

**UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ
DEPARTAMENTO ACADÊMICO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

SAMUEL CRISTIAN DALLÓ

**DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE SOJA E
IDENTIFICAÇÃO DE LOCAIS PARA A CONDUÇÃO DE ENSAIOS
MULTI-AMBIENTE NA REGIÃO SUL DO BRASIL**

DISSERTAÇÃO

PATO BRANCO

2018

**UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ
DEPARTAMENTO ACADÊMICO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS PROGRAMA
DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

SAMUEL CRISTIAN DALLÓ

**DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE SOJA E
IDENTIFICAÇÃO DE LOCAIS PARA A CONDUÇÃO DE ENSAIOS
MULTI-AMBIENTE NA REGIÃO SUL DO BRASIL**

DISSERTAÇÃO

PATO BRANCO

2018

SAMUEL CRISTIAN DALLÓ

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Câmpus Pato Branco, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Agronomia - Área de Concentração: Produção Vegetal.

Orientador: Prof. Dr. Giovani Benin

PATO BRANCO

2018

D147d Dalló, Samuel Cristian.

Desempenho agrônômico de genótipos de soja e identificação de locais para a condução de ensaios multi-ambiente na região sul do Brasil / Samuel Cristian Dalló. -- 2018.

54 f. : il. ; 30 cm.

Orientador: Prof. Dr. Giovani Benin

Dissertação (Mestrado) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Pato Branco, PR, 2018.

Bibliografia: f. 50 - 54.

1. Interação genótipo-ambiente. 2. Soja. 3. Produtividade agrícola. I. Benin, Giovani, orient. II. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

CDD 22. ed. 630



Ministério da Educação
Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Câmpus Pato Branco
Diretoria de Pesquisa e Pós-Graduação
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



TERMO DE APROVAÇÃO

Título da dissertação nº

**DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE SOJA E
IDENTIFICAÇÃO DE LOCAIS PARA A CONDUÇÃO DE ENSAIOS
MULTI-AMBIENTE NA REGIÃO SUL DO BRASIL**

por

SAMUEL CRISTIAN DALLÓ

Dissertação apresentada às 14 horas do dia 27 de março de 2018 como requisito parcial para obtenção do título de MESTRE EM AGRONOMIA, Linha de Pesquisa – Produção Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal) da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Câmpus Pato Branco. O candidato foi arguido pela Banca Examinadora composta pelos membros abaixo designados. Após deliberação, a Banca Examinadora considerou o trabalho APROVADO.

Banca examinadora:

Dr. Diego Baretta
Sementes Guerra

Prof. Dr. Guilherme Ribeiro
Unipampa

Dr. Leomar Guilherme Woyann
UTFPR

Prof. Dr. Giovani Benin
UTFPR
Orientador

Prof. Dr. Moeses Andriago Danner
Coordenador do PPGA

“O Termo de Aprovação, devidamente assinado, encontra-se arquivado na Coordenação do Programa”

Dedico a realização desta dissertação a toda minha família e as pessoas que, de uma forma ou outra, contribuíram na execução deste trabalho.

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela vida e oportunidades encontradas.

Ao apoio de meus pais Sérgio Dalló Pagnoncelli e Roseli Câmpara Dalló e a minha namorada Daiane Carnieletto pelo apoio total e auxílio nas tomadas de decisão.

Ao meu orientador Prof. Dr. Giovani Benin, por sua valiosa orientação, aconselhamentos, dedicação e todos os conhecimentos transmitidos durante toda minha formação como Eng. Agrônomo e mestre em agronomia.

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

Aos professores da UTFPR e a Capes pela oportunidade de aprendizado e pelo apoio financeiro e estrutural para realização desta pesquisa.

A Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia pela oportunidade de aprendizado e crescimento pessoal e profissional durante toda minha graduação e aperfeiçoamento com o mestrado.

A empresa GDM Seeds, pelo fornecimento dos dados para a realização da pesquisa, pelo apoio e incentivo a elaboração dos trabalhos e por acreditar no grupo de pesquisa coordenado pelo Professor Giovani Benin.

Por fim, agradeço a todos aqueles que de alguma forma contribuíram para que eu pudesse finalizar o mestrado.

RESUMO

DALLÓ, Samuel Cristian. Desempenho agrônômico de genótipos de soja e identificação de locais para a condução de ensaios multi-ambiente na região Sul do Brasil. 50 folhas. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco, 2018.

Os incrementos de produtividade na cultura da soja ao longo dos anos são resultado dos constantes esforços dos programas de melhoramento em disponibilizar cultivares mais produtivas e adaptadas aos produtores. Todos os anos, centenas de linhagens são avaliadas em ensaios multi-ambiente (MET) por programas de melhoramento, visando identificar os genótipos mais adaptados para cada região de interesse. Neste sentido, conhecer a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos em cada região-alvo, bem como, os melhores locais de teste, são fundamentais para os incrementos de produtividade da cultura. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar os melhores locais de teste para a condução de MET para soja na região Sul do Brasil, bem como identificar os melhores genótipos de soja para cultivo em cada região edafoclimática (REC). Foram utilizados dados de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), conduzidos entre as safras 2012-13 a 2016-17. Todos os ensaios foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. As análises estatísticas foram realizadas com o software GGEbiplot. Os melhores locais para condução de ensaios de VCU são: Macrorregião 01, REC 101: Cachoeira do Sul; REC 102: Ronda Alta, Passo Fundo, Santa Bárbara do Sul e Ciríaco; e REC 103: Castro. Macrorregião 02, REC 201: Rolândia, Marechal Cândido Rondon, Campo Mourão, Santa Terezinha de Itaipu, Palotina, Floresta e Londrina; REC 202: Naviraí; e REC 204: Ponta Porã e Maracajú. Os genótipos mais próximos do ideal foram: Macrorregião 01, REC 102: 68I70RSF IPRO; REC 103: 54I52RSF IPRO e NS 5959 IPRO. Macrorregião 02, REC 201: 63I64RSF IPRO, REC 204: 7166RSF IPRO, 63I64RSF IPRO e M6210IPRO. O genótipo 68I70RSF IPRO apresentou o maior RG nos locais Santa Bárbara do Sul e Passo Fundo, na REC 102. Na REC 103 o genótipo 54I52RSF IPRO foi o melhor em Castro. Já o genótipo NS 5959 IPRO foi o melhor em Castro e Vacaria. Na REC 201, o genótipo 63I64RSF IPRO apresentou RG mais elevado nos locais Mamborê, Marechal Cândido Rondon e Londrina em 2013, 2014 e 2015, respectivamente. Na REC 204, em Dourados, os genótipos 7166RSF IPRO, 63I64RSF IPRO e M6210IPRO apresentaram o maior RG nos anos de 2013, 2014 e 2015, respectivamente.

Palavras-chave: Interação genótipo-ambiente; Soja; Produtividade agrícola, GGE biplot.

ABSTRACT

DALLÓ, Samuel Cristian. Agronomic performance of soybean genotypes and local identification for conducting multi-environment trials in Southern Brazil. Dissertation (Masters in Agronomy) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Federal University of Technology - Paraná. Pato Branco, 2018.

Productivity increases in soybean crop over the years are the result of the constant efforts of breeding programs to provide more productive and adapted cultivars to producers. Each year hundreds of strains are evaluated in multi-environment trials by breeding programs to identify the genotypes best suited to each region of interest. In this sense, knowing the adaptability and stability of the genotypes in each target region, as well as, the best test sites, are fundamental for the increments of crop productivity. Thus, the objective of this work was to identify the best test sites for conducting multi-environment trials for soybean in southern Brazil, as well as to identify the best soybean genotypes for each region and edaphoclimatic cultivation. Data from cultivation and use value (VCU) trials conducted between the 2012-13 and 2016-17 harvests were used. All assays were conducted in a randomized complete block design with three replicates. The statistical analyzes were performed with the GGEbiplot software. The best venues for conducting VCU trials are: Macroregion 01, REC 101: Cachoeira do Sul; REC 102: Ronda Alta, Passo Fundo, Santa Bárbara do Sul and Ciríaco; and REC 103: Castro. Macroregion 02, REC 201: Rolândia, Marechal Cândido Rondon, Campo Mourão, Santa Terezinha de Itaipu, Palotina, Floresta and Londrina; REC 202: Navirai; and REC 204: Ponta Porã and Maracajú. The genotypes closest to the ideal were: Macroregion 01, REC 102: genotype 68I70RSF IPRO; REC 103: 54I52RSF IPRO and NS 5959 IPRO genotypes. Macroregion 02, REC 201: Genotype 63I64RSF IPRO, REC 204: genotypes 7166RSF IPRO, 63I64RSF IPRO and M6210IPRO. The 68I70RSF IPRO genotype presented the highest RG in the Santa Bárbara do Sul and Passo Fundo sites in REC 102. In REC 103 the 54I52RSF IPRO genotype was the best in Castro and the NS 5959 IPRO genotype the best in Castro and Vacaria. In REC 201, genotype 63I64RSF IPRO showed the highest RG in the Mamborê, Marechal Cândido Rondon and Londrina sites in 2013, 2014 and 2015, respectively, and at REC 204 in Dourados, genotypes 7166RSF IPRO, 63I64RSF IPRO and M6210IPRO had the highest RG in 2013, 2014 and 2015, respectively.

Keywords: Genotype-environment interaction; Soybean; Agricultural productivity, GGE biplot.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1. Locais utilizados nas análises de identificação do melhor local de teste para condução dos ensaios de VCU no Sul do Brasil. Pontos azuis representam os locais. Terceira aproximação. Fonte: Kaster & Farias (2012). 6

Figura 2. Biplot GGL+GGE para a macrorregião 1 de soja para os anos de 2012 a 2016 (101-A, 102-B, 103-C) e o biplot que ilustra a habilidade do ambiente em selecionar por G versus GE para a macrorregião 1 de cultivo de soja (101-D, 102-E, 103-F). Um ambiente é composto por local e por um ano (por exemplo: SLGO_15 = São Luiz Gonzaga no ano de 2015). Os ambientes são: Cachoeira do Sul – Várzea (CAC-S-L), Cachoeira do Sul – Sequeiro (CAC-S-R), São Borja (SBRJ), Santa Bárbara do Sul (STBS), Passo Fundo (PSFD), Campos Novos (CMPV), Ronda Alta (RALT), Ciríaco (CRCO), Condor (CNDR), São Luiz Gonzaga (SLGO), Tapejara (TPJR), Castro (CSTR), Guarapuava (GRP) e Vacaria (VCRA). 9

Figura 3. - Biplot GGI+GGE para a macrorregião 2 de soja para os dados de 2012 a 2016. (201-A, 202-B, 204-C) e biplots que ilustram a habilidade do ambiente em selecionar por G versus GE para a macrorregião 1 de cultivo de soja (201-D, 202-E, 204-F). Um ambiente é composto por local e por um ano (por exemplo: RLDA_13 = Rolândia no ano de 2013). Os ambientes são: Rolândia (RLDA), Marechal Cândido Rondon (MRDN), Campo Mourão (CMMR), Santa Terezinha de Itaipu (STIU), Palotina (PLTN) Ubitatã (UBRT), Sertãozinho (STNP), Floresta (FLRT), Bela Vista do Paraíso (BVPR), Mamborê (MAMB), Cafelândia (CFLD), Londrina (LDRN), Toledo (TOLD), Cascavel (CCVL), Francisco Alves (FRCA), Naviraí (NVRI), Iporã (IPOR), Ponta Porã (PTPR), Dourados (DOUR), Maracaju (MRCJ) e Sidrolândia (SDLD).14

Figura 4. Identificação do genótipo de soja ideal para as regiões edafoclimáticas (ECR) 102 nos anos de 2013 (A), 2014 (B) e 2015 (C) e para a ECR 103 nos anos de 2013 (D), 2014 (E) e 2015 (F).30

Figura 5. Gráficos biplot para a associação genótipo por ambiente nas regiões edafoclimáticas (ECR) 102 nos anos de 2013 (A), 2014 (B) e 2015 (C) e para ECR 103 nos anos de 2013 (D), 2014 (E) e 2015 (F).32

Figura 6: Identificação do genótipo de soja ideal para as regiões edafoclimáticas (ECR) 201 nos anos de 2013 (A), 2014 (B) e 2015 (C) e para a ECR 204 nos anos de 2013 (D), 2014 (E) e 2015 (F).34

Figura 7: Gráficos biplot para a associação genótipo por ambiente nas regiões edafoclimáticas (ECR) 201 nos anos de 2013 (A), 2014 (B) e 2015 (C) e para ECR 204 nos anos de 2013 (D), 2014 (E) e 2015 (F).36

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 101.	10
Tabela 2. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 102.	10
Tabela 3. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 103.	12
Tabela 4. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 201.	15
Tabela 5. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 202.	17
Tabela 6. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 204.	18
Tabela 7. Locais de teste utilizados para a avaliação de genótipos de soja ideais nas regiões edafoclimáticas (REC) 102 e 103.	24
Tabela 8. Locais de teste utilizados para a avaliação de genótipos de soja ideais nas regiões edafoclimáticas (REC) 201 e 204.	25
Tabela 9. Genótipos avaliados nas regiões edafoclimáticas (REC) 102 e 103 para identificação dos genótipos ideais, com informações sobre o ano de lançamento, grupo de maturação (GM), evento transgênico e instituição obtentora.	25
Tabela 10. Genótipos avaliados nas regiões edafoclimáticas (ECR) 201 e 204 para identificação dos genótipos ideais, com informações sobre o ano de lançamento, grupo de maturação (GM), evento transgênico e instituição obtentora.	26

LISTA DE SIGLAS E ACRÔNIMOS

CONAB	Companhia Nacional de Abastecimento
MAPA	Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento
GM	Grupo de maturação
GI	Genótipo Ideal
IGA	Interação Genótipo x Ambiente efeito principal de genótipo + interação genótipo × ambiente
GGE	efeito principal de genótipo + interação genótipo × local
GGL	efeito principal de genótipo + interação genótipo × local
VCU	Valor de Cultivo e Uso
REC	Região Edafoclimática
RG	Rendimento de grãos
MA	Mega-Ambiente
RA	Região Alvo
AEA	Eixo do Ambiente Médio
r_g	Correlação genética
h	Herdabilidade
r_{gh}	Índice integrado de correlação genética e herdabilidade
kg	Quilogramas
ha	Hectares
m	Metro
m ²	Metro quadrado

Sumário

1 INTRODUÇÃO	1
2 LOCAIS DE TESTE IDEAIS PARA CONDUÇÃO DE ENSAIOS MULTI-AMBIENTES DE SOJA NO SUL DO BRASIL	4
2.1 Material e Métodos utilizados para o assunto Locais de teste ideais para condução de ensaios multi-ambientes de soja no Sul do Brasil	5
2.1.1 Fontes de dados e métodos experimentais.....	5
2.1.2 Métodos estatísticos.....	6
2.2 Resultados e Discussão para o assunto Locais de teste ideais para condução de ensaios multi-ambientes de soja no Sul do Brasil	7
2.3 Conclusões sobre o assunto Locais de teste ideais para condução de ensaios multi-ambientes de soja no Sul do Brasil	20
3 DESEMPENHO DE GENÓTIPOS DE SOJA EM ENSAIOS MULTI-AMBIENTE NA REGIÃO SUL DO BRASIL	22
3.1 Material e Métodos para o assunto Desempenho de genótipos de soja em ensaios multi-ambiente na região Sul do Brasil.....	23
3.1.1 Fontes de dados e métodos experimentais.....	23
3.1.2 Métodos estatísticos.....	27
3.2 Resultados e Discussão para o assunto Desempenho de genótipos de soja em ensaios multi-ambiente na região Sul do Brasil	28
3.2.1 Macrorregião 1	28
3.2.2 Macrorregião 2	32
3.3 Conclusões sobre o assunto Desempenho de genótipos de soja em ensaios multi-ambiente na região Sul do Brasil	36
REFERÊNCIAS	38

1 INTRODUÇÃO

A soja é uma das principais oleaginosas produzidas no Brasil e no mundo. Representa a principal *commodity* agrícola brasileira, sendo a cultura que mais cresceu no país nas últimas três décadas, em termos de produção e área cultivada. Devido às suas dimensões continentais, o Brasil apresenta diversos ambientes propícios a seu cultivo e, aliado à disponibilidade de tecnologias de produção que permitem o aumento da produtividade, tornam o país o segundo maior produtor mundial de soja. Na safra 2017/2018, a soja ocupou uma área de aproximadamente 35 milhões de hectares (ha), com uma produção estimada de 110,5 milhões de toneladas (CONAB, 2018).

Nos últimos 20 anos, o crescimento anual médio da produção de soja no Brasil foi de 4,1 milhões de toneladas, representando um incremento de 18,2% ano⁻¹. A produção brasileira aumentou de 31,4 milhões de toneladas, na safra 1997/1998, para 114,1 milhões de toneladas na safra 2016/2017. Com base em dados da CONAB, o incremento na produção tem relação direta com o aumento da produtividade e da área cultivada. No mesmo período a área foi incrementada em 1,04 milhão de ha⁻¹ ano⁻¹ e o aumento da produtividade foi de aproximadamente 49 kg ha⁻¹ ano⁻¹, incluindo ganhos genéticos e melhorias ambientais. O acréscimo em produção e área cultivada, também ocorreu em países como EUA, China e Índia. Esses países, juntamente com Brasil e Argentina, consistem nos principais produtores mundiais desta oleaginosa (QIN et al., 2015).

O ganho anual em produtividade está atrelado às melhores práticas fitotécnicas e ao melhoramento genético da soja. O uso de fertilizantes, produtos fitossanitários eficientes e diversas outras práticas agronômicas tem possibilitado incrementos significativos na produtividade de grãos. O melhoramento genético detém importante papel para o aumento da produtividade da soja (KOESTER et al., 2014). Os principais caracteres modificados ao longo dos anos foram: a estatura de planta, resistência ao acamamento, resistência a pragas e doenças e a elevação do potencial produtivo (WANG et al., 2016; JIN et al., 2010). A adaptação da cultura para cultivo em baixas latitudes foi responsável pela evolução da área plantada no Brasil. A descoberta de genes e locos de características quantitativas (QTL) que controlam o período juvenil

longo (PJL), proporcionou à soja um período vegetativo mínimo, mesmo sob condições de dias curtos. Essas características foram essenciais para a expansão da cultura para o Centro-Oeste brasileiro (FARIAS et al., 2007).

Na fase final do programa de melhoramento, as linhagens e cultivares são testadas em ensaios multi-ambientes (MET). Nestes ensaios, a variabilidade de desempenho é influenciada pelas diferentes condições ambientais. Dessa forma, é possível identificar genótipos com adaptação específica ou ampla para cada ambiente ou para um conjunto de ambientes. Sendo assim, o genótipo deve ser indicado para o ambiente ou um grupo de ambientes para o qual apresente melhor adaptação e estabilidade.

Para a seleção e indicação de genótipos superiores é essencial que os programas de melhoramento realizem seus ensaios de teste nos melhores ambientes. Ambientes ideais devem ser representativos da região-alvo de melhoramento e serem discriminativos. A caracterização dos ambientes de teste é de extrema importância, pois locais pouco representativos, não discriminantes ou que produzem informações redundantes, podem ser removidos dos ensaios multi-ambientes (MET), aumentando a eficiência de seleção e reduzindo os custos do programa de melhoramento.

Neste sentido, as análises biplot são amplamente utilizadas para a identificação dos melhores ambientes de teste adaptados e estáveis (YAN, 2015; YAN, 2016; DIA et al., 2016). Na análise de GGE (efeito principal de genótipo + efeito da interação genótipo x ambiente) biplot, o efeito dos anos é avaliado de forma individualizada, sendo necessário comparar os resultados ano a ano. Para visualizar padrões em respostas de genótipos para diferentes ambientes (locais x anos), Yan (2014, 2015) propôs a análise GGL + GGE ((efeito principal de genótipo + interação genótipo x local) + (efeito principal de genótipo + interação genótipo x ambiente)) biplot. Esta análise é considerada superior as análises ano-a-ano, uma vez que resume os padrões em um único biplot (Yan, 2014, 2015). Esta análise permite que os padrões de G + GE e G + GL sejam visualizados em um mesmo biplot (YAN, 2014, 2015, 2016), facilitando a interpretação dos resultados.

Com a identificação dos padrões de resposta de ambientes, pode-se reduzir custos de mão-de-obra e logística, e aumentar a eficiência da seleção e recomendação

de genótipos superiores. Assim, o objetivo deste estudo foi identificar os melhores locais de teste para conduzir MET na região Sul do Brasil; bem como avaliar quais as melhores cultivares de soja para cada região edafoclimática (REC), nas macrorregiões sojícolas M1 e M2 do Brasil.

2 LOCAIS DE TESTE IDEAIS PARA CONDUÇÃO DE ENSAIOS MULTI-AMBIENTES DE SOJA NO SUL DO BRASIL

A soja (*Glycine max* [L.] Merrill) é amplamente cultivada no Brasil. As diferentes regiões do país apresentam elevada variabilidade de tipo de solo, temperatura, precipitação e fotoperíodo. Nestas condições, observa-se forte influência da interação genótipo × ambiente (IGA), dificultando a seleção e recomendação de genótipos superiores.

Antes de serem lançados como cultivares, os genótipos (linhagens) são avaliados e selecionados em ensaios multi-ambiente (MET). No Brasil, os ensaios finais de teste são denominados Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Esses ensaios são conduzidos nas regiões edafoclimáticas (RECs) de interesse. As RECs foram definidas pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) (BRASIL, 1998).

Uma extensa rede de ensaios é necessária para se obter informações precisas da performance dos genótipos nas RECs. Entretanto, é possível que alguns locais de teste apresentem características biológicas similares, onde o desempenho dos genótipos é semelhante (LUO et al., 2015; YAN, 2015), resultando em informações redundantes. Em função dos altos custos para a realização desses ensaios, é crucial que seja realizada a escolha correta dos locais de teste (YAN et al., 2011). Assim sendo, é importante eliminar ou substituir locais que apresentam padrões semelhantes, visando melhorar a eficiência do processo de seleção.

Um local ideal deve apresentar elevada capacidade discriminativa, a fim de identificar diferenças entre os genótipos (DIA et al., 2016). Além disso, também deve ser representativo de todos os locais da região-alvo (RA), de forma que os genótipos selecionados apresentem um desempenho estável em toda a região (KHATUN et al., 2015; LUO et al., 2015).

Neste sentido, análises biplot vem sendo amplamente utilizadas para a escolha de locais de teste (LUO et al., 2015, YAN, 2015, 2016; DIA et al., 2016). Nas análises GGE (efeito principal de genótipo + IGA), o efeito de anos é avaliado individualmente. Assim, é necessário comparar os resultados ano-a-ano; entretanto, os resultados podem ser incertos, pois o efeito de ano é muito pronunciado entre os anos

de avaliação, indicando que pode não ser possível identificar padrões repetíveis entre os anos (YAN, 2014).

Para uma melhor visualização dos padrões de variação dos genótipos em diferentes ambientes (ano \times local), a análise GGL + GGE [(efeito principal de genótipo + interação genótipo \times local) + (efeito principal de genótipo + interação genótipo \times ambiente)] é considerada superior em relação as análises realizadas ano-a-ano, pois resume a variação ocorrida em um único biplot (YAN, 2015a, 2015b). Essa análise permite visualizar a padrões de G + GE e G + GL, bem como identifica qualquer interação GL no conjunto de dados (YAN, 2014, 2015, 2016).

Os objetivos deste trabalho foram: avaliar a representatividade e discriminância dos locais de teste na região Sul do Brasil; identificar locais semelhantes em cada REC, bem como locais que não contribuem na avaliação de genótipos e; recomendar os melhores locais de teste para a condução de ensaios de VCU, visando reduzir os custos dos programas de melhoramento genético.

2.1 Material e Métodos utilizados para o assunto Locais de teste ideais para condução de ensaios multi-ambientes de soja no Sul do Brasil

2.1.1 Fontes de dados e métodos experimentais

Foram utilizados dados do rendimento de grãos (RG) de ensaios de VCU, conduzidos entre as safras 2012/13 e 2016/17. Os ensaios foram conduzidos nas REC 101, 102 e 103, na macrorregião 1 (M1) e nas REC 201, 202 e 204 na macrorregião 2 (M2). Ao todo, 34 locais (Figura 1) e 43 genótipos foram avaliados. Cada REC foi considerada como um mega-ambiente (MA), definidos de acordo com a terceira aproximação para ensaios de VCU (KASTER; FARIAS, 2012), sendo a RA de estudo. Os ensaios foram conduzidos no delineamento de blocos completamente casualizados (DBCA), com três repetições. As unidades experimentais consistiram de quatro linhas com 5 m de comprimento, com espaçamento de 0,5 m entrelinhas. A área útil de cada parcela foi composta das duas linhas centrais, totalizando 5 m². A colheita foi realizada com colhedoras de parcela, no estádio de maturação (R8). O RG por parcela (kg parcela

1) foi corrigido para 13% e o RG foi calculado em kg ha⁻¹. As práticas culturais seguiram as recomendações técnicas para a cultura da soja.

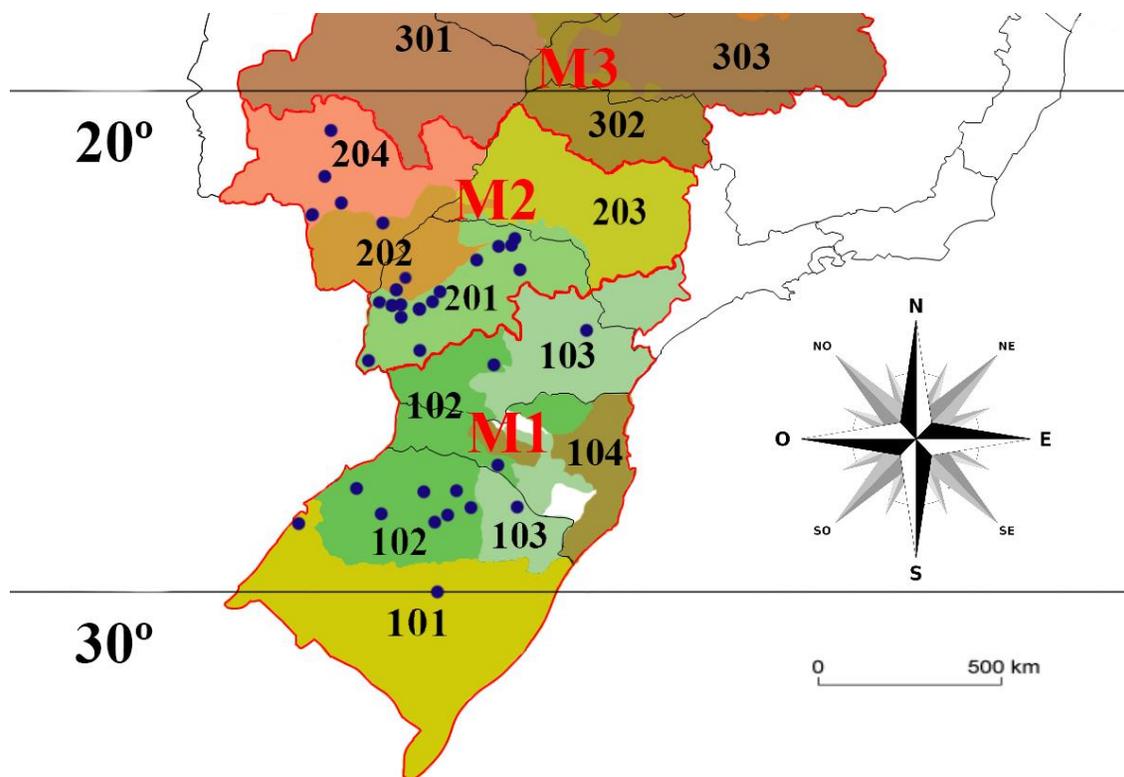


Figura 1. Locais utilizados nas análises de identificação do melhor local de teste para condução dos ensaios de VCU na região Sul do Brasil. Pontos azuis representam os locais. Terceira aproximação. Fonte: Modificado de Kaster & Farias (2012).

2.1.2 Métodos estatísticos

A análise GGL + GGE foi realizada usando o software GGEbiplot (YAN, 2001). Essa análise permite identificar os locais mais representativos para a RA. O cosseno do ângulo entre o vetor do ambiente e a linha do ambiente médio (AEA) se aproxima da correlação genética (r_g) entre os ambientes (YAN, 2014); o comprimento do vetor indica a consistência dos resultados entre os anos de teste. Além disso, quando a soma total da variação do biplot é elevada e os dados são escalados pelo desvio padrão e herdabilidade ajustada (Scaling 2), o comprimento do vetor se aproxima da raiz quadrada da herdabilidade (h) (YAN, 2014). Assim, pode-se inferir sobre o poder de discriminação. Nesse sentido, a representatividade é considerada mais importante que a discriminância

em uma avaliação integrada, pois a representatividade varia entre -1 e + 1 (r_g) e a discriminância (h) varia entre 0 e 1, sendo mais comum valores entre 0,5 e 1 (YAN, 2014). Um ambiente ideal deve possuir valores de $r_g = 1$ e $h = 1$, com índice integrado ($r_g h$) = 1, deve ser representativo da RA e apresentar capacidade de discriminar genótipos superiores (YAN, 2014). Locais com vetores curtos não são desejáveis, pois não estão associados com os demais locais da RA, ou tem uma baixa herdabilidade (YAN, 2014).

A análise G versus GE (Efeito principal de genótipo vs. IGA), permite identificar a habilidade dos ambientes em selecionar genótipos superiores. Nessa análise, o biplot é dividido em dois componentes. A projeção do ambiente na reta AEA (*Average environment axis*), de seta única, indica a habilidade em selecionar genótipos superiores. Além disso, quanto menor o vetor em relação a AEC (*Average environment coordination*), maior a capacidade de selecionar os genótipos pelo efeito de G, onde quanto mais à direita do biplot estiver o local, mais útil será o local para a seleção de genótipos superiores (YAN, 2014). Neste sentido, quanto menor o comprimento do vetor no sentido da reta AEC, maior é a capacidade do ambiente em selecionar genótipo pelo efeito genotípico (G), e quanto maior o vetor, maior a capacidade do ambiente em selecionar por IGA (YAN, 2014). Portanto, ambientes com vetores curtos e posicionados a direita do biplot são mais adequados.

Para as análises GGE biplot, os seguintes parâmetros foram utilizados: Transform = 0 (sem transformação); Scaling = 2 (dados escalados pelo desvio padrão e h ajustada); Centering = 2 (biplot baseado em G + GE (IGA)); e partição singular de valores (SVP) = 2 (foco no ambiente). Na escala baseada na herdabilidade ajustada (HA-GGE), o comprimento do vetor se aproxima da raiz quadrada da herdabilidade e o ângulo entre os vetores ambientais da r_g entre os mesmos (YAN; HOLLAND, 2010; YAN, 2014). Esta escala é a mais apropriada para a avaliação de ambientes porque mostra de forma gráfica a utilidade relativa dos ambientes em termos de resposta na seleção (YAN; HOLLAND, 2010).

2.2 Resultados e Discussão para o assunto Locais de teste ideais para condução de ensaios multi-ambientes de soja no Sul do Brasil

As análises GGL+GGE para a macrorregião 1 (M1) indicaram que o local CACS-R (Figura 2A) foi o mais representativo entre os anos, na REC 101. No entanto, os resultados mais consistentes foram observados em CACS-L, pois o mesmo apresenta o maior comprimento do vetor. Na análise de G vs. GE (Figura 2D) foi possível observar que os ambientes CACS-L_12 e CACS-R_13 apresentaram a maior capacidade de selecionar G, pois estão mais à direita do biplot e possuem vetores curtos. O ambiente CACS-R_12 foi o único posicionado à esquerda da linha AEC, e a projeção do vetor em relação a AEA (AEC_Y) foi a segunda maior (0,74) (Tabela 1). Este ambiente, juntamente com SBRJ_13, apresentou as menores capacidades em selecionar G, pois estão posicionados mais à esquerda do biplot. No mesmo sentido, o cosseno do ângulo em relação a AEA de SBRJ, indica que esse ambiente não é representativo para a REC 101.

Para a REC 102 (Figura 2B), as maiores r_g foram observadas entre os ambientes TPJR, CMPV, CRCO, RALT, PSFD e STBS. Já os ambientes CNDR e SLGO são pouco representativos para essa REC, pois apresentam os maiores ângulos em relação à reta AEA, e, portanto, menores r_g com o ambiente médio. Além disso, os ambientes CMPV e TPJR apresentam resultados pouco consistentes, pois apresentam vetores curtos. Em adição, na análise G vs. GE (Figura 2E), foi possível observar que STBS_12 foi o ambiente com a maior capacidade de selecionar por G, pois está posicionado mais à direita do biplot e possui vetor curto. Já os ambientes TPJR_16, CMPV_14, CMPV_16 e SLGO_12 se posicionaram à esquerda da linha AEC, sendo estes ineficientes na seleção de genótipos superiores. Ademais, na análise G vs. GE, SLGO_12 e SLGO_14 apresentaram os maiores vetores dentre os ambientes avaliados, mostrando-se também ineficiente na seleção de genótipos por G (Figura 2E).

Em relação a REC 103 (Figura 2C), o local CSTR foi o mais representativo na média dos cinco anos de teste. Na análise G vs. GE (Figura 2F), este ambiente também apresentou vetores curtos em todos os anos, sendo o ambiente com a maior capacidade em selecionar genótipos superiores em 2015. No entanto, em 2016 (CSTR_16), o valor do ambiente em relação a AEC_X foi o mais negativo em relação a AEC (-0,09), ainda que em pequena proporção (Tabela 3). Os ambientes VCRA_13 e GRPV_13 apresentaram os maiores vetores na análise G vs. GE, respectivamente (Figura 2F).

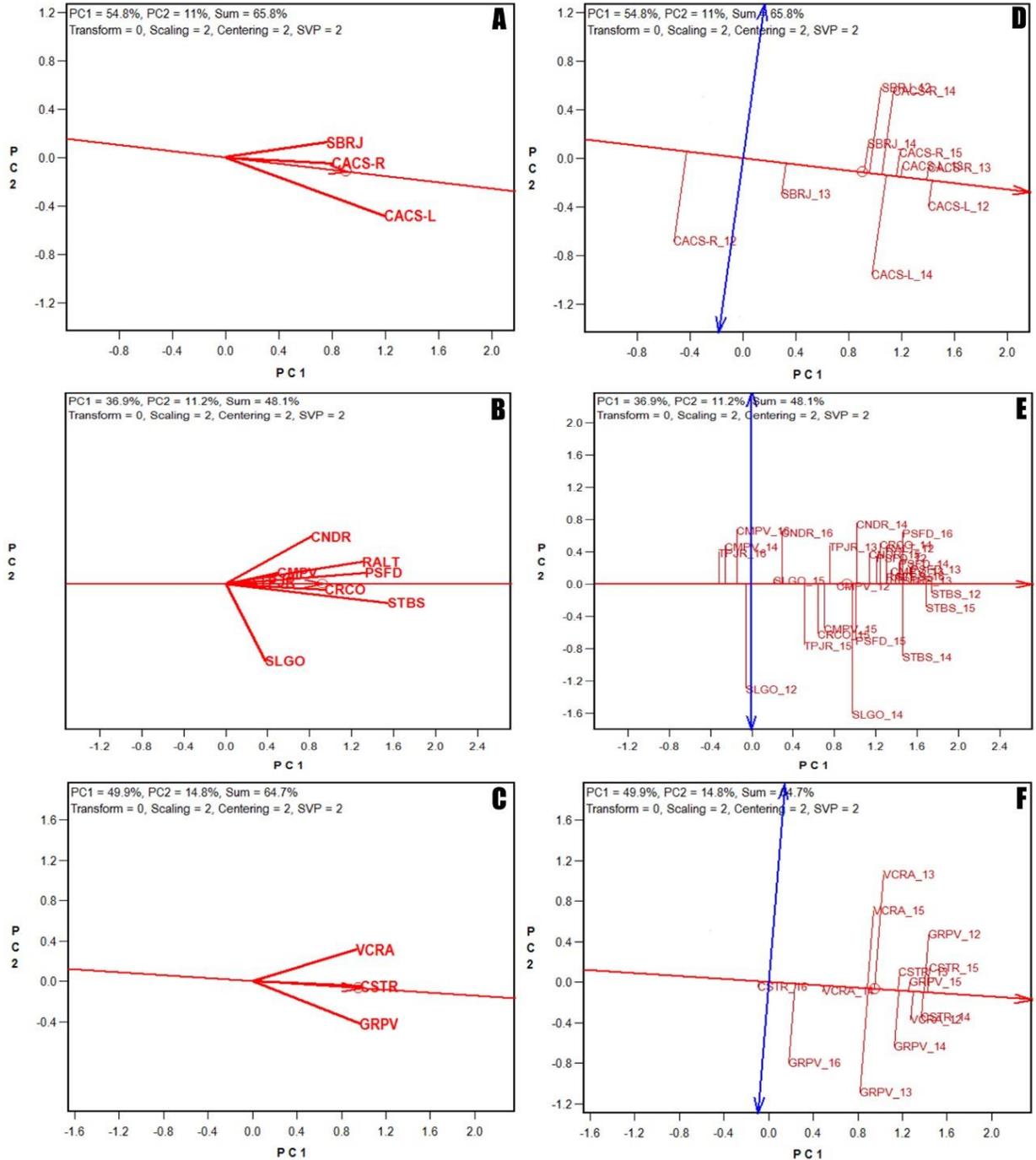


Figura 2. Biplot GGL+GGE para a macrorregião 1 de soja para os anos de 2012 a 2016 (101-A, 102-B, 103-C) e o biplot que ilustra a habilidade do ambiente em selecionar por G versus GE para a macrorregião 1 de cultivo de soja (101-D, 102-E, 103-F). Um ambiente é composto por local e por um ano (por exemplo: SLGO_15 = São Luiz Gonzaga no ano de 2015). Os ambientes são: Cachoeira do Sul – Várzea (CACS-L), Cachoeira do Sul – Sequeiro (CACS-R), São Borja (SBRJ), Santa Bárbara do Sul (STBS), Passo Fundo (PSFD), Campos Novos (CMPV), Ronda Alta (RALT), Ciriaco (CRCO), Condor (CNDR), São Luiz Gonzaga (SLGO), Tapejara (TPJR), Castro (CSTR), Guarapuava (GRPV) e Vacaria (VCRA).

Tabela 1. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 101.

Tester*	AEC_X	AEC_Y	Vector Length	Correlation with AEA
CACS-L_12	1,45	0,21	1,46	0,99
CACS-R_13	1,41	-0,1	1,41	1
CACS-L_13	1,21	-0,09	1,21	1
CACS-R_15	1,17	-0,2	1,19	0,99
CACS-L_14	1,09	0,83	1,37	0,8
CACS-R_14	1,06	-0,69	1,27	0,84
SBRJ_12	0,97	-0,71	1,2	0,81
SBRJ_14	0,92	-0,24	0,95	0,97
SBRJ_13	0,33	0,26	0,42	0,79
CACS-R_12	-0,43	0,74	0,86	-0,5

*Tester é composto por um local e um ano (por exemplo: CACS-L_12 = Cachoeira do Sul – Várzea, no ano de 2012). Os locais são: Cachoeira do Sul – Várzea (CACS-L), Cachoeira do Sul – Sequeiro (CACS-R) e São Borja (SBRJ).

Tabela 2. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 102.

Tester*	AEC_X	AEC_Y	Vector Length	Correlation with AEA
STBS_12	1,74	0,11	1,74	1
STBS_15	1,69	0,28	1,71	0,99
PSFD_13	1,54	-0,2	1,55	0,99
STBS_13	1,46	-0,06	1,46	1
STBS_14	1,46	0,89	1,71	0,86
PSFD_16	1,46	-0,64	1,59	0,92

PSFD_14	1,42	-0,27	1,45	0,98
STBS_16	1,39	-0,11	1,39	1
CMPV_13	1,34	-0,18	1,35	0,99
RALT_12	1,3	-0,46	1,38	0,94
RALT_15	1,3	-0,11	1,3	1
CRCO_14	1,24	-0,51	1,34	0,93
PSFD_12	1,21	-0,34	1,25	0,96
CNDR_15	1,14	-0,38	1,2	0,95
CNDR_14	1,01	-0,76	1,26	0,8
PSFD_15	1,01	0,69	1,22	0,83
SLGO_14	0,98	1,61	1,88	0,52
CMPV_12	0,83	0,01	0,83	1
TPJR_13	0,75	-0,48	0,89	0,84
CMPV_15	0,7	0,54	0,88	0,79
CRCO_15	0,64	0,61	0,89	0,73
TPJR_15	0,51	0,75	0,91	0,56
CNDR_16	0,3	-0,65	0,72	0,41
SLGO_15	0,21	-0,06	0,22	0,96
SLGO_12	-0,06	1,29	1,29	-0,05
CMPV_16	-0,14	-0,68	0,69	-0,21
CMPV_14	-0,26	-0,48	0,55	-0,47
TPJR_16	-0,31	-0,39	0,5	-0,62

*Tester é composto por um local e um ano (por exemplo: STBS_12 = Santa Bárbara do Sul, no ano de 2012). Os ambientes são: Santa Bárbara do Sul (STBS), Passo Fundo (PSFD), Campos Novos (CMPV), Ronda Alta (RALT), Ciríaco (CRCO), Condor (CNDR), São Luiz Gonzaga (SLGO) e Tapejara (TPJR).

Tabela 3. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 103.

Tester*	AEC_X	AEC_Y	Vector Length	Correlation with AEA
CSTR_15	1,43	-0,25	1,45	0,99
GRPV_12	1,4	-0,58	1,51	0,92
CSTR_14	1,39	0,24	1,41	0,99
VCRA_12	1,3	0,27	1,33	0,98
GRPV_15	1,26	-0,09	1,27	1
GRPV_14	1,17	0,55	1,3	0,91
CSTR_13	1,16	-0,18	1,18	0,99
VCRA_13	0,95	-1,13	1,48	0,64
GRPV_13	0,9	1,03	1,37	0,66
VCRA_15	0,89	-0,77	1,18	0,76
VCRA_14	0,5	0,06	0,5	0,99
GRPV_16	0,24	0,79	0,82	0,29
CSTR_16	-0,09	0,06	0,1	-0,84

*Tester é composto por um local e um ano (por exemplo: CSTR_15 = Castro, no ano de 2015). Os ambientes são: Castro (CSTR), Guarapuava (GRPV) e Vacaria (VCRA).

Em relação as RECs da Macrorregião 2 (M2), para a REC 201, foram analisados um total de 54 ambientes (local + ano) (Figuras 3A e 3D). Devido ao grande número de locais plotados no gráfico, a interpretação da análise G vs. GE foi dificultada. Nesse sentido, a análise dos valores em tabelas é fundamental para uma melhor compreensão dos padrões (Tabelas 4, 5 e 6). Porém, a análise visual continua sendo útil, em específico para a identificação de locais à esquerda da reta AEC. Estes locais são inadequados, devido à baixa capacidade de selecionar genótipos superiores. Os locais MRDN, PLTN, FLRT, STIU, MAMB, CMMR, RLDA e LDRN apresentaram as maiores r_g com o ambiente médio da REC 201, e os menores ângulos entre os vetores dos ambientes indicam correlação genética elevada entre os mesmos (Figura 3A). No

entanto, na análise G vs. GE (Figura 3D), MAMB_13 e RLDA_13 se posicionaram à esquerda da linha AEC, não sendo eficientes em selecionar genótipos superiores. Os ambientes CCVL_13, CCVL_15, CCVL_16, CFLD_16 e TOLD_16 também se posicionaram à esquerda de AEC. Nesses ambientes, o valor de AEC_X é negativo, e assim, os ambientes não são eficientes em selecionar genótipos superiores (Figura 3D, Tabela 4). Também foi observado que o comprimento do vetor do ambiente STIU, na análise G vs. GE, apresentou valores medianos, o que indica que este local também é eficiente na seleção de genótipos por G.

Na REC 202 (Figura 3B), o ambiente NVRI apresentou o maior r_g com a REC, sendo o ambiente mais representativo. No entanto, observou-se resultados mais consistentes para o ambiente FRCA, em função do maior comprimento do vetor. Na análise G vs. GE, foi observado que os ambientes IPOR_15, FRCA_12 e NVRI_15 (Figura 3E) apresentaram valores negativos para AEC_X (Tabela 5). Ademais, foi observado que o ambiente NVRI apresentou vetores longos em todos os anos, não sendo eficiente para a seleção de genótipos por G.

Para a REC 204 (Figura 3C), os locais PTPR e MRCJ foram os que apresentaram os menores ângulos em relação a AEA, e portanto, a maior r_g , sendo os mais representativos dessa REC. O ambiente SDLD apresentou o menor vetor e o maior ângulo em relação a AEA (menor r_g), apresentando assim resultados inconsistentes e pouco representativos. Na análise G vs. GE (Figura 3F), os locais DOUR_12 e MRCJ_12 se posicionaram à esquerda de AEC, com valores negativos de AEC_X (Tabela 6). Estes locais apresentaram valor de r_{gh} pequeno, apresentando assim, menor capacidade de selecionar genótipos superiores. O ambiente PTPR_16 se posicionou mais à direita do biplot, sendo um ambiente com elevada capacidade de selecionar genótipos superiores. Em adição, também foi observado que o ambiente PTPR_13 apresentou elevada capacidade de selecionar genótipos superiores, agregado a maior capacidade em selecionar genótipos por G, pois apresenta vetor curto, com valor de AEC_Y de 0,16 (Tabela 6).

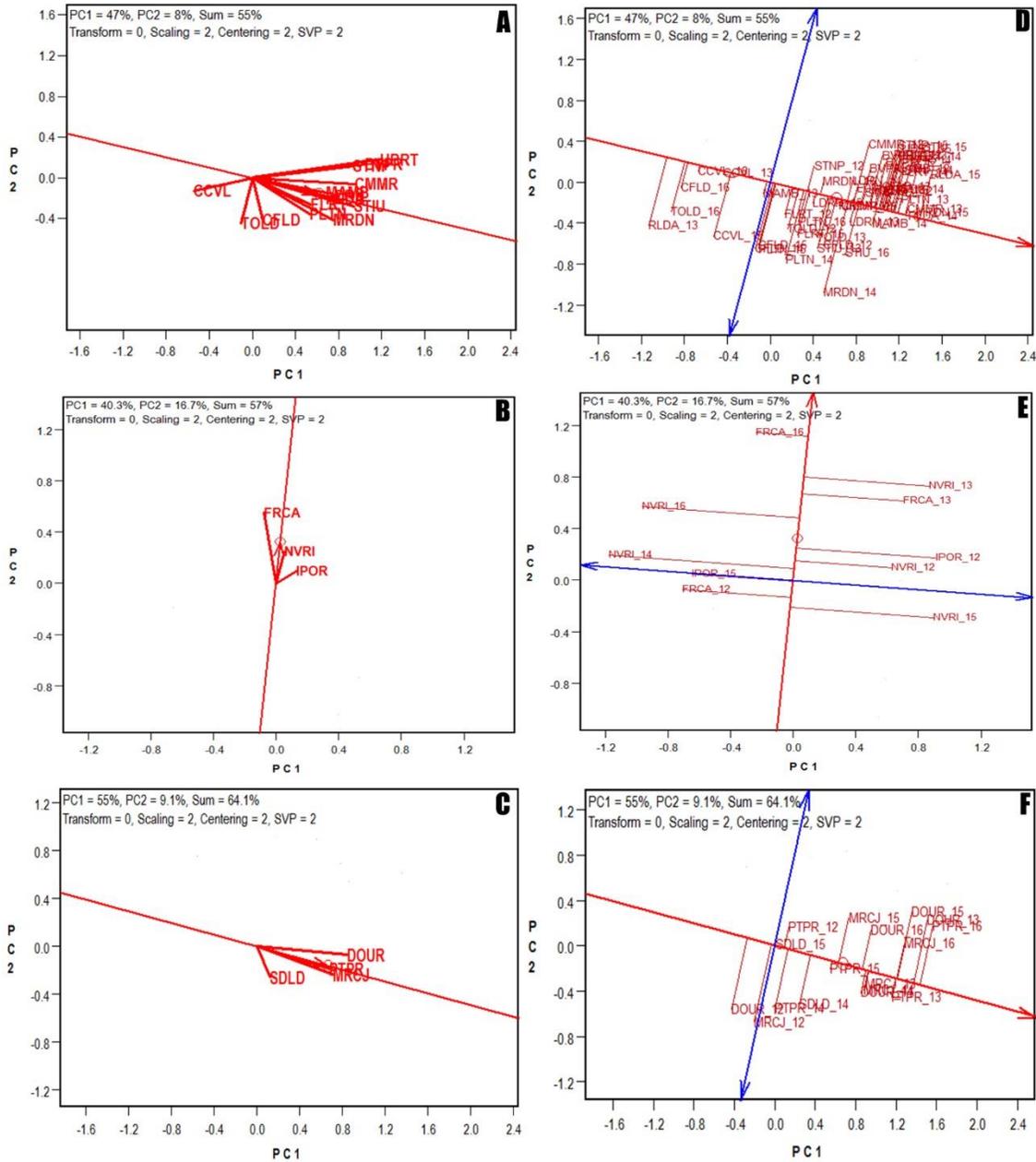


Figura 3. - Biplot GGL+GGE para a macrorregião 2 de cultivo de soja para os anos de 2012 a 2016. (201-A, 202-B, 204-C) e biplots que ilustram a habilidade do ambiente em selecionar por G versus GE para a macrorregião 2 de cultivo de soja (201-D, 202-E, 204-F). Um ambiente é composto por local e por um ano (por exemplo: RLDA_13 = Rolândia no ano de 2013). Os ambientes são: Rolândia (RLDA), Marechal Cândido Rondon (MRDN), Campo Mourão (CMMR), Santa Terezinha de Itaipu (STIU), Palotina (PLTN) Ubiratã (UBRT), Sertanópolis (STNP), Floresta (FLRT), Bela Vista do Paraíso (BVPR), Mamborê (MAMB), Cafelândia (CFLD), Londrina (LDRN), Toledo (TOLD), Cascavel (CCVL), Francisco Alves (FRCA), Naviraí (NVRI), Iporã (IPOR), Ponta Porã (PTPR), Dourados (DOUR), Maracaju (MRCJ) e Sidrolândia (SDLD).

Tabela 4. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 201.

Tester*	AEC_X	AEC_Y	Vector Length	Correlation with AEA
RLDA_15	1,44	-0,44	1,5	0,96
MRDN_15	1,39	-0,05	1,39	1
RLDA_14	1,33	0	1,33	1
CMMR_13	1,31	-0,06	1,31	1
STIU_15	1,3	-0,68	1,46	0,89
PLTN_13	1,23	-0,14	1,23	0,99
UBRT_14	1,22	-0,57	1,35	0,91
STIU_14	1,19	-0,23	1,21	0,98
STNP_14	1,18	-0,42	1,26	0,94
FLRT_14	1,16	-0,4	1,23	0,95
BVPR_14	1,12	-0,51	1,24	0,91
UBRT_15	1,11	-0,62	1,27	0,87
MAMB_12	1,1	-0,42	1,18	0,94
UBRT_13	1,09	-0,54	1,22	0,9
STNP_15	1,07	-0,64	1,25	0,86
PLTN_12	1,05	-0,54	1,18	0,89
RLDA_12	1,05	-0,18	1,06	0,99
CFLD_13	1,02	-0,21	1,04	0,98
MAMB_14	1,02	0,16	1,04	0,99
BVPR_12	1	-0,46	1,1	0,91
UBRT_16	1	-0,18	1,02	0,98
BVPR_16	0,96	-0,16	0,97	0,99
BVPR_13	0,95	-0,51	1,08	0,88

STNP_13	0,88	-0,12	0,89	0,99
BVPR_15	0,87	-0,36	0,94	0,92
STIU_16	0,85	0,5	0,99	0,86
LDRN_13	0,82	0,19	0,84	0,97
CMMR_12	0,8	-0,58	0,99	0,81
LDRN_16	0,8	-0,14	0,81	0,99
MRDN_14	0,75	0,92	1,19	0,63
LDRN_14	0,74	-0,21	0,77	0,96
CMMR_16	0,71	0,07	0,71	1
MRDN_12	0,68	0,06	0,68	1
CFLD_12	0,63	0,48	0,79	0,8
STIU_13	0,58	0,52	0,78	0,75
TOLD_13	0,56	0,41	0,7	0,81
MRDN_16	0,48	-0,13	0,5	0,96
LDRN_15	0,44	0,1	0,45	0,98
FLRT_15	0,37	0,43	0,57	0,65
STNP_12	0,36	-0,25	0,44	0,82
PLTN_16	0,35	0,31	0,47	0,75
PLTN_14	0,33	0,7	0,77	0,43
TOLD_12	0,27	0,4	0,48	0,56
FLRT_12	0,22	0,27	0,35	0,62
PLTN_15	0,06	0,66	0,66	0,09
CFLD_15	0,05	0,62	0,62	0,07
CFLD_14	0,03	0,67	0,67	0,04
MAMB_13	-0,04	0,12	0,13	-0,31
CCVL_15	-0,38	0,64	0,74	-0,51

CCVL_13	-0,44	0,02	0,44	-1
CCVL_16	-0,68	0,06	0,68	-1
CFLD_16	-0,79	0,25	0,83	-0,95
TOLD_16	-0,82	0,5	0,96	-0,85
RLDA_13	-0,99	0,69	1,21	-0,82

*Tester é composto por um local e um ano (por exemplo: RLDA_15 = Rolândia, no ano de 2015). Os ambientes são: Rolândia (RLDA), Marechal Cândido Rondon (MRDN), Campo Mourão (CMMR), Santa Teresinha de Itaipu (STIU), Palotina (PLTN), Ubiratã (UBRT), Sertanópolis (STNP), Floresta (FLRT), Bela Vista do Paraíso (BVPR), Mambore (MAMB), Cafelândia (CFLD), Londrina (LDRN), Toledo (TOLD) e Cascavel (CCVL).

Tabela 5. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 202.

Tester*	AEC_X	AEC_Y	Vector Length	Correlation with AEA
FRCA_16	1,12	-0,33	1,17	0,96
NVRI_13	0,8	0,8	1,14	0,71
FRCA_13	0,68	0,65	0,94	0,72
NVRI_16	0,49	-1,01	1,12	0,43
IPOR_12	0,25	0,89	0,93	0,27
NVRI_12	0,15	0,62	0,64	0,24
NVRI_14	0,09	-1,19	1,19	0,08
IPOR_15	-0,01	-0,65	0,65	-0,02
FRCA_12	-0,14	-0,7	0,71	-0,19
NVRI_15	-0,21	0,92	0,94	-0,23

*Tester é composto por um local e um ano (por exemplo: FRCA_16 = Francisco Alves, no ano de 2016). Os ambientes são: Francisco Alves (FRCA), Naviraí (NVRI) e Iporã (IPOR).

Tabela 6. Capacidade de ambientes (locais x anos) em selecionar genótipos superiores (AEC_X), estáveis (G) e instáveis (GE) (AEC_Y), comprimento do vetor (Vector length) e representatividade do ambiente (Correlation with AEA) para a região edafoclimática (REC) 204.

Tester*	AEA_X	AEC_Y	Vector Length	Correlation with AEA
PTPR_16	1,48	-0,54	1,57	0,94
DOUR_13	1,41	-0,58	1,53	0,92
DOUR_15	1,25	-0,61	1,39	0,9
MRCJ_16	1,24	-0,33	1,29	0,97
PTPR_13	1,23	0,16	1,24	0,99
MRCJ_13	0,96	0,12	0,96	0,99
MRCJ_14	0,95	0,17	0,96	0,98
DOUR_14	0,92	0,2	0,94	0,98
DOUR_16	0,89	-0,36	0,96	0,93
MRCJ_15	0,65	-0,42	0,77	0,84
PTPR_15	0,58	0,07	0,58	0,99
SDLD_14	0,36	0,44	0,57	0,63
PTPR_14	0,14	0,54	0,56	0,25
PTPR_12	0,1	-0,19	0,22	0,45
SDLD_15	0,01	-0,01	0,02	0,65
MRCJ_12	-0,04	0,71	0,71	-0,05
DOUR_12	-0,28	0,64	0,7	-0,4

*Tester é composto por um local e um ano (por exemplo: PTPR_16 = Ponta Porã, no ano de 2016). Os ambientes são: Ponta Porã (PTPR), Dourados (DOUR), Maracaju (MRCJ) e Sidrolândia (SDLD).

A escolha adequada dos locais de teste para a condução de ensaios de VCU é de extrema importância para os programas de melhoramento genético. Os locais devem manter um padrão semelhante de resposta dos genótipos ao longo dos anos (consistência), serem representativos, e capazes de discriminar genótipos (YAN et al., 2011; LUO, et al., 2015, YAN, 2015). Assim, locais com alta r_g com o ambiente médio e

com vetores longos (discriminativos e consistentes) devem ser mantidos no conjunto de locais para ensaios de VCU. Além disso, locais que selecionam genótipos por G são desejáveis, pois, um menor efeito ambiental estará presente na seleção. Dessa forma, locais representativos, discriminantes e com elevada capacidade de selecionar genótipos por G, podem ser considerados ideais para a condução de ensaios para seleção e indicação de cultivares (YAN et al., 2011, YAN, 2014). Além do mais, quando se tem uma ampla rede de ensaios, é recomendado incluir locais que englobem diferentes níveis de representatividade, ou seja, que sejam representativos na RA, e ao mesmo tempo, revelem respostas diferenciadas dos genótipos (YAN et al., 2014). Além da identificação dos melhores locais, as análises de GGE biplot também permitem identificar os locais inadequados (pouco informativos) (KRISHNAMURTHY et al., 2017). Locais com padrões similares de representatividade e alta r_g geram informações redundantes (YAN et al., 2014). Esse comportamento foi observado em todas as RECs. No entanto, uma maior similaridade de locais foi observada nas RECs 102, 201 e 204.

Para a M1, na REC 102 (Figura 2B), os locais TPJR e CMPV podem ser substituídos ou até mesmo excluídos da rede de ensaios. Os mesmos apresentaram resultados pouco consistentes, são ineficientes na seleção de genótipos superiores, e redundantes quanto à resposta dos genótipos, mesmo sendo representativos do RA. Já os locais CNDR e SLGO são os menos representativos do RA, e desse modo, podem ser excluídos da rede de ensaios por não contribuírem para a seleção de genótipos superiores para essa região, além de serem pouco representativos. Locais pouco representativos, como CNDR e SLGO, ou com vetores curtos e similares com os demais (redundantes e não consistentes/discriminantes), como TPJR e CMPV, devem ser retirados ou substituídos da rede experimental (YAN, 2015; DIA et al., 2016).

Para a M2, na REC 201 (Figura 3A), também foram identificados locais que podem ser excluídos da rede de ensaios, por não representarem a REC. Estes locais não são eficientes em selecionar genótipos superiores, possuem baixa representatividade, e selecionam genótipos por GE (Figura 3D), além de apresentarem respostas semelhantes entre si. Assim, podem ser formados três grupos onde locais podem ser excluídos na REC 201, sendo: Grupo 1: CCVL, TOLD e CFLD; Grupo 2: UBRT, BVPR e STNP; Grupo 3: MRDN, PLTN, FLRT, STIU, MAMB, CMMR, RLDA e

LDRN. A exclusão se justifica pela elevada r_g entre os ambientes, o que proporciona a obtenção de resultados similares entre os ambientes destes grupos. Ambientes similares resultam em respostas redundantes dos genótipos, tornando a rede experimental ineficiente (YAN, 2014; YAN et al., 2014).

Na REC 204 (Figura 3C), os locais PTPR e MRCJ apresentaram padrões similares de consistência e representatividade, sendo, portanto, redundantes (YAN et al., 2014). Assim, a exclusão de um destes locais da rede de ensaios, a fim de reduzir custos do programa de melhoramento, seria uma alternativa. O local SDLD, por apresentar baixa consistência e moderada representatividade nesta REC, também pode ser excluído da rede de ensaios.

Recomenda-se incluir locais na rede de ensaios que englobem diferentes níveis de representatividade, ou seja, que sejam representativos no MA, e ao mesmo tempo, revelem respostas diferenciadas dos genótipos, com o objetivo de aumentar a acurácia de seleção. Assim, substituir locais não representativos, inconsistentes ou que não representem o RA por locais mais informativos, é crucial para maximizar a eficiência de seleção.

2.3 Conclusões sobre o assunto Locais de teste ideais para condução de ensaios multi-ambientes de soja no Sul do Brasil

Identificar as características dos ambientes de teste ideal representa um papel de muita importância dentro de um programa de melhoramento de soja. Através deles serão obtidas as respostas necessárias sobre os genótipos que serão avaliados. Foram identificados locais representativos, discriminantes e com resultados consistentes entre anos, possibilitando a seleção e recomendação de genótipos superiores de maneira eficaz. Também foram identificados locais não representativos e redundantes, que podem ser excluídos ou substituídos da rede de ensaios visando aumentar a eficiência de seleção e a redução dos custos do programa de melhoramento.

Para a macrorregião 1, os locais mais recomendados para a condução de ensaios de VCU são: Cachoeira do Sul, na REC 101; Ronda Alta, Passo Fundo, Santa Bárbara do Sul e Ciríaco, na REC 102; e Castro, na REC 103. Para a macrorregião 2, os

locais recomendados para a condução dos ensaios são: Rolândia, Marechal Candino Rôndon, Campo Mourão, Santa Terezinha de Itaipu, Palotina, Floresta e Londrina na REC 201, Naviraí, na REC 202; e Ponta Porã e Maracajú, na REC 204.

3 DESEMPENHO DE GENÓTIPOS DE SOJA EM ENSAIOS MULTI-AMBIENTE NA REGIÃO SUL DO BRASIL

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das principais culturas agrícolas produzidas no mundo, com produção de aproximadamente 352 milhões de toneladas na safra 2016/17 (USDA, 2017). O Brasil é o maior exportador e segundo maior produtor mundial, com 114 milhões de toneladas produzidas na safra 2016/17, e produtividade de 3.360 kg ha⁻¹. Na região Sul do Brasil, 11,4 milhões de hectares foram cultivadas com soja, resultando na produção de mais de 40 milhões de toneladas. Isso a torna uma das principais regiões produtoras do Brasil (CONAB, 2018).

Todos os anos, novas cultivares são disponibilizadas para cultivo, e os programas de melhoramento precisam avaliar o desempenho desses genótipos em diferentes ambientes (locais x anos). Para isso, centenas de linhagens são testadas em ensaios multi-ambientes (MET – *Multi-environment trials*) a fim de identificar os genótipos mais produtivos e estáveis para cada região edafoclimática (REC) de interesse. A avaliação de genótipos em MET é necessária para avaliar a presença de interação genótipo × interação ambiente (IGA). A IGA é responsável pelas diferenças no desempenho dos genótipos em diferentes ambientes e é um dos principais desafios para os melhoristas de plantas na seleção e recomendação de cultivares (BRANQUINHO et al., 2014).

As RECs para cultivo de soja no Brasil foram previamente definidas para representar ambientes homogêneos, apresentando características semelhantes de altitude, temperatura e tipos de solo (KASTER; FARIAS, 2012). Nesse sentido, recomenda-se a avaliação e recomendação de genótipos em sub-regiões, pois essas regiões homogêneas reduzem a IGA e fornecem resultados mais confiáveis. Além disso, quando os genótipos são avaliados em ambientes específicos, isso possibilita a seleção e recomendação de genótipos que exploram seu máximo potencial produtivo (YAN, 2016).

Para ser considerado ideal, o genótipo deve apresentar alto desempenho em termos de rendimento de grãos (RG) e elevada estabilidade nos diferentes ambientes de teste. Entre os diferentes métodos disponíveis para avaliar e recomendar genótipos

superiores em ensaios MET, os métodos GGE biplot são considerados superiores pois, fornecem imagens gráficas que facilitam a visualização e interpretação dos resultados (YAN, 2015; BHARTIYA et al., 2017). Este método foi utilizado para a avaliação de MET em várias culturas, como por exemplo: em trigo (SILVA et al., 2015), aveia (CHEN et al., 2016; LI et al., 2017; SÁNCHEZ-MARTÍN et al., 2017), feijão-da-China (*Vigna radiata*) (ULLAH et al., 2017) e em soja (BHARTIYA et al., 2017).

Entre os diferentes tipos de análises biplot, a análise de genótipo ideal (GI) é uma importante ferramenta na identificação dos melhores genótipos para as diferentes regiões de interesse. Na análise GI, o desempenho de cada genótipo é mensurado simultaneamente em termos de RG e estabilidade. A possibilidade de seleção simultânea na análise GI é um ponto chave na recomendação de genótipos, uma vez que alta estabilidade somente é desejável se combinada com elevado RG (YAN et al., 2007). Além disso, a análise de associação de genótipo por ambiente permite a identificação de genótipos que são mais associados a ambientes específicos, indicando locais que favorecem elevado potencial produtivo dos genótipos.

O objetivo do presente estudo foi identificar genótipos que apresentam elevado desempenho para RG e estabilidade em cada REC das macrorregiões 1 e 2 para cultivo da soja no Brasil; e identificar ambientes que maximizem o potencial produtivo dos genótipos.

3.1 Material e Métodos para o assunto Desempenho de genótipos de soja em ensaios multi-ambiente na região Sul do Brasil

3.1.1 Fontes de dados e métodos experimentais

Foram utilizados dados de RG de soja, obtidos de ensaios de VCU referentes as safras agrícolas 2012/13, 2013/14 e 2014/15. Para fins práticos, as safras mencionadas foram interpretadas como sendo os anos de 2013, 2014 e 2015, respectivamente. Os ensaios de VCU foram conduzidos nas macrorregiões 1 (M1) e 2 (M2), de acordo com a terceira aproximação para macrorregiões e RECs no Brasil (KASTER; FARIAS, 2012). Na M1, os ensaios de VCU foram conduzidos nas RECs 102

e 103, nos Estados do Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná. Nestas RECs, 39 genótipos de soja foram cultivados em 17 locais (Tabelas 7 e 9). Na M2, os ensaios foram conduzidos nas RECs 201 e 204, nos estados do Paraná e Mato Grosso do Sul. Nestas RECs, 35 genótipos de soja foram cultivados em 18 locais (Tabela 8 e 10). Em termos de área total cultivada com soja, as RECs avaliadas são consideradas as principais regiões produtoras nas macrorregiões M1 e M2.

Os ensaios foram conduzidos no delineamento de blocos completos casualizados (DBCA), com três repetições. As unidades experimentais consistiram de quatro linhas com 5 m de comprimento, com espaçamento de 0,5 m entrelinhas. A área útil de cada parcela foi composta das duas linhas centrais, totalizando 5 m². A colheita foi realizada com colhedoras de parcela, no estágio de maturação (R8). O rendimento de grãos por parcela (kg parcela⁻¹) foi corrigido para 13% e o RG foi calculado em kg ha⁻¹. As práticas culturais seguiram as recomendações técnicas para a cultura em cada REC.

Tabela 7. Locais de teste utilizados para a avaliação de genótipos de soja ideais nas regiões edafoclimáticas (REC) 102 e 103.

Local	Código	ECR	Latitude	Longitude	Ano		
					2013	2014	2015
Campos Novos	CMPV	102	27,40	51,23	X		X
Canoinhas	CNOI	102	26,18	50,39			X
Ciríaco	CRCO	102	28,34	51,88		X	X
Condor	CNDR	102	28,21	53,49		X	X
Condor-2	CNDR-2	102	28,21	53,49		X	X
Ijuí	IJUI	102	28,39	53,92			X
Passo Fundo	PSFD	102	28,26	52,41	X	X	X
Passo Fundo-2	PSFD-2	102	28,26	52,41	X	X	X
Ronda Alta	RALT	102	27,77	52,80			X
Santa Bárbara do Sul	STBS	102	28,36	53,25	X	X	X
Santa Bárbara do Sul-2	STBS-2	102	28,36	53,25	X	X	X
São Luiz Gonzaga	SLGO	102	28,41	54,96	X	X	X
São Luiz Gonzaga (Pivot)	SLGO-P	102	28,41	54,96	X		
Tapejara	TPJR	102	28,07	52,01	X		X
Castro	CSTR	103	24,79	50,01	X	X	X
Guarapuava	GRPV	103	25,40	51,46	X	X	X
Vacaria	VCRA	103	28,51	50,93	X	X	X

Tabela 8. Locais de teste utilizados para a avaliação de genótipos de soja ideais nas regiões edafoclimáticas (REC) 201 e 204.

Local	Código	REC	Latitude	Longitude	Ano		
					2013	2014	2015
Bela Vista do Paraíso	BVPR	201	23,00	51,19	X	X	X
Cafelândia	CFLD	201	24,62	53,32	X	X	X
Campo Mourão	CMMR	201	24,05	52,38	X		X
Cascavel	CCVL	201	24,96	53,46	X	X	X
Floresta	FLRT	201	23,60	52,08	X	X	X
Londrina	LDRN	201	23,31	51,16	X	X	X
Mamborê	MAMB	201	24,32	52,53	X	X	
Marechal Cândido Rondon	MRDN	201	24,56	54,06		X	X
Palotina	PLTN	201	24,28	53,84	X	X	X
Rolândia	RLDA	201	23,31	51,37	X	X	X
Santa Terezinha de Itaipú	STIU	201	25,45	54,40	X	X	X
Sertanópolis	STNP	201	23,06	51,04	X	X	X
Toledo	TOLD	201	24,71	53,74	X	X	X
Ubiratã	UBRT	201	24,55	52,99	X	X	X
Dourados	DOUR	204	22,22	54,81	X	X	X
Maracaju	MRCJ	204	21,61	55,17	X	X	X
Ponta Porã	PTPR	204	22,54	55,73	X	X	X
Sidrolândia	SDLD	204	20,93	54,96		X	X

Tabela 9. Genótipos avaliados nas regiões edafoclimáticas (REC) 102 e 103 para identificação dos genótipos ideais, com informações sobre o ano de lançamento, grupo de maturação (GM), evento transgênico e instituição obtentora.

Código	Genótipos	Ano de lançamento	GM	Evento	Obtentor
1	54I52RSF IPRO	2015	5.4	RR2	GDM Seeds
2	5958RSF IPRO	2012	5.8	RR2	GDM Seeds
3	61I59RSF IPRO	2015	6.1	RR2	GDM Seeds
4	6458RSF IPRO	2012	6.0	RR2	GDM Seeds
5	6563RSF IPRO	2012	6.3	RR2	GDM Seeds
6	A 6411RG	2008	6.4	RR	Nidera Seeds
7	AS 3570IPRO	2012	5.7	RR2	Monsoy
8	AS 3610IPRO	2012	6.1	RR2	Monsoy
9	Don Mario 5.9i	2011	5.9	RR	GDM Seeds
10	DonMario 58i	2007	5.5	RR	GDM Seeds
11	BMX ATIVA RR	2008	5.6	RR	GDM Seeds
12	6663 RSF	2013	6.3	RR	GDM Seeds
13	5855RSF IPRO	2014	5.5	RR2	GDM Seeds
14	63I64RSF IPRO	2012	6.3	RR2	GDM Seeds

15	68I70RSF IPRO	2015	6.8	RR2	GDM Seeds
16	58I60RSF IPRO	2015	5.8	RR2	GDM Seeds
17	7166RSF IPRO	2013	6.6	RR2	GDM Seeds
18	BMX Potência RR	2007	6.7	RR	GDM Seeds
19	6863 RSF	2011	6.2	RR	GDM Seeds
20	BMX TURBO RR	2009	5.8	RR	GDM Seeds
21	6968 RSF	2013	6.7	RR	GDM Seeds
22	6160RSF IPRO	2013	6.0	RR2	GDM Seeds
23	5953 RSF	2011	5.0	RR	GDM Seeds
24	FPS Urano RR	2008	6.2	RR	Fundação Pró-Sementes
25	M5917IPRO	2012	5.9	RR2	Monsoy
26	M5947IPRO	2013	5.9	RR2	Monsoy
27	M6210IPRO	2011	6.2	RR2	Monsoy
28	M6410IPRO	2011	6.4	RR2	Monsoy
29	NA 5909 RG	2008	6.2	RR	Nidera Seeds
30	NK 7059 RR	2007	6.2	RR	Syngenta Seeds
31	NS 4823	2008	4.8	RR	Nidera Seeds
32	NS 5959 IPRO	2012	5.9	RR2	Nidera Seeds
33	NS 5000 IPRO	2012	5.0	RR2	Nidera Seeds
34	NS 5445 IPRO	2012	5.4	RR2	Nidera Seeds
35	NS 6006 IPRO	2013	5.7	RR2	Nidera Seeds
36	NS 6909 IPRO	2012	6.3	RR2	Nidera Seeds
37	95R51	2011	5.1	RR	Dupont Pioneer
38	SYN1059 RR	2010	5.9	RR	Syngenta Seeds
39	TMG 7062 IPRO	2013	6.2	RR2	TMG ¹

¹TMG: Tropical Melhoramento e Genética.

Tabela 10. Genótipos avaliados nas regiões edafoclimáticas (ECR) 201 e 204 para identificação dos genótipos ideais, com informações sobre o ano de lançamento, grupo de maturação (GM), evento transgênico e instituição obtentora.

Código	Genótipos	Ano de lançamento	GM	Evento	Obtentor
1	54I52RSF IPRO	2015	5.4	RR2	GDM Seeds
2	5958RSF IPRO	2012	5.8	RR2	GDM Seeds
3	61I59RSF IPRO	2015	6.1	RR2	GDM Seeds
4	6458RSF IPRO	2012	6.0	RR2	GDM Seeds
5	6563RSF IPRO	2012	6.3	RR2	GDM Seeds
6	A 4910	-	5.0	RR	Nidera Seeds
7	NA 5909 RG	2008	6.2	RR	Nidera Seeds
8	AS 3610IPRO	2012	6.1	RR2	Monsoy
9	Don Mario 5.9i	2011	5.9	RR	GDM Seeds

10	DonMario 58i	2007	5.5	RR	GDM Seeds
11	BMX ATIVA RR	2008	5.6	RR	GDM Seeds
12	6663 RSF	2013	6.3	RR	GDM Seeds
13	5855RSF IPRO	2014	5.5	RR2	GDM Seeds
14	6266RSF IPRO	2013	6.6	RR2	GDM Seeds
15	63164RSF IPRO	2012	6.3	RR2	GDM Seeds
16	68170RSF IPRO	2015	6.8	RR2	GDM Seeds
17	58160RSF IPRO	2015	5.8	RR2	GDM Seeds
18	7166RSF IPRO	2013	6.6	RR2	GDM Seeds
19	BMX Potência RR	2007	6.7	RR	GDM Seeds
20	6863 RSF	2011	6.2	RR	GDM Seeds
21	BMX TURBO RR	2009	5.8	RR	GDM Seeds
22	6968 RSF	2013	6.7	RR	GDM Seeds
23	6160RSF IPRO	2013	6.0	RR2	GDM Seeds
24	M5917IPRO	2012	5.9	RR2	Monsoy
25	M5947IPRO	2013	5.9	RR2	Monsoy
26	M6210IPRO	2011	6.2	RR2	Monsoy
27	M6410IPRO	2011	6.4	RR2	Monsoy
28	NK 7059 RR	2007	6.2	RR	Syngenta Seeds
29	NS 4823	2008	4.8	RR	Nidera Seeds
30	NS 5000 IPRO	2012	5.0	RR2	Nidera Seeds
31	NS 5445 IPRO	2012	5.4	RR2	Nidera Seeds
32	NS 5959 IPRO	2012	5.9	RR2	Nidera Seeds
33	NS 6909 IPRO	2012	6.3	RR2	Nidera Seeds
34	SYN1059 RR	2010	5.9	RR	Syngenta Seeds
35	TMG 7062 IPRO	2013	6.2	RR2	TMG

¹TMG: Tropical Melhoramento e Genética.

3.1.2 Métodos estatísticos

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa GGEbiplot (YAN, 2001). As análises de GI e associação de genótipo por ambiente foram realizadas para cada REC em cada ano, visando identificar o genótipo ideal para cada REC. Um genótipo ideal hipotético é aquele que possui elevado RG e uma estabilidade perfeita, e é definido graficamente por um vetor mais longo do lado direito do PC1, e sem projeções no PC2, ou seja, os melhores genótipos estão posicionados mais próximos dos menores círculos concêntricos. Assim, quanto menor a distância do vetor de GI, melhor será o desempenho do genótipo em termos de produtividade e estabilidade (YAN, 2016). Além

disso, a análise de associação genótipo por ambiente permite identificar o desempenho de genótipos em cada ambiente. Nesse sentido, essa análise permite identificar os melhores ambientes de cultivo para cada genótipo.

Em ambas as análises, os seguintes parâmetros foram estabelecidos: I) Transformação de dados: os dados não foram transformados (Transform= 0), II) Escalonamento dos dados: os dados foram escalonados pelo desvio padrão resultando em média zero e variância um para todos os ambientes (Scaling= 1). Isso permite remover o efeito desigual da variância fenotípica entre ambientes e trata-se de um procedimento importante em análises multivariadas. III) Centralização dos dados: os dados foram centralizados focando em genótipo + genótipo \times ambiente (G+GE) (Data centering= 2). Na análise de GI, a decomposição de valores singulares (SVP) foi definida com foco no genótipo (SVP= 1) e para a análise de associação de genótipo por ambiente em cada REC, o SVP foi definido com foco no ambiente (SVP=2). Os resultados das análises foram interpretados de acordo com Yan (2014, 2016), e Yan e Tinker (2006).

3.2 Resultados e Discussão para o assunto Desempenho de genótipos de soja em ensaios multi-ambiente na região Sul do Brasil

3.2.1 Macrorregião 1

Para ser considerado ideal, o genótipo sob avaliação deve apresentar elevado desempenho para RG e alta estabilidade através dos ambientes de teste (YAN, 2015). No presente estudo, o desempenho dos genótipos foi avaliado utilizando a análise de GI (média elevada para RG e estabilidade). O melhor desempenho dos genótipos é definido graficamente pelo vetor mais longo à direita em relação ao eixo PC1, e a estabilidade é medida pelas projeções em relação ao eixo PC2, ou seja, os melhores genótipos estão posicionados próximos aos menores círculos concêntricos. Essa forma de seleção simultânea é eficiente, pois a alta estabilidade somente é desejável quando combinada com elevado desempenho no RG (YAN et al., 2007).

Para a M1, a análise de GI foi realizada para as RECs 102 e 103 (Figura 4). Na REC 102, em todos os anos, a C16 foi a mais próxima do GI. Os cultivares genótipos

C11, C13, C19 e 32 também foram próximos do GI, em 2013; os genótipos 34 e 9 em 2014, e os genótipos 1, 2, 13 e 36, em 2015. Esta diferença de desempenho dos genótipos em diferentes ambientes é devido a IGA. A presença de IGA é considerada a principal causa de redução da associação entre genótipo e fenótipo, e têm efeitos negativos no progresso genético em programas de melhoramento (LOPES et al., 2012).

Na REC 103, o genótipo 01 foi o mais próximo do GI em 2013, e o segundo melhor em 2015. Em 2014, esse genótipo não apresentou um bom desempenho, sendo ranqueado na 18^o posição em relação ao GI. Nessa mesma safra agrícola, o genótipo 39 apresentou o melhor desempenho e foi o mais próximo do GI, apesar de ter apresentado desempenho abaixo da média em 2015. Para a safra agrícola de 2015, o genótipo 32 apresentou o melhor desempenho. Portanto, os genótipos 1 e 32 são os mais próximos do GI, na REC 103. Esses genótipos possuem grupos de maturação (GM) adaptados ao cultivo em regiões de maiores altitudes (GM 5.4 e 5.9, respectivamente), apresentando excelente desempenho produtivo.

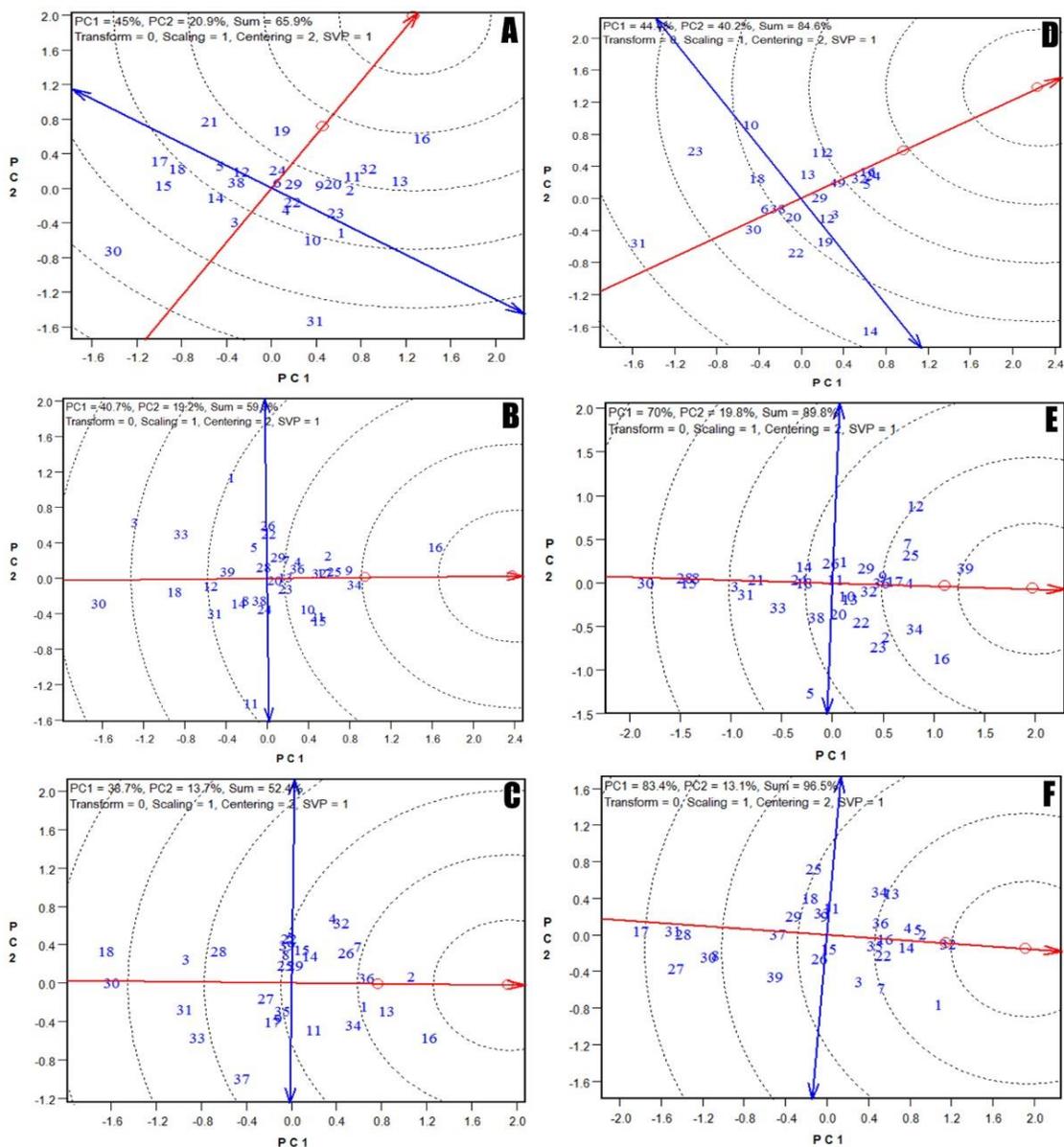


Figura 4. Identificação do genótipo ideal de soja para as regiões edafoclimáticas (ECR) 102 nos anos de 2013 (A), 2014 (B) e 2015 (C) e para a ECR 103 nos anos de 2013 (D), 2014 (E) e 2015 (F).

As associações entre genótipos e ambientes foram avaliadas utilizando a metodologia de associação de genótipo por ambiente. Nessa análise, o cosseno do ângulo formado entre cada par de vetores é proporcional a correlação existente entre os mesmos, e quanto menor esse ângulo, maior é a associação (YAN; KANG, 2003; YAN, 2014). Para a REC 102, o genótipo 16 apresentou o melhor desempenho (mais próximo do GI) em todos os anos. Para esse genótipo, associações positivas com os ambientes

foram observadas em todas as safras agrícolas (Figura 5). O genótipo 16 apresentou o melhor desempenho em: CMPV, PSFD-1, STBS-1 e STBS-2 em 2013; PSFD-1, PSFD-2, STBS-1 e STBS-2 em 2014; e CNOI, IJUI e SLGO em 2015; também apresentou associação positiva com CMPV, CNDR-2, STBS-1, STBS-2 e PSFD-2. Portanto, STBS e PSFD podem ser considerados locais ideais para o cultivo da soja. Esses locais apresentam temperatura média moderada (20-30°C) e altitudes de 511 e 687m, respectivamente, favorecendo o elevado desempenho dos genótipos. Os piores desempenhos foram observados nos locais SLGO e SLG- em 2013; CNDR-1, CNDR-2, CRCO e SLGO, em 2014; e TPJR, em 2015. A maior parte desses locais apresentam altitudes médias a baixas (430 a 230m), onde genótipos de soja geralmente não expressam seu maior potencial produtivo.

Para a REC 103, o genótipo 1 apresentou o melhor desempenho em 2013. Esse genótipo foi positivamente associado com todos os ambientes. Entretanto, a maior associação foi observada entre o genótipo 1 e CSTR. Em 2014, o genótipo 39 apresentou o melhor desempenho, com correlação positiva com todos os ambientes. Já em 2015, o genótipo 32 apresentou o melhor desempenho e também foi positivamente correlacionado com todos os ambientes. A maior associação foi observada entre o genótipo 32 e CSTR e VCRA. Esses locais apresentam elevadas altitudes (999 e 971m, respectivamente), e latitudes de 24,79 (CSTR) e 28,51 (VCRA), com temperatura média moderada. Nessas latitudes e altitudes, genótipos com GM entre 5.4 e 5.9 (especialmente 5.4, como o genótipo 1) apresentam desempenho superior, uma vez que o ciclo é ideal e os genótipos não apresentam perdas em RG.

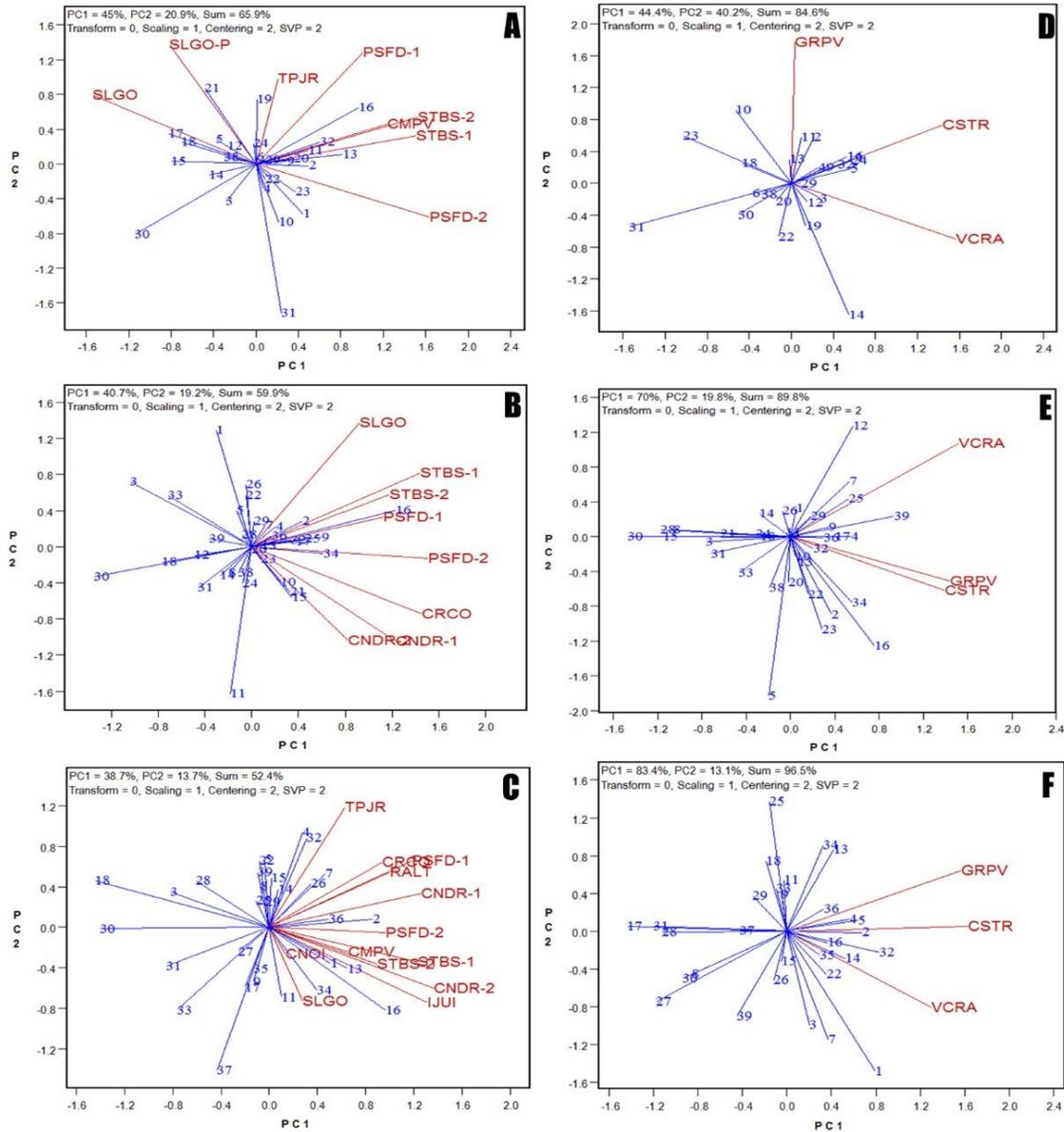


Figura 5. Gráficos biplot para a associação genótipo por ambiente nas regiões edafoclimáticas (ECR) 102, nos anos de 2013 (A), 2014 (B) e 2015 (C); e ECR 103, nos anos de 2013 (D), 2014 (E) e 2015 (F).

3.2.2 Macrorregião 2

Para a região M2 foram realizadas análises para as RECs 201 e 204. Na REC 201, o genótipo 15 foi o mais próximo do GI em 2013 e 2014, e o segundo mais próximo do GI em 2015 (Figura 6). Este genótipo possui hábito de crescimento indeterminado e GM 6.3, com elevado desempenho nas latitudes da REC 201 (20,93 a 25,45,

considerando os locais avaliados neste estudo). Em 2015, o genótipo 35 foi o mais próximo do GI. Também foi observado que os genótipos 4, 5 e 24 apresentaram elevado desempenho em todos os anos. Além disso, os genótipos 3, 4, 5, 14 e 16 em 2013, e os genótipos 4, 5, 8, 18, 24 e 27 em 2014, foram localizados no mesmo círculo concêntrico do genótipo 15. Já em 2015, apenas o genótipo 35 se posicionou no primeiro círculo concêntrico. Os genótipos com os piores desempenhos (mais distantes do GI no gráfico biplot) foram 6, 10 e 31 em 2013, 2014 e 2015, respectivamente.

Na REC 204, os genótipos mais próximos do GI foram 18, 15 e 26, em 2013, 2014 e 2015, respectivamente. Esses genótipos apresentam GM adequado para a região de cultivo avaliada (6.6, 6.3 e 6.2, respectivamente), com elevado desempenho produtivo, sendo considerados como os genótipos mais próximos do ideal nas respectivas safras agrícolas. C18 teve melhor desempenho apenas em 2013, apresentando desempenho abaixo da média em 2014 e 2015. Já C15 foi o segundo mais próximo do GI em 2013, e o 9º em 2015. O genótipo 26 foi incluído nos ensaios apenas em 2015. Desta forma, informações a partir de um único ano não são suficientes para uma classificação genotípica adequada. Além disso, os genótipos 3, 4, 5, 8, 15, 16, 19, 25 e 27 apresentaram RG acima da média em uma ou duas safras agrícolas (ou seja, quando os genótipos estiveram presentes no conjunto de dados, o desempenho foi acima da média). Os genótipos 3, 5 e 19 foram localizados no mesmo círculo concêntrico do genótipo 18 em 2013, e os genótipos 16 e 17 foram localizados no mesmo círculo concêntrico de C26 em 2015. Os piores desempenhos foram observados para os genótipos 29, 28 e 31, em 2013, 2014 e 2015, respectivamente.

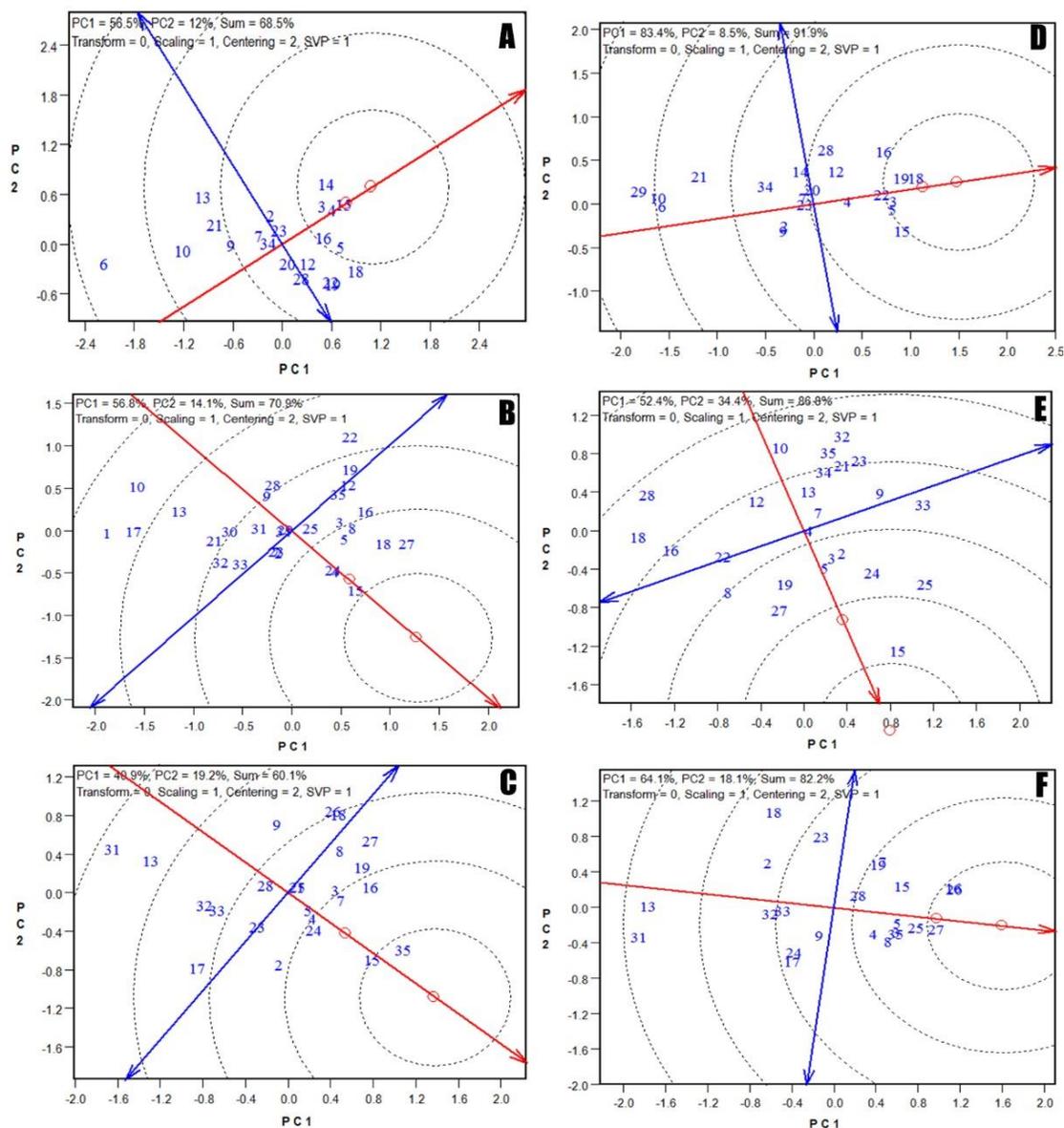


Figura 6: Identificação do genótipo de soja ideal para as regiões edafoclimáticas (ECR) 201 nos anos de 2013 (A), 2014 (B) e 2015 (C) e para a ECR 204 nos anos de 2013 (D), 2014 (E) e 2015 (F).

O genótipo 15 apresentou o melhor desempenho na REC 201, assim como indicado na análise de GI. Foi observado que esse genótipo apresentou associação positiva com a maioria dos ambientes em 2013, com exceção de BVPR, PLNT, STNP e UBRT (Figura 7). Em 2014, esse genótipo também apresentou elevada associação com a maioria dos ambientes, com exceção de BVPR, CCVL, STNP e TOLD. E em 2015, um comportamento similar também foi observado. Entretanto, nessa safra agrícola, foi

observada associação negativa entre o genótipo 15 e os ambientes BVPR, CMMR, RNDA, STIU, STNP e TOLD. Esse genótipo apresentou associação de elevada magnitude com MAMB, MRDN e LDRN, em 2013, 2014 e 2015, respectivamente. Em 2015, o genótipo 35 foi identificado como sendo o mais próximo do GI. Nessa safra agrícola, a melhor associação de genótipo por ambiente ocorreu entre o genótipo 35 e o ambiente LDRN.

Para a REC 204, diferentes genótipos foram identificados próximos ao GI para cada safra agrícola. Em 2013, o genótipo 18 apresentou correlação positiva com todos os ambientes, mas a melhor associação ocorreu com DOUR. Em 2014, o genótipo 15 apresentou associação positiva de maior magnitude com DOUR e SDLD. E em 2015, o genótipo 26 foi o mais próximo ao GI, e apresentou associação positiva com DOUR, MRCJ e PTPR. Observa-se um ângulo obtuso entre o genótipo 26 e o ambiente SDLD (próximo a 90°), indicando que esse genótipo não possui desempenho adequado nesse ambiente, em termos de RG e estabilidade.

A avaliação e recomendação de genótipos em ambientes específicos reduz os efeitos da IGA, e possibilita que os genótipos expressem o seu máximo potencial produtivo. Além disso, o uso da análise de GI também é altamente recomendada, pois permite inferências sobre o RG aliado a estabilidade através dos ambientes. Essa seleção simultânea é fundamental, pois a estabilidade somente é desejável quando combinada com elevado RG (YAN et al., 2007).

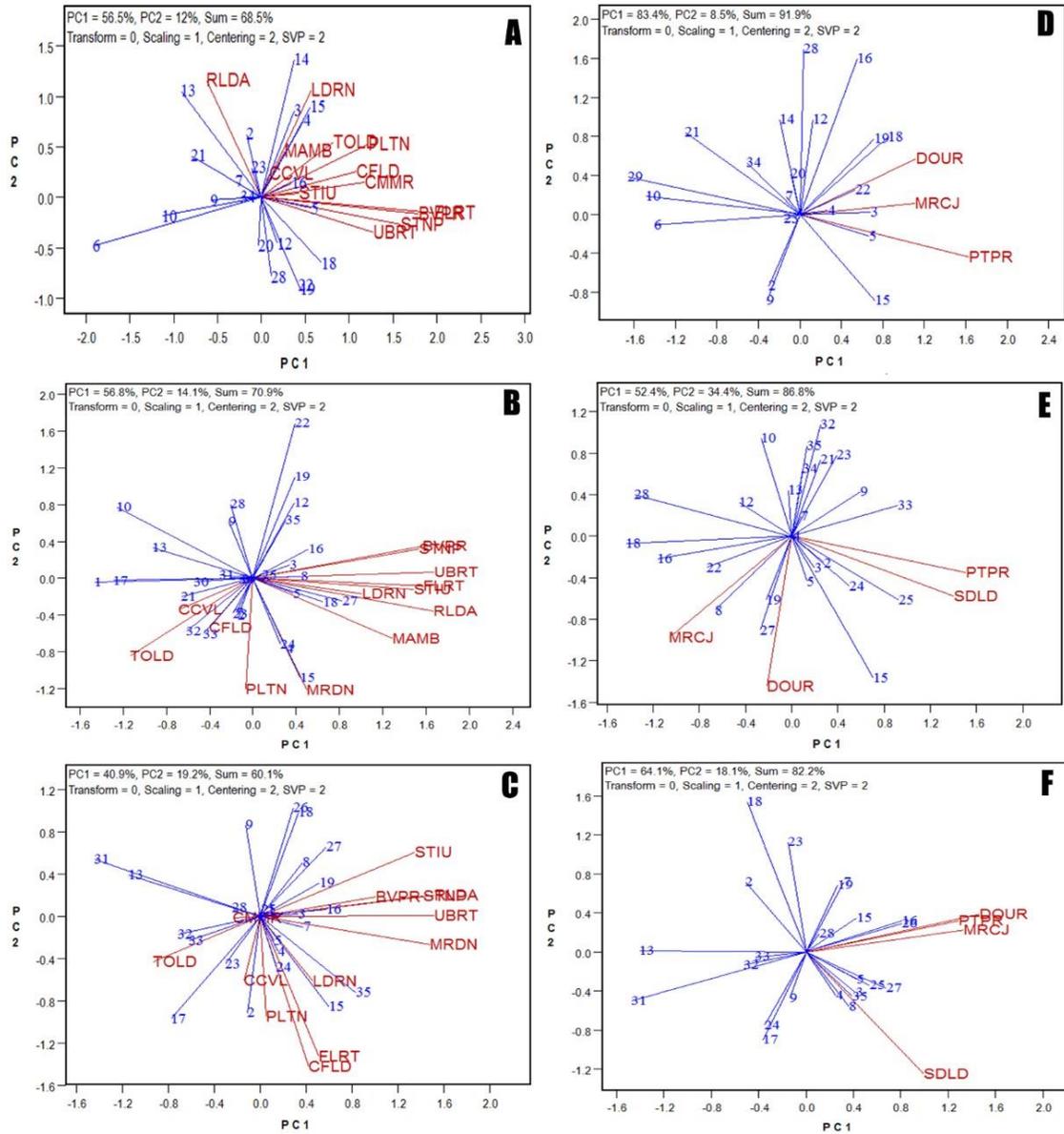


Figura 7: Gráficos biplot para a associação genótipo por ambiente nas regiões edafoclimáticas (ECR) 201 nos anos de 2013 (A), 2014 (B) e 2015 (C) e para ECR 204 nos anos de 2013 (D), 2014 (E) e 2015 (F).

3.3 Conclusões sobre o assunto Desempenho de genótipos de soja em ensaios multi-ambiente na região Sul do Brasil

Na região M1, o genótipo 16 foi o mais próximo do GI na REC 102. Na REC 103, os genótipos 1 e 32 foram os mais próximos do ideal.

Na região M2, para a REC 201, o genótipo 15 foi o mais próximo do ideal. Na REC 204, os genótipos 18, 15 e 26 foram os mais próximos do GI. Os genótipos 3, 4, 5, 8, 16, 19, 25 e 27 apresentam alto RG em todos os anos de avaliação.

O genótipo 16 apresentou o maior RG nos locais Santa Bárbara do Sul e Passo Fundo na REC 102. Na REC 103, o genótipo 1 foi o melhor em Castro e o genótipo 32 o melhor em Castro e Vacaria.

Na REC 201, o genótipo 15 apresentou RG mais elevado nos locais Mamborê, Marechal Cândido Rondon e Londrina em 2013, 2014 e 2015, respectivamente; e na REC 204, em Dourados, os genótipos 18, 15 e 26 apresentaram o maior RG em 2013, 2014 e 2015, respectivamente.

REFERÊNCIAS

ABATE, F.; MEKBIB, F.; DESSALEGN, Y. GGE Biplot Analysis of Multi-environment Yield Trials of Durum Wheat (*Triticum turgidum* Desf.) Genotypes in North Western Ethiopia. *American Journal of Experimental Agriculture*, v. 8, p. 120-129, 2015.

BAXEVANOS, D.; GOULAS, C.; ROSSI, J.; BRAOJOS, E. Separation of cotton cultivar testing sites based on representativeness and discriminating ability using GGE biplots. *Agronomy Journal*, v. 100, p. 1230-1236, 2008.

BHARTIYA, A.; ADITYA, J. P.; KUMARI, V.; KISHORE, N.; PURWAR, J. P.; AGRAWAL, A.; KANT, L. GGE biplot & AMMI analysis of yield stability in multi-environment trial of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] genotypes under rainfed condition of north western Himalayan hills. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, v. 27, p. 227–238, 2017

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

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de soja (*Glicine max*), para a inscrição no registro nacional de cultivares – RNC. Brasília: MAPA, 1998.

CHEN, X.; WU, B.; ZHANG, Z. Evaluation of adaptability and stability for important agronomic traits of oat (*Avena* spp.) germplasm resources. *Journal of Plant Genetic Resources*, v. 4, p. 577-585. 2016.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de grãos, v. 5 – Safra 2017/18, n. 4 – Quarto levantamento. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/18_01_11_14_17_49_graos_4o_levantamento.pdf>. Acesso em 11 jan. 2018.

DIA, M.; WEHNER, T. C.; HASSELL, R.; PRICE, D.S.; BOYHAN, G. E.; OLSON, S.; KING, S.; DAVIS, A. R.; TOLLA, G. E.; BERNIER, J.; JUAREZ, B. Value of Locations for Representing Mega-Environments and for Discriminating Yield of Watermelon in the US. *Crop Science*, v. 56, n. 4, p. 1726-1735, 2016.

EEUWIJK, V. et al. What Should Students in Plant Breeding Know About the Statistical Aspects of Genotype × Environment Interactions? *Crop Science*, v. 56, n. 5, p. 2119–2140. 2016.

FARIAS, J.R.B.; NEPOMUCENO, A.L.; NEUMAIER, N. *Ecofisiologia da soja*. Londrina: Embrapa Soja, 2007. 10p (Embrapa Soja. Circular Técnica, 48).

JAMSHIDMOGHADDAM, M.; POURDAD, S. S. Genotype x environment interactions for seed yield in rainfed winter safflower (*Carthamus tinctorius* L.) multi-environment trials in Iran. *Euphytica*, v.190, p.357-369, 2013.

JHA, S. K.; SINGH, N. K.; KUMAR, R. A.; AGRAWAL, P. K.; BHATT, J. C.; GULERIA, S. K.; LONE, A. A.; SUDAN, R. S.; SINGH, K. P.; MAHAJAN, V. Additive main effects and multiplicative interaction analysis for grain yield of short duration maize hybrids in North-Western Himalayas. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, v. 73. 2013.

KASTER, M.; FARIAS, J. R. B. Regionalização dos testes de VCU-Valor de Cultivo e Uso de cultivares de soja-terceira aproximação. In: Embrapa Soja-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO CENTRAL DO BRASIL, 32., 2011, São Pedro, SP. Resumos expandidos... Londrina: Embrapa Soja, 2011. p. 231-235. Editado por Adilson de Oliveira Junior, Odilon Ferreira Saraiva, Regina Maria Villas Bôas de Campos Leite., 2011.

KHATUN, H.; ISLAM, R.; ANISUZZAMAN, M.; AHMED, H. U.; HAQUE, M. GGE biplot analysis of genotype x environment interaction in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes in Bangladesh. *Scientia Agriculturae*, v.12, p. 34-39, 2015.

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

KRISHNAMURTHY, S. L.; SHARMA, P. C.; SHARMA, D. K.; RAVIKIRAN, K. T.; SINGH, Y. P.; MISHRA, V. K.; BURMAN, D.; MAJI, B.; MANDAL, S.; SARANGI, S. K.; GAUTAM, R. K.; SINGH, P. K.; MANOHARA, K. K.; MARANDI, B. C.; PADMAVATHI, G.; VANVE, P. B.; PATIL, K. D.; THIRUMENI, S.; VERMA, O. P.; KHAN, A. H.; TIWARI, S.; GEETHA, S.; SHAKILA, M.; GILL, R.; YADAV, V. K.; ROY, S. K. B.; PRAKASH, M.; BONIFACIO, J.; ISMAIL, A.; GREGORIO, G. B.; SINGH, R. K. identification of mega-environments and rice genotypes for general and specific adaptation to saline and alkaline stresses in India. *Scientific Reports*, v. 7, p. 1 – 14, 2017.

KUMAR, A.; KAPOOR, C.; BHAGAWATI, R.; PANDEY, A.; PATTANAYAK, A. GGE Biplot Analysis of Genotype× Environment Interaction in Soybean Grown in NEH Regions of India. *Environment & Ecology*, v. 32, p. 1047-1050, 2014.

LI, X.; LI, M.; LING, A.; HU, X.; MA, Z.; LIU, L.; LI, Y. Effects of genotype and environment on avenanthramides and antioxidant activity of oats grown in northwestern China. *Journal of Cereal Science*, v. 73, p. 130–137, 2017.

LOPES, M. S.; REYNOLDS, M. P.; MANES, Y.; SINGH, R. P.; CROSSA, J.; BRAUN, H. J. Genetic yield gains and changes in associated traits of CIMMYT spring bread wheat in a “historic” set representing 30 years of breeding. *Crop Science*, v.52, p.1123-1131, 2012.

LUO, J.; PAN, Y.; QUE, Y.; ZHANG, H.; GRISHAM, M. P.; Xu, L. Biplot evaluation of test environments and identification of mega-environment for sugarcane cultivars in China. *Scientific Reports*, v.5, p. 1-11, 2015.

QIN, J.; XU, R.; LI, H.; YANG, C.; LIU, D.; LIU, Z.; ZHANG, L.; LU, W.; FRETT, T.; CHEN, P.; ZHANG, M.; QIU, L. Evaluation of productivity and stability of elite summer soybean cultivars in multi-environments trials. *Euphytica*, v. 206, p. 759 – 773, 2015.

SÁNCHEZ-MARTÍN, J.; RISPAIL, N.; FLORES, F.; EMERAN, A. A.; SILLERO, J. C.; RUBIALES, D. Higher rust resistance and similar yield of oat landraces versus cultivars under high temperature and drought. *Agronomy for Sustainable Development*, v. 37, p. 3, 2017.

SILVA, C. L.; BORNHOFEN, E.; TODESCHINI, M. H.; MILIOLI, A. S.; TREVIZAN, D. M.; BENIN, G. Seleção de genótipos de trigo para rendimento de grãos e qualidade de panificação em ensaios multiambientes. *Revista Ceres, Viçosa*, v. 62, p.360-371, 2015.

USDA – United States Department of Agriculture. Disponível em: <<https://www.fas.usda.gov/commodities/soybeans>>. Acesso em: 11 oct. 2017.

ULLAH, H.; KHALIL. I. H.; KHALIL, I.; KHATTAK, G. S. S.. Performance of Mungbean Genotypes Evaluated in Multi-Environmental Trials Using the GGE Biplot Method. *Atlas Journal of Biotechnology*, v. 1, p. 1–8, 2017.

YAN, W. Analysis and Handling of G × E in a Practical Breeding Program. *Crop Science*, v. 56, p. 2106–2118. 2016

YAN, W. *Crop Variety Trials: Data Management and Analysis*. Chichester, West Sussex, UK: Wiley Blackwell. 2014, 351p.

YAN, W.; TINKER, N. A. An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting and exploring Genotype × environment interaction. *Crop Science*, v.45, p. 1004–1016, 2005.

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

YAN, W.; KANG, M. S. GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. 1^a ed. Florida, CRC Press. 2003. 288p.

YAN, W., KANG, M. S., MA, B., WOODS, S., CORNELIUS, P. L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science*, v. 47, p. 643-653, 2007.

YAN, W., PAGEAU, D.; FRÉGEAU-REID, J., DURAND, J. Assessing the representativeness and repeatability of test locations for genotype evaluation. *Crop Science*, v. 51, p. 1603-1610, 2011.

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

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