

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
CAMPUS FREDERICO WESTPHALEN/RS
CURSO DE GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

Ricardo Reffatti Bastiani

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE TRIGO
PARA O MUNICÍPIO DE FREDERICO WESTPHALEN**

**Frederico Westphalen/RS, Brasil
2022**

Ricardo Reffatti Bastiani

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE TRIGO
PARA O MUNICÍPIO DE FREDERICO WESTPHALEN**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado
ao Curso de Graduação em Agronomia da
Universidade Federal de Santa Maria (UFSM),
campus Frederico Westphalen/RS, como
requisito parcial para obtenção do grau de
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. Volmir Sergio Marchioro

Frederico Westphalen/RS, Brasil
2022

Ricardo Reffatti Bastiani

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE TRIGO
PARA O MUNICÍPIO DE FREDERICO WESTPHALEN**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), campus Frederico Westphalen/RS, como requisito parcial para obtenção do grau de **Engenheiro Agrônomo**

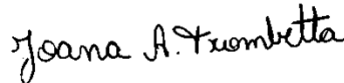
Aprovado em 24 de agosto de 2022:



Professor Dr. Volmir Sergio Marchioro
(Presidente/Orientador)



Professor Dr. Marcos Toebe
(Membro da banca)



Mestranda Joana Arsego Trombetta
(Membro da banca)

DEDICATÓRIA

A toda minha família que desde o início esteve ao meu lado, dando força para continuar percorrendo essa jornada.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente à Deus, que nos proporciona o dom da Vida e por me proporcionar força e saúde para seguir em frente.

Agradeço a minha família, em especial minha mãe Jane Teresinha Reffatti Bastiani, meu pai Luiz Aliceu Bastiani, meu irmão Eduardo Reffatti Bastiani e minha cunhada Suzane Deppner, por toda a confiança, e todo o apoio prestado durante todas as etapas da graduação, sem vocês, com certeza o título de Engenheiro Agrônomo não seria possível.

Aos meus amigos João Alberti, Duana Garafini, Valentine Garbinato, José Finato e Carla Osmari pelo companheirismo e ajuda para superar as batalhas dessa jornada.

Aos colegas do Grupo de Pesquisa e Melhoramento de Plantas pela amizade e auxílio em todas as atividades. Agradeço de forma especial meus colegas e amigos Luís Antônio Klein, Gesiel Chitolina e Lucas Revers Allebrante, que sempre estiveram dispostos a me ajudar em todas as etapas.

Ao meu orientador Dr. Volmir Sergio Marchioro, pelos ensinamentos transmitidos, pela amizade e confiança durante toda a passagem pelo Grupo de Pesquisa em Melhoramento de Plantas (GPMP).

Por fim a todos aqueles que de alguma forma contribuíram para o crescimento pessoal, para a superação dos obstáculos, que possibilitaram a realização deste trabalho e a conquista do título de Engenheiro Agrônomo.

Muito Obrigado!

RESUMO

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE TRIGO PARA O MUNICÍPIO DE FREDERICO WESTPHALEN

AUTOR: Ricardo Reffatti Bastiani
ORIENTADOR: Volmir Sergio Marchioro

O trigo possui um importante papel no cenário agrícola mundial, sendo um dos cereais mais cultivados. O cultivo adequado desta cultura em uma região agroclimática, depende de sua adaptabilidade e da estabilidade da produtividade de grãos. O experimento foi conduzido nos anos agrícolas de 2019, 2020 e 2021, na área experimental da Universidade Federal de Santa Maria *Campus* Frederico Westphalen. Foram avaliados 12 tratamentos, sendo 10 linhagens de trigo e duas cultivares testemunhas. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso, com três repetições. Cada unidade experimental foi composta de 6 linhas de 4 metros de comprimento e espaçadas em 0,17 m. A partir da colheita de 3 metros das 4 linhas centrais foi obtida a produtividade de grãos. Os dados foram submetidos a análise de variância e verificada a interação genótipo e ambiente, sendo realizada a análise GGE Biplot para identificar os melhores genótipos, ideais, mais adaptados e estáveis, e o desempenho dos genótipos em cada ambiente. A produtividade de grãos dos genótipos de trigo foi altamente influenciada pelas condições climáticas ao longo dos três anos de cultivo. Os genótipos UFSMFW1 07 e UFSMFW1 04 foram mais produtivos em ambientes específicos e o melhor desempenho em termos de estabilidade e produtividade de grãos foi do genótipo UFSMFW1 08. Os anos de 2019 e 2020 foram similares e os anos de 2019 e 2021 permitiram uma melhor discriminação de genótipos, enquanto 2020 foi o mais representativo.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L. Melhoramento de plantas. GGE Biplot.

ABSTRACT

ADAPTABILITY AND STABILITY OF WHEAT GENOTYPES FOR THE MUNICIPALITY OF FREDERICO WESTPHALEN

AUTHOR: Ricardo Reffatti Bastiani

ADVISOR: Volmir Sergio Marchioro

Wheat plays an important role in the world agricultural scenario, being one of the most cultivated cereals. The proper cultivation of this crop in an agroclimatic region depends on its adaptability and the stability of grain yield. The experiment was conducted in the agricultural years of 2019, 2020 and 2021, in the experimental area of the Universidade Federal de Santa Maria, *Campus* Frederico Westphalen. Twelve treatments were evaluated, being 10 wheat lines and 2 control cultivars. The experimental design used was randomized blocks, with three replications. Each experimental unit consisted of 6 lines of 4 meters in length and spaced at 0.17 m. From the harvest of 3 meters of the 4 central lines, the grain yield was obtained. The data were submitted to analysis of variance and the genotype and environment interaction was verified and the GGE Biplot analysis was performed to identify the best, ideal, most adapted, and stable genotypes, and the performance of the genotypes in each environment. The grain yield of wheat genotypes was highly influenced by climatic conditions throughout the three years of cultivation. The UFSMFW1 07 and USFMFW1 04 genotypes were more productive in specific environments and the best performance in terms of stability and grain yield was of the UFSMFW1 08 genotype. The years 2019 and 2020 were similar and the years 2019 and 2021 allowed a better discrimination of genotypes, while 2020 was the most representative.

Keywords: *Triticum aestivum* L. Plant breeding. GGE Biplot.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Resumo da análise de variância para a característica produtividade de grãos (PDG, kg ha ⁻¹) de 12 genótipos de trigo conduzidos em Frederico Westphalen/RS, nos anos de 2019, 2020 e 2021.....	21
---	----

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Visão geral da G×E para produtividade de grãos (PDG, kg ha ⁻¹) de 12 genótipos de trigo cultivados nos anos de 2019, 2020 e 2021.....	22
Figura 2 - Precipitação quinzenal acumulada, compreendendo os meses de maio a outubro, dos anos de 2019, 2020 e 2021, no município de Frederico Westphalen/RS.....	23
Figura 3 - GGE biplot nos padrões desempenho médio vs. estabilidade (a) e quem-ganhou-onde (b) para produtividade de grãos (PDG, kg ha ⁻¹) avaliadas em 12 genótipos de trigo cultivados nos anos de 2019 (A1), 2020 (A2) e 2021 (A3).....	25
Figura 4 - GGE biplot representando os genótipos (a) e ambientes (b) ideais para a produtividade de grãos (PDG, kg ha ⁻¹) avaliadas em 12 genótipos de trigo cultivados nos anos de 2019 (A1), 2020 (A2) e 2021 (A3).....	27
Figura 5 - GGE biplot representando ambientes discriminativos e representativos para a produtividade de grãos (PDG, kg ha ⁻¹) avaliadas em 12 genótipos de trigo cultivados nos anos de 2019 (A1), 2020 (A2) e 2021 (A3).....	28

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	13
2.1 IMPORTÂNCIA DA CULTURA DO TRIGO.....	13
2.2 DESCRIÇÃO BOTÂNICA E MORFOLÓGICA DO TRIGO	14
2.3 MELHORAMENTO DA CULTURA DO TRIGO.....	15
2.4 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE.....	16
2.5 ANÁLISE GGE BILOT	17
3. MATERIAL E MÉTODOS	19
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	21
4.1. ANÁLISE DE VARIÂNCIA CONJUNTA	21
4.2. INTERAÇÃO GENÓTIPOS E AMBIENTES.....	21
4.3. GGE BILOT	24
5. CONCLUSÕES.....	29
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	30

1. INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) possui um importante papel no cenário agrícola mundial, sendo um dos cereais mais cultivados. O Brasil produziu aproximadamente 7,7 milhões de toneladas de trigo na safra 2021. O trigo destaca-se no sul do Brasil, principalmente no Paraná e no Rio Grande do Sul, sendo a principal cultura de inverno. No cenário nacional, a área cultivada foi de 2,74 milhões de hectares destinados ao plantio do cereal na safra 2021, sendo a região sul responsável por mais de 90% da área plantada (CONAB, 2022).

O trigo é umas das principais fontes energéticas, tendo diversos destinos na cadeia alimentar, o mesmo é utilizado na alimentação humana e animal, sendo encontrado na produção de pães, massas e biscoitos, na alimentação animal é usado na produção de rações e também temos o trigo como alternativa para rotação de culturas, proporcionando melhorias nos sistemas de cultivo, por esses e outros fatores que o trigo se tornou um cereal de extrema significância para a agricultura nacional e mundial (SILVA et al., 2015).

Segundo Sousa et al. (1998), o trigo foi um dos grandes pioneiros quando falamos em melhoramento genético, seu melhoramento foi iniciado de fato no ano de 1919, porém só na década de 70 a pesquisa em trigo se desenvolveu significativamente com a criação de centros de pesquisa, como por exemplo a Embrapa. Naquela época as empresas de pesquisa e melhoramento incorporaram ao genoma do trigo nacional, genes que estão relacionados ao tamanho de planta e ao fotoperíodo, obtendo assim plantas de menor estatura e menor tempo de floração, favorecendo o sistema de produção.

O cultivo eficiente, seja de uma espécie ou de uma cultivar específica, em uma região agroclimática, depende de sua adaptabilidade e da estabilidade da produtividade de grãos (FAYEUN; ALAKE; AKINLOLU, 2018). Se tiver a possibilidade da presença de interação genótipo e ambiente ($G \times E$), deve-se fazer a avaliação da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos. Segundo Branquinho et al (2014), a $G \times E$ é responsável pelas variações no desempenho de genótipos em diferentes ambientes de cultivo sendo um grande desafio para seleção e recomendação de cultivares.

Entre as metodologias atuais que tem esclarecido adequadamente os efeitos principais (genótipo e ambiente) e a sua interação, destaca-se dois: o modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI) e a análise dos efeitos principais do genótipo e da interação genótipo e ambiente (GGE biplot). Essas metodologias

baseadas em gráfico biplot, são capazes de obter grande parte da variação do conjunto de dados referentes à importância relativa do genótipo e da interação genótipo e ambiente (ROOZEBOOM et al., 2008).

Os testes dos genótipos em múltiplos ambientes ajudarão a identificar cultivares com ampla adaptação e com adaptações específicas a determinados ambientes (NOERWIJATI; TARYONO; PRAJITNO, 2014). Ainda, a avaliação de genótipos em ambientes específicos, permite a seleção e a recomendação de genótipos que exploram seu potencial máximo de produtividade de grãos (YAN, 2016).

Portanto, o objetivo do trabalho foi identificar os genótipos mais estáveis e promissores para a produtividade de grãos ao longo de três anos de cultivo no município de Frederico Westphalen, utilizando a técnica GGE biplot.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 IMPORTÂNCIA DA CULTURA DO TRIGO

O trigo é o segundo cereal mais produzido no mundo perdendo apenas para o milho, e mesmo assim em diversos lugares do planeta, serve como fonte de até metade das calorias e proteínas consumidas pela população (WANG et al., 2012). O trigo (*Triticum aestivum* L.) tem papel importante no aspecto econômico e também nutricional, estando presente na alimentação humana por intermédio de farinhas que são amplamente utilizadas na indústria alimentícia para a confecção de pães, massas, biscoitos e entre outros (CAMARGO, 2004). Além do uso em produtos alimentícios, o cereal também é utilizado em produtos de origem não alimentícia como na indústria de fármacos e cosméticos (BORÉM; SCHEEREN, 2015).

O agronegócio brasileiro, na safra 2021, produziu 7,7 milhões de toneladas de trigo (CONAB, 2022). Porém a produção é inferior ao consumo nacional, necessitando assim de importação. Mesmo com o aumento da produção nos últimos anos, o país ainda deve se manter como um dos maiores importadores mundiais de trigo, sendo que no ano de 2020 importou aproximadamente 6,0 milhões de toneladas (CONAB, 2020).

O trigo é de extrema importância para a sustentabilidade de pequenas e grandes propriedades, principalmente da região Sul do Brasil, estando altamente integrado em esquemas de rotação e/ou sucessão com as culturas da soja e do milho, em semeadura direta (VALÉRIO et al., 2009).

Embora o trigo seja cultivado em outros estados, se tratando de uma cultura predominantemente de inverno, a maior área plantada de trigo é encontrada na região sul do Brasil, principalmente nos estados do Paraná e do Rio Grande do Sul. Para essa região, o mesmo, apresenta-se como importante alternativa para a sustentabilidade de pequenas e médias propriedades, o qual está diretamente associado a sistemas de rotação de cultura com soja e milho, no sistema de semeadura direta sobre a palha (FRANCESCHI et al., 2009).

No Brasil o trigo é cultivado em diferentes zonas agrícolas, dessa forma é necessário conhecer as diferentes condições climáticas, edáficas e de manejo, pois estas influenciam diretamente na produtividade de grãos e na qualidade de panificação, sendo que cada área agrícola necessita de manejo cultural diferente e utilização de cultivares

adaptadas a aquelas condições, buscando assim garantir a produtividade de grãos e a qualidade destes (FRANCESCHI et al., 2009).

2.2 DESCRIÇÃO BOTÂNICA E MORFOLÓGICA DO TRIGO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) cultivado atualmente é caracterizado como uma gramínea pertencente ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Liliopsida, ordem Poales, família Poaceae, gênero *Triticum* e espécie *Triticum aestivum* (DEDECCA; PURCHIO, 1952).

De acordo com o estudo de Slageren (1994), foi possível classificar seis espécies do gênero *Triticum* sendo eles: *Triticum urartu*, *Triticum monococcum*, *Triticum turgidum*, *Triticum timopheevii*, *Triticum zhukovskyl* e *Triticum aestivum*. Já em a relação à espécie *Triticum aestivum* existem 5 subdivisões, sendo estas, *Triticum aestivum* subsp. *aestivum*, *Triticum aestivum* subsp. *compactum*, *Triticum aestivum* subsp., *Triticum aestivum* subsp. *spelta* e *Triticum aestivum* subsp. *sphaerococcum*.

O trigo o qual teve origem a aproximadamente 10.000 anos atrás, é caracterizado por genoma hexaplóide (AABBDD), sendo originado de três genomas diploides completos, oriundo de três espécies distintas, na qual o cruzamento espontâneo da espécie *Triticum urartu* (genoma AA) com a espécie *Aegilops speltoides* (genoma BB) inicialmente forma uma espécie tetraplóide (AABB), e com a ocorrência de um evento posterior cruzou-se de forma espontânea com a espécie *Aegilops tauschii* (genoma DD), duplicando o número de cromossomos também de forma espontânea, assim teve origem o trigo domesticado que cultivamos hoje ($2n=6x=42$) (DONG et al., 2012).

Segundo estudos, a inflorescência do trigo é uma espiga, composta, dística, constituída por espiguetas alternadas e opostas na raquis (BORÉM; SCHEEREN, 2015). O enchimento dos grãos de trigo começa nas espiguetas centrais e prospera para as espiguetas basais e distais da inflorescência (SILVA et al., 2005). O trigo é uma planta autógama, possui flores hermafroditas, ocorrendo a cleistogamia, que é a polinização e fecundação do estigma antes da abertura das flores (ALLARD, 1971).

O trigo é uma cultura de ciclo anual, podendo variar de 90 a 180 dias, conforme o ambiente e o genótipo. As plantas de trigo possuem, cerca de 5 a 6 folhas finais, a qual corresponde ao número de nós, mas pode ocorrer variações de 3 a 8 folhas. Tamanho, número, forma, posição, cerosidade são características das folhas da cultura, e possuem

grande importância para a produtividade de grãos e para a caracterização e distinção das cultivares de trigo (BORÉM; SCHEEREN, 2015).

As plantas de trigo possuem hábito de crescimento cespitoso, os genótipos possuem variação de altura de 0,30 a 1,50 metros. O sistema radicular é fasciculado podendo atingir dimensões de 0,30 a 0,40 metros. O caule é determinado como colmo, sendo composto por nós que são responsáveis pela inserção da folha e entrenós que são responsáveis pela elongação do colmo. A folha possui lâmina foliar linear com nervuras paralelinérveas, também possui a bainha, que se caracteriza como sendo uma estrutura alongada e aderida ao colmo. A folha também possui a lígula, que é membranosa e esbranquiçada e possui a aurícula, que tem dimensões de pequena a média, podendo haver a presença de pilosidade (FONTANELI; SANTOS; FONTANELI, 2012).

Segundo STRECK et al. (2003) o trigo possui dois períodos de desenvolvimento, vegetativo e reprodutivo, compreendendo da emergência das plântulas ao aparecimento da inflorescência, e posteriormente até a maturação fisiológica, respectivamente.

2.3 MELHORAMENTO DA CULTURA DO TRIGO

De acordo com Silveira et al. (2020), nas últimas décadas, houve estímulo aos avanços no aprimoramento genético das cultivares de trigo pela escassez do grão. Não podemos pensar apenas em materiais genéticos superiores, é importante considerar condições de cultivo, como Franceschi et al. (2009) enfatiza, é fundamental conhecer as diferentes condições climáticas, edáficas e de manejo, pois estas podem influenciar diretamente a produtividade e a qualidade de grãos.

Segundo Oliveira et al. (2011) deve-se priorizar o aumento na produtividade de grãos, a expansão da área cultivada e melhorias da qualidade do trigo nacional, para nos tornarmos autossuficientes em trigo.

Na busca pela alta produtividade, qualidade elevada de grão para panificação, alto teor de nutrientes, resistência a doenças, diferenciados ciclos, estatura de planta ou adaptação ao clima e ao solo, pesquisadores e agricultores já fizeram milhares de cruzamentos, sendo assim, chegamos a obter cerca de 30 mil variedades de trigo (ABITRIGO, 2013).

Para se ter maior eficácia nos programas de melhoramento, deve-se fazer a escolha do método apropriado de condução das populações segregantes (PIMENTEL et al.,

2013). Entre os métodos de seleção e condução de plantas no melhoramento genético do trigo, observa-se a maior utilização do método de seleção massal, populacional, genealógico e descendente de apenas uma semente “Single Seed Descent” (SSD). Segundo Borém e Miranda (2013), todos os métodos empregados nos programas de melhoramento são aplicados a partir da geração F2 de descendentes.

O método, SSD, “single seed descent”, permite a obtenção rápida de linhagens pela possibilidade do avanço de mais de uma geração por ano fora do ambiente de cultivo, isso sem haver a perda de alelos por seleção, já que a variabilidade original é mantida até que todos os indivíduos da população cheguem à homozigose. Esse método tem se mostrado eficiente principalmente para caracteres de baixa herdabilidade, desde que a população tenha uma base genética ampla e que seja mantida durante o avanço de gerações (ALLARD, 1971).

2.4 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE

Para uma cultivar de trigo ser promissora é importante que ela tenha um bom desempenho agrônômico, portanto, é interessante que os melhoristas identifiquem genótipos que possuam estabilidade fenotípica perante distintas condições climáticas e ambientes, e mesmo assim possuam desempenho superior. Hoje se faz necessário o desenvolvimento de cultivares específicas para determinados ambientes, isso por termos a existência da interação entre genótipo e ambiente, portanto o que se busca é o desenvolver genótipos com comportamento estável, indiferente de ano de cultivo e local (RAMALHO et al., 1993).

Os objetivos básicos dos programas de melhoramento genético de qualquer espécie cultivada, são a seleção e a recomendação de genótipos mais produtivos (CARGNIN et al., 2006). Sendo assim, a análise de adaptabilidade e estabilidade possibilita o maior êxito na seleção de genótipos superiores, uma vez que os genótipos selecionados apresentam ampla adaptação aos diferentes ambientes de cultivo, ligado a previsibilidade de seu desempenho para os caracteres de interesse. Dessa forma, são realizados experimentos em que são avaliados diversos genótipos em uma série de ambientes, podendo estes serem locais ou anos de cultivo (OLIVOTO et al., 2019).

O fenótipo de um indivíduo é definido pelo efeito do genótipo (G) e do ambiente (E). Porém nem sempre esses dois efeitos são de natureza aditiva, o que demonstra que

há presença do efeito da interação genótipo e ambiente ($G \times E$). A interação $G \times E$ pode ser definida como a variação de desempenho de um genótipo em ambientes diferentes (SHARIFI et al., 2017).

De acordo com Cruz, Carneiro e Regazzi (2014), a existência de interação ($G \times E$), dependendo de sua natureza, sendo simples ou complexa, afeta diretamente no processo de seleção de genótipos superiores, tal como a recomendação de cultivares. Quando identificada a presença de interação, recomenda-se buscar atenuar o seu efeito e identificar os genótipos adaptados e estáveis possibilitando sua recomendação (MARQUES, 2010).

O termo adaptabilidade é determinado como sendo a capacidade dos genótipos de responderem à melhoria do ambiente, enquanto o termo estabilidade é definido como sendo a previsibilidade do comportamento do genótipo em diferentes ambientes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Atualmente, com o amplo acesso à computadores mais modernos, novos métodos foram desenvolvidos, sendo estes mais precisos e que permitem fácil interpretação da interação genótipos e ambientes. Dentre estes, podemos destacar os métodos Additive Main Effect and Multiplicative Interaction (AMMI), Genótipo mais Interação Genótipo - Ambiente (GGE) e Melhor Predição Linear Imparcial (BLUP) via máxima verossimilhança restrita (REML) ou análise de variância (SOUZA et al., 2021).

2.5 ANÁLISE GGE BIPLLOT

Em estudos de experimentos multi-ambientes (MET) é frequente a resposta diferencial dos genótipos em diferentes ambientes, sendo conhecido como interação genótipo e ambiente ($G \times E$), reduzindo a correlação entre os valores fenotípicos e genotípicos, por fim isso dificulta a seleção e a recomendação de genótipos adaptados e estáveis a determinados ambientes (CAMARGO-BUITRAGO; INTIRE; GORDÓN-MENDOZA, 2011; GAUCH, 2013).

Os principais objetivos de ensaios multi-ambientes (METs) no melhoramento são: (I) estudo de $G \times E$, (II) avaliar a adaptabilidade e estabilidade genotípica, (III) estabelecer relações entre os testes de ambientes, entre os genótipos, e entre genótipos e ambientes (ou locais) simultaneamente, e (IV) fazer previsões do valor da reprodução de genótipos que vai permitir fazer uma seleção precisa dos pais para o próximo ciclo de reprodução.

A presença da interação $G \times E$ complica este processo, resultando normalmente em respostas inconsistentes de alguns genótipos em relação a outros (ARAÚJO et al., 2012; GAUCH, 2013).

Hoje temos dois principais modelos para análise da interação $G \times E$, o modelo AMMI (GAUCH, 1992), é um método estatístico para compreender a estrutura de interações entre genótipos e ambientes e o modelo GGE biplot, proposto por Yan et al. (2000), no qual considera o efeito principal de genótipo mais a interação genótipo e ambiente.

A diferença entre o modelo AMMI e GGE, está na etapa inicial da análise, onde o modelo GGE analisa diretamente o efeito de $G+G \times E$, e já o modelo AMMI separa G da $G \times E$, porém, essa separação não é capaz de conferir superioridade à análise AMMI (GAUCH, 2006; YAN et al., 2007).

Quando comparadas as metodologias AMMI e GGE Biplot na formação de mega-ambientes, Camargo-Buitrago, Intire e Gordón-Mendoza (2011), relataram 95,2% de coincidência nos resultados entre as metodologias. Portanto o modelo GGE biplot é mais indicado para a identificação de mega-ambientes, seleção de ambientes representativos e discriminativos e indicação de cultivares mais adaptadas e estáveis a ambientes específicos (GAUCH; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008; YAN, 2011).

3. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido nos anos agrícolas de 2019, 2020 e 2021, na área experimental da Universidade Federal de Santa Maria *Campus* Frederico Westphalen, localizada nas coordenadas 27°23'50" S, 53°25'34" W, e com uma altitude de aproximadamente 480 metros. O solo do local é caracterizado como Latossolo Vermelho Distrófico (SANTOS et al., 2006). O clima é classificado como subtropical úmido (Cfa) de acordo com Köppen, com precipitação média anual elevada, em torno de 1.800 e 2.100 mm bem distribuídos ao longo do ano (ALVARES et al., 2013).

Foram avaliados 12 tratamentos, sendo 10 linhagens de trigo desenvolvidas pelo Grupo de Pesquisa em Melhoramento de Plantas (GPMP): UFSMFW1 01, UFSMFW1 02, UFSMFW1 03, UFSMFW1 04, UFSMFW1 05, UFSMFW1 06, UFSMFW1 07, UFSMFW1 08, UFSMFW1 09 e UFSMFW1 10 e duas cultivares testemunhas: Quartzo e Tbio Toruk.

O delineamento utilizado na condução dos experimentos foi o de blocos ao acaso, com três repetições. Cada unidade experimental foi composta de 6 linhas de 4 metros de comprimento e espaçadas em 0,17 m. Os experimentos foram implantados por meio do sistema de semeadura direta nos dias 05/06/2019, 29/05/2020 e 24/05/2021, com densidade de sementes de 330 sementes aptas por m².

A adubação de base foi realizada com N-P₂O₅-K₂O da formulação 09-25-15, seguindo análise de solo e a adubação nitrogenada foi complementada em cobertura, parcelada 50% no estágio fisiológico de duplo-anel e 50% em espiguetas terminal, conforme recomendação para a cultura. O manejo fitossanitário para controle de pragas e doenças foi realizado de forma preventiva (RCBPP, 2018). Por ocasião da maturação, foram colhidos 3 metros das 4 linhas centrais de cada unidade experimental, as plantas foram trilhadas e obtidas a massa de grãos por unidade experimental e a umidade dos grãos, determinando assim a produtividade de grãos (PDG) em kg ha⁻¹.

Os dados meteorológicos foram coletados da estação automática de Frederico Westphalen/RS (A854), os dados são referentes a precipitação total quinzenal, dos meses de maio, junho, julho, agosto, setembro e outubro, dos três anos de cultivo (2019, 2020 e 2021), período de condução dos experimentos, estes dados foram apresentados em gráficos.

Procurando identificar a presença de interação entre os ambientes e os genótipos para as características estudadas, a partir do delineamento experimental utilizado foi

realizada a análise de variância (ANOVA) conjunta e o teste F ($p < 0,05$), utilizando o modelo estatístico abaixo, considerando dados balanceados.

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

onde Y_{ijk} é a observação obtida na parcela com i -ésimo genótipo no k -ésimo bloco, μ é a média geral do ensaio, G_i o efeito do i -ésimo genótipo considerado fixo, A_j o efeito do j -ésimo ambiente considerado fixo, GA_{ij} o efeito da interação do i -ésimo genótipo com o j -ésimo ambiente, B/A_{jk} efeito do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente, considerado aleatório e ε_{ijk} o efeito do erro aleatório.

Existindo a presença da interação entre genótipos e ambientes, realizou-se a análise GGE para identificar os melhores genótipos, genótipos ideais, os quais são mais adaptados e estáveis, e identificar o desempenho dos genótipos em cada ambiente e assim poder selecionar o melhor ambiente para cada genótipo. A análise GGE foi procedida seguindo o modelo estatístico:

$$\phi_{ij} = \hat{Y}_{ij} - \mu - \beta_j = \sum_{k=1}^p \xi_{ik}^* \eta_{jk}^*$$

onde ϕ_{ij} é o efeito de interação entre genótipo i e o ambiente j ; \hat{Y}_{ij} é a produtividade de grãos média do genótipo i no ambiente j ; μ é a média geral; β_j é o efeito principal do ambiente j ; $\xi_{ik}^* = \lambda_k^\alpha \xi_{ik}$; $\eta_{jk}^* = \lambda_k^{\alpha-1} \eta_{jk}$ sendo λ_k o k -ésimo autovalor da *Singular Value Decomposition* (SVD) ($k = 1, \dots, p$), com $p \leq \min(e, g)$; α é o fator de partição do valor singular para o Componente Principal (PC) k (YAN, 2002). ξ_{ik}^* e η_{jk}^* são os escores do PC k para o genótipo i e ambiente j , respectivamente.

Nas figuras geradas, a notação *Scaling* = 1 (SD), indica que os valores são divididos pelo desvio padrão de cada ambiente, conferindo a cada ambiente importância similar. A notação *Centering* refere-se ao modelo utilizado, em que *Centering* = 2 indica que contém o efeito de GGE (genótipo + interação genótipo e ambiente). O *Singular Value Partitioning* (SVP), sendo SVP = 1, com foco no desempenho genotípico, utilizado para a análise dos genótipos ideais, o SVP = 2, com foco no ambiente, utilizado para as inferências de ambiente e o SVP = 3, com foco na interação genótipo e ambiente (YAN et al., 2000).

Para a manipulação dos dados, gerar a análise de variância e análise GGE biplot foi utilizado o software R, versão 4.0.2 (R CORE TEAM, 2020), utilizando o pacote “Metan” (OLIVOTO e LÚCIO, 2020).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. ANÁLISE DE VARIÂNCIA CONJUNTA

A análise de variância conjunta foi significativa para os efeitos de ambiente, genótipos e da interação entre genótipos e ambientes (G×E) (Tabela 1) para a produtividade de grãos (PDG). Esse resultado demonstra que há uma variação na resposta dos genótipos testados durante os 3 anos de cultivo. A presença de G×E possibilitou a aplicação da análise GGE e sugere a possibilidade da existência de mega-ambientes com diferentes genótipos vencedores (YAN; KANG, 2003).

Tabela 1 - Resumo da análise de variância para a característica produtividade de grãos (PDG, kg ha⁻¹) de 12 genótipos de trigo conduzidos em Frederico Westphalen/RS, nos anos de 2019, 2020 e 2021.

Fontes de variação	GL	Análise Conjunta QM
Bloco/Ambientes	6	67.468,78
Ambientes (A)	2	9.668.505,48*
Genótipos (G)	11	473.302,13*
G×E	22	177.628,93*
Erro	66	41.488,77
Total	107	
Média (kg ha ⁻¹)		3.884,73
CV (%)		5,24
S (%)		24,32
C (%)		75,68
Ambientes	CV (%)	Média (kg ha ⁻¹)
2019	4,92	3.927,41
2020	6,46	3.346,47
2021	4,58	4.380,31

GL: graus de liberdade; QM: quadrados Médios; Componentes simples (S) e complexo (C) da G×E.
*Significativo a 5% de probabilidade de erro.

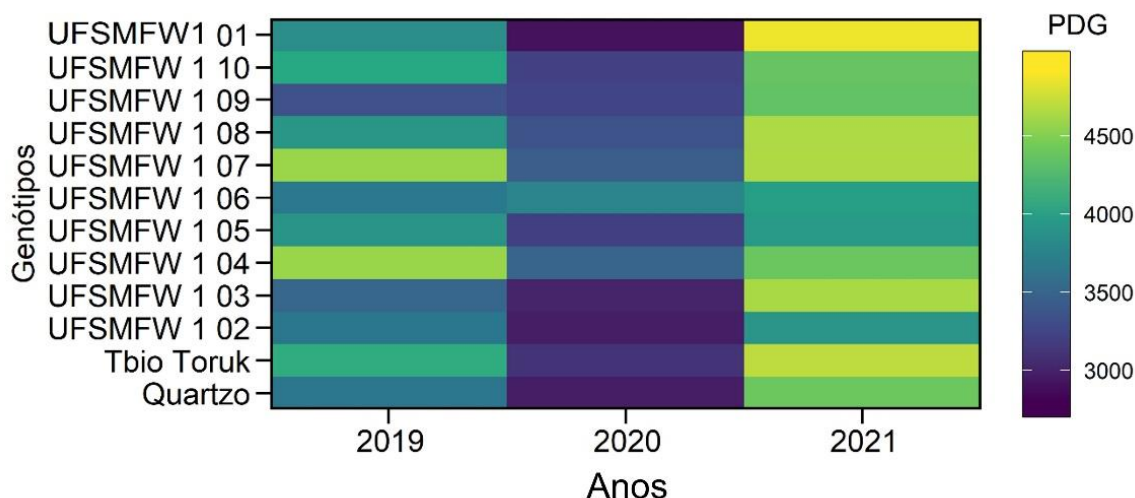
4.2. INTERAÇÃO GENÓTIPOS E AMBIENTES

Para uma nova cultivar ter sucesso no mercado ela depende do seu desempenho agrônomico e da interação com o ambiente de cultivo (NORNBERG et al., 2014). A presença de interação entre os genótipos e ambientes dificulta a seleção e recomendação

de cultivares (SILVA et al., 2011). Neste sentido, é necessário realizar avaliações mais precisas, a fim de identificar genótipos mais adaptados (SILVA et al., 2015).

A oscilação da resposta dos genótipos para os anos de cultivo pode ser observada de forma geral na Figura 1. As maiores produtividades de grãos foram obtidas no ano de 2021 e 2019, respectivamente (Tabela 1). O ano de 2021 foi o mais favorável para a produtividade de grãos, apresentando as maiores médias, superiores à média geral dos anos. Por outro lado, o ano de 2019 foi um ano intermediário entre os três anos de teste, mesmo assim apresentou médias de produtividade de grãos superior a média geral. Já o ano de 2020 foi o menos favorável para a produtividade de grãos, apresentou médias inferiores à média geral.

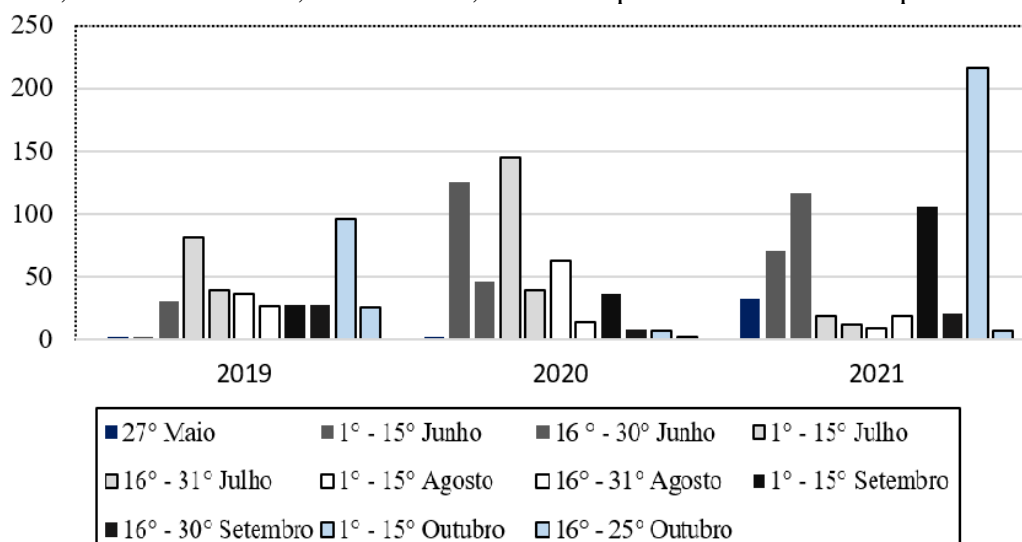
Figura 1 - Visão geral da G×E para produtividade de grãos (PDG, kg ha⁻¹) de 12 genótipos de trigo cultivados nos anos de 2019, 2020 e 2021.



O baixo volume de precipitação acumulada para o período compreendendo a segunda quinzena de agosto até a segunda quinzena de outubro no ano de 2020 (Figura 2), acabou prejudicando o enchimento de grãos. No ano de 2019, podemos notar que o período de desenvolvimento da cultura foi seco, sendo que na primeira quinzena de junho não ocorreu precipitação, afetando o estabelecimento da cultura. Já o ano de 2021, foi marcado por um período seco, seguido de outro muito chuvoso, condições extremas que prejudicaram o desenvolvimento dos genótipos. Segundo Oteros et. al., (2015) a fenologia das plantas é influenciada pelo clima principalmente pela disponibilidade de água e temperatura do ar, quando estes fatores fogem do ótimo para a planta, eles podem ocasionar diferentes respostas fisiológicas, podendo alterar o ranqueamento dos genótipos vencedores.

No geral os genótipos UFSMFW apresentaram potencial de produtividade de grãos próximo das cultivares testemunhas (Figura 1). O genótipo UFSMFW1 01 foi destaque, apresentando a maior média para produtividade de grãos no ano de 2021, superando as cultivares testemunhas Tbio Toruk e Quartzo. Nesta safra ocorreu um período mais seco compreendendo na primeira quinzena de julho até a segunda quinzena de agosto, mas chuva que ocorreu na primeira quinzena de setembro, proporcionou um melhor enchimento de grãos e conseqüentemente uma maior produtividade de grãos na média geral dos genótipos.

Figura 2 - Precipitação quinzenal acumulada, compreendendo os meses de maio a outubro, dos anos de 2019, 2020 e 2021, no município de Frederico Westphalen/RS.



Já no ano de 2019 os melhores genótipos foram UFSMFW1 04 e UFSMFW1 07, também superando as cultivares testemunhas Tbio Toruk e Quartzo. O ano de 2020 teve condições climáticas bastante atípicas, foi o pior ano com relação ao desempenho dos genótipos, tendo destaque na produtividade de grãos o genótipo UFSMFW1 06, também com produtividade de grãos superior as cultivares testemunhas. O período de escassez hídrica a partir da segunda quinzena de julho de 2020 prejudicou o período reprodutivo e a maturação fisiológica, diminuindo a produtividade grãos (Figura 2).

No geral, se considerarmos os três anos de cultivo (2019, 2020 e 2021) ficou evidente o desempenho dos genótipos UFSMFW para produtividade de grãos, onde estes, na maioria dos casos, foram superiores as testemunhas (Figura 1). Embora com comportamentos distintos nos diferentes anos, alguns genótipos possuem maior

estabilidade produtiva em todos os anos enquanto outros não. Por exemplo, o genótipo UFSMFW1 01 foi altamente produtivo em 2021, mas em 2020 apresentou a pior produtividade de grãos, já o UFSMFW1 07 manteve uma certa estabilidade produtiva em todos os anos de condução dos ensaios.

Em estudos com a cultura do trigo, pesquisadores já vêm observando que o ambiente de cultivo é um fator importante na contribuição para a instabilidade de produtiva (SILVA et al., 2011) Neste estudo, cada ano de cultivo foi considerado um ambiente, assim que as técnicas da avaliação da G×E permitiram a identificação dos genótipos mais adaptados e estáveis para o município de Frederico Westphalen/RS. A recomendação destes genótipos para outros locais, para maior assertividade, demanda da condução de ensaios, visto que cada vez mais acreditamos que cada nova cultivar deva ser desenvolvida e testada em ambientes específicos de cultivo.

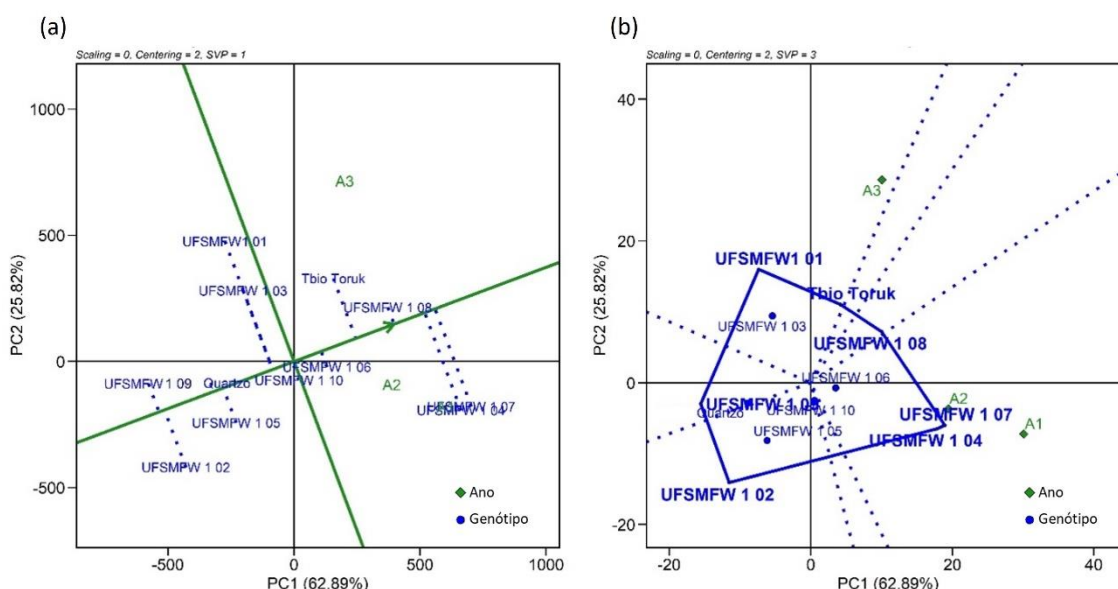
4.3. GGE BIPLLOT

A análise GGE revelou que os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) justificaram o total de 88,71% da variação total (PC1 62,89% e PC2 25,82%) para a característica produtividade de grãos (PDG). O primeiro componente principal (PC1) é representado no eixo X e os genótipos que possuem valores maiores de PC1 são considerados mais produtivos, enquanto o segundo componente principal (PC2) é representado no eixo Y e descreve a estabilidade do genótipo, quando mais próxima a projeção do genótipo estiver da origem (0) no eixo Y, significa que ele é mais estável (YAN et al., 2000).

Ao classificar os genótipos com base em seu desempenho em um determinado ambiente, uma linha reta traçada, com uma seta na ponta, passando pela origem do biplot é chamada de *Average Environment Coordination* (AEC) (YAN; KANG, 2003). Ao longo desta linha são classificados os genótipos. A seta mostrada no eixo da abcissa AEC aponta na direção de maior desempenho médio dos genótipos classificando os genótipos em relação ao desempenho médio (YAN et al., 2007). A linha perpendicular ao eixo AEC representa a variabilidade de desempenho em termos de estabilidade do genótipo, sendo que quanto maior a distância da origem maior a instabilidade do genótipo, em ambas as direções (YAN, 2011). Sendo assim, alguns genótipos se destacaram com as maiores produtividades de grãos, sendo eles UFSMFW1 07, UFSMFW1 04 e UFSMFW1 08

(Figura 3a). Quando analisada a estabilidade de produção desses genótipos, observa-se que o UFSMFW1 07 e UFSM1 04 se mostraram instáveis enquanto o UFSMFW1 08 se mostrou estável, levando a conclusão da adaptação a condições específicas de ambiente. Os genótipos UFSMFW1 08, e UFSMFW1 06, UFSMFW1 10 e Quartzo se mostraram os genótipos mais estáveis às variações ambientais nos 3 anos de cultivo.

Figura 3 - GGE biplot nos padrões desempenho médio vs. estabilidade (a) e quem-ganhou-onde (b) para produtividade de grãos (PDG, kg ha⁻¹) avaliadas em 12 genótipos de trigo cultivados nos anos de 2019 (A1), 2020 (A2) e 2021 (A3).



PC1: componente principal 1, PC2: Componente Principal 2, SVP: *Singular Value Partitioning*.

A visualização do padrão “quem-ganhou-onde” em análises multi-ambientes é importante para estudar a possível existência de diferentes mega-ambientes em uma região. Neste estudo, a existência de mega-ambientes pode indicar a semelhança entre os anos de cultivo. Um mega-ambiente é definido como sendo um grupo de ambientes que consistentemente compartilham de 1 ou mais genótipos iguais (YAN; RAJCAN, 2002). A melhor maneira de visualizar os padrões de interação entre genótipos e ambientes é através da visualização do polígono de um biplot. A Figura 3b mostra a formação de 7 setores diferentes para a produtividade de grãos (PDG). Os anos 2019 e 2020 foram agrupados no mesmo setor, revelando-se como um mega-ambiente que compartilham os genótipos UFSMFW1 04 e UFSM01 07 como os mais produtivos. Os genótipos dos vértices do polígono para cada setor são aqueles que apresentaram a maior produtividade

de grãos nos anos em que se enquadram em cada setor (FARSHADFAR et al., 2013). O ano 2021 ficou isolado em um setor e compreendeu 1 vértice, contendo o genótipo UFSMFW1 01, este sendo o mais produtivo neste ambiente.

O fato de 2021 ser alocado isolado dos demais pode ser explicado pelas maiores médias de produtividade de grãos (PDG) neste ambiente, enquanto em 2019 e 2020 as médias foram mais baixas (Tabela 1). Também, a semelhança entre os dois ambientes, como observado por Silva et al. (2021) em trigo, que pode ser explicada pelo fato de os testes terem sido realizados na mesma localização, apenas com variação entre os anos de avaliação. O efeito do ano é o fator mais importante na análise de vários anos, sendo que o alto desempenho ao longo dos anos é um atributo desejável em um genótipo (YAN, 2014).

Nos vértices onde não foram compreendidos nenhum ambiente, estão os genótipos que não tiveram desempenho produtivo satisfatório em todos os ambientes pelo método GGE biplot. Um genótipo para poder ser considerado como ideal, ele deve apresentar alto desempenho produtivo associado a alta estabilidade (SILVA et al., 2021). Na análise GGE biplot, este “genótipo ideal” é definido pelo vetor de maior comprimento no PC1 (produtividade), sem projeções em PC2 (instabilidade), o que significa estar mais próximo do menor círculo concêntrico central (SILVA et al., 2015). Então, observando os círculos concêntricos ao longo da ponta de seta, podemos classificar as linhas de acordo com a inclusão nos círculos e a distância da ponta da seta.

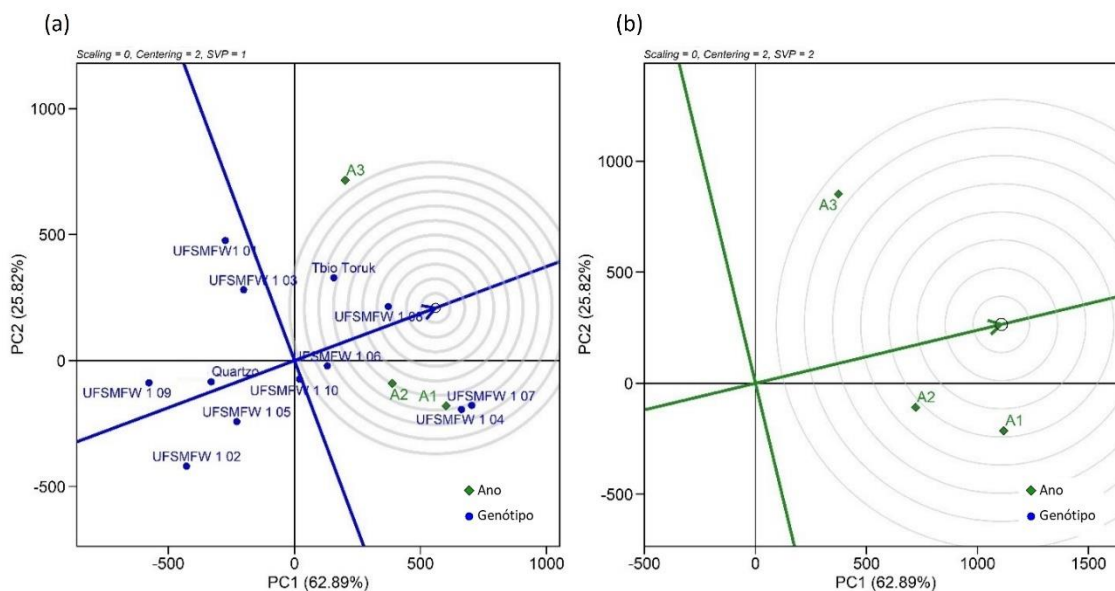
O ranqueamento dos genótipos evidenciou que não houve um genótipo ideal (Figura 4a). Embora este genótipo seja apenas simbólico, serve de referência para avaliar outros genótipos (OLIVEIRA et al., 2019). No entanto, podemos dizer que o genótipo que mais se aproximou do ideal foi o UFSMFW1 08, podendo ser utilizado como referência na comparação dos genótipos. A classificação geral dos genótipos no biplot foi a seguinte: UFSMFW1 08 > UFSMFW1 07 > UFSMFW1 04 > Tbio Toruk > UFSMFW1 06 > UFSMFW1 10 > UFSMFW1 03 > UFSMFW1 01 > UFSMFW1 05 > Quartzo > UFSMFW1 02 > UFSMFW1 09.

O ranqueamento de ambientes pode ser observado na Figura 4b, sendo que o ambiente ideal é representado pelo círculo na ponta da seta. O ano mais próximo do ideal é 2019 e os anos 2020 e 2021, se mostraram mais distantes do ambiente ideal.

Ambientes que sejam distintos são fundamentais em um programa de melhoramento para ocorrer a detecção e seleção de genótipos estáveis e adaptados (ALLARD; BRADSHAW, 1964). O biplot do padrão “discriminante x representativo”

tem o objetivo de avaliar um ambiente de teste e identificar, neste caso os anos de cultivo (ambientes), ideais para selecionar genótipos superiores de forma eficiente para um mega-ambiente. Um ambiente de teste ideal deve discriminar os melhores genótipos e ser representativo de todos os ambientes de teste (MUSHAY et al., 2020).

Figura 4 - GGE biplot representando os genótipos (a) e ambientes (b) ideais para a produtividade de grãos (PDG, kg ha⁻¹) avaliadas em 12 genótipos de trigo cultivados nos anos de 2019 (A1), 2020 (A2) e 2021 (A3).



PC1: componente principal 1, PC2: Componente Principal 2, SVP: *Singular Value Partitioning*.

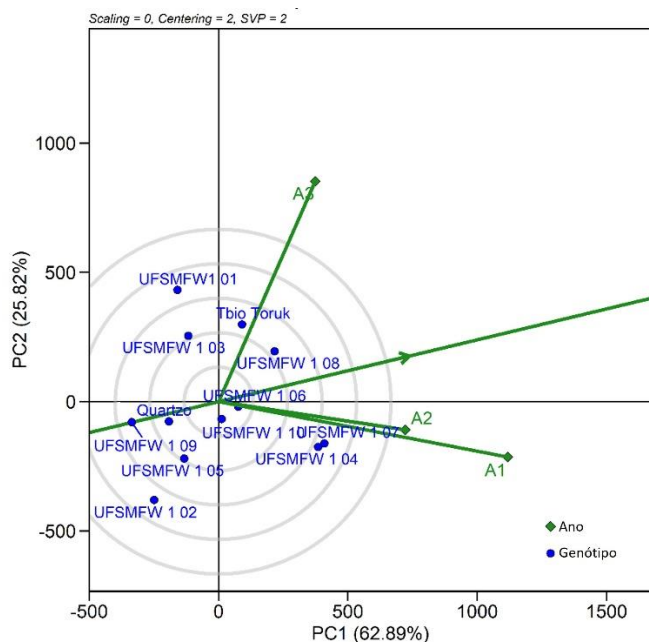
Quanto maior for o comprimento do vetor de um local de teste, maior é a sua capacidade de discriminar os genótipos (YAN; TINKER, 2006). Assim podemos perceber que para a produtividade de grãos (Figura 5), o ano de 2019 e 2021 foram os mais discriminantes, apresentando o vetor mais longo, superior ao dos genótipos, permitindo diferenciar o comportamento dos genótipos. Anos com vetores curtos são menos discriminantes, significando que todos os genótipos apresentam comportamento semelhante, sendo assim, não devem ser utilizados como ano de teste (HONGYU et al., 2015).

Outro ponto que podemos observar nesse padrão de biplot é a representatividade dos ambientes, ou seja, neste caso, quais os anos que representam os demais. Nessa análise, quanto menor o ângulo do vetor de local em relação ao eixo de seta única que representa a coordenada do ambiente médio, maior é a representatividade deste local em relação ao conjunto de locais avaliados. Na figura 5 observa-se que o ano de 2020 foi o

mais representativo, representando a média de todos os anos. Os demais anos podem ser considerados discriminantes e não representativos, servindo para seleção de genótipos com adaptação específica em mega-ambientes.

Os ambientes discriminantes e representativos são eficientes para a seleção de cultivares com adaptação ampla, enquanto ambientes discriminantes, mas não representativos, podem ser úteis para descartar genótipos instáveis (SILVA et al., 2015).

Figura 5 - GGE biplot representando ambientes discriminativos e representativos para a produtividade de grãos (PDG, kg ha⁻¹) avaliadas em 12 genótipos de trigo cultivados nos anos de 2019 (A1), 2020 (A2) e 2021 (A3).



PC1: componente principal 1, PC2: Componente Principal 2, SVP: *Singular Value Partitioning*.

5. CONCLUSÕES

A produtividade de grãos dos genótipos de trigo foi altamente influenciada pelas condições climáticas ao longo dos três anos de cultivo.

Os genótipos UFSMFW1 07 e USFMFW1 04 foram os mais produtivos a ambientes específicos e o melhor desempenho em termos de estabilidade e produtividade de grãos foi do genótipo UFSMFW1 08.

Os anos de 2019 e 2020 foram similares, formando um mega-ambiente e os anos de 2019 e 2021 permitiram uma melhor discriminação de genótipos, enquanto 2020 foi o ano mais representativo.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABITRIGO - Associação Brasileira da Indústria do Trigo. 2013. **O que é o trigo**. Disponível em: <http://www.abitrigo.com.br>. Acessado em: 15/06/2022.

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher Ltda, 1971. 381p.

ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of Genotype-Environmental Interactions in Applied Plant Breeding. **Crop Science**, v.4, n.5, p.503-508, 1964.

ALVARES, A.C.; STAPE, J.; SENTELHAS, P.; GONÇALVES, J.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v.22, p.711-728, 2013.

ARAÚJO, M.F.C.; ARAÚJO, L.B.; FARIA, P.N.; DIAS, C.T.S. Statistical test for genotype and environment contribution in the genotypes x environments interaction matrix. **Interciencia**, Caracas, v.37, n.7, p.515-519, 2012.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. **Melhoramento de plantas**. 6. Editora UFV: Viçosa, 2013. 527p.

BORÉM, A.; SCHEEREN, P.L. **Trigo do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015. 260p.

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

CAMARGO, C.E.O.; FERREIRA-FILHO, A.W.P.; SALOMON, M.V. Temperature and pH of the nutrient solution on wheat primary root growth. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.61, n.3, p.313-318, 2004.

CAMARGO-BUITRAGO, I.; INTIRE, E.Q.M.; GORDÓN-MENDOZA, R. Identificación de mega-ambientes para potenciar el uso de genótipos superiores de arroz em Panamá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.9, p.1601-1069, 2011.

CARGNIN, A.; SOUZA, M.A.; CARNEIRO, P.C.S.; SOFIATTI, V. Interação entre genótipos e ambientes e implicações em ganhos de seleção em trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.6, p. 987-993, 2006.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Trigo 2020**. 2020. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso: 10/06/2022.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Trigo 2022**. 2022. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso: 15/06/2022.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 5ed. Viçosa: UFV, 2014. 514p.

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

- DEDECCA, D.M.; PURCHIO, M.J. Variedades agrícolas de trigo (*Triticum aestivum* L.), **Bragantia**, Campinas, v.12, n.3, p.19-53, 1952.
- DONG, L.; HUO, N.; WANG, Y.; DEAL, K.; LUO, M.C.; WANG, D.; ANDERSON, O.D.; GU, Y.Q. Exploring the diploid wheat ancestral A genome through sequence comparison at the high-molecular-weight glutenin locus region. **Molecular Genetics Genomics**, v.287, n.11-12, p.855-866, 2012.
- FARSHADFAR, E.; RASHIDI, M.; JOWKAR, M. M.; ZALI, H. GGE Biplot analysis of genotype \times environment interaction in chickpea genotypes. **European Journal of Experimental Biology**, v.3, n.1, p.417-423, 2013.
- FAYEUN, L. S.; ALAKE, G. C.; AKINLOLU, A. O. GGE biplot analysis of fluted pumpkin (*Telfairia occidentalis*) landraces evaluated for marketable leaf yield in Southwest Nigeria. **Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences**, v.17, n.4, p.416-423, 2018.
- FONTANELI, R.S.; SANTOS, H.P.; FONTANELI, R.S. **Forrageiras para Integração lavoura-pecuária-floresta na Região Sul**. 2ed. Brasília: Embrapa Brasília, 2012. 544p.
- FRANCESCHI, L.D., BENIN, G., GUARIENTI, E., MARCHIORO, V.S., MARTIN, T.N. Fatores pré-colheita que afetam a qualidade tecnológica de trigo. **Ciência Rural**, v.39, n.5, p.1625-1632. 2009.
- GAUCH, H.G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. Amsterdam: Elsevier, 1992. p.242-244
- GAUCH, H.G. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, v.46, n.4, p.1488-1500, 2006.
- GAUCH, H.G.; PIEPHO, H.P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. **Crop Science**, v.48, n.3, p.866-889, 2008.
- GAUCH, H.G. A Simple Protocol for AMMI Analysis of Yield Trials. **Crop Science**, v.53, n.5, p.1860-1869, 2013.
- HONGYU, K.; SILVA, F.L.; OLIVEIRA, A.C.S.; SARTI, D.A.; ARAUJO, L.B.; DIAS, C.T.S. Comparação entre os modelos AMMI e GGE Biplot para os dados de ensaios multi-ambientais. **Revista Brasileira de Biomassa**, v.33, n.2, p.139 -155, 2015.
- MARQUES, M.C. **Adaptabilidade, estabilidade e diversidade genética de cultivares de soja em três épocas de semeadura, em Uberlândia - MG**. 2010. 84f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- MUSHAYI, M.; SHIMELIS, H.; DERERA, J.; SHAYANOWAKO, A.I.T.; MATHEW, I. Multi-environmental evaluation of maize hybrids developed from tropical and temperate lines. **Euphytica**, v.216, n.84, p.1-14, 2020.
- NOERWIJATI, N.; TARYONO, N.; PRAJITNO, D. Fresh Tuber Yield Stability Analysis of Fifteen Cassava Genotypes Across Five Environments in East Java (Indonesia) Using GGE Biplot. **Energy Procedia**, v.47, p.156-165, 2014.

NORNBERG, R.; RIBEIRO, G.; SILVEIRA, G.; LUCHE, H.S.; BARETTA, D.; TESSMANN, E.W.; WOYANN, L.G.; OLIVEIRA, A.C. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de aveia branca. **Revista Acadêmica: Ciências Agrárias e Ambientais**, v.12, p.181-190, 2014.

OLIVEIRA, D. M.; SOUZA, M. A.; ROCHA, V. S.; ASSIS, J. C. Desempenho de genitores e populações segregantes de trigo sob estresse de calor. **Bragantia**, v.70, n.1, p.25-32, 2011.

OLIVEIRA, T.R.A.; CARVALHO, H.W.L.C.; OLIVEIRA, G.U.F.; COSTA, E.F.N.; GRAVINA, G.A.; SANTOS, R.D.; CARVALHO FILHO, J.L.S. Hybrid maize selection through GGE biplot analysis. **Bragantia**, v.78, n.2, p.166-174, 2019.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D. Metan: na R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v.11, n.6, p.783-789, 2020.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D.C.; SILVA, J.A.G.; SARI, B.G.; DIEL, M.I. Mean Performance and Stability in Multi-Environment Trials II: Selection Based on Multiple Traits. **Agronomy Journal**, v.3, n.111, p.2961-2969, 2019.

OTEROS, J.; GARCÍA-MOZO, H.; BOTEY, R.; MESTRE, A.; GALÁN, C. Variations in cereal crop phenology in Spain over the last twenty-six years (1986–2012). **Climatic Change**, Dordrecht, v. 130, p. 545-558, 2015.

PIMENTEL, A.J.B.; RIBEIRO, G.; SOUZA, M.A.D.; MOURA, L.M.; ASSIS, J.C.D.; MACHADO, J.C. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. **Bragantia**, v.72, n.2, p.113-121, 2013.

R CORE TEAM (2020). **R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing**. Vienna. Disponível em: <https://www.R-project.org>. Acesso: 10/05/2022.

RAMALHO, M.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora UFG, 1993. 271p.

RCBPP - Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale. **Informações técnicas para trigo e triticale - safra 2019**. Brasília: Embrapa, 2018. 240p.

ROOZEBOOM, K.L.; SCHAPAUGH, W.T.; TUINSTRA, M.R.; VANDERLIP, R.L.; MILLIKEN, G.A. Testing wheat in variable environments: genotype, environment, interaction effects, and grouping test locations. **Crop Science**, v.48, p.317-330, 2008.

SANTOS, H.G.; JACOMINE, P.K.T.; ANJOS, L.H.C.; OLIVEIRA, V.A.; OLIVEIRA, J.B.; COELHO, M.R.; LUMBRERAS, J.F.; CUNHA, T.J.F. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Embrapa. 2ed. Rio de Janeiro: EMBRAPA, 2006. 306p.

SHARIFI, P.; AMINPANAH, H.; ERFANI, R.; MOHADDESI, A.; ABBASIAN, A. Evaluation of genotype× environment interaction in rice based on AMMI model in Iran. **Rice Science**, v.24, n.3, p.173-180, 2017.

SILVA, C.L.; BORNHOFEN, E.; TODESCHINI, M.H.; MILIOLI, A.S.; TREVISAN, D.M.; BENIN, G. Seleção de genótipos de trigo para rendimento de grãos e qualidade de panificação em ensaios multiambientais. **Revista Ceres**, v.62, n.4, p.360-371, 2015.

SILVA, C.M.; MEZZOMO, H.C.; CASAGRANDE, C.R.; LIMA, W.L.; OLIVOTO, T.; NARDINO, M. Selection of tropical wheat lines based on classical and modern parameters of adaptability and stability. **Bulgarian Journal of Agricultural Science**, v.27, n.5, p.933-941, 2021.

SILVA, J.A.G.; ARENHARDT, E.G.; KRÜGERS, C.A.M.B.; LUCCHESI, O.A.; METZ, M.; MAROLLI, A.A expressão dos componentes de produtividade do trigo pela classe tecnológica e aproveitamento do nitrogênio. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.19, n.1, p.27-33, 2015.

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

SILVA, S.A.; CARVALHO, F.I.F.D.; NEDEL, J.L.; CRUZ, P.J.; SILVA, J.A.G.D.; CAETANO, V.D.R.; HARTWIG, I.; SOUSA, C.D.S. Análise de trilha para os componentes de rendimento de grãos em trigo. **Bragantia**, v. 64, p. 191-196, 2005.

SILVEIRA, M.M.; DITTGEN, C.L.; BATISTA, C.S.; BIDUSKI, B.; GUTKOSKI, L.C.; VANIER, N.L. Discrimination of the quality of Brazilian wheat genotypes and their use as whole-grains in human nutrition. **Food Chemistry**, v.312, artg.126074, 2019.

SLAGEREN, M.W.V. Trigos silvestres: una monografía de *Aegilops* L. y *Amblyopyrum* (Jaub. & Spach) Elg (Poaceae). Wageningen: **Universidad de Wageningen**, 1994. 513 p.

SOUSA, C.N.A.; GOMES, E.P.; MOREIRA, J.C.S.; SARTORI, J.F.; DEL DUCA, L.J.A.; SCHEEREN, P.L.; SILVA, S.A.; LINHARES, W.I. Criação de cultivares de trigo no Centro Nacional de Pesquisa de Trigo - Período de 1986 a 1990. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.33, p. 553-563, 1998.

SOUZA, R.; TOEBE, M.; MARCHIORO, V.S.; CARGNELUTTI FILHO, A.; MELLO, A.; MANFIO, G.; SOLDATELI, F.; SOARES, F.; MARTINS, V.; JUNGUES, D. Soybean grain yield in highland and lowland cultivation systems: A genotype by environment interaction approach. **Annals of Applied Biology**, v.179, p.302-318., 2021.

STRECK, N.A.; WEISS, A.; XUE, Q.; BAENZIGER, P.S. Incorporating a chronology response into the prediction of leaf appearance rate in winter wheat, **Annals of Botany**, v.92, n.2, p.181-190, 2003.

VALÉRIO, I.P.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; MAIA, L.C.; SILVA, J.G.S.; SCHMIDT, D.M.; SILVEIRA, G. Fatores relacionados à produção e desenvolvimento de afilhos em trigo. **Semina: Ciências Agrárias**, v.30, n.1, p.1207-1218, 2009.

WANG, J.; MAO, H.; ZHAO, H.; HUANG, D.; WANG, Z. Different increases in maize and wheat grain zinc concentrations caused by soil and foliar applications of zinc in Loess Plateau, **Field Crops Research**, v.135, p.89-96, 2012.

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

YAN, W. Crop variety trials: data management and analysis. Chichester: John Wiley & Sons, 2014.

YAN, W. GGE Biplot vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis. **Journal of the India Society of Agricultural Statistics**, v.65, n.2, p.181-193, 2011.

YAN, W. Singular-Value Partitioning in Biplot Analysis of Multienvironment Trial Data. **Agronomy Journal**, v. 94, n. 5, 990–996, 2002.

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

YAN, W.; KANG, M.S. **GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists**. 1ed. 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, n.2, p.643-653, 2007.

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

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