

INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM LINHAGENS IRMÃS DE SOJA POR MEIO DOS MODELOS MISTOS GGE e AMMIReginaldo Rosa¹; Márcia Marise de Freitas Cação² e Juliana Parisotto Poletine¹

¹Universidade Estadual de Maringá- UEM, Departamento de Ciências Agronômicas, Campus Regional de Umuarama. Estrada da Paca s/n, CEP: 87500-000, Bairro São Cristóvão, Umuarama, PR.

E-mail: reginaldo.rosa28@gmail.com; jppoletine@uem.br

²APTA, APTA Regional, Unidade Regional de Pesquisa e Desenvolvimento de Assis. Rodovia SP 333 (Assis-Marília) km 397, CEP 19.805-000, Assis, SP. E-mail: marcia.rodrigues@sp.gov.br

RESUMO: Os programas de melhoramento de plantas visam à obtenção de genótipos com alta produtividade, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes de cultivo. O objetivo do trabalho foi avaliar a adaptabilidade e a estabilidade das linhagens irmãs da soja por meio de modelos mistos, GGE e AMMI, nos estados do Paraná e São Paulo, nas cidades de Ponta Grossa, Luiziana, Guarapuava, Cruzália, Nova Tebas, Mandaguaçu, Palotina, Campo Mourão, Janiópolis e Floresta. Os dados de produtividade de grãos foram submetidos à análise de variância individual e conjunta e depois às análises de estabilidade e adaptabilidade pelo modelo misto REM/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita e Melhor Preditor Linear Não Viesado) com o método MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos) e pelos métodos Eberhart e Russell, AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis) e GGE biplot (Genotype and Genotypes by Environments Interaction). A análise de variância, pelo teste de F, foi inadequada para identificar diferenças entre as linhagens irmãs em 8 dos 18 ambientes. A classificação dos genótipos foi diferente entre os métodos AMMI e GGE. A variância da interação genótipo x ambiente foi de 68,1% no AMMI e todos os componentes principais foram significativos. O método GGE pelo gráfico biplot permitiu identificar a linhagem 1 como sendo a mais próxima da cultivar ideal. Pelo método MHPRVG, as estimativas positivas dos efeitos genotípicos e da interação genótipo x ambiente demonstram a superioridade das linhagens 1, 2, 5 e 3. Todos os métodos identificaram a superioridade da linhagem 1 sobre suas irmãs. Concluiu-se que as linhagens superiores foram identificadas por todos os métodos; com dados balanceados, o método GGE fornece a classificação das linhagens considerando a estratificação ambiental e MHPRVG apresenta interpretação mais simples que os demais pois considera apenas uma estatística para classificar os genótipos quanto a adaptabilidade e estabilidade e não avalia os ambientes.

PALAVRAS-CHAVE: Rendimento de grãos, *Glycine max* (L.) Merrill, melhoramento de plantas.

INTERACTION GENOTYPE X ENVIRONMENT OF SOY BEAN LINEAGES THROUGH MIXED MODELS GGE and AMMI

ABSTRACT: Plant breeding programs aim to obtain genotypes with high productivity, production stability and wide adaptability to the most varied cultivation environments. and AMMI, in the states of Paraná and São Paulo, in the cities of Ponta Grossa, Luiziana, Guarapuava, Cruzália, Nova Tebas, Mandaguaçu, Palotina, Campo Mourão, Janiópolis and Floresta. Grain yield data were submitted to individual and joint analysis of variance and then to stability and adaptability analysis by the REM/BLUP mixed model (Restricted Maximum

Likelihood and Best Unbiased Linear Predictor) with the MHPRVG (Harmonic Mean of Relative Performance) method. of Genetic Values) and by the Eberhart and Russell, AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis) and GGE biplot (Genotype and Genotypes by Environments Interaction) methods. Analysis of variance, using the F test, was inadequate to identify differences between sibling lines in 8 of the 18 environments. The classification of genotypes was different between the AMMI and GGE methods. The variance of the genotype x environment interaction was 68.1% in the AMMI and all principal components were significant. The GGE method using the biplot plot allowed the identification of lineage 1 as being the closest to the ideal cultivar. By the MHPRVG method, the positive estimates of the genotypic effects and the genotype x environment interaction demonstrate the superiority of lines 1, 2, 5 and 3. All methods identified the superiority of lineage 1 over its sisters. It was concluded that the superior lines were identified by all methods; with balanced data, the GGE method provides the classification of the lines considering the environmental stratification and the MHPRVG presents a simpler interpretation than the others because it considers only one statistic to classify the genotypes in terms of adaptability and stability and does not evaluate the environments.

KEY WORDS: Grain yield, *Glycine max* (L.) Merrill, crop breeding program.

INTRODUÇÃO

A cultura da soja apresenta grande importância econômica para o Brasil, devido ao desenvolvimento de cultivares mais produtivas, estáveis e adaptáveis. Isso se dá, principalmente, pelos programas de melhoramento genético (Calvo e Kiihl, 2006).

Os programas de melhoramento genético de soja buscam desenvolver cultivares mais produtivas, resistentes, estáveis e adaptadas a diferentes locais. Além disso, é necessário ampliar a base genética para a obtenção de variabilidade genética e posterior seleção de linhagens superiores (Borém et al., 2021).

A interação genótipo x ambiente é fundamental nos programas de melhoramento genético da soja para posicionamento das cultivares (Miranda et al., 2021). A interação pode ser classificada em simples e complexa (Cruz et al., 2012). Quando a interação é simples, quando os genótipos mais produtivos mantêm a superioridade em todos os ambientes, proporcionada pela diferença dos genótipos nos ambientes. Na interação complexa há genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não em outro, pela falta de correlação no desempenho médio dos genótipos entre ambientes.

Na presença da interação genótipo x ambiente, são realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade para o posicionamento das cultivares (Cruz et al., 2012; Borém et al., 2021). A adaptabilidade é a capacidade de uma cultivar aproveitar vantajosamente as variações ambientais. A estabilidade é a capacidade da cultivar manter-se constante nas variações ambientais.

Os métodos propostos para o estudo da adaptabilidade e estabilidade podem ser baseados nos componentes da análise de variância, no método da regressão, em metodologias não paramétricas, em métodos multivariados e em modelos mistos (Cruz et al., 2012; Carvalho et al., 2016).

Devido aos pacotes estatísticos disponíveis, diversas análises da interação genótipos x ambientes com complexas operações matriciais como os métodos multivariados e modelos mistos podem ser realizadas simultaneamente e é necessário que o pesquisador identifique a priori as vantagens de cada um e que tipo de cultivar quanto a adaptabilidade e estabilidade está sendo selecionado.

Atualmente, os métodos multivariados e em modelos mistos têm sido aplicados mais intensamente para diferentes espécies e características sob seleção para interpretação da interação genótipos x ambientes (Evangelista et al., 2021). Estes métodos permitem inferências adicionais, como seleção de cultivares específicas para cada local; seleção de cultivares estáveis nos vários locais; seleção de genótipos com ampla adaptabilidade, à melhoria do ambiente; e seleção pela produtividade, estabilidade e adaptabilidade simultaneamente.

Entre os métodos de adaptabilidade e estabilidade multivariados e de modelos mistos destacam-se AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis) (Gauch, 1988), GGE biplot (Genotype and Genotypes by Environments Interaction) (Yan et al., 2000) e REM/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita e Melhor Preditor Linear Não Viesado) com o método MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos) (Resende, 2004).

A análise AMMI combina em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos e de ambientes e componentes multiplicativos para o efeito da interação (Duarte e Vencovsky, 1999). A matriz dos efeitos da interação $G \times A$, então, pode ser exibida por meio de biplots (Gabriel, 1971).

A análise GGE (“Genotype and Genotype Environment Interaction”) utiliza uma análise para a interpretação gráfica da interação genótipos x ambientes, com base no modelo SREG (Sites Regression), sugerido por Cornelius et al. (1996) e Crossa e Cornelius (1997).

O método MHPRVG avalia a significância dos efeitos do modelo matricial pela análise de deviance e apresenta como vantagem considerar os efeitos genotípicos como aleatórios e, assim, fornecer valores da estabilidade e adaptabilidade genotípicas e não fenotípicas, diferentemente dos demais métodos que não o fornecem (Resende, 2004).

O objetivo do trabalho foi avaliar linhagens de soja oriundas de mesma família e alto grau de parentesco por meio de diferentes conceitos de adaptabilidade e estabilidade.

MATERIAL E MÉTODOS

Os ensaios de VCU (valor de cultivo e uso) do programa de melhoramento genético do INT Genética foram conduzidos nos Estados do Paraná e São Paulo, em 10 municípios e duas safras (2017/2018 e 2018/2019), onde foi considerado ano e local como ambiente, totalizando 20 ambientes (Tabela 1, Figura 1).

Os ensaios foram compostos por 32 tratamentos, sendo quatro testemunhas comerciais e 28 linhagens elite. Porém para esse estudo de adaptabilidade e estabilidade utilizou-se seis linhagens experimentais, todas da mesma família e duas testemunhas por estas serem comuns aos dois anos de avaliação, exigências para os métodos de adaptabilidade e estabilidade que exigem balanceamento dos dados (Tabela 2). Os ensaios foram dispostos no delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições e as parcelas compostas por 4 linhas espaçadas de 0,5 m e com 5 m de comprimento, com uma densidade de semeadura variando entre 10 e 14 sementes m^{-1} . A área útil foi de duas linhas centrais sendo as outras duas linhas de bordadura e descartadas na colheita.

A adubação de base foi de 200 a 330 $kg\ ha^{-1}$ da fórmula NPK 02-20-18. Foi avaliado o estande de plantas, data de florescimento, altura de planta, data de início de maturação fisiológica, acamamento e visual da planta na colheita.

A colheita foi realizada com colhedora, após as plantas atingirem a maturidade fisiológica e umidade de 12 a 14 %. O peso de cada parcela foi transformado em produtividade em $kg\ ha^{-1}$ e a massa de mil grãos obtida com umidade corrigida para 13%. No entanto, para as análises de adaptabilidade e estabilidade foi utilizada a produtividade de grãos em $kg\ ha^{-1}$.

Foi realizada a análise de variância (ANOVA) individual para cada ensaio. Para a realização da análise de variância conjunta, as pressuposições foram analisadas pelos testes de aditividade de Tukey, testes de Lilliefors (normalidade), Shapiro-Wilk (normalidade), Levene (homogeneidade) e Durbin-Watson (aditividade) e uma análise gráfica de resíduos (Barbin, 2013).

Tabela 1 – Locais, região edafoclimática (REC), Estados, ambientes e codificação inicial (Cod. I) e final (Cod. F) dos 20 ensaios realizados em 2017/2018 e 2018/2019

Local	Macro	REC	UF	Ambiente	Cod. I	Cod. F	Altitude M
Ponta Grossa	1	103	PR	Ponta Grossa I	1	A1	985
				Ponta Grossa II	2	A2	
Luiziana	2	201	PR	Luiziana I	3	A3	725
				Luiziana II	4	A4	
Guarapuava	1	103	PR	Guarapuava I	5	A5	1050
				Guarapuava II	6	A6	
Cruzalia	2	201	SP	Cruzalia I	7	A7	410
				Cruzalia II	8	A8	
Nova Tebas	2	201	PR	Nova Tebas I	9	-	780
				Nova Tebas II	10	A9	
Mandaguaçu	2	202	PR	Mandaguaçu I	11	A10	240
				Mandaguaçu II	12	A11	
Palotina	2	201	PR	Palotina I	13	A12	345
				Palotina II	14	A13	
Janiópolis	2	201	PR	Janiópolis I	15	A14	460
				Janiópolis II	16	A15	
Campo Mourão	2	201	PR	Campo Mourão I	17	-	565
				Campo Mourão II	18	A16	
Floresta	2	201	PR	Floresta I	19	A17	325
				Floresta II	20	A18	



Figura 1 - Imagem representativa dos locais onde foram avaliados os oito genótipos. Fonte: Google Earth.

Tabela 2 - Códigos, tecnologias, categorias, grau de maturidade relativa (GMR) e obtentor dos genótipos de soja avaliadas nos ensaios nas safras 2017/2018 e 2018/2019

Cod	Genótipos	Tecnologia	Categoria	GMR	Obtentor
L1	INT60.23	I PRO	Linhagem	6.4	INT
L2	INT60.33	I PRO	Linhagem	6.4	INT
L3	INT60.34	I PRO	Linhagem	6.3	INT
L4	INT60.43	I PRO	Linhagem	6.4	INT
L5	INT60.45	I PRO	Linhagem	6.2	INT
L6	INT60.57	I PRO	Linhagem	6.4	INT
T7	DM 6563	I PRO	Testemunha 1	6.3	GDM
T8	M 6210	I PRO	Testemunha 2	6.2	MONSOY

A homogeneidade do resíduo foi avaliada pela relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (QMR) das análises individuais não ser maior de dez vezes (Cruz et al. 2012a). Todas as análises estatísticas foram realizadas no software R (R Core Team, 2021), pacotes ExpDes.pt, GGplot2 e Metan (Olivoto e Lúcio, 2020).

A análise da variância conjunta foi realizada considerando o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + B_{ijk}/A_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} \text{ em que;}$$

Y_{ijk} é o valor ajustado do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, g$ genótipos), no ambiente j ($j = 1, 2, \dots, a$ ambientes) e na repetição k ($k = 1, 2, \dots, r$ repetições);

m é uma constante inerente a todas as observações, sendo a média geral ajustada;

G_i é o efeito aleatório do genótipo ajustado i ($i = 1, 2, \dots, g$ genótipos);

A_j é o efeito aleatório do ambiente j ($j = 1, 2, \dots, a$ ambientes);

GA_{ij} é o efeito aleatório da interação do i -ésimo genótipo com o j -ésimo ambiente;

B_{ijk}/A_{jk} é o efeito fixo do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente; e

e_{ijk} é o erro aleatório associado à observação Y_{ijk} .

A análise de adaptabilidade e estabilidade por meio de regressão foi utilizada pela metodologia de Eberhart e Russell (1966).

Após a significância da interação genótipos x ambientes na análise de variância, foi realizada as análises de adaptabilidade e estabilidade, modelos mistos REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita e Melhor Preditor Linear Não Viesado) pelo método MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos) (Resende, 2004), AMMI

(Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis) (Gauch, 1988 e 1992) e GGE biplot (Genotype and Genotypes by Environments Interaction) (Yan et al., 2000) utilizando software R (R Core Team, 2021), pacote Metan (Olivoto e Lúcio, 2020).

A análise AMMI combina em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos e de ambientes e componentes multiplicativos para o efeito da interação (Duarte e Vencovsky, 1999). A matriz dos efeitos da interação $G \times A$, então, pode ser exibida por meio de biplots Gabriel (1971).

A resposta média de um genótipo i , num ambiente j , é dada por:

$$y_{ij} = \mu + G_i + A_j + k \sum \lambda_k a_{ik} t_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij} \text{ em que:}$$

μ é a constante inerente a todas as observações, sendo a média geral ajustada;

G_i é o efeito aleatório do genótipo ajustado i ($i = 1, 2, \dots, g$ genótipos);

A_j é o efeito aleatório do ambiente j ($j = 1, 2, \dots, a$ ambientes);

λ_k é o valor singular para o k -ésimo eixo do componente principal;

a_{ik} é o i -ésimo elemento do k -ésimo autovetor de genótipos;

t_{jk} é o j -ésimo elemento do k -ésimo autovetor de ambientes.

ρ_{ij} é o resíduo adicional, se todos os k -CPAs não são considerados, onde $k = \min(G-1; E-1)$

Para a análise AMMI foram realizados procedimentos de validação cruzada, estimativas com diferentes números de termos multiplicativos e índices de estabilidade (Olivoto e Lúcio, 2020). A escolha do número de termos multiplicativos na análise AMMI foi baseada no “Postdiscrutive sucess” e “Predictive sucess” (Olivoto et al., 2019). Por definição, “Predictive sucess” significa a afirmação prévia do que acontecerá no futuro e “Postdiscrutive sucess” significa fazer uma afirmação sobre algo que aconteceu no passado. Neste contexto, testes de validação cruzada (cross-validation) foram utilizados para avaliar o sucesso preditivo dos membros de modelos AMMI (Olivoto et al. 2019). Na escolha do número de termos multiplicativos da análise AMMI este sucesso pode ser calculado utilizando testes como o proposto por Gollob (1968).

A média ponderada dos escores absolutos (WAAS, Weighted Average of Absolute Scores) foi utilizada como um índice quantitativo de estabilidade na análise AMMI (Olivoto et al., 2019). Também outros índices de estabilidade foram utilizados como AMMI stability value, ASV, (Purchase et al., 2000); soma dos valores absolutos dos escores IPCA, SIPC e a

média dos autovetores elevados ao quadrado, EV (Sneller et al., 1997) e valor absoluto da contribuição relativa dos IPCAs para a interação, ZA (Zali et al. 2012)

A análise GGE (Genotype and Genotype Environment Interaction) foi realizada de acordo com Yan et al. (2000 e 2003). Para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade produtiva pela metodologia GGE Biplot, as médias genótípicas dos genótipos em cada ambiente, considerando o seguinte modelo:

$$\bar{Y}_{ij} - \mu - A_j = G_i + GA_{ij} \text{ em que,}$$

\bar{Y}_{ij} : o valor genotípico do genótipo i no ambiente j ;

μ : a média geral das observações;

A_j : o efeito principal do ambiente j ;

G_i : o efeito principal do genótipo i ;

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

Na análise GGE Biplot, apenas os efeitos dos genótipos e da interação $G \times A$ foram considerados e retirado o efeito ambiental. Então, o modelo soma os efeitos de G da $G \times A$, mantendo-os juntos em dois termos multiplicativos, de acordo com:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}e_{i1} + g_{i2}e_{i2} + \epsilon_{ij} \text{ em que,}$$

Y_{ij} : rendimento esperado do genótipo i no ambiente j ;

μ : média geral das observações;

β_j : efeito principal do ambiente j ;

g_{i1} e e_{i1} : escores principais do genótipo i e ambiente j , respectivamente;

g_{i2} e e_{i2} : escores secundários para o genótipo i e ambiente j , respectivamente;

ϵ_{ij} : resíduo não explicado por ambos os efeitos.

O gráfico GGE Biplot ocorre pela dispersão simples de g_{i1} e g_{i2} para genótipos e e_{i1} e e_{i2} para ambientes, pela decomposição do valor singular, de acordo com a equação:

$Y_{ij} - Y_j = \lambda_1 \varepsilon_{i1} \rho_{j1} + \lambda_2 \varepsilon_{i2} \rho_{j2} + \varepsilon_{ij}$ em que,

λ_1 e λ_2 : são os maiores autovalores do primeiro (CPA1) e segundo (CPA2) componentes principais, respectivamente;

ε_{i1} e ε_{i2} : são os autovalores do genótipo i para CPA1 e CPA2, respectivamente;

ρ_{j1} e ρ_{j2} : são os autovalores do ambiente j para CPA1 e CPA2, respectivamente.

A análise de modelos mistos pela Máxima Verossimilhança Restrita – REML e pelo Melhor Preditor Linear Não Viesado – BLUP foi realizada seguindo o método MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos) (Resende, 2007).

O modelo estatístico utilizado na análise dos dados foi o 4.2.4 Delineamento em Blocos Completos com Interação em vários locais – Método MHPRVG: Modelo 54, cujo modelo estatístico na forma matricial corresponde:

$$y = Xr + Zg + Wi + e$$

Em que:

y : é o vetor de dados;

r : é o vetor dos efeitos de repetição (fixos) somados à média geral;

g : é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios);

i : é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (aleatórios);

e : é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas da equação representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A significância dos efeitos do modelo foi estimada pela análise de deviance. As deviances foram obtidas por meio de análises com e sem os efeitos do genótipo e genótipos x locais x anos. Em seguida, subtraiu-se de cada deviance do modelo completo a deviance sem o referido efeito, confrontando-o com o valor do qui-quadrado com grau de liberdade a 1 e 5% de probabilidade, conforme recomendações de Resende (2007). Matematicamente:

$$LRT = -2 \ln MV \text{ do modelo reduzido} / MV \text{ do modelo completo}$$

Em que:

\ln é o logaritmo neperiano e MV máxima verossimilhança.

Os valores genotípicos de estabilidade foram obtidos utilizando-se a média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) demonstrado na equação:

$$MHVG_i = \frac{1}{I} \sum_{j=1}^I VG_{ij}$$

Para adaptabilidade, foi empregada a *Performance* relativa dos valores genotípicos (PRVG):

$$PRVG_i = \frac{1}{I} \sum_{j=1}^I \frac{VG_{ij}}{VG_j}$$

Na avaliação simultânea da adaptabilidade, estabilidade e produtividade, empregou-se a média harmônica da *Performance* relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) para todos os genótipos:

$$MHPRVG_i = \frac{1}{I} \sum_{j=1}^I PRVG_{ij}$$

Em que:

I: número de locais;

VG: valor genotípico;

i: genótipos;

VG_{ij} : valor genotípico da cultivar *i* no ambiente *j* e \bar{VG}_j corresponde à média genotípica no ambiente *j*.

As análises foram realizadas com o Software R, pacote Metan (Olivoto e Lúcio, 2020).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variâncias individuais mostraram a significância a 5% de genótipos em 12 ambientes indicando a diferença entre eles (Tabela 3). A qualidade dos dados dos ensaios pode ser avaliada pelo coeficiente de variação (CV) até 12% e apenas dois deles (ensaios 7 e 19) estão acima deste valor. O coeficiente de variação dos ensaios de comparação de cultivares é comum entre 10 e 20% para diversas espécies agrícolas, incluindo a soja (Cruz et al., 2012b; Pimentel Gomes, 2009; Gurgel, 2013; Schmidt et al., 2017). Em 480 ensaios de competição de genótipo de soja, a precisão média do CV foi entre 9 a 15%, também compreendendo quase todos os ensaios deste conjunto de dados (Lúcio et al., 1999).

Para a análise de variância conjunta dos ambientes e genótipos, o ideal é que a maior diferença entre os experimentos não deva ser maior que 7 (Pimentel Gomes, 2009). Os dois ensaios com valores muito acima de 7 para esta relação foram os ensaios 9 e 17. Assim, os ensaios 9 e 17 foram descartados das análises subsequentes por não atenderem às duas condições para a análise conjunta (Pimentel Gomes, 2009; Fritsche-Neto, 2012).

Tabela 3 - Resultados das análises de variâncias individuais dos oito genótipos em 20 ambientes conduzidos em 2017/18 e 2018/19

A	QMG	F	P	QMB	F	P	QMR	CV	D ² %	REL
1	119.134	4,2	0,01	99264	3,55	0,06	27929	2,7	77	1,0
2	152.842	4,1	0,01	2407	0,07	0,94	36665	4,1	76	1,3
3	661.961	3,1	0,03	79944	0,38	0,69	212595	8,3	68	7,6
4	160.739	0,8	0,59	39734	0,20	0,82	196571	9,6	0	7,0
5	649.526	3,3	0,03	62609	0,32	0,73	194654	9,5	70	7,0
6	932.812	5,6	0,00	116562	0,70	0,51	166186	10	82	6,0
7	201.364	1,4	0,26	33579	0,24	0,79	139500	10	31	5,0
8	1.077.080	23	0,00	12522	0,27	0,76	45513	5,8	96	1,6
9	1.014.839	1,9	0,15	445093	0,82	0,46	539868	16	47	19
10	343.634	3,7	0,02	40293	0,43	0,66	93559	9,0	73	3,3
11	1.377.532	12	0,00	244531	2,22	0,14	109952	7,2	92	3,9
12	591.263	9,0	0,00	101011	1,54	0,25	65635	7,7	89	2,4
13	177.199	1,1	0,41	154973	0,97	0,40	160502	11	9	5,7
14	226.192	1,4	0,29	43330	0,26	0,77	165634	8,6	27	5,9
15	1.195.831	5,7	0,00	276147	1,33	0,30	208163	11	83	7,5
16	169.464	2,5	0,07	59254	0,88	0,44	67361	6,2	60	2,4
17	916.956	2,3	0,09	606757	1,52	0,25	398144	15	57	14
18	300.520	2,9	0,04	257320	2,52	0,12	102003	6,3	66	3,7
19	1.568.389	14	0,00	485899	4,26	0,04	114056	8,1	93	4,1
20	164.153	1,5	0,24	44054	0,40	0,68	109216	8,2	33	3,9

A: ambientes; QMG: Quadrado Médio de Genótipos; F: F calculado; P: probabilidade de significância; QMB: Quadrado Médio de Blocos; QMR: Quadrado Médio do Resíduo; CV: coeficiente de variação; D2: coeficiente de determinação genotípico; Razão entre o QMR do experimento e o QMR do ambiente 1.

Após a retirada dos ensaios 9 e 17, foi realizada nova numeração sequencial dos ensaios restantes e avaliadas as pressuposições da análise de variância. Os resultados dos testes de aditividade de Tukey, de Lilliefors (normalidade), Shapiro-Wilk (normalidade), Levene (homogeneidade) e Durbin-Watson (aditividade) aceitando suas respectivas hipóteses H0 para os 18 ensaios encontram-se na Tabela 4.

A análise gráfica dos resíduos mostra a dispersão de dados de quatro gráficos (Figura 2). O primeiro gráfico (Residual vs fitted) pode ser utilizado para identificar a homogeneidade das variâncias e observa-se uma distribuição aleatória dos pontos no gráfico sem uma distribuição dos pontos em forma de funil que caracteriza a heterogeneidade das variâncias. O segundo gráfico (Normal Q-Q) mostra a normalidade dos resíduos, caracterizado pelos pontos

distribuídos ao redor da reta e ausência de pontos distantes da mesma. O terceiro gráfico, raiz quadrada dos resíduos quadrados vs valores ajustados, mostra a distribuição aleatória dos dados sem formatos de figura cônica. O quarto gráfico dos resíduos nos ambientes e genótipos (residuals vs factor level) mostra a variação das repetições para cada ambiente e genótipos e observa-se que nenhum dado alcançou três desvios padrões caracterizando “outliers”. Assim, também pela análise gráfica conclui-se que os resíduos são aditivos, normalmente distribuídos, homocedásticos e independentes demonstrando que os dados cumprem as exigências das pressuposições da análise de variância.

Outro parâmetro importante no conjunto experimental é o coeficiente de determinação genotípico (D²) onde 14 ensaios apresentaram estatísticas deste parâmetro acima de 50% indicando boa correlação entre o fenótipo e o genótipo aumentando a probabilidade de sucesso no processo de avanço das linhagens no programa de melhoramento em selecionar linhagens onde a superioridade é por causa genética em sua maior parte.

A análise de variância conjunta da produtividade de grãos mostrou significância de ambientes, genótipos e ambientes x genótipos com coeficiente de variação de 8,1% (Tabela 4). O desdobramento da interação genótipos x ambientes mostrou a diferença entre os genótipos para os ambientes 3, 5, 6, 8, 9, 10, 11, 14, 16 e 17 (Tabela 4). Estes resultados mostraram que as linhagens apresentam desempenho diferenciados em 10 dos 18 ambientes, caracterizando interação com o ambiente. Em Ponta Grossa (ambientes 1 e 2) e Floresta (ambientes 17 e 18), as linhagens foram semelhantes nos dois anos e em Guarapuava (ambientes 5 e 6) elas foram diferentes nos dois anos quanto à produtividade de grãos. Nos demais ambientes, um ano discrimina as linhagens e em outro não caracterizando a variação entre anos quanto à clima e a necessidade de avaliação contínua e anual das linhagens pré-comerciais em ensaios.

Tabela 4- Testes de pressuposições da análise de variância, valores calculados, valores de significância da probabilidade (P), hipóteses e resultados dos testes

Teste	Valor Calculado	P	Hipóteses	Resultado
Aditividade de Tukey	F = 0,0013	0,97	H0: Os dados são aditivos; H1: Os dados não são aditivos.	Aceita H0 a 5%
Lilliefors	D = 0,040	0,093	H0: Os dados são normais; H1: Os dados não são normais.	Aceita H0 a 5%
Shapiro-Wilk	W= 1,99	0,101	H0 : Os dados são normais; H1: Os dados não são normais.	Aceita H0 a 5%
Teste de Levene	F=5,4076	0,00	H0: As variâncias são homogêneas; H1: As variâncias não são	Aceita H0 a 5%

Teste de Durbin Watson	0,4199	0,00	normais. H0: Os dados são independentes; H1: Os dados não são independentes.	Aceita H0 a 5%
------------------------	--------	------	--	----------------

GY

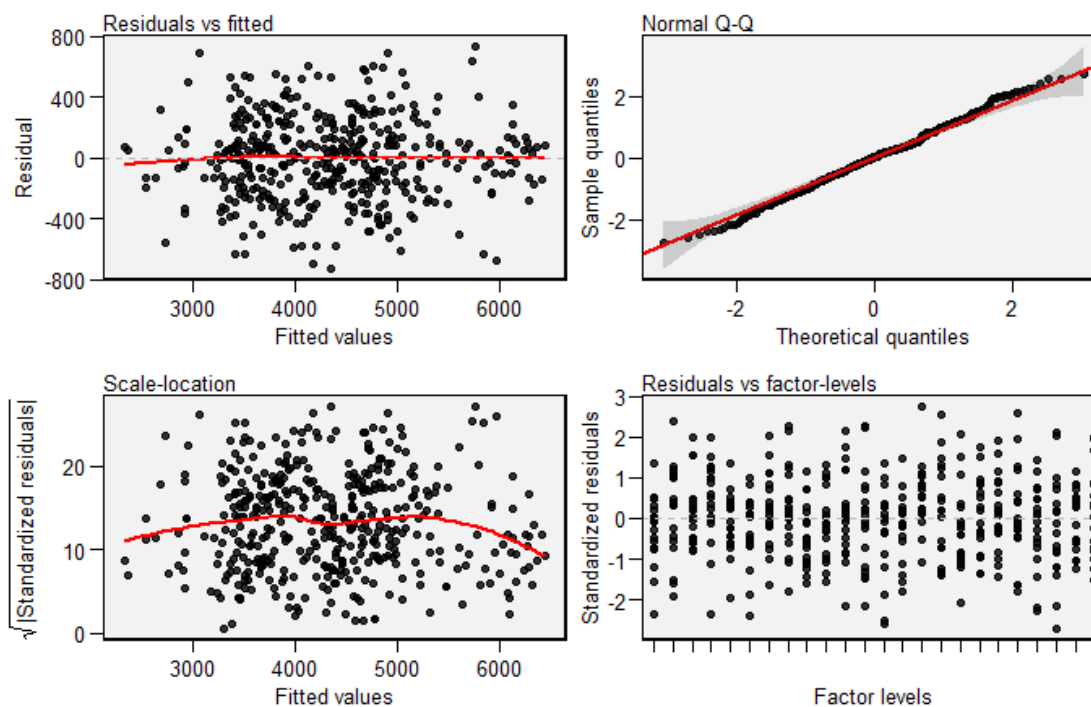


Figura 2 - Dispersão dos resíduos dos dados de produtividade de grãos em função dos ambientes.

Os genótipos de soja apresentaram a média de 4333 kg.ha⁻¹ com as produtividades mais extremas foram de 2410 kg.ha⁻¹ da linhagem 6 no ambiente 11 e 6370 kg.ha⁻¹ da linhagem 1 no ambiente 1 (Tabela 5). O ambiente menos produtivo foi o 11 com 3322 kg.ha⁻¹ e o mais produtivo foi o ambiente 1 com 6147 kg.ha⁻¹ (Tabela 5).

Tabela 5 - Quadro de análise de variância conjunta da produtividade de grãos para oito genótipos e 18 ambientes

	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Bloco	2	11.788	5.894	0,048	0,95
Ambientes (Amb)	17	228.431.161	13.437.127	108,8	0
Genótipos (Gen)	7	11.022.257	1.574.608	12,75	0
Amb x Gen	119	59.465.179	499.707	4,05	0
Resíduo	286	35.314.801	123.478		
Total	431	334.245.187			
CV (%)		8,11			

Tabela 6 - Desdobramento da interação genótipos x ambientes para oito genótipos e 18 ambientes

	GL	SQ	QM	Fc	P
Bloco	2	11.788	5.894	0,0	0,95
Ambientes (Amb)	17	228.431.161	13.437.127	108,8	0,00
Genótipos/Amb1	7	833.941	119.134	0,96	0,46
Genótipos/Amb2	7	1.069.891	152.841	1,24	0,28
Genótipos/Amb3	7	4.633.728	661.961	5,36	0,00
Genótipos/Amb4	7	1.125.172	160.738	1,30	0,25
Genótipos/Amb5	7	4.546.679	649.525	5,26	0,00
Genótipos/Amb6	7	6.529.682	932.811	7,55	0,00
Genótipos/Amb7	7	1.409.547	201.363	1,63	0,13
Genótipos/Amb8	7	7.539.560	1.077.080	8,72	0,00
Genótipos/Amb9	7	2405439	343.634	2,78	0,01
Genótipos/Amb10	7	9.642.723	1.377.532	11,16	0,00
Genótipos/Amb11	7	4.138.839	591.262	4,79	0,00
Genótipos/Amb12	7	1.240.391	177.198	1,44	0,19
Genótipos/Amb13	7	1.583.341	226.191	1,83	0,08
Genótipos/Amb14	7	8.370.814	1.195.830	9,68	0,00
Genótipos/Amb15	7	1.186.249	169.464	1,37	0,22
Genótipos/Amb16	7	2.103.638	300.519	2,43	0,02
Genótipos/Amb17	7	10.978.725	1.568.389	12,70	0,00
Genótipos/Amb18	7	1.149.070	164.152	1,33	0,24
Resíduo	286	35.314.801	123.478		
Total	431	334.245.187	775.511		

A linhagem 1 foi significativamente a mais produtiva com a média 4657 kg.ha⁻¹ a 5% pelo teste de Tukey nos 10 ambientes em que houve diferenças significativas entre elas (Tabela 5). As linhagens 2 e 5 foram semelhantes estatisticamente a linhagem 1 em 8 dos 10 ambientes que diferenciam as linhagens pelo teste de Tukey a 5%. Em relação às testemunhas, a linhagem 1 foi superior a DM6563IPRO e a M6310IPRO em cinco ambientes dos 10 com genótipos significativos pelo teste de F a 5%. Esses resultados mostraram a superioridade da linhagem 1 em relação às demais e também a superioridade em relação às testemunhas comerciais.

Tabela 7 - Médias da produtividade de grãos (kg. ha⁻¹) das seis linhagens e duas testemunhas (T) nos 18 ambientes, nas safras 2017/2018 e 2018/2019

	Linhagens e testemunhas							
	L1	L2	L3	L4	L5	L6	T7	T8
A1*	6370	5057	4655	4473	4767	4585	4586	4372
A2*	4905	6283	5724	6213	6240	6211	6083	6051
A3	5734ab	5699ab	5998a	5081bc	5861ab	6027a	4722c	5311abc
A4*	4717	4541	4758	4205	4511	4651	4457	4982
A5	4837ab	5090a	4710ab	4752ab	4847ab	3987bc	4936a	3801c
A6	4425a	4403a	4086ab	3487bc	4033ab	2812c	3987ab	4408a
A7*	3948	3562	3376	3300	3466	4016	3500	3512
A8	4426a	2895e	3427cde	4084abc	4369ab	3778abcd	3519bcde	2904de
A9	3438ab	3643a	3376ab	2618b	3255ab	3597 ^a	3438ab	3669a
A10	5047a	5276a	5294a	4621ab	3845bc	3820bc	3725c	4968a
A11	3547a	3764a	2986ab	3381a	3487a	2410b	3282ab	3717a
A12*	4025	3558	3765	3483	3398	3416	3975	3653
A13*	4705	4683	4561	4604	5332	4794	4754	4393
A14	4540ab	4715a	4800a	4574a	3686bcd	3089d	3537c	4090abc
A15*	4327	4356	4135	3834	4258	4196	3706	4260
A16	5522a	4863ab	5246ab	5021ab	5168ab	5335ab	4752ab	4580b
A17	5107a	3447b	3627b	5073a	4879a	3971b	3694b	3555b
A18*	3785	4292	4162	3834	4361	3849	3827	4152
Média	4634	4451	4371	4258	4431	4141	4138	4243

* Ensaio não mostrou diferença significativa pelo teste de F a 5%.

A variância pelo método de Eberhart e Russell (1966) indicaram a significância para todos os ambientes para os genótipos mostrando o comportamento diferenciado das linhagens nos ambientes (Tabela 7), e a análise da adaptabilidade e estabilidade (Eberhart e Russell, 1966) realizada por meio de ajustes de equações de regressão onde a variável dependente (produtividade de grãos) é estimada em função do índice ambiental sendo que o β_0 é a média geral do genótipo i , β_{1i} é a resposta linear do genótipo i ao índice ambiental I_j e δ_{ij}^2 é o desvio da regressão que corresponde a estabilidade (Tabela 7).

A análise de Eberhart e Russell (1966) acrescenta as análises de médias, o conceito de adaptabilidade geral das linhagens aos ambientes quando as estimativas de b_i são iguais estatisticamente a 1. Com exceção da linhagem 6, as demais apresentaram adaptabilidade geral aos ambientes, sejam eles favoráveis ou não ao aumento da produtividade. As testemunhas mostraram-se adequadas a ambientes desfavoráveis a 5% de probabilidade. Nesse conjunto de ensaios, ambientes com a produtividade média abaixo de 4200 kg.ha⁻¹ foram considerados desfavoráveis, sendo aquele com a menor produtividade de 3322 kg.ha⁻¹. Esses resultados mostram que as linhagens experimentais de 1 a 5 apresentam um alto potencial produtivo e são indicadas também para ambientes superiores a 4200 kg.ha⁻¹, sendo

diferente das testemunhas que se mostram mais adequadas para ambientes com até 4200 kg.ha⁻¹. Essa superioridade das linhagens experimentais caracteriza o ganho genético do novo ciclo de melhoramento e dessas novas linhagens em relação às antigas ou ao ciclo de melhoramento anterior.

Além da maior produtividade, outra vantagem da linhagem 1 sobre as linhagens 2 e 5 é a maior estabilidade, pois a mesma é previsível devido a não significância a 1% dos desvios da regressão (s^2) (Tabela 7). Além disso, o coeficiente de regressão (R^2), também utilizado como indicador da estabilidade, foi maior para a linhagem 1 igual a 87% (Cruz et al., 2012). A linhagem 6 mesmo mostrando uma adaptação aos ambientes favoráveis não apresentou média de produtividade superior a linhagem 1 nos ambientes mais produtivos com diferença entre genótipos (Tabela 5).

Tabela 8 - Análise de variância com desdobramento de ambientes para genótipos de acordo com Eberhart e Russell (1966)

FV	GL	SQ	QM	F	Pr(>F)
Total	143	298.918.598	2090340		
GEN	7	11.022.257	1.574.608	3,52	1.703
Amb + (Gen x Amb)	136	287.896.341	2.116.885		
Amb (linear)	1	22.8431.161	228431161		
Gen x Amb (linear)	7	2.233.967	319.138	0,71	6.60E-01
Desvio médio	128	57.231.212	447.119		
GEN1	16	3.727.208	232.950	1,89	2.15E-02
GEN2	16	8.254.004	515.875	4,19	3.46E-07
GEN3	16	5.822.132	363.883	2,96	1.64E-04
GEN4	16	7.755.613	484.726	3,94	1.24E-06
GEN5	16	6.997.061	437.316	3,55	8.60E-06
GEN6	16	11.703.420	731.464	5,94	5.10E-11
GEN7	16	5.182.318	323.895	2,63	7.80E-04
GEN8	16	7.789.455	486.841	3,96	1.14E-06
Erro médio	252	31.019.727	123.094		

O método AMMI combina os benefícios da análise de fatores em reuni-los sem necessidades do entendimento prévio dos dados com a robustez e a decomposição ortogonal da análise da variância em um único método para estudar a estabilidade das cultivares. O método utiliza análise aditiva de variância aos fatores principais (genótipo e ambiente) e a decomposição por valores singulares ao residual do modelo aditivo, isto é, o efeito da interação genótipo x ambiente somado ao erro experimental (Olivoto e Lúcio, 2020).

A análise de AMMI mostra significância dos efeitos ambientais, genótipos e da interação genótipos x ambientes e ainda, todos os componentes principais são significativos sendo que os três primeiros acumulam 81,3 % da variação dos dados (Tabela 9).

Os diferentes modelos AMMI estão de acordo com o número de termos multiplicativos considerados e podem ser utilizados para prever a produtividade do genótipo i no ambiente j . No modelo AMMI0 apenas os efeitos aditivos são considerados e no modelo AMMI1, o primeiro termo multiplicativo é considerado, e assim por diante, até o modelo AMMI7 com 7 termos sendo que aqui todos os modelos foram significativos e outras análises necessitaram ser aplicadas não mostrando a completa adequação dos dados pela análise AMMI (Tabela 8). Assim, a escolha do número de termos multiplicativos a ser utilizado foi baseada no “Postdiscrutive sucess” e “Predictive sucess” (Olivoto et al., 2019).

Tabela 9 - Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade (b_{0i} e b_{1i}) e estabilidade (s^2) de Eberhart e Russell (1966) dos oito cultivares e 18 ambientes

GEN	b0*	b1	t(b1=1)	P_t	s ² di	F(s ² di=0)	P_f	QMRe R2%
L1	4634	0,95	-0,70	0,48	36.619	1,89	0,02	262,72 87
L2	4451	1,03	0,46	0,65	130.927	4,19	0,00	390,96 79
L3	4371	1,06	0,85	0,40	80.263	2,95	0,00	328,36 85
L4	4258	1,01	0,20	0,84	120.544	3,93	0,00	378,98 79
L5	4431	1,04	0,54	0,59	104.741	3,55	0,00	359,97 81
L6	4141	1,18	2,80	0,01	202.790	5,94	0,00	465,54 77
T7	4138	0,87	-2,01	0,05	66.934	2,63	0,00	309,79 81
T8	4243	0,86	-2,12	0,03	121.249	3,95	0,00	379,80 73

b_0 é estimativa β_{0i} , b_1 de β_{1i} e s^2 de δ_{ij}^2 .

Neste contexto, testes de validação cruzada foram utilizados para avaliar o sucesso preditivo dos membros de modelos AMMI (Olivoto et al., 2019). O modelo AMMI3 com três termos multiplicativos foi o mais preciso, pois apresentou a menor média da raiz quadrada do quadrado médio da diferença de predição (RMSPD) e foi utilizado para estimar a produtividade de grãos (Tabela 10).

Tabela 10 - Análise AMMI para a produtividade de grãos de 8 genótipos e 18 ambientes

FV	GL	SQ	QM	F	P (>F)	Prop	Prop.Acum.
Amb	17	2,28E+08	13437127	112,3	0,00E+00		
Rep/amb	364,3	1E+06	119635	0,97	5,20E-01		
Gen	7	1,10E+07	1574608	12,79	4,76E-14		
GenxAmb	119	5,95E+07	499707	4,06	5,26E-21		
PC1	23	2,58E+07	1122971	9,12	0,00E+00	43,4	43,4
PC2	21	1,46E+07	697560	5,67	0,00E+00	24,6	68,1
PC3	19	8,48E+06	446411	3,63	0,00E+00	14,3	82,3
PC4	17	4,42E+06	260000	2,11	7,20E-03	7,4	89,8
PC5	15	3,24E+06	216301	1,76	4,08E-02	5,5	95,2
PC6	13	1,81E+06	139371	1,13	3,34E-01	3	98,3
PC7	11	1,03E+06	93629	0,76	6,80E-01	1,7	100
Residual	252	3,10E+07	123094				
Total	550	3,94E+08	715837				

Gauch (1988) mostraram que uma análise AMMI com dados não repetidos, quando associada à validação cruzada para a seleção do modelo, é preditivamente mais precisa do que as médias de tratamentos obtidas de duas repetições. Este benefício aumenta com o tamanho do ensaio (aumentando o número de genótipos e ambientes) e quanto maior o nível de perturbação (ruído) presente nos dados. Segundo esses autores, isso sugere que, em situações apropriadas, esse tipo de análise pode reduzir a quantidade de repetições requeridas em torno de duas a cinco vezes, permitindo elevar o número de genótipos a serem avaliados.

Tabela 11 - Estatísticas descritivas (média, desvio padrão (sd), erro padrão da média (se) e quantis Q2,5% e Q97,5%) das 100 estimativas da raiz quadrada do quadrado médio da diferença de predição (RMSPD) para cada modelo

Modelo	Média	sd	se	Q2,5	Q97,5
AMMI3	423	19,6	1,38	386	462
AMMI2	425	20,6	1,41	386	463
AMMI5	426	17,3	1,22	395	460
AMMI4	427	16,2	1,44	397	455
AMMIF	429	18,0	1,28	391	461
AMMI6	429	18,3	1,29	391	464
AMMI1	442	18,7	1,32	407	479
AMMI0	487	17,1	1,21	457	522

A superioridade média da linhagem 1 de 6,93% em relação à média geral dos experimentos é representada pelos maiores valores absolutos em sete ambientes com base nas médias preditas pelo modelo AMMI3 (Tabela 11). A linhagem 2 é superior em outros seis ambientes, a linhagem 6 em dois ambientes e as linhagens 4 e 5 em dois ambientes.

Tabela 12 - Médias dos valores estimados (PROD) de produtividade de grãos dos 8 genótipos em 18 ambientes (Amb) pelo modelo AMMI com três termos multiplicativos e porcentagem de ganho do genótipo em relação a média geral

Amb	Genótipos							
	L1	L2	L3	L4	L5	L6	T7	T8
A1	6405	6140	5991	6025	6412	6084	6134	5983
A2	4910	4809	4672	4496	4786	4539	4559	4630
A3	5808	5544	5901	5233	5504	6126	4877	5441
A4	4704	4841	4724	4154	4581	4680	4421	4719
A5	5009	4738	4426	4801	4873	3951	4710	4453
A6	4129	4578	4022	3785	3822	2958	4080	4266
A7	3757	3557	3557	3244	3770	3913	3410	3473
A8	4325	3060	3305	4191	4355	3842	3459	2865
A9	3304	3688	3418	2649	3363	3580	3392	3639
A10	4975	5300	5395	4585	3948	3783	3722	4887
A11	3574	3745	3228	3299	3376	2398	3510	3442
A12	3871	3851	3607	3473	3776	3385	3650	3660
A13	4959	4598	4440	4565	5123	4834	4817	4490
A14	4693	4684	4706	4488	3739	3062	3448	4210
A15	4326	4295	4270	3829	4142	4202	3862	4147
A16	5463	4884	5129	5076	5266	5334	4610	4724
A17	5016	3546	3836	5043	4848	3973	3854	3237
A18	4178	4269	4058	3704	4076	3900	3966	4110
Média	4634	4452	4371	4258	4431	4141	4138	4243
% ganho	6,93	2,72	0,88	-1,75	2,25	-4,43	-4,51	-2,09

Os índices de estabilidade da análise AMMI, AMMI stability value, ASV; soma dos valores absolutos dos escores IPCA, SIPC; a média dos autovetores elevados ao quadrado, EV; valor absoluto da contribuição relativa dos IPCAs para a interação, ZA; média ponderada dos escores absolutos (WAAS, Weighted Average of Absolute Scores) são apresentados na Tabela 12. Observa-se que a linhagem 1 para quase totalidade dos índices é classificada como a maior ou a segunda com maior estabilidade quando a T7 e L4 foram as mais estáveis. Por sua vez, a linhagem 2 e a testemunha 8 foram classificadas como as mais instáveis e as demais linhagens ficam em condições intermediárias aos extremos.

Tabela 13 - Classificação dos genótipos para produtividade (Y) e diferentes índices de estabilidade baseadas no modelo AMMI de acordo com diversos autores

Y	ASV	EV	FA	SIPC	ZA	WA	AS
L1	1	2	1	1	3	2	2
L2	2	7	4	6	2	6	6
L5	3	5	5	4	6	4	4
L3	4	3	3	2	4	3	3
L4	5	4	2	5	1	5	5
T8	6	6	7	7	7	7	7
L6	7	8	6	8	8	8	8
T7	8	1	8	3	5	1	1

O gráfico biplot PC1 x GY (primeiro componente principal x produtividade) é utilizado para identificar tanto a estabilidade quanto a produtividade dos genótipos em que aqueles, como a Linhagem 1, com escores do PC1 próximos de zero e à direita da linha vertical, são considerados os mais estáveis e com produtividade superior à média geral (Figura 3). Por sua vez, as linhagens 2 e 5 são produtivas e não são estáveis devido à maior distância que estão da origem do gráfico.

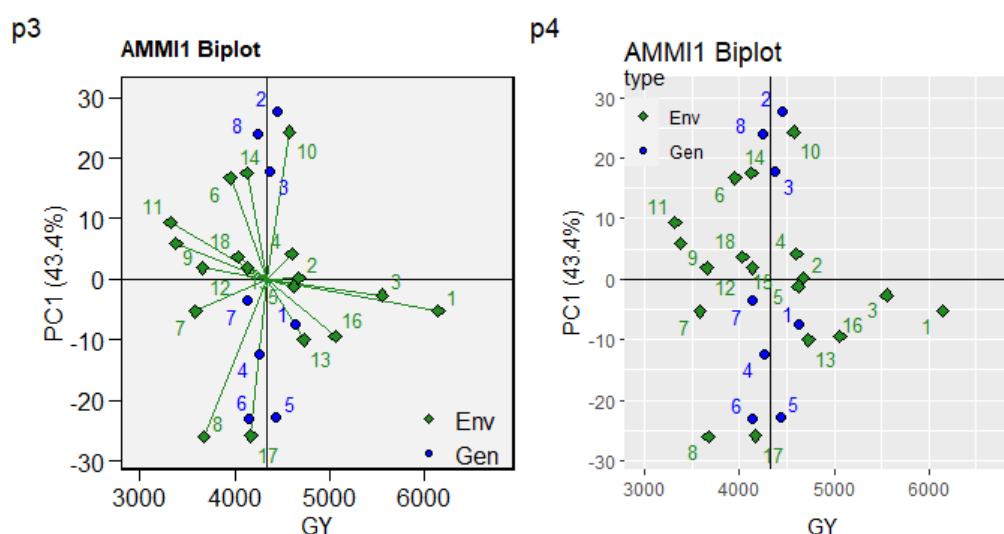


Figura 3 - Gráficos PC1 x GY da análise AMMI representando a estabilidade e a produtividade em kg.ha⁻¹ (GY) dos genótipos (Gen) e os ambientes (Env).

O gráfico biplot PC1 x PC2 AMMI representa os dois primeiros PCAs oriundos da decomposição por valor singular da matriz dos efeitos da interação (Figura 2). Os dois primeiros PCAs explicam 68,1% da soma de quadrados da interação. Os marcadores próximos de zero, isto é, com escores baixos, são próprios de genótipos e, ou, ambientes que contribuíram pouco ou quase nada para a interação, caracterizando-se como estáveis. Assim,

os genótipos 7 e 1 e os ambientes 18, 4, 15, 2 e 5 são os mais estáveis de acordo com a metodologia AMMI pela interpretação do gráfico biplot (Figura 3).

Os vetores de ambientes são desenhados a partir da origem do gráfico para os pontos finais, determinados por seus escores (Figura 3). O cosseno do ângulo entre vetores de ambientes informam sobre a correlação linear aproximada entre eles. Ângulo de 0° (marcadores colineares), indica correlação de +1, sugerindo alta correlação como para os ambientes 6 e 10. Ângulo de 90° ou -90° (perpendicular) indica correlação zero, informando independência entre eles como ambiente 9 com o 10 e 6 e também 17 e 14; e ângulo de 180° indica correlação de -1 como 13 e 10. Ângulos menores que 90° e maiores que 270° indicam existência de resposta positiva do genótipo para estes ambientes como os ambientes 6 e 10 com 11 e 14. Respostas negativas são indicadas por ângulos entre 90° e 270° como os ambientes 10 com 17 e 8 (Burgueño et al., 2000).

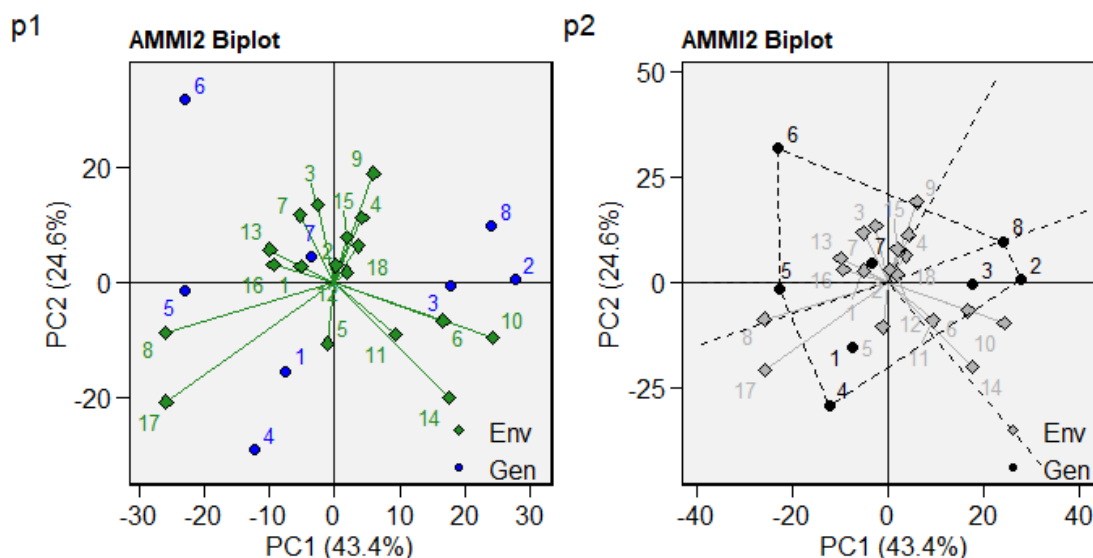


Figura 4 - Gráficos biplot dos componentes principais PC1 x PC2 da análise AMMI com os genótipos (Gen) e os ambientes (Env).

O comprimento de um vetor marcador relaciona-se à variância associada ao vetor e, conseqüentemente, ao caráter correspondente, portanto, os ambientes com as maiores variâncias são os 8, 17, 14 e 10 e os genótipos 6, 4 e 2 (Figura 4). Os genótipos mais próximos à origem dos eixos mostram as menores variâncias, sendo assim as linhagens 7 e 1 as mais estáveis.

O comprimento do vetor diferença entre dois marcadores é a distância euclidiana entre os dois marcadores indicando similaridade e dissimilaridade entre genótipos ou entre ambientes, consistindo na estratificação ambiental visualizada graficamente. Assim, os

ambientes 8 e 17 são mais similares entre si e dissimilares em relação aos 14 e 10 e também o genótipo 6 em relação às demais linhagens (Figura 4).

Para cada par de genótipos e ambientes num mesmo quadrante do gráfico com os sinais dos escores de mesmo sinal interagem positivamente, evidenciando um sinergismo adaptativo a ser aproveitado na seleção como os genótipos 1 e 4 e os ambientes 8 e 17 (Figura 2). O inverso também é verdadeiro, ou seja, aqueles pares de genótipos e ambientes com sinais opostos interagem negativamente, sugerindo um certo grau de antagonismo, uma combinação desfavorável de genótipo e ambiente como os genótipos 2 e 8 e os ambientes 8 e 17 (Figura 4).

Se os pontos dos marcadores para genótipos e ambientes se dispuseram ao longo da linha bissetriz dos quadrantes ímpares, ou seja, 45° com o eixo das abscissas, recomenda-se o uso de um modelo de regressão linear, por exemplo, o de Eberhart e Russell (1966). Porém, como ocorrido aqui, quando os pontos se dispersam no biplot, nenhum modelo simplificado poderá ajustar convenientemente os dados, de forma que a análise AMMI mostra-se apropriada (Gauch, 1992).

Um mega ambiente (MG) é representado no gráfico por polígonos delimitados por linhas pontilhadas e os ambientes que o compõem estão dentro deste limite como (Figura 4):

MG1(PC1 positivo): 14, 11, 6, 10;

MG2 (PC1 positivo): 4,18;

MG3 (PC1 negativo): 16, 1, 13, 7, 3, 2, 15, 8, 9;

MG4 (PC1 negativo): 12;

MG5 (PC1 negativo): 5, 17.

Os mega-ambientes formados pela análise AMMI não apresentam uma relação com as localidades e os anos onde foram instalados os ensaios. Em cada mega-ambiente é possível identificar o genótipo mais responsivos que se localizam nos vortex dos polígonos para o MG1: a linhagem 2; para o MG2: a testemunha M6210; para o MG3: a linhagem 6 onde os 5 ambientes (2, 3, 16, 1 13) mais produtivos estão incluídos; para o MG4: a linhagem 5 e para o MG5: a linhagem 4.

Os genótipos próximo a origem dos eixos do gráfico apresentam adaptação ampla aos ambientes como a linhagem 1 (Figura 5). As linhagens 6, 8 e 4 foram as que apresentaram as menores produtividades, demonstrado pelas suas posições distantes dos marcadores de ambientes, refletindo seus baixos desempenhos em todos os ambientes.

Na busca do genótipo produtivo e estável em ambientes que facilitam esta identificação verificou-se que os ambientes 10 e 5 apresentam a melhor posição, pois possuíam considerável escore para PC 1 e não tão expressivo escore para PC 2 dentre os demais ambientes. Para genótipos, a linhagem 2 possui a melhor posição em termos de elevado escore para PC 1 e próximo de zero para PC 2.

Com base nos escores dos ambientes no PC1 e na relação com o produtividade nominal, a linhagem 5 destaca-se para os ambientes 8 e 17, a linhagem 2 destaca-se para os 6,9,10,11, e 14 e a linhagem 1 para todos os outros 11 ambientes (Figura 3). Essa interpretação desdobra as similaridades dos genótipos dentro de ambiente e entre genótipos com a mesma classificação pela ANOVA e teste de Tukey e se torna bem adequada quando a interação genótipos x ambientes são importantes.

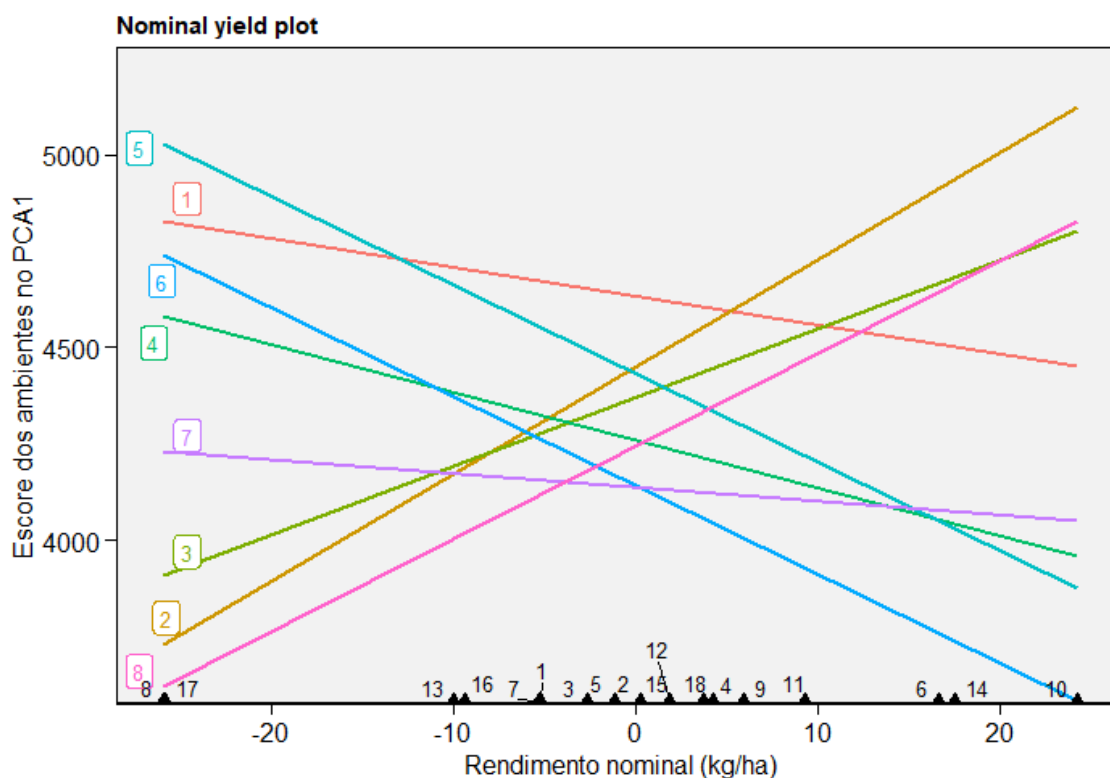


Figura 5 - Rendimento nominal e escores dos ambientes no PCA1.

O modelo GGE (Genotype plus Genotype-x-Environment interaction) tem sido amplamente utilizado para avaliação de genótipos e identificação de mega-ambientes em ensaios multi-ambientais (MET). Este modelo considera um biplot que é construído pelos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) derivados da decomposição por valores singulares de dados oriundos de um MET centrados no ambiente (Yan et al., 2000).

Como base nos valores estimados as linhagens com as maiores médias em maior número de ambientes foram a 1 e a 2 (Tabela 12). A linhagem 1 apresenta as maiores médias de produtividade para os ambientes 1, 2, 3, 5, 16 e 17 e a linhagem 2 para os ambientes 6, 10, 11, 12, 14, 15 e 18. Os pares de ambientes 1-2,10-11 e 14-15 são os mesmos locais em dois anos em que uma única linhagem foi superior.

Tabela 14 - Médias dos valores estimados (PROD) de produtividade de grãos dos 8 genótipos em 18 ambientes (Amb) pelo modelo GGE nos ensaios 2017/18 e 2018/2019

	L1	L2	L3	L4	L5	L6	T7	T8	Média
A1	6257	6047	6087	6256	6257	6145	6114	6012	6147
A2	4811	4743	4722	4743	4676	4480	4580	4644	4675
A3	5602	5541	5547	5591	5581	5523	5531	5517	5554
A4	4474	4749	4692	4465	4454	4575	4633	4781	4603
A5	5030	4676	4668	4878	4728	4183	4377	4420	4620
A6	4228	4519	4323	3944	3655	3132	3643	4195	3955
A7	3532	3468	3509	3590	3649	3753	3648	3533	3585
A8	4272	3040	3288	4298	4337	3763	3526	2878	3675
A9	3075	3557	3484	3112	3144	3481	3497	3683	3379
A10	4909	5366	5089	4526	4137	3465	4164	4940	4575
A11	3606	3664	3548	3395	3182	2712	3067	3398	3322
A12	3721	3756	3722	3667	3613	3505	3598	3692	3659
A13	4817	4490	4579	4871	928	4886	4747	4508	4728
A14	4696	4748	4540	4298	3897	2978	3639	4236	4129
A15	4172	4239	4202	4124	4074	3993	4083	4186	4134
A16	5293	4862	4941	5286	5284	5046	4989	4785	5061
A17	5049	3571	3814	4970	4907	3957	3853	3232	4169
A18	4008	4174	4122	3967	3924	3912	4006	4147	4033
Média	4531	4401	4382	4443	4357	4083	4205	4266	4333

12, 34, 56,78, 9, 1011, 1213, 1415, 16, 1718

Na Figura 6, o gráfico GGE biplot, os ambientes e genótipos encontram-se aqueles que são mais positivos para os componentes principais 1 e 2 contribuindo para a variação capitalizada por eles (64,83%). Portanto, a linhagem 2 e os ambientes 10, 14, 6 e 11 são os que mais contribuem para o CP1 e a linhagem 1 e os ambientes 17 e 8 para o CP2, concordando com os seus maiores valores absolutos em 13 dos 18 ambientes.

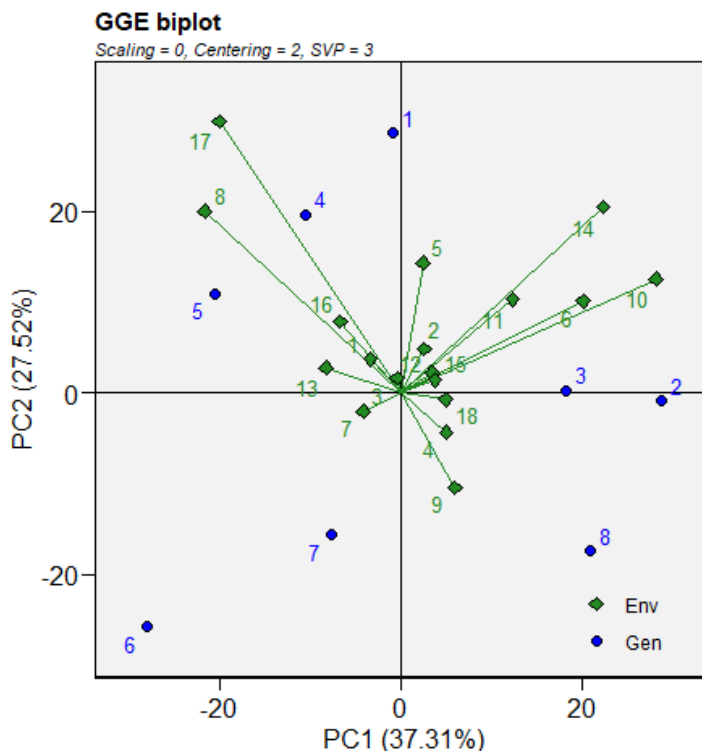


Figura 6 - Gráfico biplot GGE PC1 x PC2 com a distribuição dos genótipos (gen) e ambientes (env) que mais contribuíram para cada componente principal.

No biplot do desempenho x estabilidade dos genótipos, a visualização da média e da estabilidade dos genótipos é obtida com uma coordenada representando o ambiente médio (AEC) identificado pela seta no gráfico no biplot (Yan et al., 2007) (Figura 6). A reta que passa pela origem do biplot e pelo AEC é a abcissa e corresponde à média dos genótipos. As projeções de marcadores genotípicos nesse eixo aproximam-se da produtividade média dos genótipos. Assim, a linhagem 1 (4531 kg ha^{-1}) foi a mais produtiva, seguida pelas linhagens 4 (4443 kg ha^{-1}) e 2 (4401 kg ha^{-1}) (Figura 6).

A ordenada de AEC é a linha que passa pela origem do biplot e é perpendicular à abcissa do AEC e a ordenada AEC deve aproximar da interação genótipo x ambiente associado a cada genótipo, que é uma medida de variabilidade ou instabilidade dos genótipos (Yan et al. 2007). Uma projeção menor na ordenada AEC, independentemente da direção, significa maior estabilidade. A linhagem 7 e a 1 foram as mais estáveis, enquanto as linhagens 2, 5, 8 e 6 foram as mais instáveis (Figura 7).

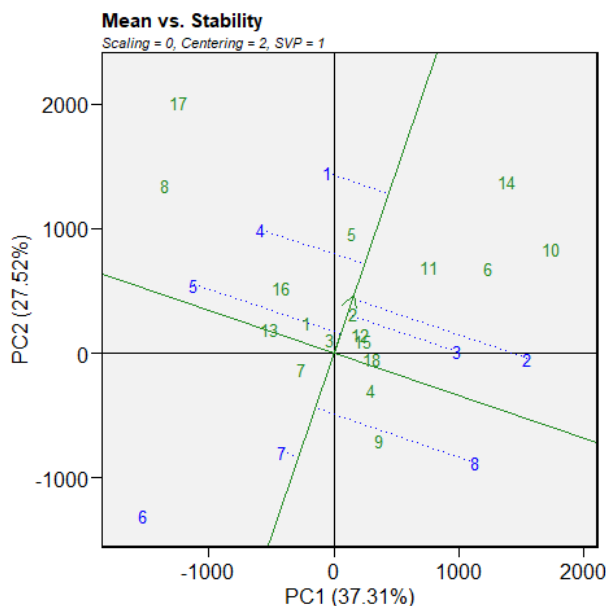


Figura 7 - Gráfico biplot GGE desempenho x estabilidade com a projeção dos genótipos (em azul) no ambiente (em verde) médio.

Pela análise gráfica do biplot, os mega ambientes são representados pelos ambientes que se encontram na área delimitada pelas linhas pontilhadas e o genótipo que se encontra no extremo do polígono para cada mega ambiente é o mais responsivo (Figura 6). Assim, a linhagem 1 é a mais responsiva aos ambientes 1, 2, 3, 5, 17 e 16 e a linhagem 2, a mais responsiva para os ambientes 6, 14, 10, 11, 12, 15 e 18. A linhagem 5 se destacou nos ambientes 8 e 13. A linhagem 6 foi responsiva para o ambiente 7. A linhagem 8 responsiva para os ambientes 4 e 9.

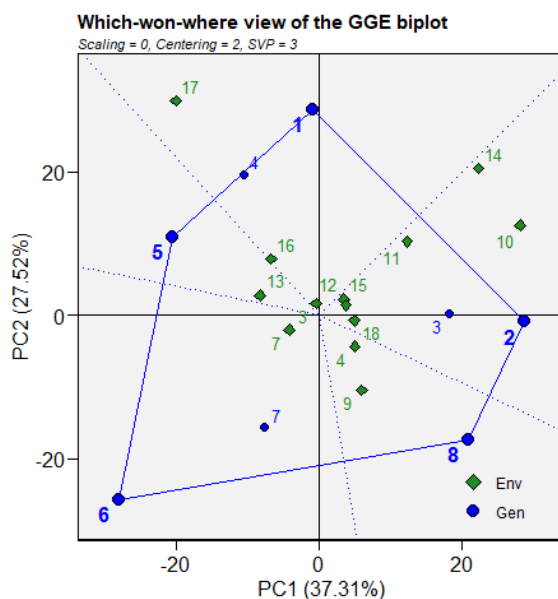


Figura 8 - Gráfico biplot GGE dos genótipos (gen) mais responsivos e alguns ambientes (env) representado em cada mega ambiente.

Todos os genótipos podem ser comparados simultaneamente pelo gráfico biplot GGE. Nesse biplot se compara todos os genótipos com o genótipo ideal que é definido com a maior produtividade em todos os ambientes e no gráfico, é representado pelo pequeno círculo com uma seta apontando para ele (Figura 8). Os genótipos são classificados com base em sua distância do genótipo ideal (Yan et al. 2007). Assim, a linhagem 1 é o que está mais próximo do ideal seguida da linhagem 4. A linhagem 6 é a mais distante do genótipo ideal.

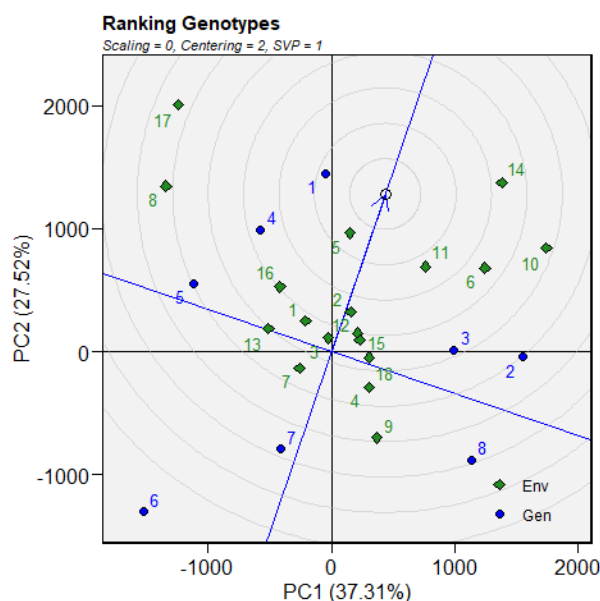


Figura 9. Gráfico biplot GGE com o posicionamento dos genótipos (Gen) e ambientes (Env) em relação ao genótipo ideal (ponta da seta).

Com base nos primeiro e segundo componentes principais utilizando o gráfico biplot GGE, qualquer par de genótipos pode ser comparado um contra o outro. Para as linhagens 1 e 2, os ambientes que estão do lado da reta que passa na origem em que está a linhagem são aqueles em que ela é superior a outra linhagem em comparação (Figura 9). Assim, a linhagem 1 é superior a linhagem 2 nos ambientes 17, 8, 5, 16, 13, 1, 2, 3 e 7.

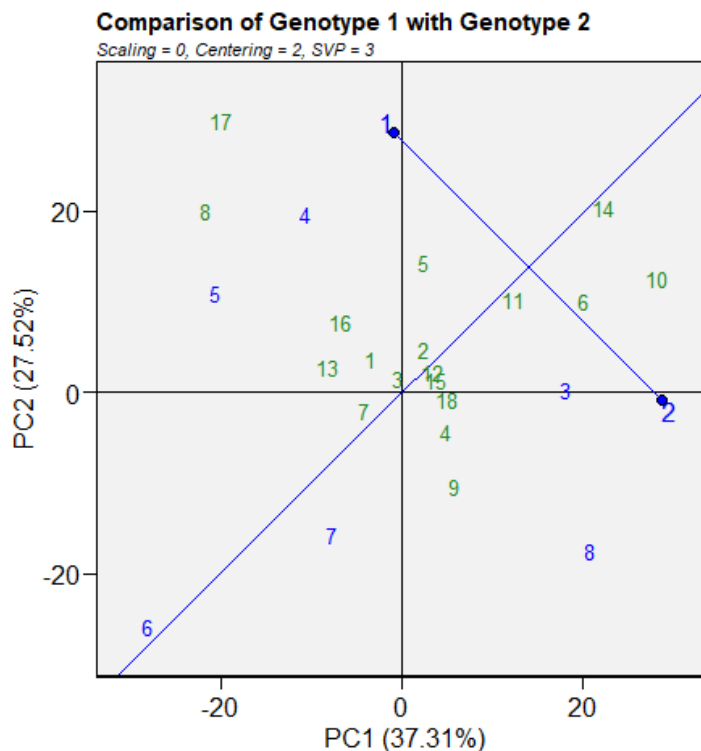


Figura 10 - Gráfico biplot GGE na comparação entre as linhagens 1 e 2 representada pelo eixo da abscissa passando pela origem.

A análise de deviance (ANADEV) mostrou o efeito significativo dos genótipos quanto à produtividade de grãos ($LRT\chi^2 < 0,001$) (Tabela 15). Os efeitos de genótipos e da interação GxA foram significativos a 1% de probabilidade pelo teste do qui-quadrado para produtividade de grãos. Dessa forma, a análise de deviance indicou que os genótipos possuem variabilidade genética e ocorre interação dos genótipos x ambientes.

Tabela 15 - Análise de deviance e teste da razão de verossimilhança (LRT) para a produtividade grãos dos 8 genótipos em 18 ambientes, nas safras 2017/2018 e 2018/2019

Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	5918	6,19*
GxA	5999	87*

*Qui-quadrado (χ^2) tabelado: 3,84 sendo significativo para 1%.

Os resultados dos componentes de variância (REML individual) para os oito genótipos em 18 ambientes estão apresentados na Tabela 16. A estimativa da variância genética é bastante inferior às estimativas das variâncias da interação genótipos x ambientes e ambiente o que proporcionou herdabilidade da média dos genótipos (h^2_{mg}) de 68% e a herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g) de 7%. Essas porcentagens caracterizam o

possível ganho genético na seleção dos genótipos superiores. Segundo Cruz et al. (2012a), a herdabilidade pode ser definida como a proporção da variação fenotípica que é de natureza genética. Sendo essa característica importante para o programa de melhoramento, porque permite antecipar o sucesso com a seleção (Pelegrin et al., 2017; Borém et al., 2021). Torres et al. (2018) trabalhando com 10 genótipos de soja obteve valores de h^2g de 30% a 97% com diferentes características e com produtividade de grãos de 20% para h^2g e 63% para h^2mg .

A acurácia é definida como sendo a correlação entre os valores genotípicos preditos a partir de dados experimentais e o valores genotípicos verdadeiros, sendo considerado um dos parâmetros mais relevantes para avaliação da qualidade dos experimentos (Resende, 2007). O valor da acurácia da seleção de genótipos foi de 83% mostrando que o ganho genético poderá ocorrer.

Tabela 16 - Estimativas dos componentes de variância do modelo misto (REML) para produtividade de grãos (kg ha⁻¹) para 8 genótipos de soja avaliados em 18 ambientes

Efeitos	Estimativas
Variância genotípica (V_g)	19.905
Variância da interação GXA (V_{gxa})	125.538
Variância residual (V_e)	123.094
Variância fenotípica individual (V_f);	268.537
Coefficiente de herdabilidade no sentido amplo (h^2g)	7 %
Coefficiente de Herdabilidade da média do genótipo (h^2mg)	68%
Acurácia da seleção de genótipos (A_{cgen})	83%
c^2_{int}	0,35
Correlação genotípica através do ambiente (r_{gloc})	0,15
Coefficiente de variação genotípica (CV_{gi});	3,30

Como base nos valores estimados as linhagens com as maiores médias em maior número de ambientes foram a 1 e a 2 (Tabela 15). A linhagem 1 apresenta as maiores médias de produtividade para os ambientes 1, 6, 7, 8, 12, 15, 16 e 17 e a linhagem 2 para os ambientes 2, 5, 9, 11 e 14. O par de ambiente 7-8 representa os mesmos locais em dois anos.

Na análise conjunta dos ambientes, a metodologia de modelo misto considera o desvio padrão dos genótipos em cada ambiente, penalizando genótipos cujos valores são altos, gerando alta confiabilidade a metodologia (Resende, 2007).

Tabela 17 - Médias dos valores genotípicos de produtividade de grãos dos 8 genótipos em 18 ambientes (Amb) pelo modelo misto REM/BLUP

	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	Média
A1	6366	6269	5834	6184	6233	6163	6066	6059	6147
A2	4899	4983	4666	4510	4761	4575	4575	4431	4675
A3	5740	5683	5895	5185	5802	5878	4894	5356	5554
A4	4740	4576	4726	4291	4550	4607	4460	4874	4603
A5	4834	4994	4694	4707	4808	4111	4825	3988	4620
A6	4360	4312	4060	3589	4030	3061	3946	4281	3955
A7	3909	3588	3434	3358	3512	3878	3488	3515	3585
A8	4292	3107	3495	3971	4215	3721	3525	3079	3675
A9	3474	3598	3383	2793	3302	3511	3391	3582	3379
A10	4981	5123	5123	4597	4041	3974	3901	4856	4575
A11	3542	3675	3075	3354	3463	2602	3259	3604	3322
A12	3985	3603	3746	3514	3479	3443	3865	3639	3659
A13	4761	4714	4609	4622	5200	4746	4715	4461	4728
A14	4489	4590	4641	4452	3811	3313	3650	4085	4129
A15	4330	4321	4141	3895	4244	4149	3779	4214	4134
A16	5459	4931	5207	5018	5158	5235	4795	4683	5061
A17	4927	3644	3767	4838	4720	3987	3778	3691	4169
A18	3897	4248	4137	3870	4297	3862	3844	4107	4033
Média/									
Rank	4610(1)	4442(2)	4369(4)	4264(5)	4424(3)	4156(7)	4153(8)	4250(6)	4333

A MHVG (Média Harmônica dos Valores Genotípicos) permite a seleção com base na estabilidade e na produtividade. Os valores da MHVG são as estimativas da produtividade descontadas da instabilidade representando os genótipos mais produtivos e mais estáveis (Resende, 2007). Os resultados da estabilidade genotípica (MHVG) para produtividade de grãos mostram que as linhagens superiores foram a 1 e a 2 devido aos seus maiores valores (Tabela 17).

A performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) demonstra a adaptabilidade dos genótipos que é capacidade de resposta de cada genótipo à melhoria do ambiente e indicando a superioridade do genótipo em relação à média do ambiente em que é avaliado (Zeni-neto et al., 2008). Assim, observa-se a superioridade da linhagem 1, seguida das linhagens 2 e 5 com as maiores estimativas e suas correspondentes PRVG_Y transformadas em kg ha⁻¹.

Tabela 18 - Valores genotípicos das produtividades de grãos (Y), estabilidade de valores genéticos (MHVG), adaptabilidade de valores genéticos (PRVG e PRVG_Y) e adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG e MHPRVG_Y) pelo REM/BLUP.

Genótipo	Y kg ha-1	MHVG		PRVG		MHPRVG_Y
		kg ha-1	PRVG	Y kg ha-1	MHPRVG	kg ha-1
L1	4634	4500	1,07	4621	1,06	4611
L2	4451	4302	1,03	4442	1,02	4418
L3	4371	4226	1,01	4361	1,00	4348
L4	4258	4118	0,98	4259	0,98	4236
L5	4431	4290	1,02	4423	1,02	4405
L6	4141	3973	0,96	4138	0,95	4097
T7	4138	4050	0,96	4161	0,96	4148
T8	4250	4140	0,98	4262	0,98	4238

O método MHPRVG apresenta a vantagem de fornecer resultados na própria escala e medição do caráter avaliado, os quais podem ser interpretados diretamente como valores genéticos, ou seja, a estimativa MHPRVG multiplicada pela média geral fornece a própria média predita do genótipo quando plantado em outro ambiente considerando a instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade (Resende, 2007). O MHPRVG fornece uma seleção simultânea para adaptabilidade, estabilidade e produtividade. A linhagem com a maior estimativa para MHPRVG é a 1, seguida pelas linhagens 2 e a 5.

Os valores de LIIC e LSIC referem-se ao limite inferior e superior do intervalo de confiança dos efeitos genotípicos, respectivamente (Tabela 19). De acordo com Resende (2007) para selecionar genótipos usando os LSIC e LIIC é necessário observar o tamanho da população e o número de genótipos que o programa de melhoramento pretende selecionar.

Tabela 19 - Valores dos efeitos genotípicos sem a interação G x A e os intervalos de confiança inferior (LIIC) e superior (LSIC) para 8 genótipos em 18 ambientes

GEN	BLUP _g	VG	LIIC	LSIC
L1	205	4538	4351	4726
L2	81	4414	4227	4601
L3	26	4359	4172	4547
L4	-52	4282	4095	4469
L5	67	4400	4213	4587
L6	-131	4202	4015	4390
T7	-134	4200	4013	4387
T8	-62	4272	4085	4459

As estimativas positivas dos efeitos genotípicos e da interação genótipo x ambiente demonstram a superioridade das linhagens 1, 2, 5 e 3 (Tabela 19). Por outro lado, as demais linhagens e testemunhas apresentaram estimativas negativas para os efeitos estimados demonstrando a sua inferioridade em relação às outras quatro. A linhagem 1 apresenta-se com as maiores estimativas em relação às demais mostrando-se superior sendo que as linhagens 2 e 5 apresentam bom desempenho, porém inferior a linhagem 1.

Tabela 20 - Valores dos efeitos (g), valores genotípicos preditos (u + g) e valor genotípico médio (u + g + gem) nos vários ambientes para a produtividade de grãos em kg ha⁻¹ para os oito genótipos em 18 ambientes

	G	u+g	ge	g+ge	Y
L1	205	4538	72	277	4610
L2	81	4414	28	109	4442
L3	26	4359	9	35	4368
L4	-52	4281	-18	-70	4263
L5	67	4400	23	90	4423
L6	-131	4202	-46	-177	4156
T1	-134	4199	-47	-180	4153
T2	-62	4271	-22	-83	4250

A análise de variância conjunta demonstrou que os genótipos, ambientes e interação genótipo x ambiente possuem variabilidade genética mesmo entre linhagens irmãs e em oito dos 18 locais houve diferença significativa pelo teste de F a 5% entre os genótipos. Essas linhagens mostraram-se superiores em relação às testemunhas indicando o sucesso do programa de melhoramento na obtenção de novas linhagens. Entre essas, a linhagem 1 foi estatisticamente superior em todos os ambientes em que houve significância pelo teste de F para genótipos na análise de variância. As linhagens 2, 3 e 5 com médias da produtividade acima da média geral foram superadas pela linhagem 1 em dois locais e semelhantes a ela em outros 8 locais. Esses resultados demonstram que a análise de variância diferencia apenas 44% dos ensaios e pelo teste de média somente dois diferenciaram as quatro linhagens com maiores médias de produtividade. Isto demonstra a limitação da análise de variância e teste de médias na diferenciação de genótipos quando estes são próximos quanto à variável dependente.

As análises de adaptabilidade e estabilidade acrescentam novos parâmetros para a seleção de genótipos superiores. No método de Eberhart e Russell (1966), os procedimentos estatísticos são baseados em regressão linear e os parâmetros são a média geral, o coeficiente de regressão e o desvio da regressão. Nessa análise, as linhagens irmãs mostraram-se com

adaptabilidade geral com exceção da linhagem 6 que se mostrou mais adaptada a ambientes favoráveis. As testemunhas M6210 IPRO e DM6563 IPRO mostraram-se adequadas a ambientes desfavoráveis demonstrando a limitação do potencial produtivo delas em relação às linhagens irmãs. As estabilidades das linhagens e testemunhas foram semelhantes e instáveis pela significância a 5% dos desvios da regressão com exceção da linhagem 1 que também apresentou o maior coeficiente de determinação, caracterizando maior estabilidade.

A análise multivariada AMMI apresenta os resultados em gráficos biplot considerando os efeitos principais aditivos e a interação multiplicativa deles para interpretar o desempenho dos genótipos e sua estabilidade por meio de componentes principais e sua significância e captura da variância. Nessa análise, os dois componentes principais capturaram 68% da variância, valor comumente encontrado por outros autores trabalhando com diferentes espécies e conjuntos experimentais (Namorato et. al. 2009). O modelo AMMI3 que apresentou o maior ajuste aos dados foi aquele com três termos multiplicativos destacando a importância da interação genótipos x ambientes. No entanto, os outros componentes principais com mais termos multiplicativos ainda foram significativos demonstrando a parcial adequação da análise ao conjunto de dados com interação genótipo x ambiente significativa. Isto ocorre pois os gráficos biplot representam apenas escala de duas dimensões como afirmado por Neisse et al. (2018).

As médias ajustadas pelo modelo AMMI3 reclassificaram a ordem decrescente das médias em nove ambientes, caracterizando a linhagem 1 com a média superior em 8 ambientes e a linhagem 2 em 6 ambientes indicando que as duas linhagens podem ser posicionadas na região. A estabilidade dos genótipos foi avaliada por meio de várias estatísticas e foi encontrado que a linhagem 1 é a mais estável e superior às demais. A linhagem 5 e 6 se mostraram bem instáveis em relação às linhagens 1 e 2.

Diversos índices de estabilidade de diversos autores foram identificados os genótipos 1 e 7 como sendo os mais estáveis. A interpretação dos gráficos biplot AMMI identificaram os genótipos mais responsivos a mega-ambientes, porém não classificou a linhagem 1 como a mais responsiva a nenhum mega ambiente como sendo a mais estável e a mais produtiva para todos os ambientes. Por sua vez, a linhagem 6 foi identificada para o mega ambiente com os cinco mais produtivos ambientes sendo coincidente com classificação da análise de Eberhart e Russell (1966).

A análise gráfica do biplot AMMI facilitada pelos recursos computacionais é simples e mais detalhada do que a análise de variância e o teste de média e adiciona informações a análise de adaptabilidade e estabilidade de Eberhart e Russell (1966) pela identificação de

genótipos específicos a mega-ambientes. No entanto, neste conjunto de dados com os ensaios nos mesmos locais em dois anos, a organização dos ambientes em mega-ambientes não teve relação com os locais e anos, não apresentando uma classificação prática para posicionamento dos genótipos.

A análise GGE decompõe os efeitos de genótipo e genótipo x ambiente e a interpretação do desempenho do genótipo e sua estabilidade é realizada em diversos gráficos biplot dependendo da comparação. Devido à decomposição incluindo a interação, a organização dos ambientes em mega-ambientes foi mais coerente com os resultados preditos da análise. Assim, a linhagem 1 é a mais responsiva aos ambientes 1, 2, 3, 5, 17 e 16 e a linhagem 2, a mais responsiva para os ambientes 6, 14, 10, 11, 12, 15 e 18. A linhagem 1 foi a que está mais próxima do genótipo ideal seguida da linhagem 4. As linhagens 7 e a 1 foram as mais estáveis, enquanto as linhagens 2, 5, 8 e 6 foram as mais instáveis.

O MHPRVG pelo REML/BLUP forneceu uma seleção simultânea para adaptabilidade, estabilidade e produtividade. A linhagem 1 apresentou a maior estimativa para MHPRVG, seguida pelas linhagens 2 e a 5. A linhagem 1 apresentou o maior valor genotípico e a que mais capitaliza a interação genótipo x ambiente no valor genotípico médio. Dentre as vantagens da MHPRVG, pode-se citar a seleção pela adaptabilidade e estabilidade genotípica, aplicável a dados desbalanceados e com heterogeneidade das variâncias, fornecendo resultados na própria grandeza do caráter e permitindo sua utilização para qualquer número de ambientes (Resende, 2007).

A classificação dos genótipos nos ambientes foi parcialmente coincidente entre os métodos (Tabela 18). Pela ANOVA houve interação genótipo x ambiente, sendo esse juntamente com genótipos, muito menores do que o fator ambientes. Além disso, somente em 10 experimentos houve diferenças entre os genótipos pelo teste de Tukey a 5% e a linhagem 1 sempre foi superior a pelo menos outro genótipo, mas sempre semelhante a outro, não permitindo uma conclusão de sua superioridade em relação a L2. Também para os outros oito experimentos, os genótipos foram semelhantes, não sendo possível extrair mais informações a respeito dos genótipos. As linhagens 1 e 2 se destacaram como as maiores médias produtivas.

Assim, o conjunto de dados somente pode ser mais bem explorado ao aplicar os conceitos de adaptabilidade e estabilidade. Os conceitos de adaptabilidade pelos métodos AMMI e GGE utilizam a formação de mega-ambientes que compreende a formação dos grupos dos ambientes. No entanto, a análise conjunta dos ensaios realizados no mesmo local em anos diferentes não permitiu uma conclusão prática da estratificação ambiental para microrregiões Norte, Oeste e Centro-Sul do Paraná e alto Paranapanema, São Paulo, sendo

eles realizados em macrorregiões sojícolas 201 e 103 delimitadas pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (Kaster e Farias, 2011).

A classificação dos genótipos foi diferente entre os métodos AMMI e GGE, pois consideraram conceitos diferentes de adaptabilidade sendo que no AMMI identifica genótipos que são superiores em dados ambientes e GGE em que um genótipo é mais produtivo em um mega ambiente, composto a partir da união de ambientes semelhantes (Tabela 18). Ambos os métodos possuem gráficos biplot bidimensional dos dois primeiros componentes principais, no entanto, outros componentes também foram significativos e desconsiderados na elaboração dos gráficos, o que pode alterar as análises visuais das posições de genótipos e ambientes que são fundamentais para a interpretação. O método GGE classificou os genótipos de maneira mais coincidente com a ANOVA e MHPRVG, considerando que a interação $G \times A$ na análise da adaptabilidade e estabilidade foi importante na variação dos dados. O método AMMI apresentou a classificação da adaptabilidade muito diferente dos outros métodos incluindo-se apenas os efeitos principais e multiplicativos.

A linhagem 1 foi considerada de adaptabilidade geral a todos ambientes pelo método de Eberhart e Russell e aquela que com maior valor genotípico e que mais capitaliza a interação genótipo \times ambiente pelo MHPRVG e a segunda mais estável pelo AMMI. Pelo método GGE, a linhagem 1 foi considerada a mais próxima do genótipo ideal e é a mais adaptada para oito ambientes na ANOVA, sendo que cinco destes formaram um mega ambiente no GGE e acrescido dos ambientes 7 e 15 no MHPRVG (Tabela 18).

Todos os ambientes do mega-ambiente da linhagem 2 do AMMI estão incluídos para a mesma linhagem no GGE, além dos ambientes 15, 2 e 18 sendo que três destes também foram os mais produtivos na ANOVA (Tabela 18). A linhagem 3 foi a mais produtiva na ANOVA mas não foi classificada como a mais responsiva para nenhum mega-ambiente.

Todos os ambientes do mega-ambiente com a linhagem 4 como responsiva no AMMI foram identificados com a linhagem 1 no GGE, sendo mais coerente essa classificação pela superioridade da linhagem 1 nestes ambientes da ANOVA.

A linhagem 5 foi a mais responsiva em mega-ambiente do ambiente 12 do AMMI, nos ambientes 8 e 13 da GGE e nos 13 e 18 da ANOVA (Tabela 18). A linhagem 6 foi classificada como responsiva aos ambientes favoráveis pelo Eberhart e Russell e também para nove ambientes sendo que 5 destes como mais produtivos pelo AMMI sendo que dois destes ambientes foram igualmente classificados pelo GGE e ANOVA (Tabela 18).

A testemunha M6210 foi classificada como responsiva para dois ambientes pelo AMMI, sendo que um deles também foi para o GGE e a ANOVA (Tabela 20).

Tabela 21 - Classificação da superioridade das linhagens nos ambientes pelos métodos da ANOVA, AMMI, GGE e MHPRVG

	Anova	AMMI	GGE	MHPRVG
Linhagem1	3 5 6 8 9 10 11 14 16 17	-	5, 17, 1, 16, 12	1, 6, 7, 8, 12,15, 16,17
Linhagem2	3 5 6 9 10 11 14 16	14, 11, 6, 10	14, 11, 6, 10, 15, 2, 18	2, 5, 9, 11, 14
Linhagem3	3 5 6 9 10 11 14 16	-	-	3, 10
Linhagem4	8 10 11 14 16 17	5, 17;	-	-
Linhagem5	3 5 6 8 9 11 16 17	12	8, 13	13,18
Linhagem6	3 9 16	3, 7, 16, 1, 13, 2, 15, 8, 9;	3, 7	-
Testemunha7	5 6 9 11 16	-	-	-
Testemunha8	3 6 9 10 11 14	4, 18	4, 9	4

O método GGE pelo gráfico biplot ainda permitiu identificar a linhagem 1 como sendo a mais próxima da cultivar ideal definida aquela que apresenta a maior média para todos os ambientes. Em comparação entre as linhagens 1 e 2, cada uma delas foi superior a outra em nove ambientes.

A classificação dos ambientes com experimentos instalados nos mesmos municípios em dois anos somente apresentou a mesma linhagem como superior para Mandaguaçu (10 e 11) e Janiópolis (14 e 15), o que não ocorreu para os outros seis ambientes. Isso demonstra a importância para instalação de ensaios de maneira contínua em todos os anos e grande interação genótipos x anos, mais que genótipos x locais.

As análises AMMI e GGE apresentaram como vantagens o fato de explicarem uma maior parcela das soma de quadrados da interação G x A e possibilitar uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística. Apesar de possuírem propriedades metodológicas de análise semelhantes, os resultados diferiram, na maioria das vezes, entre as análises AMMI e GGE. A análise GGE por incorporar o efeito de genótipo e por este na maioria dos casos estar altamente correlacionado com os escores do primeiro componente principal, possui a vantagem de permitir a avaliação gráfica direta do efeito de genótipo. O desenho de setores no biplot apresentado por Yan et al. (2000) e a análise GGE identificam com melhor propriedade a existência de mega-ambientes graficamente, prestando-se ao zoneamento agrônomico. Como limitações das análises AMMI e GGE podem-se citar o requisito de dados balanceados, a explicação de apenas uma pequena porção da total da soma de quadrados G ou G + G x A, respectivamente, e a perda da medida de incerteza, pois não permitem o cálculo de uma hipótese em particular.

Neisse et al. (2018) destacaram que apesar de suas abordagens diferentes, AMMI e GGE são complementares em resultados e que a interpretação fica limitada quando os dois primeiros componentes principais não capturam variação suficiente como ocorreu neste trabalho.

A classificação da superioridade das linhagens pelo método MHPRVG identificou a linhagem 1 para 8 ambientes e a 2 para 5 ambientes. A linhagem 3 foi superior para os ambientes 3 e 10, a linhagem 5 para 13 e 18 e a cultivar M6210 para o ambiente 4.

O método MHPRVG classifica de maneira mais simples os genótipos quanto a adaptabilidade e estabilidade na mesma unidade da variável em estudo como aqui a produtividade facilitando a interpretação. Além disso, permite a utilização em dados desbalanceados que ocorrem em programas de melhoramento pela seleção de alguns genótipos superiores de um ano para outro.

Silva et al. (2011) concluíram que as análises AMMI e GGE Biplot foram bastante semelhantes na verificação da adaptabilidade e estabilidade em populações de cenoura, e GGE Biplot agrupou de maneira mais coerente os ambientes mais favoráveis e desfavoráveis e ainda que, a análise REML/BLUP se destacou das demais e apesar de não informar sobre o agrupamento de locais mais semelhantes.

Santos et al. (2019) trabalhando com o feijoeiro comum, obtiveram a classificação ambiental pelo método GGE para diferenciar as cultivares e concluíram que a seleção dos genótipos foi consistente pelos métodos GGE e MHPRVG e ainda que a compreensão da interação genótipo por ambiente permitiu identificar possíveis cultivares para lançamento.

Nos dez locais em dois anos de avaliação, independentemente dos métodos de estabilidade de classificação dos genótipos, eles não mostraram classificação prática regional por local dentro das sub-regiões mostrando que a interação genótipo x ambiente é muito influenciada por anos exigindo a avaliação repetida dos genótipos em ensaios e também a análise de estabilidade com diferentes conjuntos de cultivares, pois os parâmetros dos métodos de estabilidade dependem das cultivares que estão sendo avaliadas.

CONCLUSÕES

A linhagem irmã de soja 1 é superior às demais quanto a produtividade, adaptabilidade e estabilidade e possui potencial para lançamento como cultivar.

Em dados balanceados, o método GGE fornece a classificação das linhagens considerando a estratificação ambiental.

O método AMMI não se mostra adequado quando os dois componentes principais não representam adequadamente a variação genética.

O método MHPRVG considera os ambientes de maneira mais uniforme na identificação de genótipos com estabilidade ampla.

O método de estabilidade também deve ser escolhido para interpretação dos ambientes em que foram avaliadas as cultivares considerando as macrorregiões para a soja pré-estabelecidas para se aproximar de uma classificação prática da interação genótipo x ambiente.

REFERÊNCIAS

BARBIN, D. **Planejamento e análise estatística de experimentos agrônômicos**. 2 ed. Londrina: Editora Mecenas, 2013.

BARONA, A.M.; DÍAZ, S.R.; SUÁREZ, R.R. Adaptability and grain yield stability of rice hybrids and varieties in Venezuela. **Bioagro**, p.181-190, 2021.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V.; NETO FRITSCH, R. **Melhoramento de Plantas**. São Paulo: Editora Oficina do Texto, 2021.543p.

BURGUENÑO, J.; VARGAS, M.; CROSSA, J. SAS programs for graphing GE and GGE Biplots. **CIMMYT**, Int. México, 2000. 42p.

CALVO, E.S.; KIIHL, R.A.S. **Melhoramento genético: de onde partimos e para onde vamos**. Piracicaba: Editora Visão Agrícola, 2006. p.136.

CARVALHO, L.C.B; 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**, Lagos, v.11, n.12, p.990-1000, 2016.

CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; SEYEDSADER, M. S. **Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction**. In: Kang, M. S.; Gauch, H. G. (Ed.) Genotype-by-environment interaction. Boca Raton: CRC Press, p. 199-234, 1996.

CROSSA, J. **Statistical analyses of multilocation trials**. **Advances in Agronomy**, San Diego, v.44, p.55-85, 1990.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. **Crop Science**, Madison, v.37, p. 405-415, 1997.

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

CRUZ, E.A.; MOREIRA, G.R.; PAULA, M.O.; OLIVEIRA, A.C. **Coefficiente de variação como medida de precisão em experimentos com tomate em ambiente protegido**. ENCICLOPÉDIA BIOSFERA, Centro Científico Conhecer - Goiânia, v.8, n.14; p.2012.

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

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

EMBRAPA. **Recomendações técnicas para o cultivo de soja: zonas 15, 61, 75, 76, 77 2 92 – áreas do sul do Mato Grosso do Sul, Sudoeste, norte e oeste do Paraná**. Brasília: Editora Embrapa Soja, 1992. 50p. (folhetos).

EVANGELISTA, J.S.P.C.; ALVES, R.S.; PEIXOTO, M.A.; RESENDE, M.D.V.; TEODORO, P.E.; SILVA, F.L.; BHERING, L.L. Soybean productivity, stability, and adaptability through mixed model methodology. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.51, n.2, 2021.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow: Longman, 1989. 438p.

FRITSCHÉ-NETO, R.; VIEIRA, R. A.; SCAPIM, C.A. ; MIRANDA, G.V.; REZENDE, L.M. Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.34, p.99-101, 2012.

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

GAUCH, H.G. 1988. “Model selection and validation for yield trials with interaction.” **Biometrics**, Woods Hole, v.44, p.705–15, 1988.

GAUCH, H.G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. Elsevier Science Publishers, Amsterdã, 1992, 278p.

GOLLOB, H.F. “A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques.” **Psychometrika**, v.33, p.73–115, 1968.

GURGEL, F.L.; FERREIRA, F.D.; SOARES, A.C.S. **O coeficiente de variação como critério de avaliação em experimentos de milho e feijão**. Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 2013. 80p. (Boletim de pesquisa).

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, 2011. 69p. (Documentos, 330).

LÚCIO, A.D.; STORCK, L.; BANZATTO, D.A. CLASSIFICAÇÃO DOS EXPERIMENTOS DE COMPETIÇÃO DE CULTIVARES QUANTO A SUA PRECISÃO . **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v.5, n.1, p.99-103,1999.

MIRANDA, G.V.; ALVES, M.E.V.B.; Braun, E.M.W.; Machado, P.; HUBNER, J.P.M.; LACERDA, K.L. Desempenho de cultivares de soja IPRO no extremo oeste do Estado Paraná em baixa altitude. **Brazilian Journal of Development**, Curitiba, v.7, p.34898-34909, 2021.

NAMORATO, H.; MIRANDA, G.V.; SOUZA, L.V.; OLIVEIRA, L.R.; DELIMA, R.O.; MANTOVANI, E.E. Comparing biplot multivariate analyses with Eberhart and Russel method for genotype x environment interaction. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.9, p.299-307, 2009.

NEISSE, A.C.; KIRCH, J.L.; HONGYU, K. AMMI and GGE Biplot for genotype \times environment interaction: a medoid-based hierarchical cluster analysis approach for high-dimensional data. **Biometrical Letters**, Poznan, v.55, n.2, p.97-121, 2018.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D. Metan: an R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, Londres, v.11, p.783-789, 2020.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D.C.; SILVA, J.A.G.; MARCHIORO, V.S.; SOUZA, V.Q.; EVANDRO J. “Mean Performance and Stability in Multi-Environment Trials I: Combining Features of AMMI and BLUP Techniques.” **Agronomy Journal**, Madison, p.2949–60, 2019.

PELEGRIN, A.J.; CARVALHO, I.R.; NUNES, A.C.P.; DEMARI, G.H.; SZARESKEI, V.J.; BARBOSA, M.H.; ROSA, T.C.; FERRARI, M.; NARDINO, M.; SANTOS, O.P.S.; RESENDE, M.D.VV.; SOUZA, V.Q.; OLIVEIRA, A.C.; MAIA, L.C. Adaptability, Stability and Multivariate Selection by Mixed Models. **American Journal of Plant Science**, v.33, n.1, p.2531-2544, 2017.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: FEALQ, 2009, 451p.

PURCHASE, J. L., HATTING, H.; VAN DEVENTER, C.S. “Genotype \times environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: II. Stability analysis of yield performance.” **South African Journal of Plant and Soil**, Makhanda, p.101–107, 2000.

R CORE TEAM: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria, 2021.

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

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.37, n.3, p.182-194, 2007.

SANTOS, P.R.; OLIVEIRA, T.B.A.; SKEEN-HURTADO, P.; NASCIMENTO, M.R.; COSTA, K.D.S.; ARAÚJO, E.R.; PEREIRA, H.S.; COSTA, A.F. Análise baseada em GGE Biplot e REML/BLUP da estabilidade de produção e adaptabilidade para feijoeiro comum em ensaios multi-ambientais. **Revista de Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v.14, n.2, p.1-6, 2019.

SCHMILDT, E.R.; SILVA, W.; AMBROSIO, T.J.; SCHMILDT, O.; NASCIMENTO, A.L.; FERNANDES, A.F. Coeficiente de variação como medida da precisão em experimentos de alface. **Revista Agro@mbiente**, Rorainópolis, v.11, n.4, p.290-295, 2017.

SILVA, G.O.; CARVALHO, D.F.; VIEIRA, J.V.; BENIN, G. Verification of the adaptability and stability of carrot populations by AMMI, GGE Biplot and REML/BLUP methods. **Bragantia**, Campinas, v.70, n.3, p.494-500, 2011.

SNELLER, C. H.; KILGORE-NORQUEST, L.; DOMBEK, D. “Repeatability of yield stability statistics in soybean.” **Crop Science**, Madison, p.383–90, 1997.

TORRES, F.E.; BENITES, S.B.; RIBEIRO, L.P.; CORREA, A.M.; SILVA JUNIOR, C.A.; TEODORO, P.E. **Selection of soybean genotypes for to cerrado/pantanal ecotone via reml/blup.** Uberlândia, v.34, n.2, p.333-340, 2018.

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

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P.L. “GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data.” **Crop Science**, Madison, v.47, p.641–53, 2007.

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

ZALI, H.; FARSHADFAR, E.; SABAGHPOUR, S.H.; KARIMIZADEH, R. “Evaluation of genotype × environment interaction in chickpea using measures of stability from AMMI model.” **Annals of Biological Research**, v.3, p.3126–36, 2012.

ZENI-NETO, H.; OLIVEIRA, R.A.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L.; IDO, O.; WEBER, H. Seleção para produtividade, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana-de-açúcar em três ambientes no Estado do Paraná via modelos mistos. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.9, n.4, p.425-430, 2008.