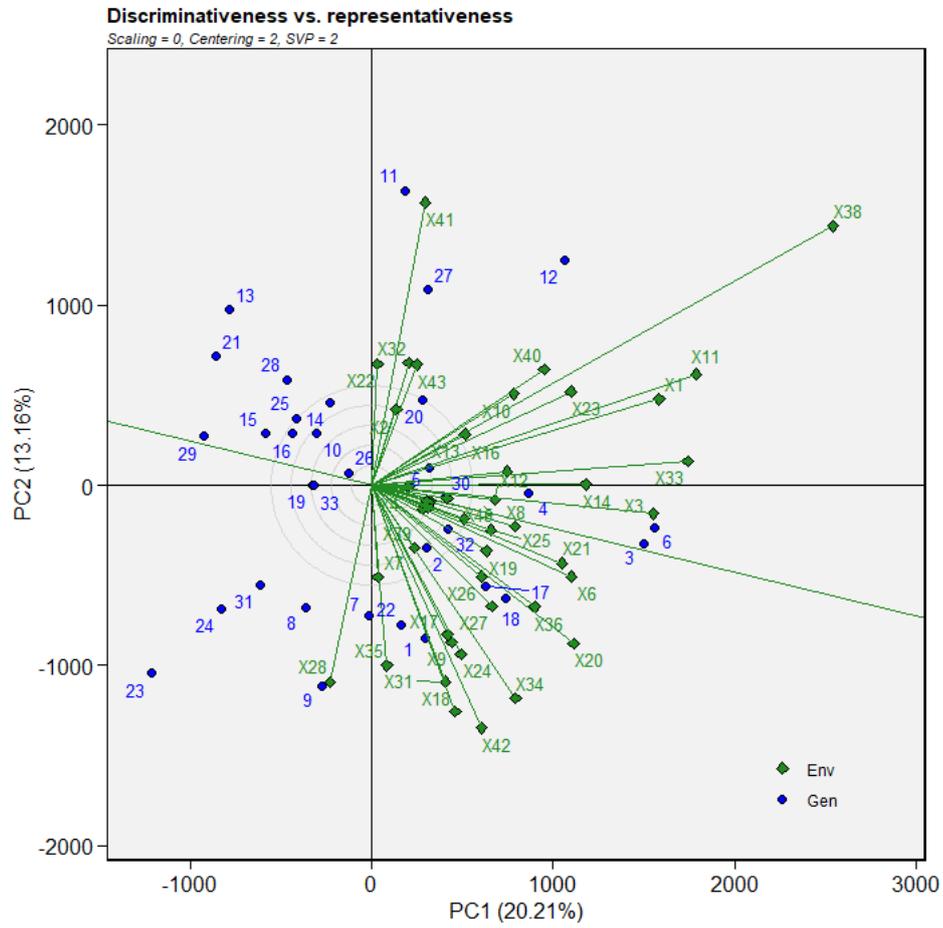
Figura 6: GGE biplot “Ranking Genotypes” que classifica os genótipos de acordo com um ideótipo para produtividade e estabilidade.



Fonte: Do Autor (2023).

Na Figura 07 temos a representação dos ambientes com maior poder de discriminar um genótipo e melhor representar os demais ambientes, podendo ser chamado de ambientes de testes ideais ou “Discriminativos vs Representativos”. Portanto, o comprimento da linha que sai da origem do gráfico até seu ponto, é utilizado para discriminar o ambiente, assim ambientes mais distantes da origem da reta são os mais aconselháveis para testar os genótipos (YAN, 2011). Nesse caso o ambiente que mais discriminou os genótipos foi o ambiente X38, seguido do ambiente X33, sendo os mais indicados para testar o genótipo. Outra inferência da Figura é o ambiente mais representativo, o qual é aquele ambiente com menor ângulo em relação ao eixo do ambiente média, que nesse caso foi o X8. Este também é o ambiente que melhor associa as duas características: discriminante e representativo.

Figura 7: GGE biplot “Discriminativeness vs. representativeness”, utilizado para classificar ambientes com melhor capacidade de discriminar e representar os ambientes de teste para produtividade de grãos.



Fonte: Do Autor (2023).

6 CONCLUSÕES

As análises GGE biplot são uteis para o melhoramento genético de soja pois possibilita avaliar os melhores genótipos, melhores locais de testes e formação de mega-ambientes.

A interação genótipo x ambiente para produtividade de soja se mostrou significativa, mostrando que o desempenho do genótipo em detrimento ao seu ambiente reflete em potencial produtivo.

Os melhores genótipos resultantes da análise foram o G3, G6 e G4, pois foram os que apresentaram maior produtividade e maior estabilidade, servindo como ciclagem de materiais para futuros cruzamentos.

O ambiente que se mostrou mais discriminativo e representativo para testes foi em Querência – MT (E8).

Foram identificados seis mega-ambientes nos ambientes selecionados, assim, é recomendado avaliar e selecionar os genótipos especificadamente adaptados que terão melhor performance de acordo com as características de cada mega-ambiente, elevando a sua média produtiva.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype x environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**. Madison, v. 4, n. 5, p. 508, 1964.
- ALLIPRANDINI, L. F. **Estudo dos efeitos ambientais, estabilidade, adaptabilidade e ganho genético em linhagens de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) no Estado do Paraná**. Londrina. p. 122. 1992.
- ALLIPRANDINI, L. F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P. F.; CAVASSIM, J. E.; GABE, H. L.; KUREK, A.; MATSUMOTO, M. N.; DE 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, n.3, p. 808, 2009.
- ANNICCHIARICO, P. Coping with and exploiting genotype-by-environment interactions. In: CECCARELLI, S.; GUIMARÃES, E. P.; WELTZIEN, E. (Org.). **Plant breeding and farmer participation**. Roma: FAO. p. 564. 2009
- BERNARDO, R. **Breeding for Quantitative Traits in Plants**. 2.ed. Woodbury: Stemma Press, p. 390. 2010.
- BRADSHAW, A. D. **Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants**. **Advances in genetics**, v. 13, n. 1, p. 155. 1965.
- CARNEIRO, A.; COSTA, K.; **A expansão da soja no Cerrado**. 2016. Disponível em: <<https://www.agroicone.com.br/wp-content/uploads/2019/12/Expansao-soja-Cerrado.pdf>> Acesso em: 14 de março de 2022
- CARVALHO, C.G.P.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F.F.; ALMEIDA, L.A.; KIILH, R.A.S.; OLIVEIRA, M.F. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 37, n. 7, p. 1000. 2002.
- CARVALHO, L. C. B; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; OLIVEIRA, G. C. X. **Evolution of methodology for the study of adaptability and stability in cultivated species**. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 12, p. 1000. 2016.
- GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Identifying mega-environments and targeting genotypes. **Crop Science**, v.37, n.2, p. 326. 1997.
- CHAVES, L. J. Interação de cultivares com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 713. 2001.
- CONAB: Conab reduz safra de soja do Brasil em 15 milhões de toneladas, com exportações menores em 2022**. Disponível em: <<https://forbes.com.br/forbesagro/2022/02/conab-reduz-safra-de-soja-do-brasil-em-15-milhoes-de-toneladas-com-exportacoes-menores-em-2022>> Acesso em: 14 de março de 2022.

CRUZ, C. D. **Princípios da Genética Quantitativa**. Viçosa: Ed. UFV, p. 365. 2012.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Biometria**. Viçosa: Ed. UFV, p. 382. 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v. 1, p. 480. 2004.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed., v. 1, Viçosa: UFV, p. 514. 2012.

FORMIGONI, I. **Produção mundial de soja e por país produtor**. 2019. Disponível em: <<http://www.farmnews.com.br/mercado/producao-mundial-de-soja-5/>>. Acesso em: 06 de julho de 2020.

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. 1641. 2014.

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

KASTER, M.; FARIAS, J.R.B. **Regionalização dos testes de Valor de Cultivo e Uso e da indicação de cultivares de soja – Terceira Aproximação**. Londrina: Embrapa Soja, p. 69. 2011.

MATHENSON; A.C.; RAYMOND, C.A; '**Provenance x environment interaction: its practical importance and use with particular reference to the tropics**', Commonwealth Forestry Review, vol. 65, n. 4, p. 302. 1986.

OLIVOTO, T.; SARI, B.G. **Software R para avaliação de dados experimentais: Um foco em experimentos agrônômicos, 2020**. Disponível em <<https://tiagoolivoto.github.io/e-bookr/index.html> > acessado em 15 de janeiro de 2021.

PRETE, C. E. C.; NASCIMENTO JUNIOR, V. C.; NOGUEIRA, M. A. Fixação biológica de nitrogênio em soja sob déficit hídrico. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA**, 6., 2012, Cuiabá. Soja: integração nacional e desenvolvimento sustentável: resumos. Brasília, DF: Embrapa, p. 194, 2012

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: Ed. UFLA, p. 522. 2012.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 339, 2016.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE J.B. **Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação 540 de cultivares**. Pesquisa Agropecuária Tropical, v. 37: p.194, 2007.

SEDIYAMA, T; PEREIRA, M.G.; SEDIYAMA, C.S.; GOMES, J.L.L. **Cultura da soja: I Parte**. Viçosa: UFV, p. 96. 1985.

SILVA R.R.; BENIN G. **Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações**. Ciência Rural, 550 42: p. 1412, 2012.

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

Soja cresce no Cerrado, mas desmatamento associado à cultura diminui nos últimos anos. **Canal Rural, 2022**. Disponível em: <<https://www.canalrural.com.br/projeto-soja-brasil/soja-crescimento-cerrado-desmatamento-ultimos-anos/>>. Acesso em 21 de Março de 2023.

Soja em Números. **Embrapa Soja**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/soja/cultivos/soja1/dados-economicos>>. Acesso em: 14 de março de 2022.

Soja Embrapa. **História da Soja**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/soja/cultivos/soja1/historia#:~:text=A%20soja%20que%20hoje%20cultivamos,do%20rio%20Yangtse%2C%20na%20China.>>. Acesso em: 14 de março de 2022.

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

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

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

YAN, W.; TINKER A. **"Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications."** Canadian Journal of Plant Science, 86.3. p. 645. 2006.

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

YAN, W.; KANG, M. S.; M. A. B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. **GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data**. Crop Science, v. 47, n. 2, p. 653, 2007.

VENCOVSKY, R. **Herança quantitativa**. In: Patterniani E. (Coord) Melhoramento e produção de milho no Brasil. Piracicaba, Marprint. p. 201. 1978.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. **Statistical analysis of a yield trial**. Agronomy Journal, v. 80, p. 393, 1988.

ANEXO A – Produto Atrelado

Com o intuito de promover conhecimento, o trabalho foi exposto para o quadro de funcionários da empresa, tornando uma fonte de informações de questões expostas no dia a dia dos pesquisadores.

Como a seleção de genótipos se dá por análises em BLUP e BLUE, apenas, foram expostas novas ferramentas do processo de seleção que ajudam os melhoristas nas tomadas de decisões. Bem como uma explicação mais acentuada dos novos modelos e dos modelos já usados pela companhia, mostrando e enriquecendo os conhecimentos das fórmulas atrás dos gráficos gerados.

As novas ferramentas vão ajudar os melhoristas e pesquisadores no âmbito de observar questões muitas vezes deixadas ou nem se quer analisadas em um processo de seleção, como os ambientes mais discriminantes, que ajudam o pesquisador local observar com um olhar mais clínico as linhagens daquela localidade, a fim de ter um melhor posicionamento dos materiais.

No Mato Grosso, há seis pesquisadores diretamente ligados há parte de coleta e geração de informações para abastecer o programa, assim, faz com que a troca de informações sobre o trabalho gerado seja uma eficaz ferramenta para difundir conhecimento.

Enfim, o reflexo dessa difusão de conhecimento gerou mais conhecimento para a equipe, levantando pontos onde antes não era explorado e acarretando um impacto altamente positivo para o time e para o programa.