

**UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

ELESANDRO BORNHOFEN

**AVALIAÇÃO DOS EFEITOS GENÉTICOS E AMBIENTAIS NA
EVOLUÇÃO DO RENDIMENTO DE GRÃOS, QUALIDADE DE
PANIFICAÇÃO E ESTABILIDADE DE TRIGO**

DISSERTAÇÃO

PATO BRANCO

2015

**UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

ELESANDRO BORNHOFEN

**AVALIAÇÃO DOS EFEITOS GENÉTICOS E AMBIENTAIS NA
EVOLUÇÃO DO RENDIMENTO DE GRÃOS, QUALIDADE DE
PANIFICAÇÃO E ESTABILIDADE DE TRIGO**

DISSERTAÇÃO

PATO BRANCO

2015

ELESANDRO BORNHOFEN

**AVALIAÇÃO DOS EFEITOS GENÉTICOS E AMBIENTAIS NA
EVOLUÇÃO DO RENDIMENTO DE GRÃOS, QUALIDADE DE
PANIFICAÇÃO E ESTABILIDADE DE TRIGO**

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

Orientador: Prof. Dr. Giovani Benin
Co-Orientador: Prof. Dr. Lindolfo Storck

PATO BRANCO

2015

B736a

Bornhofen, Elesandro

Avaliação dos efeitos genéticos e ambientais na evolução do rendimento de grãos, qualidade de panificação e estabilidade de trigo / Elesandro Bornhofen.

-- 2015

90 f. : il. ; 30 cm

Orientador: Prof. Dr. Giovani Benin

Co-orientador: Prof. Dr. Lindolfo Storck

Dissertação (Mestrado) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná.

Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Pato Branco, 2015.

Bibliografia: f. 77 – 87

1. *Triticum aestivum*. 2. Valor de cultivo e uso. 3. Melhoramento genético. I. Benin, Giovani, orient. II. Storck, Lindolfo, co-orient. III. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. IV. Título.

CDD (22. ed.) 630



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



TERMO DE APROVAÇÃO

Título da Dissertação n.º 109

Avaliação dos Efeitos Genéticos e Ambientais na evolução do Rendimento de Grãos, qualidade de panificação e estabilidade de trigo

por

Elesandro Bornhofen

Dissertação apresentada às oito horas e trinta minutos do dia dezessete de março do ano de dois mil e quinze, como requisito parcial para obtenção do título de MESTRE EM AGRONOMIA, Linha de Pesquisa – Sistemas de Produção Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Câmpus Pato Branco. O candidato foi arguido pela Banca Examinadora composta pelos professores abaixo assinados. Após deliberação, a Banca Examinadora considerou o trabalho APROVADO.

Banca examinadora:

Volmir Sérgio Marchioro
Coodetec – Cascavel/PR

Prof. Dr. Lindolfo Storck
UTFPR/PB

Prof. Dr. Carlos André Bahry
UTFPR/PB

Prof. Dr. Giovani Benin
UTFPR/PB
Orientador

Visto da Coordenação:

Prof. Dr. Giovani Benin
Coordenador do PPGAG

* “O Termo de Aprovação assinado encontra-se na Coordenação do PPGAG.”

Ao meus pais Ari e Ivanir Bornhofen
e aos meus avós,
pelo apoio incondicional e incentivo para a obtenção desse título.

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar, gostaria de agradecer a Deus por ter me concedido o privilégio de prosseguir e concluir com êxito o mestrado em produção vegetal.

A elaboração da presente dissertação somente foi possível após um extenso período de preparação, que teve início muito antes do ingresso na Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR). Foram anos de incansável esforço e dedicação que permitiram chegar até aqui. Não é possível citar nomes de todos os envolvidos nesse processo, porém ficam na lembrança. Inicialmente, agradeço a instituição de ensino UTFPR, direção, professores e demais funcionários pelo acolhimento, ensino e disponibilização de estrutura para o desenvolvimento de trabalhos científicos ao longo dos últimos sete anos.

Agradeço ao Prof. Dr. Giovani Benin pela valiosa orientação acadêmica prestada durante os dois anos de Pós-Graduação, sempre repassando conhecimentos e experiências. Ao co-orientador, Prof. Dr. Lindolfo Storck, pelo auxílio no desenvolvimento deste trabalho e de muitos outros, e ao prof. Dr. Carlos André Bahry. Também, estendo meus agradecimentos aos professores da Pós-Graduação e aos membros do colegiado, do qual fiz parte como representante dos discentes.

Agradeço também a Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola – Coodetec e, em especial, ao pesquisador Dr. Volmir Sergio Marchioro, melhorista de trigo nesta instituição, pela colaboração no desenvolvimento deste trabalho, tanto pela disponibilização dos dados da rede de ensaios, como pelo conhecimento compartilhado.

Agradeço aos colegas do grupo de pesquisa pela amizade, apoio, e contribuição nos trabalhos desenvolvidos, em especial cito: Matheus H. Todeschini, Diego M. Trevizan, Leomar G. Woyann, Ronaldo de Oliveira, Samuel C. Dalló, Luiz H. Sassi, Anderson S. Milioli, Thiago Duarte, e aos colegas que já deixaram a instituição, porém, contribuíram de alguma forma: Cristiano L. da Silva, Eduardo Beche Marcio A. Capelin e Eduardo S. Pagliosa.

Agradeço a minha namorada, Paloma Novais, pelo amor, carinho e atenção que vêm compartilhando comigo durante todo esse tempo que estamos juntos. Sem dúvida nenhuma têm participação especial em mais essa conquista.

Finalmente e mais importante, gostaria de expressar minha gratidão sincera aos meus pais Ari Bornhofen e Ivanir R. Bornhofen, minha irmã Ana C. Bornhofen, meus avós Pedrinho Bornhofen (*in memoriam*), Angelina P. Bornhofen, Paulino Rossani (*in memoriam*) e Santana Rossani pelo total apoio durante toda essa jornada e, simplesmente, por tudo mais.

A todos que participaram de alguma forma de minha formação humana e intelectual, meu muito obrigado.

Onde Todos pensam igual, ninguém pensa muito.

Walter Lippmann

Não há algo maior que você possa fazer com a sua vida e seu trabalho do que seguir suas paixões – de uma forma que sirva ao mundo e a você.

Richard Branson

RESUMO

BORNHOFEN, Elesandro. Avaliação dos efeitos genéticos e ambientais na evolução do rendimento de grãos, qualidade de panificação e estabilidade de trigo. 90 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco, 2015.

Estudos investigando cultivares históricas de trigo estão amplamente disponíveis e revelam ganhos anuais significativos no rendimento de grãos (RG) em inúmeros países produtores, enquanto alguns relatam recente decréscimo no progresso genético. Nesse sentido, a avaliação dos ganhos inerentes aos programas de melhoramento surge como uma ferramenta de medida de eficiência e pode auxiliar na definição de estratégias futuras. Assim, o primeiro estudo desta dissertação objetivou mensurar o progresso genético para o RG obtido no programa de melhoramento de trigo da Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (Coodetec) através da avaliação anual de linhagens em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU). Foram utilizados dados de 836 experimentos, conduzidos 40 locais, no período de 2004 a 2013. Cada ensaio foi composto por 25 tratamentos (genótipos), incluindo linhagens e cultivares testemunhas, conduzidos em três repetições, em delineamento de blocos completos ao acaso. A análise REML/BLUP foi utilizada para obtenção dos valores genotípicos, os quais foram empregados na estimação do progresso genético por método semelhante ao descrito por Vencovsky et al. (1986). O progresso genético global do programa de melhoramento foi de $61,59 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ ($1,68\% \text{ ano}^{-1}$), porém, foi parcialmente contrabalanceado por efeitos negativos de ambiente ($-22,19 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$; $-0,58\% \text{ ano}^{-1}$). O progresso genético por região de VCU oscilou entre $31,38 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ (VCU 4) e $115,33 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ (VCU 1). Em cultivares comerciais lançadas entre 1998 e 2014, foi obtido progresso genético de $1\% \text{ ano}^{-1}$. O segundo estudo objetivou a avaliação do mesmo programa de melhoramento, porém, quanto a caracteres determinantes da qualidade industrial de trigo. Foram utilizados dados de dois locais do estado do Paraná (Cascavel e Palotina). A série histórica estudada compreendeu 8 anos (2005 a 2012) e 458 genótipos, incluindo linhagens e cultivares testemunhas. Foram utilizados os seguintes caracteres no estudo: força de glúten (W), tenacidade (P), extensibilidade (L) e número de queda (NQ). Foi observada a tendência de desequilíbrio na relação P/L , em decorrência de o ganho genético em P ser positivo ($2,11\% \text{ ano}^{-1}$) e L negativo ($-0,93\% \text{ ano}^{-1}$). O progresso genético foi de $1,30\% \text{ ano}^{-1}$ em W , refletindo os esforços do programa de melhoramento no incremento da qualidade industrial. O terceiro estudo objetivou a comparação de métodos de avaliação da estabilidade e adaptabilidade em trigo, com vistas a obtenção de metodologias essenciais. Foram utilizados dados de RG de 22 genótipos de trigo avaliados em três locais (Guarapuava, Cascavel e Abelardo Luz), durante duas safras

agrícolas (2012 e 2013), totalizando seis ambientes. Em cada ensaio foi empregado o delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. Na avaliação da interação genótipo vs. ambiente (IGA), foram utilizadas metodologias baseadas em modelos mistos, análise de variância, regressão linear, análises multivariadas e não paramétricas. Na seleção de genótipos estáveis e de alto RG, é indicada a utilização do método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) baseado em modelos mistos, em associação com as análises gráficas GGE biplot, pela capacidade de inferir sobre ambientes, genótipos e suas relações.

Palavras-chave: *Triticum aestivum*. Melhoramento genético. Valor de cultivo e uso. Cultivares antigas e modernas. Ganho genético. Estabilidade.

ABSTRACT

BORNHOFEN, Elesandro. Evaluation of genetic and environmental effects on yield evolution, baking quality and stability of wheat. 90 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Federal University of Technology - Paraná. Pato Branco, 2015.

Studies investigating historical cultivars of wheat are widely available and show significant annual gains in grain yield (GY) by many producing countries, while some report recent decrease in genetic progress. In this sense, the evaluation of the gains inherent to breeding programs appears as a measurement tool of efficiency and can help define future strategies. Thus, the first study of this dissertation aimed to measure the genetic progress for GY obtained in wheat breeding program of the Central Cooperative Agricultural Research (Coodetec) through the annual evaluation of lines on value of testing and use trials (VCU). We used data from 836 experiments, conducted in 40 locations in the 2004-2013 period. We used the REML/BLUP analysis to access the genotypic values, which were used to estimate the genetic progress by the similar method described by Vencovsky et al. (1986). The overall genetic progress of the breeding program was $61.59 \text{ kg ha}^{-1} \text{ yr}^{-1}$ ($1.68\% \text{ yr}^{-1}$), however, was partially counterbalanced by negative environmental effects ($-22.19 \text{ kg ha}^{-1} \text{ yr}^{-1}$; $-0.58\% \text{ year}^{-1}$). The genetic progress by VCU region ranged from $31.38 \text{ kg ha}^{-1} \text{ yr}^{-1}$ (VCU 4) and $115.33 \text{ kg ha}^{-1} \text{ yr}^{-1}$ (VCU 1). In commercial cultivars released between 1998 and 2014, we obtained genetic progress equal to $1\% \text{ yr}^{-1}$. The second study aimed to evaluate the same breeding program, but for wheat industrial quality traits. We used data from two cities of Paraná state (Cascavel and Palotina). The historical series consisted of eight years (2005 to 2012) and 458 genotypes, including lines and cultivars. The following characters were used in the study: gluten strength (W), tenacity (P), extensibility (L) and falling number (FN). We found tendency of disequilibrium in P/L ratio, due to the genetic gain in P be positive ($2.11\% \text{ yr}^{-1}$) and L be negative ($-0.93\% \text{ yr}^{-1}$). The genetic progress was $1.30\% \text{ yr}^{-1}$ in W , reflecting the efforts of the breeding program to increase the wheat industrial quality. The third study aimed to compare methods of evaluation of the stability and adaptability in wheat, in order to identifying essential methodologies. We used GY data from 22 wheat genotypes evaluated in three locations (Guarapuava, Cascavel and Abelardo Luz) for two growing seasons (2012 and 2013), totaling six environments. The experimental design used in each experiment was a randomized complete block design with three replications. In the evaluation of genotype vs. environment interaction (GEI), methodologies were used based on mixed models, analysis of variance, linear regression, multivariate and non-parametric analysis. To selecting stable genotypes with high GY is indicated using the method of the harmonic mean of the relative performance of genetic values (MHPRVG) based on mixed models in association with the graphical analysis GGE biplot, due to the ability to infer about environments, genotypes and their relationships.

Keywords: *Triticum aestivum*. Genetic breeding. Value of cultivation and use. Old and modern cultivars. Genetic gain. Stability.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Posições geográficas dos sete estados e quarenta municípios onde foram executados os 836 ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) de trigo no Brasil, no período de 2004 a 2013 pela Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (Coodetec). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 26
- Figura 02 –** Estimativa do progresso genético acumulado para as quatro regiões de valor de cultivo e uso (VCU) de trigo no Brasil, obtidos a partir de dados de ensaios multi-ambiente no período de 2004 a 2013 em um programa de melhoramento genético. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 35
- Figura 3.** Estimativa do progresso genético do rendimento de grãos corrigido de 47 cultivares comerciais trigo lançadas para cultivo no Brasil em um período de 16 anos. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 36
- Figura 4.** Identificação geográfica de Cascavel e Palotina, localizados nas regiões de valor de cultivo e uso (VCU) 2 e 3, respectivamente. Nestes locais, a Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (Coodetec) prioriza a avaliação da qualidade de panificação das linhagens em teste. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 42
- Figura 5.** Progresso genético e ambiental acumulado no período de 2005 a 2012, para os caracteres força de glúten (a), tenacidade (b), extensibilidade (c) e número de queda (d). Para cada subfigura, o gráfico da esquerda representa o ganho genético, enquanto que o gráfico da direita representa o ganho ambiental. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 48
- Figura 6.** Boxplot para valores de força de glúten (a), análise de correlação simples de Pearson (b) e regressões lineares entre a variável independente latitude vs. força de glúten (c), tenacidade e extensibilidade (d). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 49
- Figura 7.** Desempenho de 36 cultivares comerciais de trigo, lançadas entre 1999 e 2013 para força de glúten (a), extensibilidade (b) e tenacidade (c). *Y* - indica a média geral. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 51
- Figura 8.** Identificação dos ambientes de testes de genótipos de trigo, incluindo posição geográfica e precipitação média mensal durante o crescimento e desenvolvimento da cultura, nos dois anos de experimentação (2012 e 2013). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 57
- Figura 9.** Gráficos biplot representando os escores de genótipos e ambientes da análise GGE quanto a identificação de genótipos vencedores (a) e adaptabilidade e estabilidade (b). Biplot AMMI1 com os escores do primeiro componente principal (*IPCA*) vs. o desempenho médio dos genótipos e ambientes (c). G1 a G22 são os códigos referentes aos genótipos e E1 a E6 são os códigos referentes aos ambientes (vide Tabela 7). PC1 e PC2 – primeiro e segundo componentes principais, respectivamente. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 67
- Figura 10.** Coeficientes de correlação de Spearman entre as posições de indicação de 22 genótipos de trigo pelo rendimento de grãos – *RG* e os parâmetros de avaliação da “estabilidade”: ecovalência (Wricke, 1964) – ω_i , Annicchiarico (1992) a $\alpha = 0,05$ – I_i , $I_i(f)$ e $I_i(d)$, Eberhart & Russel (1966)² - σ_{di2} , Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) – P_i , $P_i(f)$ e $P_i(d)$, estabilidade por modelos mistos (REML/BLUP) – *MHVG*, primeiro componente principal da análise AMMI1 – *IPCA1*, e estabilidade obtida pela análise GGE. *i*, (*f*) e (*d*): comportamento frente a ambientes gerais, favoráveis e desfavoráveis, respectivamente. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 70

Figura 11. Coeficientes de correlação de postos de Spearman entre metodologias de interpretação da interação genótipo vs. ambiente, com foco no “rendimento e estabilidade”, incluindo Wricke (1964) – “ ω_i ”, Annicchiarico (1992)¹ a $\alpha=0,05$ – “Ann”, Eberhart & Russel (1966) – “E-R”, Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) – “L-B”, média harmônica de valores genotípicos por modelos mistos (REML/BLUP) – “MHPRVG”, AMMI (ZOBEL et al., 1988) e análise GGE para média e estabilidade, obtidos a partir da avaliação de 22 genótipos de trigo avaliados em 6 ambientes, constituídos de três locais (Guarapuava, Cascavel e Abelardo Luz) durante dois anos de testes (2012 e 2013). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 73

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Resumo das informações do conjunto de dados utilizado no estudo, oriundo do programa de melhoramento genético de trigo da Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (Coodetec). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 25
- Tabela 2.** Estimativas médias¹ dos componentes da variância (REML individual) para o caractere rendimento de grãos (RG) e análise de deviance (Anadev) para os efeitos de genótipos (G) e interação genótipos vs. local (G x L), obtidas a partir da avaliação de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) de trigo em multi-ambiente durante o período de 2004 a 2013. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 30
- Tabela 3 –** Diferenças genéticas e ambientais a cada par de anos e balanço genético global para cada região de valor de cultivo e uso (VCU), obtidas a partir da avaliação de linhagens e cultivares testemunhas em um programa de melhoramento genético de trigo no período compreendido entre 2004 e 2013. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 32
- Tabela 4.** Locais de teste onde foram avaliados genótipos de trigo quanto a parâmetros determinantes da qualidade industrial, acrescidos do número de observações e coordenadas geográficas. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 43
- Tabela 5.** Taxa de substituição de genótipos (%), estimativas do progresso genético e ambiental a partir de dados de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) de trigo, conduzidos em multi-ambiente durante oito anos, para dados de qualidade industrial. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 46
- Tabela 6.** Teste estatístico para os efeitos de genótipos (G), ambientes (A) e para a interação (IGA) através de análise paramétrica (ANOVA) para 22 genótipos de trigo avaliados em 6 ambientes. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 63
- Tabela 7.** Médias de rendimento de grãos (kg ha⁻¹) de 22 genótipos de trigo avaliados em seis ambientes, constituídos de três locais (Guarapuava, Cascavel e Abelardo Luz) durante dois anos de avaliação (2012 e 2013). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 64
- Tabela 8.** Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica obtidos através dos métodos de ecovalência (Wricke, 1964) – ω_i , Annicchiarico (1992)¹ a $\alpha = 0,05$ – I_i , $I_i(f)$ e $I_i(d)$, Eberhart & Russel (1966)² - σ_{di}^2 , Lin & Binns (1988)³ modificado por Carneiro (1998) – P_i , $P_i(f)$ e $P_i(d)$ e média harmônica de valores genotípicos por modelos mistos (REML/BLUP)⁵ – $MHVG$, em 22 genótipos de trigo avaliados em 6 ambientes, constituídos de três locais (Guarapuava, Cascavel e Abelardo Luz) durante dois anos de testes (2012 e 2013). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 66
- Tabela 9.** Classificação de 22 genótipos de trigo avaliados em 6 ambientes, constituídos de três locais (Guarapuava, Cascavel e Abelardo Luz) durante dois anos de testes (2012 e 2013), quanto ao rendimento de grãos e parâmetros estatísticos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. 68

LISTA DE SIGLAS

AACC	American Association of Cereal Chemists
MG	Unidade da Federação – Minas Gerais
MS	Unidade da Federação – Mato Grosso do Sul
PR	Unidade da Federação – Paraná
RS	Unidade da Federação – Rio Grande do Sul
SC	Unidade da Federação – Santa Catarina
SP	Unidade da Federação – São Paulo
SVD	Singular Value Decomposition
USDA	United States Department of Agriculture
UTFPR	Universidade Tecnológica Federal Do Paraná
VCU	Valor de Cultivo e Uso

LISTA DE ABREVIATURAS

AMMI	Additive main effects and multiplicative interaction analysis
A	Ambiente
Acgen	Acurácia da seleção de genótipos
Anadev	Análise de Deviance
ANOVA	Análise de Variância
BRS	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
c2int	Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente
CD	Coodetec
CP	Componente principal
CVe	Coeficiente de variação residual
CVgi	Coeficiente de variação genotípica
DMS	Diferença mínima significativa
FN	Falling Number
G	Genótipo
GGE	Genotype and genotype-by-environment
h2mg	Herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo
ha	Hectare
IGA	Interação genótipo versus ambiente
IPCA1	Primeiro componente principal
kg	Quilograma
L	Local
L	Extensibilidade
LRT	Teste Da Razão De Verossimilhança
MHPRVG	Média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos
MHVG	Média Harmônica dos Valores Genotípicos
mm	Milímetros
NE	Número de Experimentos
NL	Número de linhagens
NP	Número de Parcelas
NQ	Número de Queda
NT	Número de testemunhas
P	Tenacidade
QMR	Quadrado médio do erro
RG	Rendimento de Grãos
rgloc	Correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes
Ve	Variância residual
Vf	Variância fenotípica individual
Vg	Variância genotípica
Vint	Variância da interação genótipo x ambiente
W	Força de glúten
yr	Year

LISTA DE ACRÔNIMOS

BLUP	Melhor Preditor Linear Não Viesado
Cimmyt	International Maize and Wheat Improvement Center
CONAB	Companhia Nacional de Abastecimento
Coodetec	Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola
DERAL	Departamento de Economia Rural
Embrapa	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
REML	Máxima Verossimilhança Restrita
SEAB	Secretaria da Agricultura e Abastecimento

LISTA DE SÍMBOLOS

%	Porcentagem
@	Arroba
\approx	Almost Equal To
\leq	Menor ou igual
Δ	Delta
Σ	Somatório
χ^2	Qui-quadrado

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL.....	19
2 CAPÍTULO I - ESTIMATIVA DO PROGRESSO GENÉTICO DO RENDIMENTO DE GRÃOS EM TRIGO NO BRASIL A PARTIR DE ENSAIOS MULTI-AMBIENTE	21
2.1 RESUMO.....	21
2.2 ABSTRACT	21
2.3 INTRODUÇÃO	22
2.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	24
2.4.1 Origem dos dados experimentais.....	24
2.4.2 Análises estatísticas dos dados	27
2.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	29
2.6 CONCLUSÕES	37
3 CAPÍTULO II - PROGRESSO NA QUALIDADE DE PANIFICAÇÃO DE TRIGO DEVIDO AOS COMPONENTES GENÉTICO E AMBIENTAL EM ENSAIOS MULTI-AMBIENTE.....	38
3.1 RESUMO.....	38
3.2 ABSTRACT	38
3.3 INTRODUÇÃO	39
3.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	41
3.4.1 Origem dos dados experimentais.....	41
3.4.2 Caracteres avaliados.....	43
3.4.3 Análises estatísticas	44
3.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	45
3.6 CONCLUSÕES	51
4 CAPÍTULO III - ASSOCIAÇÃO ENTRE MÉTODOS ESTATÍSTICOS DE AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM TRIGO NO BRASIL	53
4.1 RESUMO.....	53
4.2 ABSTRACT	53
4.3 INTRODUÇÃO	54
4.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	56
4.4.1 Origem dos dados experimentais.....	56
4.4.2 Análise de Variância.....	57
4.4.3 Estatísticas de adaptabilidade e estabilidade.....	58
4.4.4 Análise de correlação de Spearman	61

4.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	62
4.6 CONCLUSÕES	74
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	76
6 REFERÊNCIAS.....	77
ANEXOS	88

1 INTRODUÇÃO GERAL

Em termos de área cultivada, o trigo (*Triticum aestivum*) destaca-se como a maior cultura no mundo (≈ 222 milhões de hectares), com cultivo se estendendo nas mais diversas condições ambientais ao redor do globo, entre as latitudes 40° S e 60° N (MUNDSTOCK, 1999). Anualmente, cerca de 700 milhões de toneladas de trigo são colhidas, com destaque para a União Europeia, China, Índia e Rússia (USDA, 2015). Porém, estimasse que a produção de trigo deverá elevar-se para 900 milhões de toneladas até o ano de 2020, com rendimento médio de 4.000 kg ha^{-1} (ORTIZ et al., 2007). No Brasil, a produção de trigo continua insuficiente (≈ 6 milhões de toneladas), suprimindo em média 50% da necessidade de consumo (USDA, 2015). Da totalidade de áreas destinadas ao cultivo do cereal em 2014, aproximadamente 94% estiveram situadas na região Sul do país, compreendendo os estados do Paraná (1,3 milhão de ha), Rio Grande do Sul (1,1 milhão de ha) e Santa Catarina (75 mil ha) (CONAB, 2015).

Desde o início do melhoramento genético de trigo no Brasil, em 1919 (CAIERÃO et al., 2014) importantes cultivares foram desenvolvidas e contribuíram para a elevação da produtividade de grãos ao patamar atual de 2.500 kg ha^{-1} (CONAB, 2015). A partir da década de 70 até os dias atuais, ocorreu um ganho anual aproximado de $43 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ na produtividade de grãos de trigo no Brasil, considerando área cultivada e volume de grãos produzidos. Entretanto, esse valor não reflete, na íntegra, a participação efetiva do melhoramento genético em elevar o rendimento, mas também, a melhoria ambiental devido a fatores como a correção dos solos e adoção de práticas agrícolas mais eficientes. Nesse sentido, há necessidade de separação dos ganhos devido ao melhoramento genético daqueles devido a mudanças anuais nos fatores modificadores do ambiente (BELL et al., 1995). Em programas de melhoramento, tem-se mostrado a possibilidade de isolamento desses fatores e, conseqüente, estimação dos ganhos genéticos anuais a partir de ensaios conduzidos em multi-ambiente.

Para o registro e proteção de novas cultivares, programas de melhoramento devem conduzir ensaios em vários locais, observando as regiões de valor de cultivo e uso (VCU) para o trigo no Brasil, que são quatro, abrangendo as regiões frias e úmidas ao Sul até as regiões quentes e secas em ambientes de menor latitude (BRASIL, 2008). Nesses ensaios, a presença de interação genótipo vs.

ambiente (IGA) é pronunciada e resulta em ranqueamento diferenciado dos genótipos através dos ambientes. Além disso, a condição de desbalanceamento de dados (anos, locais e genótipos) é comum. Para contornar isso e gerar informações genotípicas confiáveis, a aplicação de modelos mistos vem sendo utilizada com sucesso (DE LA VEGA e CHAPMAN, 2010; DOVALE et al., 2012; CORMIER et al., 2013). Com a rotineira substituição de genótipos em ensaios de VCU através dos anos e de posse de valores genotípicos próximos aos reais, é possível a estimação do progresso genético anual nos programas de melhoramento (BORGES et al., 2009; DOVALE et al., 2012). Trata-se de uma medida de eficiência do programa, sendo útil na definição de estratégias e direcionamentos.

Nas últimas décadas houveram modificações importantes nos parâmetros de qualidade em trigo no país (BRASIL, 1994; GUARIENTI, 2009; BRASIL, 2010). Esse cenário estimulou a busca por cultivares de qualidade industrial superior. Genótipos modernos evidenciando maior qualidade industrial tem sido relatado (DE VITA et al., 2007; SUBIRA et al., 2014); porém há escassez de estudos científicos no Brasil. Nesse sentido é importante a avaliação do progresso genético para parâmetros qualitativos de farinha, tanto de cultivares comerciais, como de genótipos testados anualmente em programas de melhoramento. A existência de ganho anual remete à eficiência do programa, ao passo que a ausência de ganhos deve ser tratada com cautela e novas estratégias devem ser definidas.

Inúmeros fatores afetam a existência de progresso genético para caracteres de interesse em programas de melhoramento. Contudo, a presença de IGA significativa, dificulta o processo de seleção, principalmente por reduzir a associação entre valores fenotípicos e genotípicos (ALWALA et al., 2010). Nesse sentido, métodos estatísticos de avaliação da IGA devem ser utilizados, contribuindo para o o progresso genético. Mediante a ampla gama de métodos atualmente disponíveis, há necessidade de comparação entre estes (MOHAMMADI et al., 2007) visando a identificação de métodos essenciais e complementares. Além disso, no Brasil, há carência de estudos associando metodologias estatísticas recentes em trigo.

Portanto, este estudo objetivou, principalmente, estimar o progresso genético e efeito ambiental no rendimento de grãos e atributos de qualidade industrial em um programa de melhoramento genético de trigo, bem como, identificar métodos de avaliação da IGA visando maior progresso genético pela seleção de genótipos em ensaios multi-ambiente.

2 CAPÍTULO I - ESTIMATIVA DO PROGRESSO GENÉTICO DO RENDIMENTO DE GRÃOS EM TRIGO NO BRASIL A PARTIR DE ENSAIOS MULTI-AMBIENTE

2.1 RESUMO

A evolução na triticultura brasileira foi condicionada, principalmente, pela eficiência dos programas de melhoramento no desenvolvimento de cultivares adaptadas. No entanto, nos ganhos de magnitude inferior têm sido reportados nos últimos anos. O objetivo deste estudo foi mensurar o progresso genético obtido em um programa de melhoramento por meio da avaliação anual de linhagens em ensaios multi-ambiente. Foram utilizados dados de 836 ensaios avançados de linhagens, conduzidos em vários locais representativos das quatro regiões de valor de cultivo e uso – VCU do Brasil, no período de 2004 a 2013. Cada ensaio foi composto por 25 tratamentos (genótipos), incluindo linhagens e cultivares testemunhas, conduzidos em três repetições, em delineamento de blocos completos ao acaso. Em detrimento do desbalanceamento de dados, empregou-se o método de modelos lineares mistos na previsão dos valores genéticos, os quais foram utilizados na determinação do progresso genético, como medida de eficiência do programa de melhoramento. O progresso genético global do programa foi de $61,59 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ ($1,68\% \text{ ano}^{-1}$), porém, foi parcialmente contrabalanceado por efeitos negativos de ambiente ($-22,19 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$; $-0,58\% \text{ ano}^{-1}$). O progresso genético por região de VCU oscilou entre $31,38 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ (VCU 4) e $115,33 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ (VCU 1). Efeito ambiental positivo foi observado apenas nas regiões de temperaturas mais amenas, VCU 1 e 2, com ganhos de $7,75$ e $30,80 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, respectivamente. O estudo das cultivares comerciais lançadas entre 1998 e 2014, revelou ganho de $34,8 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, correspondente a $1\% \text{ ano}^{-1}$ e comprova que os esforços de instituições de pesquisa no desenvolvimento de cultivares tende a ter resultados aditivos. As implicações da avaliação dos ganhos genéticos em programas de melhoramento são discutidas.

Palavras chave: *Triticum aestivum* L.; melhoramento de trigo; valor de cultivo e uso; modelos mistos, avaliação de cultivares.

2.2 ABSTRACT

Improvements in Brazilian wheat was mainly conditioned by the efficiency of breeding programs in developing adapted cultivars. However, in recent years it was reported a decrease in gains. The aim of this study was to measure the genetic progress obtained in a breeding program through the annual evaluation of lines in multi-environment trials. We used data from 836 advanced trials lines, conducted in several representative locations of the four regions of value for cultivation and use - VCU of Brazil, during the period from 2004 to 2013. Each trial consisted of 25 treatments (genotypes), including lines and cultivars, conducted in three replications in randomized complete block design. Due to unbalanced data, we used the method of linear mixed models in predicting the genetic values, which were used to determine the genetic progress, as a measure of the efficiency of the breeding program. The overall genetic progress of the breeding program was $61.59 \text{ kg ha}^{-1} \text{ yr}^{-1}$ ($1.68\% \text{ yr}^{-1}$), however, was partially counterbalanced by negative environmental effects ($-22.19 \text{ kg ha}^{-1} \text{ yr}^{-1}$; $-0.58\% \text{ yr}^{-1}$).

The genetic progress by VCU region ranged between 31.38 kg ha⁻¹ yr⁻¹ (VCU 4) and 115.33 kg ha⁻¹ yr⁻¹ (VCU 1). We observed positive environmental effect only in the regions of lower temperatures, VCU 1, and 2, with gains of 7.75 and 30.80 kg ha⁻¹ yr⁻¹, respectively. The study of commercial cultivars released between 1998 and 2014, showed 34.8 kg ha⁻¹ yr⁻¹ of gain, corresponding to 1% yr⁻¹ and proves that the research institutions efforts to develop cultivars tend to have additive results. The implications of the evaluation of genetic gains in breeding programs are discussed.

Key words: *Triticum aestivum* L.; wheat breeding; value of cultivation and use; mixed models, cultivars evaluation.

2.3 INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) desempenha papel fundamental na economia global, sobretudo pela utilização direta na alimentação humana e disposição geográfica das áreas de cultivo. No Brasil, esse cereal é destaque na região sul do país no período de inverno, onde mais de 90% de todo o trigo é produzido (≈2 milhões de hectares). Contudo, a autossuficiência ainda não foi atingida e leva o país a notabilizar-se, em âmbito internacional, como um dos maiores importadores (USDA, 2015). Em convívio com esse cenário, programas de melhoramento são estimulados a desenvolver cultivares adaptadas, visando a redução de custos e aumento da competitividade frente ao trigo internacional. A partir da década de 70, até os dias atuais, ocorreu um ganho anual aproximado de 43 kg ha⁻¹ ano⁻¹ no rendimento de grãos do trigo brasileiro, considerando apenas dados de área cultivada e produção (CONAB, 2014). Todavia, a magnitude desse valor não respalda a participação absoluta do melhoramento genético, mas também, a melhoria ambiental pelo aprimoramento de práticas de manejo e utilização de insumos.

Programas de melhoramento de trigo geralmente conduzem ensaios de avaliação de linhagens em vários locais, observando as quatro regiões de valor de cultivo e uso – VCU para o trigo no Brasil (CUNHA et al., 2006). A delimitação das regiões de VCU transcorreu observando, principalmente, fatores ambientais, sendo útil na execução de ensaios regionalizados, os quais são necessários para o registro, proteção e indicação de novas cultivares (BRASIL, 2008). São caracterizadas como região úmida, fria e alta (VCU 1); região úmida, moderadamente quente e baixa (VCU 2); região moderadamente seca, quente e baixa (VCU 3); e região seca e quente (VCU 4) (BRASIL, 2008). Por ser uma etapa onerosa no programa (St. MARTIN e McBLAIN, 1991; FRITSCHÉ-NETO et al., 2010) é necessário que esses ensaios sejam

informativos ao máximo. Vencovsky et al. (1988) demonstrou a possibilidade da obtenção de informações acerca dos ganhos anuais em programas de melhoramento, por meio de dados de ensaios de VCU. Todavia, o desbalanceamento característico desses ensaios, ou seja, nem todos os genótipos são conduzidos em todos os locais em todos os anos, desfavorece a obtenção de valores genotípicos confiáveis, resultando em estimativas de ganhos incertas. Como opção para contornar esse problema, a aplicação do método de modelos lineares mistos possibilita a previsão de valores genéticos próximos aos reais e tem sido empregada com sucesso como ferramenta na estimativa do progresso genético em programas de melhoramento (BORGES et al., 2009; DE LA VEGA e CHAPMAN, 2010; BRESEGHELLO et al., 2011; DOVALE et al., 2012; CORMIER et al., 2013).

A estimativa da magnitude do progresso genético é essencial e demonstra a atuação efetiva do melhoramento genético em promover incremento anual, no conjunto de genótipos avaliados, para os caracteres de interesse. Além disso, a avaliação do programa permite verificar o sucesso nas estratégias de melhoramento (CONDÓN et al., 2009), sendo necessária sua avaliação periódica (BORGES et al., 2009; FARIA et al., 2013; BRESEGHELLO et al., 2011). Aplicações de métodos estatísticos na avaliação do progresso genético em programas de melhoramento no Brasil estão disponíveis em soja (LANGE e FEDERIZZI, 2009), feijão (RIBEIRO, POSSEBON e STORCK, 2003; FARIA et al., 2013), arroz (ATROCH e NUNES, 2000; BRESEGHELLO et al., 2011) e milho (STORCK, BISOGNIN e CARGNELUTTI FILHO, 2005). Em trigo, estudos semelhantes são escassos. Cargnin, Souza e Fronza (2008) observaram progresso genético de $48 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ no rendimento de grãos de trigo irrigado no Cerrado, ao passo que em trigo de sequeiro, na mesma região, Cargnin et al. (2009) reportam ganho na ordem de $37 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. Estudos relacionados estão disponíveis, porém, avaliando apenas cultivares comerciais disponibilizadas ao longo do tempo (RODRIGUES et al., 2007; BECHE et al., 2014).

Um notável aumento no rendimento de grãos de trigo foi observado durante o século XX. Basicamente, a evolução no rendimento depende do lançamento de novas cultivares melhoradas e da evolução das práticas agrícolas (OURY et al., 2012). O progresso genético na produtividade de grãos de uma determinada cultura é resultado da presença de variabilidade genética e dos processos e ferramentas utilizados pelos melhoristas. Em meio a relatos de decréscimo nos ganhos anuais em

produtividade de trigo nos últimos anos no Brasil (CARGNIN, SOUZA e FRONZA, 2008; BECHE et al., 2014) e em outras regiões do globo (GRAYBOSCH e PETERSON, 2010), é de extrema importância a avaliação do progresso genético nos programas de melhoramento, em decorrência da rotineira substituição de linhagens em fase final de teste. A ausência de ganhos no total de linhagens avaliadas anualmente deve ser tratada com cautela e novas estratégias devem ser implementadas. Porém, nota-se que a avaliação dos ganhos não vem sendo praticada com periodicidade.

Programas de melhoramento de trigo lançam cultivares para ambientes com contrastes acentuados de fatores ambientais. São regiões com cenário climático que oscilam de frio e úmido (VCU 1) a quente e seco (VCU 4) (CUNHA et al., 2006). É consenso a significativa influência do ambiente no processo de produção de novas cultivares. Em regiões de latitudes menores, temperaturas elevadas reduzem significativamente o rendimento de grãos de trigo, devido à redução no enchimento de grãos (TAHIR et al., 2006) podendo afetar a taxa de progresso. Portanto, a estimativa do progresso genético para regiões específicas a partir da divisão de regiões maiores pode agregar informações úteis (LANGE e FEDERIZZI, 2009; DE LA VEGA e CHAPMAN, 2010). Além do mais, sabe-se que entre regiões de VCU existem diferenças expressivas, inclusive quanto à precisão experimental (BENIN et al., 2013). Assim, justifica-se a estimação do progresso genético para cada região de VCU.

Objetivou-se com o presente estudo investigar o progresso genético do rendimento de grãos em trigo pelo uso de linhagens testadas em ensaios regionais no período de 2004 a 2013, em quatro regiões homogêneas de adaptação, bem como, estimar o progresso genético obtido pelo lançamento de cultivares comerciais no Brasil, nos últimos anos.

2.4 MATERIAL E MÉTODOS

2.4.1 Origem dos dados experimentais

Um total de 1.045 experimentos de trigo foram conduzidos no período de 2004 a 2013 pelo programa de melhoramento genético de trigo da Cooperativa Central de Pesquisa agrícola – Coodetec, sediada em Cascavel Paraná. Deste total,

foram analisados 836 experimentos, após a eliminação daqueles com média produtiva inferior a 2.500 kg ha⁻¹ (209 experimentos). Experimentos com média produtiva baixa ocorrem devido a condições adversas de ambiente e, quando analisados, podem conduzir a informações imprecisas. Portanto, o conjunto de dados engloba 771 linhagens e 58 cultivares comerciais (testemunhas) (Tabela 1). Nota-se que o número de linhagens testadas em cada região de valor de cultivo e uso (VCU) é variável, e isso ocorre, pois nem todos os genótipos apresentam potencial de teste nas quatro regiões de adaptação. Também, a região de VCU 3, em 2013, não participou das análises, já que todos os experimentos conduzidos apresentaram baixa média produtiva.

Tabela 1. Resumo das informações do conjunto de dados utilizado no estudo, oriundo do programa de melhoramento genético de trigo da Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (Coodetec). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

	Ano	NE*	NP	NL	NT		Ano	NE	NP	NL	NT
VCU 1	2004	18	1350	71	22	VCU 2	2004	15	1125	79	27
	2005	6	450	59	9		2005	9	675	98	25
	2006	9	675	70	20		2006	20	1500	122	27
	2007	11	825	38	10		2007	21	1575	98	17
	2008	25	1875	68	21		2008	48	3600	135	31
	2009	16	1200	38	10		2009	26	1950	118	17
	2010	29	2175	82	26		2010	66	4950	163	35
	2011	30	2250	82	27		2011	37	2775	164	30
	2012	20	1500	73	15		2012	48	3600	148	22
	2013	28	2100	70	17		2013	25	1875	89	26
Total	192	14400	417†	45†	Total	315	23625	717†	56†		
VCU 3	2004	17	1275	77	26	VCU 4	2004	6	450	13	12
	2005	19	1425	119	28		2005	6	450	34	13
	2006	16	1200	122	27		2006	13	975	83	25
	2007	29	2175	98	17		2007	12	900	98	17
	2008	34	2550	135	31		2008	4	300	70	19
	2009	33	2475	118	17		2009	11	825	97	16
	2010	47	3525	163	34		2010	15	1125	143	33
	2011	34	2550	164	30		2011	2	150	41	6
	2012	24	1800	148	22		2012	3	225	34	13
	2013	-	-	-	-		2013	4	300	65	20
Total	253	18975	681†	55†	Total	76	5700	443†	50†		
Média	21.4	1607.7	94.5	21.5							
Total	836	62700	771†	58†							

†Não referem-se a soma ou média da coluna, já que parte das linhagens são testadas por mais de um ano. *NE: número de experimentos; NP: número de parcelas; NL: número de linhagens; NT: número de testemunhas.

O número médio de ensaios por ano foi de 21,4, variando de 2 (VCU 4 – 2011) a 66 (VCU 2 – 2010). Em acréscimo, 62.700 parcelas foram avaliadas (média de 1608 parcelas ano⁻¹). Em média, 95 linhagens (81,5%) foram testadas em cada

ano, variando de 13 (VCU 4 – 2004) a 164 (VCU 2 – 2011) e 22 cultivares testemunhas (18,5%). A cada ano, linhagens novas foram incluídas para teste nos ensaios de VCU, ao passo que linhagens de desempenho inferior foram excluídas. Também, uma fração das linhagens permaneceu em teste por mais de um ano, quando consideradas promissoras. Os experimentos foram distribuídos geograficamente em 40 municípios, englobando 7 estados brasileiros (Figura 1).

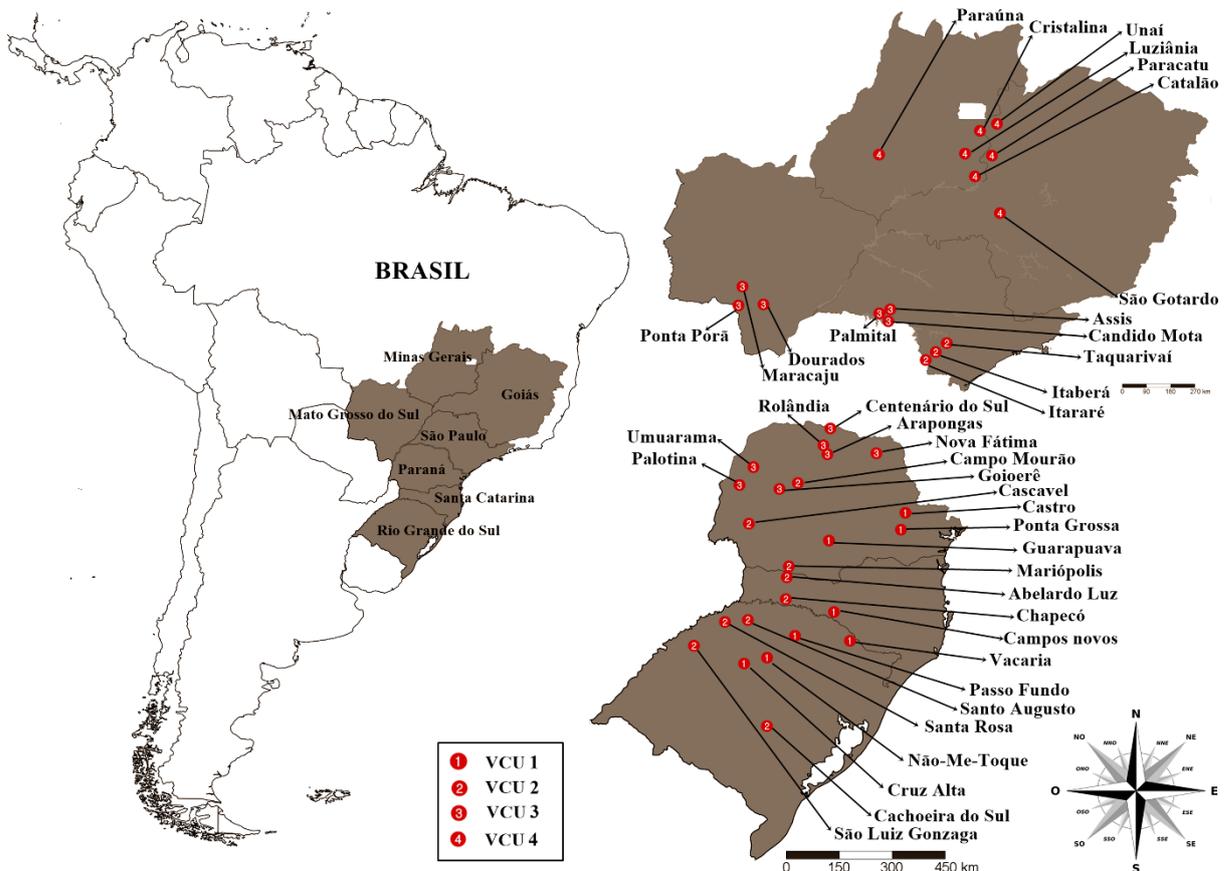


Figura 1. Posições geográficas dos sete estados e quarenta municípios onde foram executados os 836 ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) de trigo no Brasil, no período de 2004 a 2013 pela Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (Coodetec). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

Em cada experimento, 25 tratamentos foram testados em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. Os tratamentos foram constituídos por linhagens em fase final de avaliação e cultivares comerciais utilizadas como testemunhas (4 a 5 cultivares por experimento). Cada unidade experimental consistiu de 6 linhas de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,20 m entre si, totalizando 6 m² de área. No momento da colheita, as linhas de ambas as bordas foram descartadas. Os tratamentos culturais implementados seguiram as orientações

presentes nas informações técnicas para a cultura, publicado anualmente. A colheita da massa de grãos oriunda de cada parcela foi realizada mecanicamente e a estimativa da produtividade, em kg ha⁻¹, foi realizada após correção da umidade dos grãos para 13% (base úmida).

2.4.2 Análises estatísticas dos dados

De forma frequente, em cada local/ano, mais de um experimento foi conduzido, dependendo do número de linhagens disponíveis para teste. No entanto, para as análises estatísticas, os experimentos em cada local/ano foram reunidos; assim, todos os tratamentos constituíram apenas um único experimento. Na sequência, foram construídos conjuntos de dados para cada uma das quatro regiões de VCU. Estes foram submetidos à análises por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP) utilizando o software Selegen (RESENDE, 2002). Devido ao desbalanceamento dos dados, esta é a melhor maneira de obter estimativas genotípicas confiáveis. Este procedimento foi adotado visando à predição de valores genéticos livres de interação, para o posterior cálculo do ganho genético. Em um primeiro momento, foram analisados todos os locais em cada ano por meio do seguinte modelo:

$$y = X_r + Z_g + W_i + e$$

em que, y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x local (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). Letras maiúsculas referem-se às matrizes de incidência para os respectivos efeitos (RESENDE, 2006). As equações de modelo misto para a predição de r , g e i equivalem a:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z_{+\lambda_1} & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W_{+\lambda_2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} r \\ g \\ i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'Y \\ W'y \end{bmatrix}$$

onde:

$$\lambda_1 = \frac{1 - h_g^2 - h_i^2}{h_g^2} \quad \lambda_2 = \frac{1 - h_g^2 - h_i^2}{h_i^2}$$

em que, h_g^2 refere-se a herdabilidade de genótipo no sentido amplo e h_i^2 representa o coeficiente de determinação da interação genótipo x ambiente.

A análise de *deviance* (Anadev) foi utilizada para testar a significância do modelo. As *deviances* foram obtidas por meio de análise com e sem os efeitos de genótipo e da interação (genótipos x locais). Na sequência, foi subtraído da *deviance* do modelo completo as *deviances* sem o referido efeito (modelo reduzido). Essas diferenças foram confrontadas com o valor de qui-quadrado (χ^2) com um grau de liberdade, a 1% (6,63) e 5% (3,84) de probabilidade de erro. A hipótese de ausência de significância do efeito testado foi rejeitada quando $LRT > \chi^2$, em que LRT: teste da razão de verossimilhança.

Para a obtenção das estimativas do progresso genético do programa de melhoramento, por região de VCU, foram empregados os valores genotípicos ($\hat{u} + \hat{g}$) estimados para cada ano de avaliação. Estes são valores genotípicos preditos livres de toda a interação com o ambiente e consistem na previsão dos valores genéticos (\hat{g}) de cada genótipo (aleatório) ajustados aos efeitos fixos (\hat{u}) para um número desigual de informações de genótipos ao longo dos anos (DOVALE et al., 2012). O progresso genético foi estimado por procedimento semelhante ao proposto por Venkovsck (1986), com o auxílio do software Genes (CRUZ, 2013), em que, o efeito de ano sobre o RG foi obtido pelo contraste existente entre a média dos genótipos comuns a cada par de anos. Assim, o ganho genético foi estimado pela diferença existente entre a média dos genótipos de um ano e a do ano imediatamente anterior, excluindo o efeito de ano. Matematicamente, o ganho genético é obtido pela seguinte expressão: $Gg_{ji} = (\bar{Y}_j - \bar{Y}_i) - (\bar{Y}_{Cj} - \bar{Y}_{Ci})$, em que, Gg_{ji} representa a diferença genética obtido no par de anos ji , sendo o ano j igual a $i + 1$, \bar{Y}_j é a média geral dos ensaios no ano j , \bar{Y}_i é a média geral dos ensaios no ano i , $\bar{Y}_{Cj} - \bar{Y}_{Ci}$ são as médias dos genótipos comuns aos anos j e i , respectivamente. Tendo em vista que foram avaliados dez anos, têm-se nove contrastes Gg_{ji} . A soma desses contrastes representa a diferença genética ao longo de todo o período de avaliação. Este valor, ao ser dividido pelo número de anos, resulta na diferença genética anual do programa de melhoramento. O ganho genético e ambiental, em percentagem, foi obtido pela expressão: $Gg_{\%} = (Gg/RG_b)100$, onde Gg : ganho na unidade do caractere; RG_b : rendimento de grãos no ano base, assumido como o primeiro ano da série histórica. Nesse procedimento, foram desconsideradas as cultivares testemunhas de outros

programas de melhoramento. Também, foram estimadas as taxas médias de manutenção e renovação de genótipos ao longo da série histórica estudada (CRUZ, 2006).

Testemunhas de diferentes instituições e empresas, inseridas nos ensaios, foram estudadas separadamente. Objetivou-se com isso a estimação do progresso genético de trigo no Brasil, devido ao lançamento de cultivares entre os anos de 1998 e 2014. Foram obtidas as médias de cada cultivar em cada ano, a partir dos desempenhos genotípicos preditos ($\hat{u} + \hat{g}$), livre de interação com locais. O “ruído” devido ao efeito de anos foi removido por meio do procedimento descrito por Oury et al. (2012), em que a média das diferenças nas cultivares comuns a cada par de anos foi utilizada para a correção do rendimento. Para esta análise, desconsiderou-se a região de VCU 4, devido à prática de irrigação nos experimentos. Os gráficos foram elaborados com o software Sigmaplot v.11.

2.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A produção de trigo no Brasil é considerada de risco em detrimento da variabilidade de ambientes onde esse cereal é cultivado e as condições climáticas adversas frequentemente observadas na estação de inverno. Frequentemente, os cultivos são afetados por geadas na floração, granizo e estresse hídrico (falta de água no desenvolvimento ou excesso na pré-colheita), comprometendo o rendimento de grãos (RG). No período de 2004 a 2013, 20% (209) dos experimentos apresentaram RG médio inferior a 2.500 kg ha⁻¹, ou seja, foram comprometidos por condições adversas de ambiente. Esse resultado fornece um indicativo do nível de risco que acomete os cultivos de trigo no país. A média global dos 836 ensaios conduzidos ao longo da série histórica de 10 anos foi de 3.909,07 kg ha⁻¹, aproximadamente 42% acima da média brasileira. Entretanto, o RG é variável de acordo com a região geográfica. Com exceção da região IV, a medida que se distancia para o sul (maiores latitudes), ocorre incremento no rendimento de grãos de trigo. Isso acontece preponderantemente em detrimento da redução na temperatura e consequente alongamento do ciclo.

A estimação confiável dos valores genotípicos mediante o alto grau de desbalanceamento foi possível pela aplicação da técnica de modelos mistos. Além da

predição dos valores genéticos (BLUP), o método permite a estimação dos componentes da variância (REML) (RESENDE, 2002). A presença de variabilidade genotípica e conseqüente significância dos efeitos genotípicos foi verificada nas quatro regiões de VCU pelo valor do desvio padrão associado à estimativa da herdabilidade individual no sentido amplo (h^2g), assim como relatado por Resende (2006) (Tabela 2). Além disso, nas quatro regiões de VCU e para os 10 anos de avaliação, foi observado significância do efeito de genótipos em 77,5% dos casos, a partir do teste de razão de verossimilhança (LRT).

Tabela 2. Estimativas médias¹ dos componentes da variância (REML individual) para o caractere rendimento de grãos (RG) e análise de deviance (Anadev) para os efeitos de genótipos (G) e interação genótipos vs. local (G x L), obtidas a partir da avaliação de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) de trigo em multi-ambiente durante o período de 2004 a 2013. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

REML individual†	Regiões de Valor de Cultivo e Uso							
	VCU 1	VCU 2	VCU 3	VCU 4				
Vg	137.920,43	64.168,78	86.868,90	137.496,67				
Vint	159.647,07	142.857,90	82.970,89	199.542,87				
Ve	133.861,03	97.089,88	76.704,76	290.762,26				
Vf	431.428,53	304.116,56	246.544,55	627.801,80				
h^2g	0,32 ± 0,06	0,20 ± 0,04	0,35 ± 0,06	0,22 ± 0,07				
h^2mg	0,66	0,50	0,63	0,43				
Acgen	0,80	0,69	0,79	0,64				
c2int	0,37	0,45	0,34	0,31				
rgloc	0,46	0,31	0,51	0,41				
CVgi%	9,59	6,84	9,24	6,77				
CVe%	9,61	8,73	8,69	10,18				
RG médio	3750,21	3540,00	3126,70	5219,38				
Índice Vint/Vg	1,15	2,22	0,95	1,45				
Teste da razão de verossimilhança - LRT								
	G		G x L		G		G x L	
	G	G x L	G	G x L	G	G x L	G	G x L
2004	76,7**	267,8**	72,4**	421,3**	26,4**	387,2**	14,8**	54,3**
2005	11,3**	34,27**	0,7 ^{ns}	158,9**	0,0 ^{ns}	0,0 ^{ns}	12,6**	65**
2006	13,5**	253,0**	11,9**	801,5**	8,16**	52,4**	23,4**	192,9**
2007	38,1**	184,3**	10,5**	98,35**	83,9**	117,0**	0,0 ^{ns}	525,4**
2008	61,9**	339,0**	28,47**	400,5**	44,4**	193,1**	0,0 ^{ns}	0,0 ^{ns}
2009	72,8**	116,7**	46,1**	215,0**	91,0**	174,1**	1,0 ^{ns}	134,1**
2010	172,3**	117,7**	129,5**	395,0**	190,0**	105,6**	5,1*	47,9**
2011	25,3**	129,5**	13,7**	410,8**	7,6**	33,1**	0,0 ^{ns}	0,0 ^{ns}
2012	0,9 ^{ns}	305,6**	23,4**	134,9**	10,5**	261,6**	0,0 ^{ns}	0,0 ^{ns}
2013	61,9**	160**	18,5**	113,5**	-	-	0,0 ^{ns}	0,0 ^{ns}

¹Médias de 10 anos (VCU 1, 2 e 4) e 9 anos (VCU 3); †Vg: variância genotípica; Vint: variância da interação genótipo x ambiente; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica individual; h^2g = h^2 : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais, acrescido do desvio padrão; h^2mg : herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa; Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa; c2int = c2: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação residual. *, ** e ^{ns}: Significativo pelo teste qui-quadrado a 5% (3,84), 1% (6,63) e não significativo, respectivamente. LRT- *Likelihood Ratio Test*.

A ausência de significância para o efeito da interação genótipo vs. ambiente (IGA) em 2005/VCU 3 e, principalmente, para a região de VCU 4 é devido a existência de apenas um local de avaliação, o que impede a estimativa da interação. Para os demais, efeito altamente significativo da interação indica ranqueamento diferencial dos genótipos entre os locais, indicando a existência de pelo menos um ambiente contrastante. A ocorrência de efeito genotípico não significativa em vários anos na região de VCU 4 deve-se a média produtiva elevada do conjunto de genótipos testados, em virtude da prática de irrigação nos experimentos. Como consequência, ocorreu baixa variância genotípica em relação a variância residual.

Com exceção da região de VCU 3, nas demais, a variância da interação supera a variância genética e, conseqüentemente, foram obtidas estimativas de herdabilidade no sentido amplo h^2g de baixa magnitude, resultados semelhantes foram reportados por DoVale et al. (2012). O coeficiente de variação genotípico observado oscilou entre 6,77 (VCU 4) e 9,59% (VCU 1), indicando maior presença de variabilidade genética nesta última região. O coeficiente de variação residual foi baixo e oscilou entre 8,69 (VCU 3) e 10,18 (VCU 4), indicando boa precisão experimental. A acurácia seletiva de genótipo, a qual mede a correlação entre os valores preditos e observados, oscilou de 0,64 (VCU 4) a 0,80 (VCU 1), consideradas como de precisão moderada a alta (RESENDE e DUARTE, 2007). A maior média do RG foi observada na região de VCU 4 (5219,38 kg ha⁻¹), explicada pela prática de irrigação nos experimentos, e a menor média na região de VCU 3 (3126,70 kg ha⁻¹). Os valores de correlação genotípica entre o desempenho nos vários locais ($rgloc$) oscilou entre as regiões de VCU (0,31 a 0,51). Quanto maior essa estimativa, menor é a variância da interação e maior a previsibilidade de comportamento dos genótipos entre locais. Nesse sentido, é aconselhável o estudo da viabilidade de redução de locais de experimentação na região de VCU 3 e inserção de novos locais na região de VCU 2, já que o comportamento dos genótipos, nesta última, é menos previsível e a variância da interação é pronunciada em relação a variância genotípica. Almeida Filho et al., (2014) observaram valores de $rgloc$ iguais a 0,69 para o RG em sorgo. Mendes et al. (2012) reportaram valores de 0,6 e 0,25 para um grupo de ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente, na cultura do milho. A alta repetibilidade das informações genotípicas na região de VCU 3 é confirmada pela relação Vint/Vg de baixa magnitude (0,95). Variabilidade dessa relação de acordo com a região geográfica é reportada por De La Vega e Chapman (2010).

O progresso genético global estimado para o programa de melhoramento genético de trigo da Coodetec foi de 61,59 kg ha⁻¹ ano⁻¹; porém, esse ganho foi parcialmente contrabalanceado por efeitos negativos de ambiente (-22,19 kg ha⁻¹ ano⁻¹) (Tabela 3). Assim, o ganho total observado foi de 39,40 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Efeitos negativos do ambiente ao longo dos anos também foram reportados por Oury et al. (2012) em trigo na França. A estimativa do efeito de ano é confiável, já que em média, 30% das linhagens foram mantidas em mais de um ano de testes, servindo para a estimação do referido efeito. Além disso, possibilita redução dos efeitos da IGA. Quanto maior o número de tratamentos comuns a cada par de anos, mais acurada é a estimativa do efeito ambiental (ATROCH e NUNES, 2000; CARGNIN, SOUZA e FRONZA, 2008).

Tabela 3 – Diferenças genéticas e ambientais a cada par de anos e balanço genético global para cada região de valor de cultivo e uso (VCU), obtidas a partir da avaliação de linhagens e cultivares testemunhas em um programa de melhoramento genético de trigo no período compreendido entre 2004 e 2013. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

Biênios	Valor de Cultivo e Uso (VCU)							
	VCU 1		VCU 2		VCU 3		VCU 4	
	ΔG	ΔA	ΔG	ΔA	ΔG	ΔA	ΔG	ΔA
2005/04	183,7	-234,3	80,5	-659,0	104,1	-114,2	-74,7	-348,2
2006/05	100,2	-486,1	31,6	438,2	133,7	-231,2	-37,6	233,1
2007/06	255,1	37,2	4,3	-467,8	83,3	156,5	106,2	-1305,1
2008/07	85,2	588,3	0,0	254,2	98,0	65,5	58,5	1297,6
2009/08	47,6	-995,0	19,1	-387,4	-3,2	-377,8	58,6	-808,1
2010/09	330,5	486,9	172,9	1100,6	63,6	142,3	38,3	451,4
2011/10	101,2	-274,9	5,5	-409,2	-30,8	-126,9	-15,5	1164,7
2012/11	86,4	-863,7	58,0	-9,4	16,4	-209,7	110,3	-1962,9
2013/12	-36,6	1819,1	107,7	447,9	-	-	69,7	776,7
<i>Taxa de renovação de genótipos (%)</i>								
	52		51		45		60	
<i>Taxa de manutenção de genótipos (%)</i>								
	29		31		37		23	
<i>Tipo do Progresso</i>								
	kg ha ⁻¹	%	kg ha ⁻¹	%	kg ha ⁻¹	%	kg ha ⁻¹	%
Genético	115,33	3,14	47,96	1,34	51,67	1,66	31,38	0,57
Ambiental	7,75	0,21	30,80	0,86	-77,26	-2,48	-50,08	-0,92
Total	123,09	3,35	78,76	2,20	-25,59	-0,82	-18,70	-0,35
<i>Progresso global</i>								
	Genético: 61,59 kg ha ⁻¹ (1,68%)		Ambiental: -22,19 kg ha ⁻¹ (-0,58%)		Total: 39,40 kg ha ⁻¹ (1,10%)			

ΔG e ΔA – Diferença genético e ambiental a cada par de anos, respectivamente.

Em percentagem, o progresso genético de 1,68% ano⁻¹ é considerado relativamente elevado (Tabela 3). Em outros estudos mensurando o desempenho de programas de melhoramento, nos últimos anos, são reportados valores de 1,44% ano⁻¹ (BRESEGHELLO et al., 2011) e 1,99% ano⁻¹ (DOVALE et al., 2012) em arroz, 0,88% ano⁻¹ em feijão (RIBEIRO, POSSEBON e STORCK, 2003), 0,72% ano⁻¹ em feijão comum tipo carioca (FARIA et al., 2013). Em soja, Lange e Federizzi (2009) relatam

ganhos variando de 0,0 a 3,49% ano⁻¹, dependendo do grupos de maturação e da região geográfica.

As regiões de VCU 3 e 4 são classificadas como moderadamente seca e seca, respectivamente, além de apresentarem clima quente (CUNHA et al., 2006). Estudos avaliando o progresso no desenvolvimento de cultivares em ambientes quentes são escassos (GOURDJI et al., 2012). Em VCU 4, que compreende a região do cerrado, foi observado ganho genético igual a 31,38 kg ha⁻¹ ano⁻¹ no RG, também, contrabalanceado por efeitos ambientais, resultando em um ganho total negativo (-18,70 kg ha⁻¹ ano⁻¹). Cargnin, Souza e Fronza (2008) observaram progresso genético de 48 kg ha⁻¹ ano⁻¹ em trigo irrigado no cerrado brasileiro no período de 1976 a 2005, com efeito positivo do ambiente (23,4 kg ha⁻¹ ano⁻¹). O ganho devido ao componente ambiental observado por esses autores deve-se à longa série histórica estudada (30 anos), captando a melhoria ambiental ocorrida no Cerrado devido à estruturação dos sistemas produtivos na região nas últimas décadas, como por exemplo, a correção dos solos. Em VCU 4, em dois momentos (2007 e 2012) a média produtiva foi baixa, contribuindo para o efeito ambiental negativo. Em VCU 3, onde destaca-se a região norte do Paraná, há eventual ocorrência de seca, como as observadas em 2008 e 2012, resultando em rendimentos inferiores a 1.550 kg ha⁻¹ (SEAB/DERAL, 2015) e desfavorecendo o progresso ambiental (Tabela 3).

A estabilidade temporal na performance de genótipos ao longo dos anos está condicionada a variabilidade de fatores ambientais de um ano para outro. Essa fonte de variação é frequentemente superior a variação espacial em ensaios multi-ambiente. Ganhos devido ao componente ambiental foram observado apenas em VCU 1 e 2 (7,75 e 30,8 kg ha⁻¹ ano⁻¹, respectivamente). Isso indica melhoria do ambiente devido a variáveis climáticas e/ou pela ação antrópica, por meio de práticas de manejo e utilização de insumos. Assim, nota-se que separação dos ganhos devido ao componente genético e ambiental é importante, além de prover informações acuradas, permite inferências nos dois sentidos.

Programas de melhoramento necessitam ser dinâmicos, ou seja, devem renovar as linhagens testadas anualmente a uma taxa suficientemente elevada de modo que permaneçam para avaliação, em mais de um ano, apenas os genótipos superiores. Em média a taxa de renovação de linhagens anualmente testadas no programa de melhoramento foi de 52%. Valores inferiores a este foram reportados por Cargnin, Souza e Fronza (2008) (33%) e Cargnin et al. (2009) (35%) em trigo e *Atroch*

e Nunes (2000) (46%) em arroz. Também em arroz, DoVale et al. (2012) relatam taxa renovação média de 29% e salientam que em linhagens modernas, as diferenças na produtividade são cada vez mais estreitas, favorecendo alta taxa de manutenção.

O progresso genético acumulado na série histórica abrangida neste estudo pode ser observado na Figura 2. Nota-se que os ganhos obtidos pelo programa de melhoramento para a região de VCU 1 foram superiores as demais e com característica ascendente a cada ano (Figura 2a). Na região de VCU 2, foi observado estagnação nos ganhos até 2008/09 com ocorrência de ganhos nos anos posteriores (Figura 2b). No entanto, na região de VCU 3 é perceptível a estagnação nos ganhos a partir de 2007/08 (Figura 2c). Nesta região, o efeito ambiental contribuiu para a redução do rendimento na série histórica estudada, além de ser a região com menor média produtiva. Inicialmente, o programa de melhoramento genético de trigo da Coodetec era, principalmente, direcionado para o estado do Paraná, utilizando base genética de trigos do CIMMYT. Porém, por volta da última década, esforços foram direcionados para a obtenção de cultivares adaptadas às regiões frias (Estado do Rio Grande do Sul), recorrendo à base genética de trigos nacionais, de sanidade superior. Esta mudança de direcionamento culminou em ganhos expressivos na região I, demonstrando a eficácia dos métodos empregados. Todavia, novas estratégias devem ser traçadas objetivando retomada nos ganhos anuais na região III.

Embora seja a região com menor progresso genético, VCU 4 apresentou comportamento linear ascendente no progresso genético acumulado (Figura 2d). A ocorrência de ganhos, aliada às altas produtividades em ambientes irrigados confirma a viabilidade de expansão da cultura para o cerrado, a qual vêm ocorrendo há alguns anos. Em meio a tendências de aquecimento a longo prazo, melhorias genéticas para tolerância ao calor em trigo fornecem uma resposta de adaptação potencial, possibilitando a elevação do RG em áreas sujeitas a estresse térmico (GOURDJI et al., 2012). No cerrado brasileiro, comumente são obtidos RG de 6 mil kg ha⁻¹ em condição de lavoura. Também, o lançamento de cultivares adaptadas, a exemplo da BRS 264 e BRS 254, contribuiu significativamente para a elevação na produtividade nessa região. Assim, a reunião dessas informações permitem concluir que a contribuição genética em regiões quentes do Brasil está sendo expressiva, fornecendo subsídios à expansão do trigo tropical.

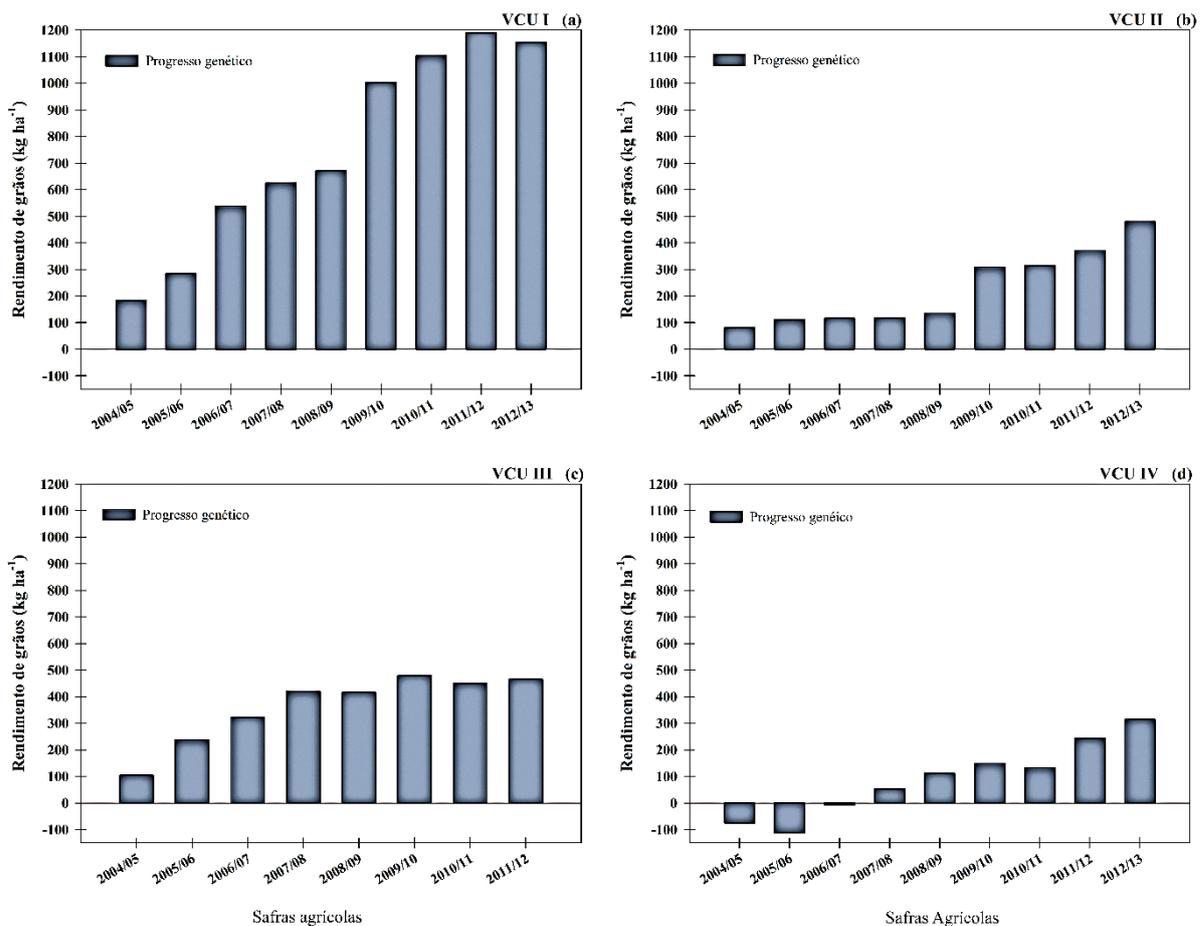


Figura 02 – Estimativa do progresso genético acumulado para as quatro regiões de valor de cultivo e uso (VCU) de trigo no Brasil, obtidos a partir de dados de ensaios multi-ambiente no período de 2004 a 2013 em um programa de melhoramento genético. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

Assim como em outras culturas, a cada ano, novas cultivares são lançadas e, no caso das melhores, vastas áreas são cultivadas durante um período relativamente extenso. Geralmente, programas de melhoramento utilizam essas cultivares como testemunhas em ensaios de VCU. Na Figura 3 foi executada uma análise de regressão linear entre o desempenho médio de cada uma dessas cultivares e o respectivo ano de lançamento. Os dados respaldam um progresso de $34,1 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ no RG no período compreendido entre 1998 e 2014. Isso representa um ganho genético de $1\% \text{ ano}^{-1}$ no RG e revela os esforços da pesquisa no melhoramento da cultura. O estudo de cultivares lançadas ao longo dos anos foi realizado em trigo no Brasil por Rodrigues et al. (2007), onde observou ganho de $44,9 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ no período de 1940 a 1992. Beche et al. (2014) observaram aumento no rendimento de grãos de $29 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ no período de 1940 a 2009. Entretanto, ambos os estudos contemplam uma pequena amostra de cultivares, 7 e 10, respectivamente. Além

disso, Beche et al. (2014) reportam a redução do progresso genético na última década, fato este não observado no presente estudo.

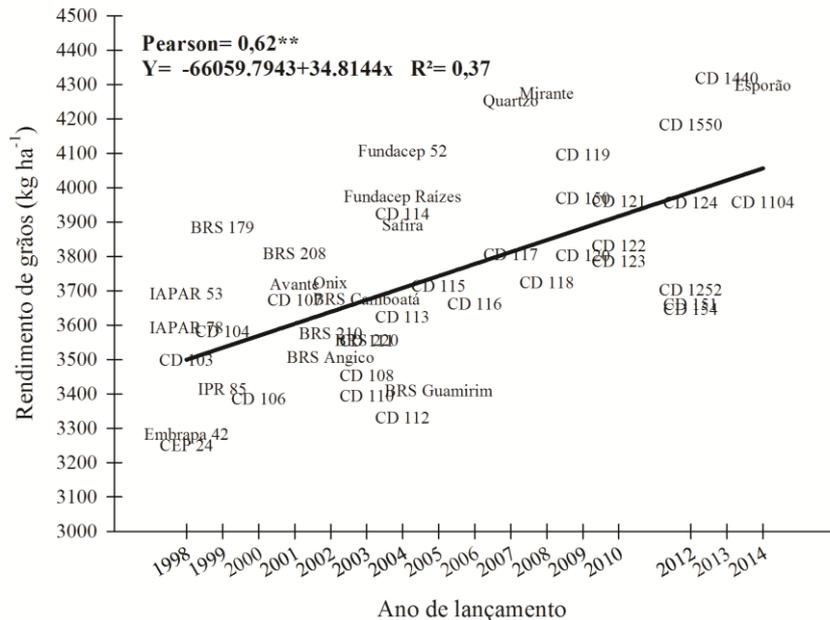


Figura 3. Estimativa do progresso genético do rendimento de grãos corrigido de 47 cultivares comerciais trigo lançadas para cultivo no Brasil em um período de 16 anos. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

** - significativo ano nível de 1% ($p \leq 0,01$) de probabilidade pelo teste t.

Em um panorama mundial, inúmeros estudos reportam a situação do melhoramento de trigo em séries históricas recentes. Nota-se que embora existam relatos de estreitamento da base genética da cultura e estagnação no RG em algumas regiões (BRISSEON et al., 2010), os ganhos anuais oscilam em torno de 1% ano⁻¹. Dentre alguns dos principais produtores do cereal, estão disponíveis relatos de ganhos na ordem de 0,7% ano⁻¹ no Canadá (THOMAS e GRAF, 2014), 0,45% ano⁻¹ na União Europeia (CORMIER et al., 2013), 0,7% ano⁻¹ na Rússia (MORGOUNOV et al., 2013), 1,3% ano⁻¹ nos Estados Unidos (UNDERDAHL et al., 2008) e 0,81% ano⁻¹ na China (ZHOU et al., 2007). Sharma et al. (2012) em um amplo estudo (919 ambientes e 69 países) com trigos do CIMMYT, reportam ganho de 27,8 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (0,65% ano⁻¹) no período de 1995 a 2009.

Os ganhos anuais reportados nesse estudo descaracterizam a possibilidade de ocorrência de estagnação no RG em trigo no Brasil. Porém, há necessidade de estudos aprofundados sobre o efeito negativo do ambiente no RG nas regiões de clima quente. Finalmente, melhoristas de trigo precisam continuar a

aperfeiçoar caracteres de interesse pela introgressão de alelos favoráveis, com foco na resistência a doenças (UNDERDAHL et al., 2008).

2.6 CONCLUSÕES

Para o programa de melhoramento da Coodetec, ocorreu progresso genético para o rendimento de grãos nas quatro regiões de VCU, com destaque para a região de VCU 1 com $115,53 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ ($3,14\% \text{ ano}^{-1}$). O progresso genético global do programa de melhoramento foi de $61,59 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ ($1,68\% \text{ ano}^{-1}$).

O ganho para cultivares comerciais representativas lançadas entre 1998 e 2014 foi de $34,8 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, equivalente a $1\% \text{ ano}^{-1}$, caracterizando os esforços de instituições voltadas ao melhoramento da cultura.

O efeito ambiental aparece como determinante na evolução do rendimento de grãos, podendo contrabalancear o progresso genético na cultura do trigo, assim como evidenciado nas regiões de VCU 3 e 4.

3 CAPÍTULO II - PROGRESSO NA QUALIDADE DE PANIFICAÇÃO DE TRIGO DEVIDO AOS COMPONENTES GENÉTICO E AMBIENTAL EM ENSAIOS MULTI-AMBIENTE

3.1 RESUMO

A medida de eficiência de um programa de melhoramento é corolário da adoção, pelos produtores, das cultivares lançadas, ocupando áreas significativas. No entanto, faz-se necessária a avaliação dos ganhos decorrentes da dinâmica inclusão e exclusão de linhagens a cada ano na rede de ensaios. Essa avaliação pode ser útil na tomada de decisões e direcionamentos futuros. O objetivo deste estudo foi avaliar o efeito dos componentes genético e ambiental no progresso dos parâmetros determinantes da qualidade industrial do trigo: força de glúten (W), tenacidade (P), extensibilidade (L) e número de queda (NQ). Foram utilizados os dados de ensaios conduzidos em multi-ambiente, após a análise em laboratório das variáveis qualitativas. A série histórica estudada compreendeu 8 anos (2005 a 2012) e 458 genótipos, incluindo linhagens e cultivares testemunhas. Determinou-se o progresso genético pelos contrastes entre genótipos não comuns avaliados a cada biênio, excluindo o efeito de ano, previamente estimado através da variação contida entre genótipos comuns. A taxa de substituição de genótipos nos ensaios foi de 52%, indicando dinamismo do programa de melhoramento na busca por cultivares de qualidade superior. Foi observada a tendência de desequilíbrio na relação P/L , em decorrência de o ganho genético em P ser positivo ($2,11\% \text{ ano}^{-1}$) e L negativo ($-0,93\% \text{ ano}^{-1}$). O progresso genético foi de $1,30\% \text{ ano}^{-1}$ em W , refletindo os esforços do programa de melhoramento no incremento da qualidade industrial. O progresso para os caracteres investigados foi ambiente-dependente, ressaltando a importância da avaliação de linhagens em mais de um ano na rede de ensaios. Implicações para os programas de melhoramento são discutidas.

Palavras chave: *Triticum aestivum* L.; força de glúten; cultivares antigas e modernas; contribuição do melhoramento.

3.2 ABSTRACT

The measure of efficiency of a breeding program is corollary of the adoption by farmers of released cultivars occupying significant areas. However, it's necessary to evaluation of the gains due to dynamic insert and exclusion of lines every year in the network trials. This evaluation may be useful in making future decisions and directions. The aim of this study was to assess the effect of genetic and environmental components in the progress of the wheat quality traits: gluten strength (W), tenacity (P), extensibility (L) and falling number (FN). We used data from trials conducted in multi-environment, after the laboratory analysis of the qualitative traits. The study historical series consisted of eight years (2005-2012) and 458 genotypes, including lines and commercial cultivars. We determined the genetic progress by the contrasts between uncommon genotypes each biennium, excluding the year effect, previously estimated by existing variation among common genotypes. We found 52% of genotype substitution rate in the trials, indicating dynamism of the breeding program in search of high quality cultivars. We observed the tendency of disequilibrium in P/L ratio, due to the

genetic gain in P be positive ($2.11\% \text{ yr}^{-1}$) and in L be negative ($-0.93\% \text{ yr}^{-1}$). The genetic gain was $1.30\% \text{ yr}^{-1}$ in W , reflecting the efforts of the breeding program in the increase of wheat industrial quality. The progress for the investigated traits was environment-dependent, emphasizing the importance of evaluating lines in more than one year of test. Implications for breeding programs are discussed.

Key words: *Triticum aestivum* L.; gluten strength; old and modern cultivars; breeding contribution.

3.3 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético de trigo (*Triticum aestivum* L.) no Brasil teve início na segunda década do século XX (CAIERÃO et al., 2014). Entretanto, a busca por cultivares com alta qualidade industrial é recente. A primeira normativa que estabeleceu classes por aptidão industrial para os trigos produzidos no país (normativa nº 167) foi aprovada em 1994 e definia as classes melhorador, superior, intermediário e comum (BRASIL, 1994). Este foi um marco para a triticultura brasileira e estimulou a busca por cultivares de qualidade superior. Recentemente, a normativa número 38 de 30/11/2010 (BRASIL, 2010) elevou o rigor na classificação do trigo quanto a qualidade industrial. Normas como estas implicam na necessidade de maior eficiência no desenvolvimento de cultivares com qualidade industrial superior. No Brasil, entre os anos de 2009 e 2014, houve incremento de 6% no número de cultivares indicadas para cultivo com classificação de trigo melhorador. Porém, existem poucos estudos com qualidade industrial de trigo no país e, em termos de progresso genético, há escassez de relatos científicos.

A qualidade industrial é uma característica de extrema importância e pode ser expressa por vários caracteres, os quais são relacionados ao complexo de proteínas, propriedades de moagem e performance de cozimento (DENČIĆ, MLADENOV e KOBILJSKI, 2011). Das análises reológicas, a alveografia informa sobre as características viscoelásticas da massa, fornecendo os parâmetros: força de glúten (W), tenacidade (P) extensibilidade (L) e a relação entre tenacidade e extensibilidade (P/L). A depender da destinação da farinha, existem valores adequados desses caracteres, por exemplo, para panificação, valores de W entre 180 e 275×10^{-4} J e P/L entre 0,6 a 1,5 são considerados adequados, no entanto, para a fabricação de biscoitos esses valores são inferiores (ICTA, 2015). O número de queda (NQ) também determina a classificação de farinha, sendo utilizado na avaliação

indireta da atividade da enzima alfa-amilase, estimando o grau em que o amido foi convertido em açúcares (ATWELL, 2001) indicando, portanto, a ocorrência do processo de germinação na pré-colheita.

As propriedades reológicas da massa são influenciadas pelos componentes de variação genético (G), ambiental (A) e suas interações (IGA) (TAHIR et al., 2006; VÁZQUEZ et al., 2012; LI et al., 2013). Quando o efeito de A e IGA são pronunciados, ocorrem dificuldades no processo de seleção, principalmente pela diminuição na associação entre valores genéticos e fenotípicos (ALWALA et al., 2010), afetando o progresso genético. Isso é agravado a medida que as diferenças entre ambientes de teste são maximizadas. Parâmetros alveográficos são modificados significativamente com a presença de estresse térmico (LI et al., 2013) e hídrico (FLAGELLA et al., 2010). Nesse sentido, Vázquez et al. (2012) sugerem que o melhoramento para a qualidade industrial deve ser adaptado para ambientes-alvo, devido á importância do ambiente de cultivo na variação dos parâmetros. Sendo assim, justifica-se a importância da avaliação do efeito ambiental em caracteres determinantes da qualidade industrial ao longo dos anos.

Estimar o progresso genético em programas de melhoramento é essencial e auxilia os melhoristas na definição de objetivos e estratégias adequadas no desenvolvimento de genótipos com qualidade específica para atender o mercado. Frequentemente, duas alternativas de estimação do progresso genético vem sendo utilizadas na avaliação da eficiência de programas de melhoramento: I) condução de experimentos a partir da reunião de cultivares antigas e modernas (CORMIER et al., 2013; GRACIA et al., 2012) e II) utilização de dados multi-ambiente (CARGNIN, SOUZA e FRONZA, 2008; OURY et al., 2012). Estudos com dados originados de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) no Brasil foram executadas nas culturas do arroz (ATROCH e NUNES, 2000), feijão (RIBEIRO et al., 2003), aveia branca (BARBOSA NETO et al., 2000) e milho (STORCK, BISOGNIN e CARGNELUTTI FILHO, 2005). Em trigo, estão disponíveis estudos (NEDEL, 1994; CARGNIN, SOUZA e FRONZA, 2008; CARGNIN et al., 2009), porém não contemplam aspectos da qualidade industrial. Em *Triticum durum*, há relatos de ganho genético na qualidade industrial (DE VITA et al., 2007; SUBIRA et al., 2014). Em *Triticum aestivum*, existem evidencias de parâmetros qualitativos superiores em genótipos modernos (GÓMEZ et al., 2009; SANCHEZ-GARCIA et al., 2015). No entanto, referências de ganho genético

em qualidade de trigo ainda são escassas (DE VITA et al., 2007; CLARKE, CLARKE e POZNIAK, 2010; SUBIRA et al., 2014)

Em detrimento da extensão geográfica onde se cultiva trigo no Brasil, foram delimitadas quatro regiões homogêneas de adaptação (VCU 1, 2, 3 e 4) (BRASIL, 2008), onde, além do rendimento de grãos, programas de melhoramento de trigo avaliam a qualidade industrial de genótipos. Devido ao elevado número de genótipos anualmente testados, análises de qualidade são normalmente realizadas por meio de uma amostra composta de grãos das três repetições, originando uma média de cada característica qualitativa por genótipo testado. Isso dificulta a aplicação de inúmeros métodos de estimação do progresso genético. Porém, Vencovsky et al. (1988) demonstraram a possibilidade de obtenção de informações inerentes aos ganhos anuais em programas de melhoramento, por meio de dados de ensaios de VCU. Por utilizar médias, o método proposto é adequado aos estudos com qualidade industrial em ensaios multi-ambiente de trigo.

Este estudo teve por objetivo estimar o progresso devido ao componente genético e ambiental em parâmetros indicativos da qualidade industrial de trigo em um programa de melhoramento, examinar tendências em cultivares históricas e associar a expressão desses caracteres com variáveis geográficas.

3.4 MATERIAL E MÉTODOS

3.4.1 Origem dos dados experimentais

Foram usados os dados da rede de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) conduzida pelo programa de melhoramento de trigo da Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (Coodetec). Anualmente, a cooperativa testa genótipos em multi-ambiente nas quatro regiões de VCU; porém, prioriza a avaliação da qualidade de panificação nos locais: Cascavel – (VCU 2) e em Palotina – (VCU 3), ambos situados no estado do Paraná (Figura 4).

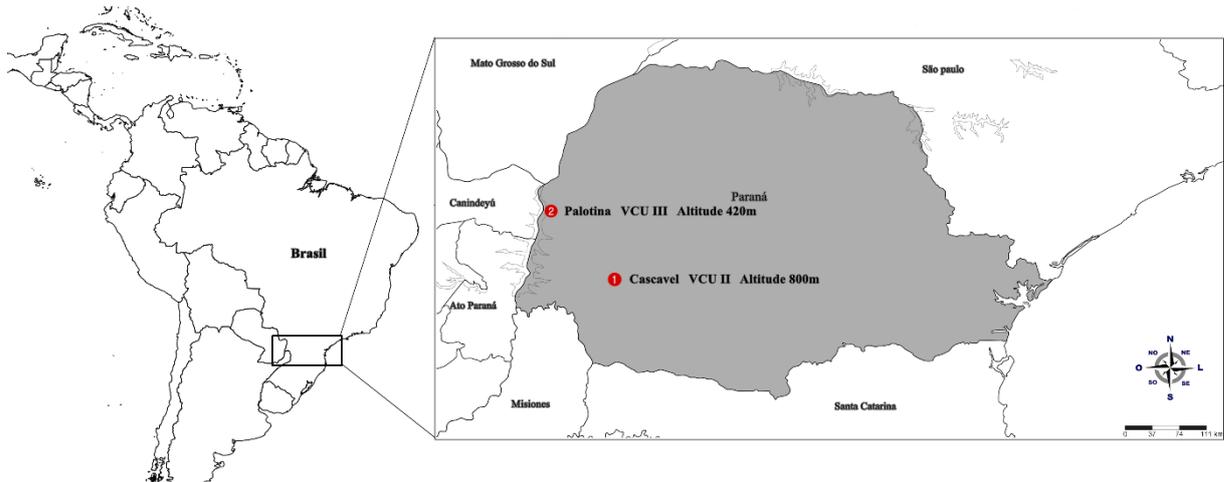


Figura 4. Identificação geográfica de Cascavel e Palotina, localizados nas regiões de valor de cultivo e uso (VCU) 2 e 3, respectivamente. Nestes locais, a Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (Coodetec) prioriza a avaliação da qualidade de panificação das linhagens em teste. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Cada unidade experimental foi constituída de 6 linhas de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,20 m entre si, totalizando 6 m² de área. Em cada experimento, geralmente 25 tratamentos (linhagens e cultivares testemunhas) foram testados. No momento da colheita, as linhas de ambas as bordas foram descartadas. Os tratos culturais implementados seguiram as orientações presentes nas informações técnicas para a cultura, publicadas anualmente. Esses ensaios seguem padrões estabelecidos pelo ministério da agricultura e são necessários para o registro e proteção de novas cultivares (BRASIL, 2008). A colheita da massa de grãos oriunda de cada parcela foi realizada mecanicamente. Para compor a amostra enviada ao laboratório, a massa de grãos de cada genótipo, das três repetições, foi misturada de forma homogênea, resultando em amostras compostas. Esse é um procedimento usual nos programas de melhoramento, devido ao alto custo das análises de qualidade industrial.

Entre os anos de 2005 a 2012, um total de 458 genótipos foram avaliados quanto à qualidade industrial, gerando 933 observações em Cascavel e 1.165 observações em Palotina. Acrescidas às linhagens, 36 cultivares comerciais foram utilizadas como testemunhas. Essas cultivares representam materiais que, ao longo do tempo, tiveram ampla aceitação pelos produtores e ocuparam áreas significativas. Também, em menor intensidade, a Coodetec avalia a qualidade de panificação de genótipos de trigo em outros ambientes de teste (Tabela 4). Os dados desses locais, juntamente com Cascavel e Palotina, foram empregados na

determinação do efeito da latitude sobre parâmetros determinantes da qualidade industrial de trigo.

Tabela 4. Locais de teste onde foram avaliados genótipos de trigo quanto a parâmetros determinantes da qualidade industrial, acrescidos do número de observações e coordenadas geográficas. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

Cidade, estado	VCU ²	N	Coordenadas ¹		Altitude
			Latitude (S)	Longitude (O)	
Luziânia – GO	4	23	16.2514	47.9177	930
Catalão – GO	4	16	18.1661	47.9445	835
São Gotardo – MG	4	57	19.3092	46.0469	1055
Dourados – MS	3	40	22.2235	54.8125	430
Itaberá – SP	2	17	23.8643	49.1404	651
Campo Mourão – PR	2	44	24.0437	52.3781	585
Castro – PR	1	72	24.7896	50.0112	999
Guarapuava – PR	1	218	25.3907	51.4628	1098
Abelardo Luz – SC	2	152	26.5663	52.3276	760
Campos Novos – SC	1	50	27.4006	51.2281	934
Santo Augusto – RS	2	55	27.8531	53.7781	528
Não-Me-Toque – RS	1	272	28.4629	52.8172	514

¹- Coordenadas geográficas, em decimal. N: número de observações. ² - Valor de cultivo e uso.

O desbalanceamento dos dados, característico dos ensaios de VCU, provem da dinâmica de condução. Novas linhagens são anualmente incluídas para teste, enquanto linhagens já avaliadas e com desempenho insatisfatório são excluídas. Também, linhagens com potencial são mantidas em avaliação, sendo comuns a mais de um ano.

3.4.2 Caracteres avaliados

As características viscoelásticas foram mensuradas no alveógrafo Chopin, conforme o método número 54-30 (AACC, 2010). Desta análise, são obtidos os seguintes parâmetros: I) Força de glúten - W ($\times 10^{-4}$ Joules), o qual representa o trabalho mecânico para expandir a massa até a sua ruptura, II) Tenacidade - P (mm), a qual mede a sobrepressão máxima exercida na expansão da massa, sendo associada a capacidade que a farinha apresenta de absorver água e, III) Extensibilidade - L (mm), que mede o comprimento da curva do alveógrafo, demonstra a capacidade de a massa esticar e é um indicativo do volume do pão. Também, foi avaliado o número de queda - NQ (segundos), por meio de análise enzimática, método 56-81.03 (AACC, 2010). Nesta análise, é avaliada a capacidade da enzima alfa-

amilase em liquefazer um gel de amido. Esta estimativa está associada a ocorrência de germinação na pré-colheita dos grãos.

3.4.3 Análises estatísticas

Na avaliação do progresso genético, é necessário adotar um ano base, em que as condições de crescimento e desenvolvimento tenham sido adequadas. Nesse sentido, adotou-se o primeiro ano da série histórica como ano de referência, ou seja, 2004. A metodologia proposta por Vencovsky et al. (1986) utiliza médias de cada genótipo para o cálculo do progresso genético. A diferença na média observada em genótipos comuns a cada par de anos é utilizada para estimar o efeito ambiental de ano. Assim, a diferença genética é estimada pelo contraste entre a produtividade média dos genótipos não comuns de um ano e a do ano imediatamente inferior, excluindo-se o efeito de ambiente.

A diferença genética a cada par de anos é obtida pela expressão: $DG_{ji} = (\bar{Y}_j - \bar{Y}_i) - (\bar{Y}_{Cj} - \bar{Y}_{Ci})$, em que, DG_{ji} representa a diferença genética obtido no par de anos ji , sendo o ano j igual a $i + 1$, \bar{Y}_j é a média geral dos ensaios no ano j , \bar{Y}_i é a média geral dos ensaios no ano i , $\bar{Y}_{Cj} - \bar{Y}_{Ci}$ são as médias dos genótipos comuns aos anos j e i , respectivamente. Foram avaliados oito anos, resultando em sete contrastes DG_{ji} . A soma desses contrastes representa a diferença genética ao longo de todo o período de avaliação. Este valor, ao ser dividido pelo número de anos, resulta na diferença genética anual do programa de melhoramento. A rotina de cálculos está descrita em Cruz (2006). Para a determinação do ganho anual, na unidade em que cada caractere é apresentado, foi utilizada a expressão: $PG_a = (PG_{a(\%)} \times \bar{Y})/100$, em que, $PG_{a(\%)}$ é o progresso genético anual em percentagem e \bar{Y} é a média geral para o caractere no primeiro ano.

O método descrito por Oury et al. (2012) foi usado na correção do efeito de ano para o conjunto de dados empregado nas análises de regressão linear simples, e análise descritiva Boxplot. Os valores corrigidos foram obtidos pela expressão: $y_{Cj}^{Ai+1} = y_j^{Ai+1} + d_{AiAi+1}$, em que, y_j^{Ai} é a média do genótipo j no ano Ai , y_j^{Ai+1} é a média do genótipo j no ano posterior, y_{Cj}^{Ai+1} é a média do genótipo j corrigida, e d_{AiAi+1} foi obtido pela expressão: $d_{AiAi+1} = \left(\sum_{j=1}^{n_{AiAi+1}} (y_j^{Ai} - y_j^{Ai+1}) \right) / n_{AiAi+1}$, onde,

n_{AiAi+1} é o número de genótipos comuns no ano Ai e $Ai + 1$. Por este procedimento, extraiu-se o efeito de ano pela diferença média entre os genótipos comuns entre dois anos e, de posse deste efeito, foi corrigida a média de todos os genótipos. Para o ano $Ai + 2$, os valores corrigidos foram obtidos por: $yc_j^{Ai+2} = y_j^{Ai+2} + dc_{Ai+1Ai+2}$, onde $dc_{Ai+1Ai+2} = \left(\sum_{j=1}^{n_{Ai+1Ai+2}} (y_j^{Ai+1} - y_j^{Ai+2}) \right) / n_{Ai+1Ai+2}$. Procedeu-se desta forma até o último ano da série histórica.

As análises de regressão linear simples entre os valores de latitude de cada local e os caracteres de qualidade foram executadas a partir das médias dos genótipos em cada local. Uma matriz de dados 34x14, sendo 34 genótipos e 14 locais, foi previamente analisada no software GGE biplot (YAN, 2001), visando a estimação dos valores ausentes devido ao desbalanceamento (42% da matriz de dados). Foram calculados 26 ciclos de SVD (*Singular Value Decomposition*) para a estimação dos valores faltantes (YAN, 2013). Na sequência, foram estimadas as médias de cada caractere em cada ambiente, as quais foram utilizadas nas análises de regressão linear simples, adotando como variável independente os valores de latitude de cada local, em decimal. As análises foram realizadas com o auxílio do software Genes (CRUZ, 2013). Na construção dos gráficos foi empregado o software Sigmaplot v.11.

3.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O progresso total estimado para o caractere força de glúten (W) foi de 0,54% ano⁻¹ (Tabela 5). Em unidades do caractere, este valor representa $1,82 \times 10^{-4}$ J ano⁻¹. Observa-se que o progresso devido exclusivamente ao componente genético é de magnitude superior (1,30% ano⁻¹ ou $4,44 \times 10^{-4}$ J ano⁻¹). Em trigo cultivado na Espanha no último século, Sanchez-Garcia et al. (2015) observaram progresso de 1,38% ano⁻¹ em W . Na Itália, Subira et al. (2014) reportam progresso em W de 0,54% ano⁻¹. De maneira geral, o progresso genético observado nesse estudo é alto e reflete os esforços no melhoramento genético para a obtenção de maior qualidade industrial em genótipos de trigo modernos.

Tabela 5. Taxa de substituição de genótipos (%), estimativas do progresso genético e ambiental a partir de dados de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) de trigo, conduzidos em multi-ambiente durante oito anos, para dados de qualidade industrial. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

Biênios	Taxa de substituição de genótipos			
	Inclusão	Exclusão	Manutenção	Renovação
2006/05	43,1	35,9	20,9	67,3
2007/06	25,2	26,0	48,9	34,0
2008/07	36,2	27,6	36,2	50,0
2009/08	14,1	43,0	43,0	24,7
2010/09	51,7	29,1	19,2	72,9
2011/10	34,8	41,5	23,8	59,4
2012/11	36,8	34,2	28,9	56,0
Média	34,6	33,9	31,6	52,0
<i>Tipos do progresso genético</i>				
	W†% (x10 ⁻⁴ J)	P% (mm)	L% (mm)	NQ% (s)
Genético	1,30 (4,44)	2,11 (2,01)	-0,93 (-0,71)	0,00 (-0,02)
Ambiental	-0,78 (-2,63)	-6,72 (-6,40)	7,65 (5,81)	-0,05 (-0,19)
Total	0,54 (1,82)	-4,61 (-4,39)	6,7 (5,09)	-0,06 (-0,21)

†W – força de glúten; P – tenacidade; L – extensibilidade; NQ número de queda.

Os ganhos genéticos estimados em W e tenacidade (P) foram ambiente dependente. Isto é, foram parcialmente contrabalanceados por efeitos adversos das condições agroclimáticas ao longo dos anos (-0,78% ano⁻¹ e -6,72% ano⁻¹, respectivamente). Em séries históricas curtas, assim como a utilizada neste estudo, a ocorrência de condições ambientais desfavoráveis em uma safra é suficiente para comprometer o ganho ambiental total. Na safra agrícola de 2010 ocorreu intenso estresse hídrico por baixa umidade durante o enchimento de grãos em Cascavel e Palotina (SIMEPAR, 2015; dados não apresentados). Na Figura 5 é possível observar que, em 2010, ocorreu redução no caráter extensibilidade (L) e incremento em W , P e número de queda (NQ), em comparação com a safra de 2009. Na condição de estresse hídrico, Li et al. (2013) observaram aumento em P e decréscimo em L , resultando em elevada relação P/L e consequente baixo volume de pão.

Ocorreu progresso genético de 2,11% ano⁻¹ em P e decréscimo em L (-0,93% ano⁻¹). Isso implica em progresso genético para a relação P/L de 3,04% ano⁻¹. Depreende-se, portanto, que existe tendência genética de desequilíbrio da relação P/L com a busca por cultivares com qualidade industrial superior. Em estudo avaliando 20 cultivares de trigo lançadas durante o século XX na Espanha, Sanchez-Garcia (2015) observaram ganho genético de 0,99 % ano⁻¹ em P e redução em L (-0,46% ano⁻¹), ocasionando desequilíbrio na relação P/L em cultivares modernas. Resultado semelhante é compartilhado por Guarda, Padovan e Delogu (2004) em trigo na Itália. P elevado, e consequente alta relação P/L , não é interessante para a panificação, pois

resulta em massa muito porosa durante a fermentação e baixo volume do pão. Todavia, Clarke, Clarke e Pozniak (2010) ressaltam a existência de variabilidade suficiente para a obtenção de genótipos com *W* elevado e *P/L* intermediário.

Programas de melhoramento necessitam ser dinâmicos, renovando constantemente as linhagens em fase final de teste. Em média, foram avaliados 57 novas linhagens a cada ano. A taxa anual de renovação de linhagens foi de 52%, indicando o dinamismo do programa na busca por genótipos de qualidade industrial superior. Taxas anuais de renovação inferiores são relatadas em outros estudos para o caráter rendimento de grãos (CARGNIN, SOUZA e FRONZA, 2008; CARGNIN et al., 2009). A taxa de manutenção de genótipos foi de 31,6%, indicando que quase um terço dos genótipos foram mantidos para avaliação em mais de um ano. Além de indicar que genótipos superiores foram identificados, a alta taxa de manutenção permite estimar, com boa precisão, a variação ambiental entre anos, pois reduz efeitos de erro experimental e desvios devido à interação genótipo vs. ambiente.

O caráter *NQ* é um indicador da atividade da enzima alfa amilase no grão e está relacionado à remobilização de reservas para o processo de germinação na semente (ATWELL, 2001), indicando a ocorrência de umidade excessiva na pré-colheita. Cultivos de trigo no Brasil frequentemente estão sujeitos a chuva na ocasião da pré-colheita (BASSOI e FLINTHAM, 2005), comprometendo a qualidade final pelo desencadeamento do processo germinativo. Nesse sentido, programas de melhoramento geralmente buscam genótipos com maior tolerância à germinação pré-colheita. Neste estudo, não foi observado progresso genético e/ou devido ao componente ambiental (0,0% ano⁻¹ em ambos) para o caráter *NQ* (Tabela 5). Porém, percebe-se que o efeito ambiental é extremamente importante e determina o sentido e a magnitude dos contrastes a cada biênio (Figura 5d). Isso ocorre pois a variação deste caráter depende, principalmente, da ocorrência de altos índices de umidade por um período relativo de tempo na pré-colheita. A ausência dessa condição implicará em altos valores de *NQ*, mesmo em genótipos suscetíveis à germinação na espiga. Efeito ambiental sobre *NQ* é também reportado por Gooding et al. (2003).

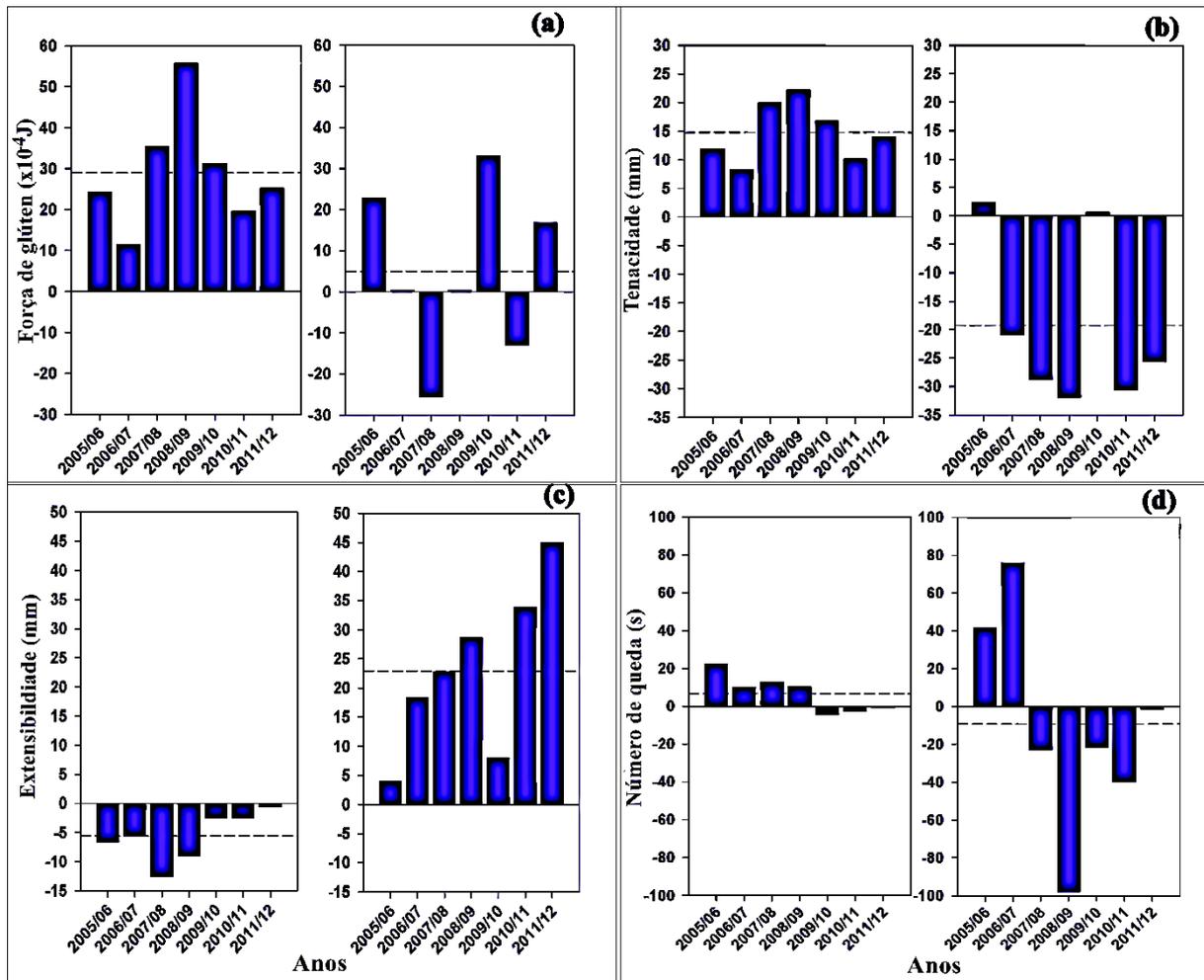


Figura 5. Progresso genético e ambiental acumulado no período de 2005 a 2012, para os caracteres força de glúten (a), tenacidade (b), extensibilidade (c) e número de queda (d). Para cada subfigura, o gráfico da esquerda representa o ganho genético, enquanto que o gráfico da direita representa o ganho ambiental. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

Na safra agrícola 2008/09 foi observado um pico no ganho acumulado para *W* e *P* (Figura 5a, b). Possivelmente, a diluição nos ganhos após esse período deva-se às alterações no direcionamento do programa, principalmente, devido a busca por cultivares adaptadas às regiões frias do país, a qual demandou mudança na base genética para trigos nacionais, na maioria das vezes de menor qualidade. O comportamento similar observado entre *W* e *P* é explicado pela correlação ($r= 0,60$; $p\leq 0,01$) (Figura 6b), corroborando com outros autores (GÓMEZ et al., 2009; LI et al., 2013). O glúten compõe cerca de 80% da fração proteica do endosperma de grãos de trigo, sendo constituído por subunidades, as gliadinas e gluteninas (PEÑA et al. 2002; PEÑA et al., 2005). As gluteninas conferem tenacidade à massa, enquanto gliadinas são responsáveis pela extensibilidade (WEEGELS; HAMER e SCHOFIELD, 1996; PEÑA et al., 2005). Dessas duas frações, as gluteninas são as principais responsáveis

pela força de glúten (PEÑA et al., 2002). Assim, explica-se a associação de elevada magnitude entre W e P , bem como o ganho genético semelhante nos dois parâmetros.

O rendimento de grãos é o caráter principal sob seleção em programas de melhoramento de trigo. Ao longo dos anos, a seleção para um ou poucos caracteres implica no incremento de alelos favoráveis, ao passo que alelos determinantes de caracteres secundários tendem a desaparecer (CONDÓN et al., 2009), restringindo a variabilidade genética. Foi observada variabilidade acentuada para W em todos os anos de avaliação, assim como ilustra a Figura 3a, comprovando a possibilidade de seleção de genótipos com maior qualidade de panificação.

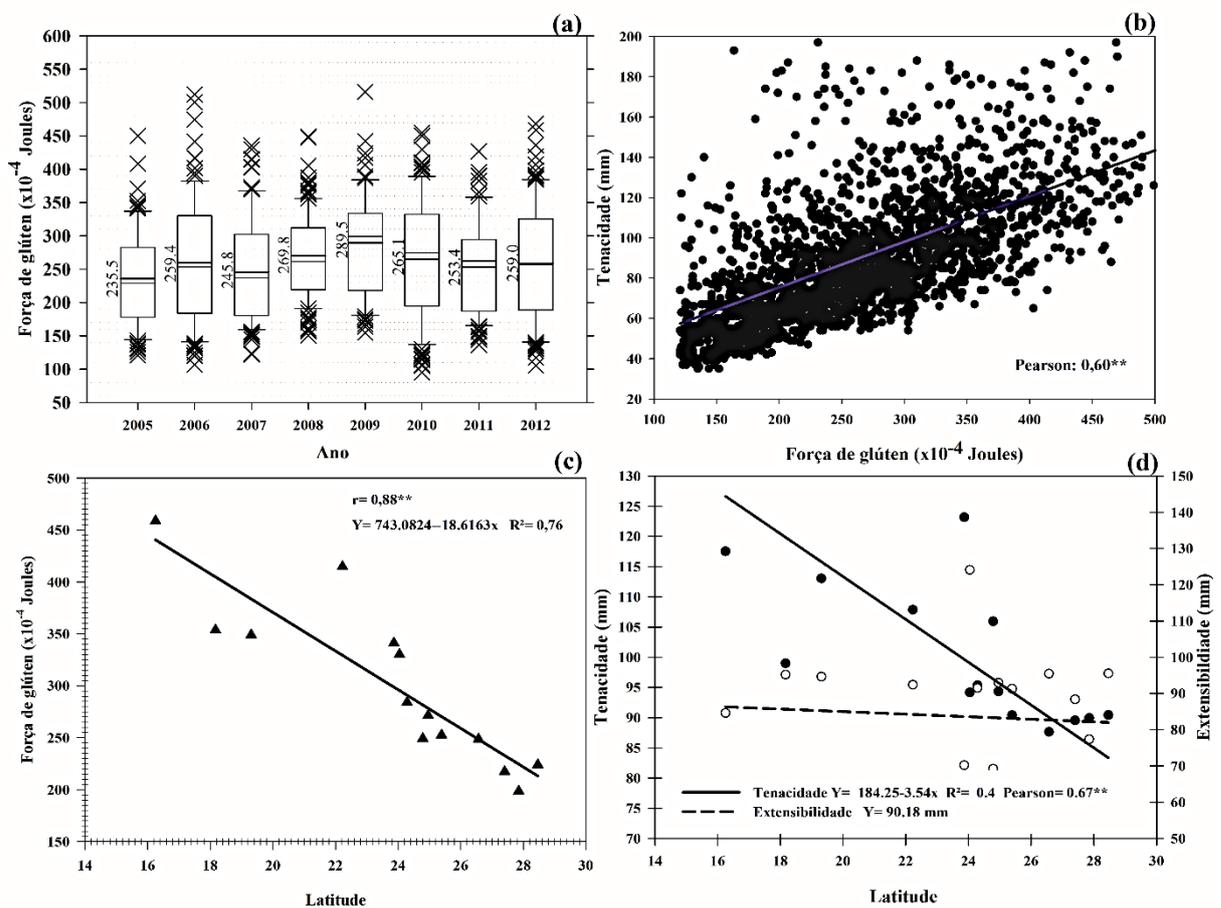


Figura 6. Boxplot para valores de força de glúten (a), análise de correlação simples de Pearson (b) e regressões lineares entre a variável independente latitude vs. força de glúten (c), tenacidade e extensibilidade (d). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

** - significativo ao nível de 1% de probabilidade de erro ($p \leq 0,01$), pelo teste t.

Verificou-se correlação de Pearson de elevada magnitude entre a latitude e W ($0,88^{**}$) (Figura 6c). Pela da análise de regressão, nota-se que a cada grau em que se eleva a latitude ocorre redução gradativa de aproximadamente 18,6

$\times 10^{-4}$ J em W . Da mesma forma, observa-se associação positiva de moderada magnitude entre P e latitude ($0,67^{**}$), com redução de 3,54 mm a cada grau em que se eleva a latitude (Figura 6d). Isso ocorre em virtude da redução na temperatura à medida com que se eleva a latitude. A temperatura é fundamental na definição da qualidade de panificação em trigo, pois, quando está é moderadamente elevada, favorece o acúmulo de proteínas, promovendo melhor qualidade (RANDALL e MOSS, 1990; TAHIR et al., 2006). Efeito significativo da latitude em atributos qualitativos em trigo são reportados em outros estudos (RHARRABTI et al. 2003; KONG et al., 2013). No entanto, não foi observado efeito significativo da latitude sobre L (Figura 6d). Assim, nas condições brasileiras, é possível produzir trigo de menor relação P/L quanto maior a latitude de cultivo. Essa informação pode ser útil na indicação de cultivares de trigo no Brasil.

O ganho genético para determinada cultura pode ser estimado a partir da avaliação do desempenho de variedades históricas nos ensaios ao longo dos anos e locais (STEFANOVA e BUIRCHELL, 2010). Nas 36 cultivares lançadas entre 1999 e 2013, utilizadas como testemunhas nos ensaios de VCU, não se observou ganhos em W ($r=0,0$; Figura 7a). De forma semelhante, P e L não sofreram modificações significativas (Figuras 7b e c). No entanto, isso não representa um cenário desfavorável, pois, 83% das cultivares evidenciaram valores de W superiores a 220×10^{-4} J, limite mínimo para a classificação como trigo pão (BRASIL, 2010). Além disso, no país, existe demanda significativa por trigos de baixa força de glúten, destinados à fabricação de biscoitos. Esse mercado representa 10,2% do trigo consumido (ABITRIGO, 2015). Além disso, o objetivo principal dos melhoristas de trigo é o aumento do rendimento de grãos, mantendo a qualidade em níveis aceitáveis.

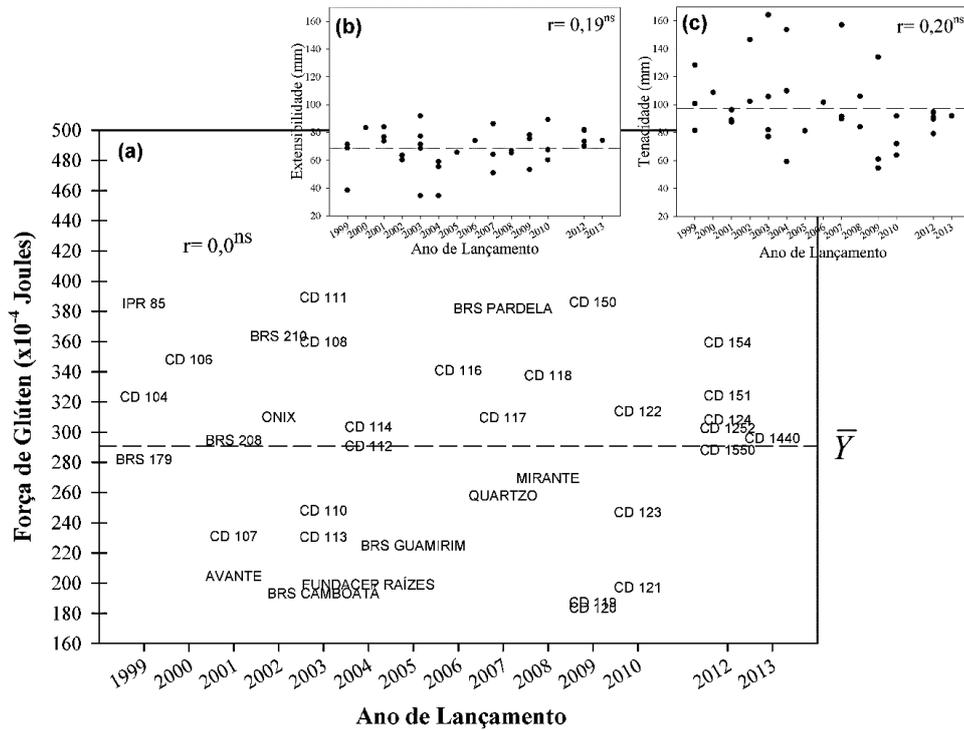


Figura 7. Desempenho de 36 cultivares comerciais de trigo, lançadas entre 1999 e 2013 para força de glúten (a), extensibilidade (b) e tenacidade (c). \bar{Y} - indica a média geral. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

^{ns} – ausência de significância pelo teste t.

Destaca-se a necessidade de avaliação do progresso genético em trigo para a qualidade industrial na região de VCU 1, caracterizada por ambientes frios. Este estudo indica que a existência de progresso ou decréscimo no componente genético pode não ser percebida devido ao efeito ambiental inerente a cada ano de cultivo, justificando a necessidade de avaliações como a executada neste estudo. Além disso, é necessário cautela no descarte de genótipos identificados com qualidade industrial insuficiente em apenas um ano de avaliação. Também, estudos são necessários no sentido de compreender as bases genéticas de *P/L* e meios alternativos que facilitem a sua avaliação (CLARKE, CLARKE e POZNIAK, 2010).

3.6 CONCLUSÕES

O progresso genético observado no período de 2005 a 2012 para o programa de melhoramento genético de trigo da Coodetec foi de 1,30% ano⁻¹ para

força de glúten (W), 2,11% ano⁻¹ para tenacidade (P), -0,93% ano⁻¹ para extensibilidade (L) e 0,00% ano⁻¹ para número de queda (NQ).

Existe tendência de desequilíbrio em P/L , atribuída ao progresso genético de 3,04% ano⁻¹ na relação, com a busca por cultivares de maior W . Esta relação é reduzida a medida em que se eleva a latitude.

A inexistência de progresso genético para W , P e L em cultivares comerciais lançadas entre 1999 e 2013 é atribuída à demanda por cultivares de diferentes níveis qualitativos no mercado e o caráter secundário destes parâmetros frente ao rendimento de grãos.

4 CAPÍTULO III - ASSOCIAÇÃO ENTRE MÉTODOS ESTATÍSTICOS DE AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM TRIGO NO BRASIL

4.1 RESUMO

A sensibilidade às variações ambientais, observada na cultura do trigo, conduz a frequente existência de interação genótipo (G) vs. ambiente (A) (IGA) significativa. Inúmeras metodologias estão disponíveis para o estudo da IGA em ensaios multi-ambiente; porém, não há consenso sobre qual a melhor opção. O objetivo deste estudo foi comparar metodologias estatísticas para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de trigo a partir de dados de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), com vistas na identificação de abordagens essenciais. Foram utilizados dados de desempenho produtivo de 22 genótipos de trigo avaliados em três locais (Guarapuava, Cascavel e Abelardo Luz), durante duas safras agrícolas (2012 e 2013), totalizando seis ambientes. Em cada ensaio foi empregado o delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. Na avaliação da IGA, foram utilizadas metodologias baseadas em modelos mistos, análise de variância, regressão linear, análises multivariadas e não paramétricas. A análise de variância conjunta revelou efeito significativo de G, A e IGA ($p \leq 0,01$) para o caráter rendimento de grãos (RG), evidenciando a presença de interação do tipo complexa. Na seleção de genótipos estáveis e de alto rendimento de grãos, é indicada a utilização do método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) baseado em modelos mistos, em associação com as análises gráficas GGE biplot, pela capacidade de inferir sobre ambientes, genótipos e suas relações. A associação entre as metodologias de adaptabilidade e estabilidade avaliadas e implicações no melhoramento são discutidas.

Palavras chave: *Triticum aestivum* L.; métodos univariados e multivariados; correlação de postos; melhoramento genético, rendimento de grãos; ensaios multi-ambientes.

4.2 ABSTRACT

The sensitivity to environmental variations observed in wheat, results in frequent existence of significant genotype (G) vs. environment (E) interaction (GEI). Numerous methods are available to study GEI in multi-environment trials; however, there is no consensus about what is the best option. The aim of this study was to compare statistical methods to evaluate the adaptability and stability of wheat genotypes from data of value of cultivation and use trials (VCU) in order to identify key approaches. We used data from yield performance of 22 wheat genotypes evaluated in three sites (Guarapuava, Cascavel and Abelardo Luz) in two growing seasons (2012 and 2013), totaling six environments. In each test was used a randomized complete block design with three replications. In assessing the GEI, methodologies were used based on mixed models, analysis of variance, linear regression, multivariate and nonparametric analysis. The combined analysis of variance revealed a significant effect of G, E and GEI ($p \leq 0.01$) for grain yield (GY) showing the presence of complex interaction. In selecting stable genotypes with high grain yield, is indicated to use the method of the harmonic mean of the relative performance of the genetic values (MHPRVG) based on mixed models, in combination with the graphical analysis GGE biplot, due to the ability to infer environments,

genotypes and their relationships. Both methods allow the use unbalanced data set, typical of VCU trials. The association between the evaluation methods of adaptability and stability and their implications on plant breeding are discussed.

Key words: *Triticum aestivum* L.; univariate and multivariate methods; rank correlation; plant breeding; yield; multi-environment trials.

4.3 INTRODUÇÃO

No Brasil, o trigo (*Triticum aestivum* L.) tem relativa importância na região Sul e em alguns ambientes de altitude localizados em regiões de menor latitude. Com produção aproximada de 5,5 milhões de toneladas em 2013 (CONAB, 2014), ainda é considerada uma cultura secundária frente às principais commodities em produção no país, em especial a soja. No entanto, a crescente demanda mundial pelo cereal e a disponibilidade de áreas para a produção em larga escala, tornam crescentes os interesses pela cultura no Brasil. Notoriamente, a vasta extensão territorial onde o trigo de primavera pode ser cultivado, está atrelada a uma severa variabilidade de ambientes. Essa oscilação de variáveis ambientais frequentemente implica na existência de interação genótipo vs. ambiente (IGA) significativa. Em programas de melhoramento, a presença de IGA causa várias dificuldades, principalmente por alterar a performance genotípica através dos ambientes (MOHAMED, 2013) e por minimizar a associação entre os valores fenotípicos e genotípicos (ALWALA et al., 2010), reduzindo o progresso genético.

No melhoramento de plantas, a obtenção de genótipos produtivos e com características desejáveis, é resultado do processo de seleção em diferentes ambientes (anos e locais) (CONDÉ et al., 2010). Um mesmo genótipo, cultivado em diferentes ambientes, frequentemente mostra variação significativa no desempenho produtivo (DE VITA et al., 2010). Essa flutuação é resultado do componente ambiental e refere-se a IGA. Na maioria das vezes, a IGA complica o melhoramento, avaliação e seleção de genótipos superiores (MOHAMMADI et al., 2007; HAGOS e ABAY, 2013). A consequência disso para programas de melhoramento está, principalmente, na necessidade de uma ampla rede de ensaios. Nesse caso, melhoristas testam genótipos em ensaios multi-ambiente, inclusive alternando condições favoráveis e desfavoráveis (ALWALA et al., 2010). Por outro lado, a presença de IGA é passível de ser explorada e a identificação de genótipos adaptados a ambientes específicos pode constituir oportunidades.

Conceitualmente, a estabilidade é referida como a consistência de desempenho produtivo nos diferentes ambientes, enquanto a adaptabilidade indica a habilidade do genótipo em produzir bem nesses ambientes (LIN e BINNS, 1988). Genótipos que apresentam rendimento estável mostram ampla capacidade de adaptação, enquanto que, genótipos com elevado rendimento em alguns ambientes e baixo desempenho em outros, são considerados de adaptabilidade específica. É essencial o entendimento das bases e implicações da IGA para o rendimento de grãos (RG) em programas de melhoramento. A IGA pode ser de natureza simples ou complexa (CRUZ e CARNEIRO, 2003). A primeira é devido a variação entre genótipos nos ambientes. Já a segunda, é resultado do ranqueamento diferenciado dos genótipos através dos ambientes. Inúmeros procedimentos estatísticos estão de fato disponíveis para a avaliação do comportamento dos genótipos frente a presença de IGA significativa. Porém, decidir qual é o método mais eficiente para projetar genótipos que sejam estáveis e adaptados nem sempre é uma tarefa fácil (PAULA et al., 2014). Uma constante preocupação em programas de melhoramento é a possibilidade de descarte de genótipos potencialmente úteis, cuja média pode não ser alta, mas mostra adaptação específica a um nicho de ambientes (POURDAD, 2011).

Duas são as formas de se contornar a presença de IGA. A primeira consiste em subdividir regiões heterogêneas em sub-regiões menores e mais homogêneas, onde o melhoramento pode desenvolver cultivares específicas para cada sub-região (MOHAMMADI et al., 2007; MUNARO et al., 2014). A segunda estratégia remete à seleção de genótipos com alta estabilidade entre os ambientes (EBERHART e RUSSELL, 1966). Na literatura, os diferentes níveis de associação entre metodologias avaliadoras da adaptabilidade e estabilidade indicam que mais de uma metodologia deve ser utilizada para a previsão confiável do desempenho genotípico (SILVA e DUARTE, 2006; POURDAD, 2011; ROOSTAEI; MOHAMMADI e AMRI, 2014). A depender do conjunto de dados, os métodos mais indicados para a avaliação da IGA podem mudar.

Estudos buscando a identificação de metodologias precisas na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em ensaios multi-ambientes são executados em diversas culturas (PAULA et al., 2014; SCAPIM et al., 2010; SILVEIRA et al., 2013; MOHAMMADI et al., 2010). Inúmeros métodos têm sido propostos para estimar parâmetros de adaptabilidade e estabilidade. Esses métodos utilizam conceitos de modelos paramétricos univariados (EBERHART e RUSSELL, 1966; WRICKE, 1965),

multivariados (GAUCH e ZOBEL, 1988; YAN, 2001), modelos mistos (RESENDE, 2004; BUENO FILHO e VENCOVSKY, 2000) e não paramétricos (LIN & BINNS, 1988). A capacidade de explicar a soma de quadrados da IGA é, principalmente, o que fomenta as diferenças entre os métodos existentes. Nesse sentido, para serem feitas recomendações, é essencial a investigação das associações entre os parâmetros (MOHAMMADI et al., 2007). Em trigo, estudos comparando metodologias de avaliação da adaptabilidade e estabilidade estão amplamente disponíveis na literatura (TADEGE; UTTA e AGA, 2014; CASTILLO et al., 2012; MOHAMMADI et al., 2010). Porém, no Brasil, são poucos os trabalhos e a variabilidade de metodologias estudadas é restrita. Há a necessidade de se proceder estudos comparativos com métodos tradicionais e alternativas estatísticas recentes, viabilizando a indicação de metodologias que aumentem a acurácia no processo de seleção e indicação de genótipos de trigo.

Diferentes opiniões ainda existem entre usuários de métodos estatísticos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade quanto aos procedimentos mais adequados (TADEGE; UTTA e AGA, 2014), havendo a necessidade de um estudo comparativo entre os métodos mais utilizados (MOHAMMADI et al., 2010). Assim, o objetivo deste estudo foi analisar dados de ensaios multi-ambiente, com presença de IGA significativa, utilizando diferentes metodologias de estimação da adaptabilidade e estabilidade e comparar esses procedimentos estatísticos por meio de análise de correlação de Spearman, buscando maior acurácia no processo de seleção, indicação e conseqüente progresso genético em trigo.

4.4 MATERIAL E MÉTODOS

4.4.1 Origem dos dados experimentais

Este estudo foi conduzido utilizando dados de rendimento de grãos (RG) de experimentos executados em três locais (Abelardo Luz – SC, Cascavel – PR e Guarapuava – PR) durante dois anos consecutivos (2012 e 2013). Para efeito de análise e interpretação, cada local em cada ano foi considerado um ambiente, totalizando portanto, seis ambientes de teste (Figura 8). Foram avaliados 22 genótipos, incluindo linhagens e cultivares comerciais de trigo (codificados de G1 a

G22), em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), sendo eles: BRS Guamirim, CD 0940, CD 105, CD 114, CD 117, CD 119, CD 120, CD 121, CD 122, CD 123, CD 124, CD 12860, CD 12862, CD 12864, CD 12880, CD 12882, CD 12884, CD 1440, CD 1550, Fundacep Raízes, Mirante e Quartzito. A Instituição responsável pela execução dos ensaios é a Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (Coodetec), sediada em Cascavel – PR. O delineamento experimental foi de blocos completos casualizados, com três repetições. Cada unidade experimental foi composta por seis linhas de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,20 m (1,2 x 5 m). Foram consideradas como área útil as 4 linhas centrais de cada parcela. A densidade de semeadura foi de 350 sementes m² e os tratos culturais empregados seguiram as indicações técnicas para a cultura do trigo (RCBPTT, 2012). As estimativas de rendimento de grãos (RG) em kg ha⁻¹ foram obtidas pela conversão da massa de grãos colhida por unidade experimental para um hectare, com correção da umidade para 13% (base úmida).

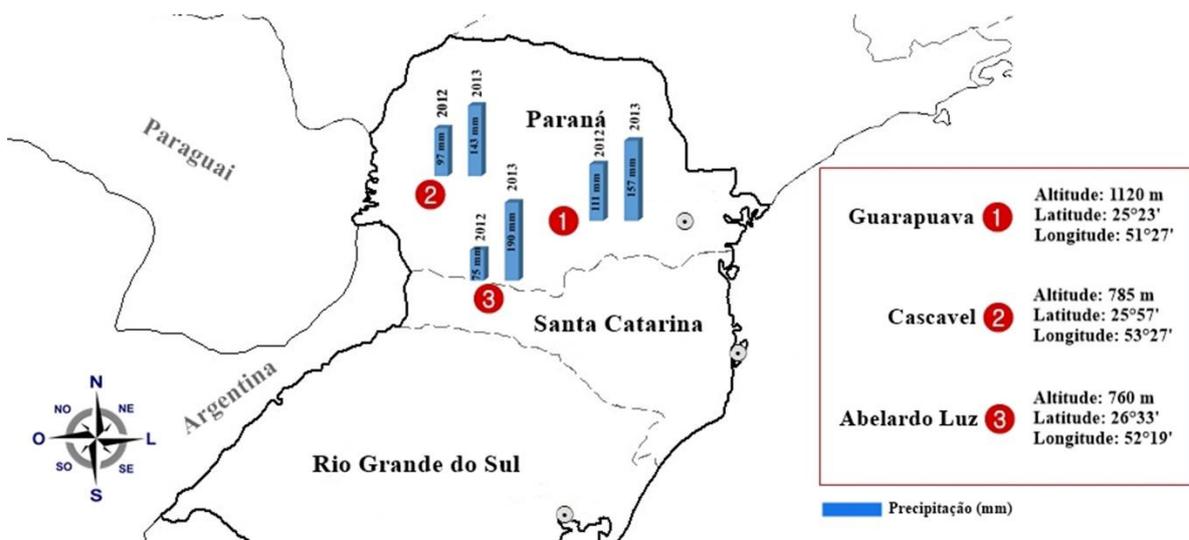


Figura 8. Identificação dos ambientes de testes de genótipos de trigo, incluindo posição geográfica e precipitação média mensal durante o crescimento e desenvolvimento da cultura, nos dois anos de experimentação (2012 e 2013). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

4.4.2 Análise de Variância

A significância dos efeitos de genótipos (G), ambientes (A) e da interação (IGA) para o caráter RG, foram determinadas pelo teste F da análise de variância (ANOVA). Foram executadas as análises de variância individuais para ambientes, seguida da análise conjunta. O efeito de ambiente foi considerado aleatório, enquanto que o efeito de genótipo foi considerado fixo. Verificou-se a homogeneidade das

variâncias residuais (QMR) pelo teste da razão entre o maior/menor QMR (razão= 6,77), o qual necessita ser inferior a 7 (CRUZ et al., 2004). A acurácia seletiva foi calculada a partir da expressão:

$$\hat{r}_{gg} = (1 - 1/F)^{1/2}$$

em que, F : é o valor da razão de variâncias para os efeitos de tratamentos (cultivares) contido na análise de variância (RESENDE e DUARTE, 2007). Para a realização da ANOVA, foi utilizado o software Genes (CRUZ, 2013).

4.4.3 Estatísticas de adaptabilidade e estabilidade

Os métodos seguintes foram utilizados para a verificação da adaptabilidade e estabilidade fenotípica dos 22 genótipos de trigo: método de Wricke (1965), Eberhart & Russell (1966), efeitos principais aditivos e interação multiplicativa – AMMI1 (ZOBEL et al., 1988), Annicchiarico (1992), Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998), modelos mistos – REML/BLUP (RESENDE, 2004) e análise GGE (YAN et al., 2000). Para a realização das análises de adaptabilidade e estabilidade foram utilizados os softwares Genes (CRUZ, 2013), Selegem (RESENDE, 2002) e GGE Biplot (YAN, 2001).

Na metodologia de Wricke (1965), a medida de estabilidade é conferida pela estatística da ecovalência (ω_i), obtida pela seguinte expressão:

$$\omega_i = r \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..})^2$$

Para um genótipo ser considerado estável por essa metodologia, deve apresentar valores de ω_i próximos a zero. Isso indica que estes genótipos apresentam menores desvios em relação aos ambientes.

A análise AMMI (*Additive Main effect and Multiplicative Interaction*) (ZOBEL et al., 1988) é a combinação da análise de variância habitual com a análise de componentes principais. A equação para esse modelo estatístico é:

$$\bar{Y}_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

em que: \bar{Y}_{ij} é a média de rendimento do genótipo i ($i= 1, 2, \dots, G$ genótipos) no ambiente j ($j= 1, 2, \dots, A$ ambientes); μ é a média geral dos experimentos; g_i é o efeito de genótipo; a_j é o efeito do ambiente; o efeito da interação multiplicativa é modelado

por $\sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}$, onde, k é o valor singular; λ_k é o autovalor do eixo k da PCA (análise de componente principal); γ_{ik} e α_{jk} são os escores PCA do eixo k para genótipo e ambiente, respectivamente; ρ_{ij} é o residual do modelo AMMI e ε_{ij} é o erro considerado aleatório. Para a análise de correlação foram utilizados, como medida de estabilidade, os escores do primeiro componente principal IPCA1 de cada genótipo, obtidos a partir da análise AMMI1. A magnitude desses escores reflete a contribuição para a interação (IGA). Quanto menores os escores, em valores absolutos de IPCA1, mais estável é o genótipo. Os resultados da análise AMMI1 também foram plotados na forma gráfica, denominada biplot (GABRIEL, 1971).

Foram executadas análises de regressão linear para cada um dos 22 genótipos baseado na metodologia de Eberhart e Russell (1966). Os estimadores obtidos por esse método são gerados pelas seguintes expressões:

$$\bar{Y}_i = \frac{\sum_j Y_{ij}}{a}$$

$$\hat{\beta}_{1i} = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j I_j^2}$$

$$I_j = \frac{\sum_j Y_{ij}}{g} - \frac{\sum_i \sum_j Y_{ij}}{ag}$$

$$\hat{\sigma}_{di}^2 = \frac{\left[\sum_j Y_{ij}^2 - (\sum_j Y_{ij})^2 / a \right] - (\sum_j Y_{ij} I_j)^2 / \sum_j I_j^2}{a - 2}$$

em que: $\hat{\beta}_{1i}$ é o coeficiente de regressão, $\hat{\sigma}_{di}^2$ é a variância dos desvios dessa regressão, I_j é o índice ambiental. Para ser ideal, uma cultivar deve ter média alta, coeficiente de regressão próximo da unidade ($\hat{\beta}_{1i}$ igual ou próximo a 1) e desvios de regressão ($\hat{\sigma}_{di}^2$) não diferindo significativamente de zero.

A estatística de adaptabilidade P_i , obtida através do método de Lin & Binns (1988) é dada pela seguinte expressão:

$$P_i = \frac{\sum_{j=1}^a (Y_{ij} - M_j)^2}{2a}$$

onde, quanto menor o valor de P_i de determinado genótipo, maior será sua estabilidade a ambientes gerais. Carneiro (1998) propôs a decomposição da estimativa P_i para ambientes favoráveis e desfavoráveis através das seguintes expressões:

$$P_{i(f)} = \frac{\sum_{j=1}^f (Y_{ij} - M_j)^2}{2f}$$

em que f é o número de ambientes favoráveis. Para ambientes desfavoráveis a expressão é:

$$P_{i(d)} = \frac{\sum_{j=1}^d (Y_{ij} - M_j)^2}{2d}$$

em que d é o número de ambientes desfavoráveis.

O interesse em combinar alto RG e estabilidade levou ao desenvolvimento do índice de confiabilidade. O método de Annicchiarico tem por base o índice de confiança genotípico, estimado por:

$$I_{i(g)} = \hat{\mu}_{i(g)} - Z_{(1-\alpha)} \hat{\sigma}_{Z_{i(g)}}$$

em que: $\hat{\mu}_{i(g)}$ é a média percentual dos i genótipos, $\hat{\sigma}_{Z_{i(g)}}$ é o desvio padrão dos valores Z_{ij} associado ao i -ésimo genótipo, $Z_{(1-\alpha)}$ é o percentil da função de distribuição normal padrão. O coeficiente de confiança adotado foi de 95%, ou seja, $\alpha = 0,05$.

A análise gráfica a partir da metodologia multivariada GGE biplot foi obtida pela seguinte expressão:

$$Y_{ij} - \mu - E_j = Y_1 \varepsilon_{i1} \rho_{j1} + Y_2 \varepsilon_{i2} \rho_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

em que: Y_{ij} representa o rendimento médio do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente; μ é a média geral, E_j é o efeito de ambiente, Y_1 e Y_2 são os valores singulares do CP1 e CP2, respectivamente, ε_{i1} e ε_{i2} são os escores do primeiro e segundo CP, respectivamente, do i -ésimo genótipo, ρ_{j1} e ρ_{j2} são os escores do primeiro e segundo CP, respectivamente, do j -ésimo ambiente, e ε_{ij} é o residual associado ao genótipo i e ambiente j . Após a plotagem dos escores associados aos ambientes e genótipos, foi procedida a análise de média e estabilidade. Nessa análise, quanto maior a projeção do vetor, no sentido perpendicular à reta de médias, menor é a estabilidade do genótipo (YAN et al., 2007).

Na avaliação da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos de trigo por modelos lineares mistos (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) foi empregada a análise RELM/BLUP, modelo 54, pelo uso do software SELEGEN (RESENDE, 2002) de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y = X_r + Z_g + W_i + e$$

em que, y , r , g , i e e são os vetores dos dados, dos efeitos de blocos (fixos), de efeitos genéticos aditivos (aleatório), de efeitos de parcela (aleatório) e dos erros aleatórios, respectivamente. X , Z e W são as matrizes de incidência de r , g e i , respectivamente. A medida da adaptabilidade e estabilidade simultâneas para cada genótipo foi obtida pela Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG) e a estabilidade dos genótipos pela Média Harmônica dos Valores Genotípicos através dos ambientes (MHVG).

4.4.4 Análise de correlação de Spearman

Para cada estatística de adaptabilidade e estabilidade, foi procedida a classificação dos 22 genótipos. Na sequência, foi empregada a análise de correlação de postos de Spearman entre todos os pares de estatísticas (STEEL e TORRIE, 1960). Para essa análise foi empregado o software R. Cada par de variáveis correlacionadas foi plotada em um gráfico de dispersão. A junção de todos os gráficos resultou na figura de correlação, onde as associações significativas ($p \leq 0,05$) foram destacadas. Para esse procedimento, foi utilizado o software Sigmaplot v.11.

Todos os genótipos foram ordenados quanto a adaptabilidade e estabilidade conforme o conceito e número de parâmetros de cada método estatístico. Duas figuras, contendo análises de correlações, foram confeccionadas. Na primeira, com foco nos parâmetros indicativos da estabilidade fenotípica, a ordenação foi realizada de forma que o genótipo mais estável recebeu a classificação 1, e essa foi realizada até o g -ésimo genótipo. Na segunda figura de correlação, objetivou-se ilustrar a associação dos métodos propriamente ditos, obtendo-se ordenações de genótipos com foco na estabilidade e RG, simultaneamente. Para isso, na metodologia de Wricke (1965) os genótipos foram inicialmente ordenados pelo RG, em que o genótipo de maior valor recebeu a classificação 1, e essa foi realizada até o g -ésimo genótipo. Posteriormente, os genótipos foram classificados quanto a estabilidade. Por fim, foi calculada a média dos dois ranqueamentos, sendo realizada uma nova ordenação, em que o genótipo de menor valor recebeu a classificação 1, e essa foi realizada até o g -ésimo genótipo.

No método de Annicchiarico (1992), foi calculada a média do ranqueamento dos três parâmetros (I_i , $I_{i(f)}$ e $I_{i(d)}$), posteriormente, um novo

ranqueamento foi efetuado, onde o genótipo com menor valor recebeu a classificação 1, e essa foi procedida até o g-ésimo genótipo. De forma semelhante, foi obtido o ranqueamento de genótipos para o método de Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998). No método descrito por Eberhart & Russel (1966), foram atribuídas ordenações crescentes às estimativas genotípicas de cada um dos parâmetros ($\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\sigma}_{di}^2$). Foi calculada a média entre essas ordenações e acrescida da ordenação pelo RG e uma nova classificação foi obtida, de forma semelhante ao descrito para os outros métodos. Para expressão simultânea da adaptabilidade e estabilidade pelo metodologia de modelos mistos, utilizou-se a classificação proveniente do parâmetro MHPRVG (RESENDE, 2004). As ordenações dos genótipos pelos métodos AMMI1 e GGE foram realizadas a partir de arquivo de saída das análises no software GGE biplot, onde constam os valores das projeções dos genótipos nos eixos das ordenadas e abcissas, resultando em um ranqueamento pela estabilidade e desempenho produtivo. Posteriormente, foi calculada a média dos ranques, e uma nova ordenação foi gerada, de maneira similar ao descrito por Alwala et al. (2010).

4.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A precipitação pluviométrica observada entre os anos de cultivo foi divergente nos três locais (Figura 8). De Vita et al. (2010) relatam correlação de 0,82** entre o rendimento de grãos (RG) de trigo e a precipitação pluviométrica, comprovando a alta dependência desse caráter às variações ambientais. Em 2012, a precipitação média mensal foi 42% inferior a observada em 2013. Além disso, os locais contrastam consideravelmente para altitude (760 – 1120 m) o que implica em diferenças acentuadas de temperatura. O somatório desses fatores contribuiu para existência de variabilidade ambiental e conseqüente ocorrência de interação genótipo vs. ambiente (IGA) significativa ($p \leq 0,05$) (Tabela 6), indicando mudanças no ranqueamento dos genótipos entre os ambientes, ou seja, interação do tipo complexa. De acordo com estudo conduzido por Reynolds et al. (2002), alguns fatores incluindo estresses por umidade, temperatura e devido à incidência de doenças são determinantes na ocorrência de IGA. Essa condição dificulta a indicação de genótipos superiores para todos os ambientes (HAGOS e ABAY, 2013) e requer outros

procedimentos estatísticos específicos para auxiliar no processo de seleção e indicação de genótipos.

Tabela 6. Teste estatístico para os efeitos de genótipos (G), ambientes (A) e para a interação (IGA) através de análise paramétrica (ANOVA) para 22 genótipos de trigo avaliados em 6 ambientes. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

<i>Análise de ambientes individuais</i>							
Ambientes	Quadrado médio (QM)			CV (%)	Média (kg ha ⁻¹)	F	\hat{r}_{gg}
	Bloco	Genótipo	Erro				
A1†	663647.9	687795,3	109884.6	9,4	3494,8	6,2**	0,91
A2	209214.6	647501,0	221047.8	9,3	5125,4	2,9**	0,81
A3	58146.7	472827,0	32628.6	4,6	3901,7	14,5**	0,96
A4	18369.9	419903,6	63509.4	9,7	2594,9	6,6**	0,92
A5	621443.5	390486,5	218596.2	12,5	3744,8	1,8*	0,67
A6	80566.1	264646,1	165997.1	10,3	3936,9	1,6 ^{ns}	0,61
GL	2	21	42				
Relação maior QMR/menor QMR= 6,77							
<i>Análise conjunta</i>							
	GL	QM	F	CV (%)	Média (kg ha ⁻¹)		\hat{r}_{gg}
Blocos/ambiente	12	275231.4					
Genótipos (G)	21	1165200.4	3.4**				0,84
Ambientes (A)	5	44013812.1	159.9**		3799,8		
IGA	105	343591.8	2.5**				
Erro	252	135277.3		9,67			

**, *: significativo a 1 (p≤0,01) e 5% (p≤0,05) de probabilidade de erro pelo teste F. ^{ns}: não significativo. CV (%): coeficiente de variação. \hat{r}_{gg} : acurácia seletiva de genótipo. GL: graus de liberdade. †A1: Guarapuava 2012; A2: Guarapuava 2013; A3: Cascavel 2012; A4: Cascavel 2013; A5: Abelardo Luz 2012; A6: Abelardo Luz 2013.

O efeito de ambiente foi responsável pela maior parte da variação fenotípica do RG (95%), corroborando com outros estudos (DE VITA et al., 2010; POURDAD 2011; HAGOS e ABAY, 2013; ROOSTAEI, MOHAMMADI e AMRI, 2014). Os efeitos de genótipos (2,5%) e da IGA (0,7%) representaram uma menor porção da soma de quadrados total. De Vita et al. (2010) relatam que a seleção para genótipos mais produtivos ao longo dos anos contribuiu para a melhoria da estabilidade fenotípica em genótipos modernos de *Triticum durum*. Isso implica em menor participação da IGA e consequente constância de desempenho entre os ambientes e anos de cultivo. Porém, por menor que seja, a IGA não pode ser desconsiderada (CONDÉ et al., 2010). A presença de IGA observada nesse estudo justifica a necessidade de se conduzir ensaios nos três locais de testes. Também, obteve-se boa precisão experimental, confirmada pelo baixo coeficiente de variação (9,67%) e alta acurácia seletiva de genótipo (média de 0,84).

Substancial diferença entre as médias de RG, entre os ambientes, foram encontradas (2.595 – 5.125 kg ha⁻¹), caracterizando a variabilidade climática e de

fatores edáficos existentes entre os ambientes (Tabela 7). Guarapuava foi o local de maior RG médio, confirmando resultados reportados em outros estudos que caracterizam esse local com potencial para a obtenção de elevados patamares produtivos, principalmente em virtude do quociente fototermal de magnitude superior (SILVA et al., 2014). Cascavel em 2013 (A4) foi o ambiente menos favorável ao RG (2.595 kg ha⁻¹).

Tabela 7. Médias de rendimento de grãos (kg ha⁻¹) de 22 genótipos de trigo avaliados em seis ambientes, constituídos de três locais (Guarapuava, Cascavel e Abelarado Luz) durante dois anos de avaliação (2012 e 2013). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

Genótipos	Ambientes						Média	
	1*	2	3	4	5	6		
G1	BRS Guamirim	3562,5	5244,1	3699,2	1842,5	3612,5	3396,3	3559,5
G2	CD 0940	4347,2	5397,2	3806,1	3763,3	4257,2	3900,0	4245,2
G3	CD 105	4062,5	4641,7	3714,7	2536,1	3743,3	3905,6	3767,3
G4	CD 114	3186,3	4632,6	3183,0	2534,0	4156,3	3946,2	3606,4
G5	CD 117	3630,8	5143,1	3080,4	2531,9	3381,1	3827,2	3599,1
G6	CD 119	3272,2	5484,7	3460,6	2802,8	3804,4	3501,4	3721,0
G7	CD 120	3216,7	4722,2	3289,6	2336,1	3495,6	3658,3	3453,1
G8	CD 121	3635,6	4705,6	3736,7	2526,1	3316,7	3845,8	3627,7
G9	CD 122	3413,9	5156,9	3905,9	2686,1	4068,9	4295,8	3921,3
G10	CD 123	2174,4	4797,2	3854,4	2117,8	2803,3	3452,8	3200,0
G11	CD 124	3311,1	5397,2	4390,0	2928,7	3048,9	4070,8	3857,8
G12	CD 12860	3260,0	4513,9	3965,6	2655,6	3638,9	3786,1	3636,7
G13	CD 12862	3901,1	5452,8	4114,4	2529,6	3972,2	4122,2	4015,4
G14	CD 12864	3848,9	6466,7	3998,9	2649,1	3928,9	3640,3	4088,8
G15	CD 12880	3622,2	5652,8	4058,9	2318,5	3915,6	4320,8	3981,5
G16	CD 12882	2545,6	4851,4	4374,4	2280,6	3963,3	3768,1	3630,6
G17	CD 12884	3824,4	4648,6	4042,2	2828,7	4004,4	4288,9	3939,6
G18	CD 1440	3780,0	5407,0	4325,6	2654,2	3690,0	4363,9	4036,8
G19	CD 1550	3397,8	5450,0	4572,2	2380,1	3914,4	4198,6	3985,5
G20	Fundacep Raízes	3312,8	4613,9	3788,3	2381,8	3661,7	3943,5	3617,0
G21	Mirante	3637,8	5217,9	4253,3	2972,8	4085,0	4008,3	4029,2
G22	Quartzo	3943,3	5163,0	4224,2	2831,5	3922,2	4370,8	4075,8
Média		3494,9	5125,5	3901,8	2594,9	3744,8	3936,9	3799,8

*1: Guarapuava 2012; 2: Guarapuava 2013; 3: Cascavel 2012; 4: Cascavel 2013; 5: Abelarado Luz 2012; 6: Abelarado Luz 2013. DMS de Tukey a 5% ($p \leq 0,05$) de probabilidade de erro entre ambientes: 881,4 kg ha⁻¹, e entre genótipos: 1113,7 kg ha⁻¹.

O efeito de genótipo foi altamente significativo ($p \leq 0,01$), mostrando diferenças substanciais entre os genótipos testados. Na média de ambientes, o genótipo G10 apresentou o menor desempenho produtivo (3.200 kg ha⁻¹), enquanto que G2 foi o genótipo de maior potencial (4.245 kg ha⁻¹) (Tabela 07). É notável que, apesar da variabilidade de resposta produtiva dos genótipos, as diferenças

genotípicas explicaram pouco da soma de quadrados total. A média geral dos ensaios utilizados neste estudo foi de aproximadamente 3.800 kg ha⁻¹, superior à média produtiva brasileira de aproximadamente 2.500 kg ha⁻¹ (CONAB, 2014).

Na Tabela 08, são apresentados os resultados das análises de adaptabilidade e estabilidade. Nota-se que os métodos de Annicchiarico (1992) e Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) fornecem estimativas para ambientes gerais, favoráveis e desfavoráveis. Neste estudo, foi utilizada somente uma metodologia não-paramétrica, a de Lin & Binns (1988), por apresentar alta repetibilidade e pelo fato de que métodos não-paramétricos são mais associados entre si do que métodos paramétricos (POURDAD, 2011). Por essa metodologia, genótipos estáveis são identificados pela menor magnitude do índice P_i . Neste caso, para ambientes gerais e desfavoráveis, o genótipo G2 foi superior, com estabilidade e alto RG. Também, embora Lin & Binns (1988) e Annicchiarico (1992) sejam métodos associados, estas metodologias não concordaram na indicação do melhor genótipo. Para este último método, G22 foi superior a G2 em todas as condições de ambientes.

Recentemente, análises de estabilidade e adaptabilidade, com apelo gráfico, tornaram-se populares no melhoramento de plantas. A análise “*which-won-where*” (Figura 9a) é uma característica única do GGE biplot, em que, o particionamento dos genótipos nos setores indica a presença de IGA significativa (ALWALA et al., 2010). Neste estudo, os seis ambientes foram agrupados em dois setores. O genótipo sobre o vértice de cada setor representa o genótipo mais adequado para os ambientes englobados no setor. Desta forma, G2 foi o melhor genótipo nos ambientes E1, E4, E5 e E6. Nos ambientes E3 e E2, o genótipo G14 apresentou o melhor desempenho produtivo. Se, por ventura esses agrupamentos se repetirem através dos anos, mega-ambientes podem ser identificados (YAN et al., 2000). O setor onde G14 é vencedor, compreende ambientes identificados como desfavoráveis pela metodologia de Annicchiarico (1992), ao passo que G2 foi mais adequado em ambientes favoráveis, com exceção de E5, o qual foi considerado desfavorável. Todavia, cuidados devem ser tomados na indicação de genótipos para ambientes específicos, pois a variação explicada pelos dois primeiros componentes principais pode ser demasiadamente baixa. Neste estudo, obteve-se explicação aproximada de 64%, superior à explicação obtida por Alwala et al. (2010), porém, inferior a 80%, considerado valor mínimo para análises de componentes principais.

Tabela 8. Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica obtidos através dos métodos de ecovalência (Wricke, 1964) – ω_i , Annicchiarico (1992)¹ a $\alpha=0,05$ – I_i , $I_{i(f)}$ e $I_{i(d)}$, Eberhart & Russel (1966)² – $\hat{\sigma}_{di}^2$, Lin & Binns (1988)³ modificado por Carneiro (1998) – P_i , $P_{i(f)}$ e $P_{i(d)}$ e média harmônica de valores genotípicos por modelos mistos (REML/BLUP)⁵ – *MHVG*, em 22 genótipos de trigo avaliados em 6 ambientes, constituídos de três locais (Guarapuava, Cascavel e Abelardo Luz) durante dois anos de testes (2012 e 2013). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

G†	RG*	ω_i	I_i	$I_{i(f)}$	$I_{i(d)}$	$\hat{\sigma}_{di}^2$	P_i	$P_{i(f)}$	$P_{i(d)}$	<i>MHVG</i>
G1	3559 b ⁴	4,9	72,6	81,3	62,6	33.7 ^{ns}	66,0	53,4	78,6	4117,0
G2	4245 a	10,4	84,4	93,9	101,5	130.3 ^{**}	16,2	32,5	0,0	3909,3
G3	3767 b	4,9	85,5	87,9	88,0	58.2 ^{ns}	51,1	71,3	30,8	3878,4
G4	3606 b	6,7	78,8	75,4	83,3	130.5 ^{**}	69,5	91,2	47,8	3843,0
G5	3599 b	5,0	80,0	73,2	86,1	104.9 [*]	58,9	71,2	46,6	3842,9
G6	3721 b	4,8	83,6	77,6	89,2	95.5 [*]	43,6	49,2	38,0	3815,2
G7	3453 b	0,8	85,2	82,0	89,1	-23.8 ^{ns}	75,7	86,6	64,9	3811,5
G8	3627 b	2,0	87,1	90,2	83,9	-5.0 ^{ns}	58,3	67,9	48,7	3756,7
G9	3921 a	1,3	95,5	95,0	94,3	-4.8 ^{ns}	35,2	36,0	34,4	3756,1
G10	3200 c	8,7	61,3	84,2	56,7	195.3 ^{**}	114,0	69,0	159,0	3745,2
G11	3857 a	7,8	82,0	99,2	70,4	188.7 ^{**}	37,4	21,1	53,8	3697,5
G12	3636 b	2,6	87,7	84,1	90,1	-17.8 ^{ns}	60,9	75,3	46,5	3639,1
G13	4015 a	1,1	97,8	104,1	93,3	-26.3 ^{ns}	25,8	21,6	30,0	3582,6
G14	4088 a	12,9	87,8	78,6	99,0	160.8 ^{**}	20,5	14,3	26,6	3537,0
G15	3981 a	3,1	91,1	102,3	85,2	-34.7 ^{ns}	30,4	15,4	45,5	3513,5
G16	3630 b	10,0	72,1	84,7	61,7	248.1 ^{**}	71,1	50,1	92,1	3488,7
G17	3939 a	4,0	92,9	85,6	106,3	6.1 ^{ns}	40,0	59,8	20,1	3488,1
G18	4036 a	1,6	97,9	104,0	95,0	-4.7 ^{ns}	25,4	19,7	31,2	3468,7
G19	3985 a	4,2	89,5	99,9	87,3	30.5 ^{ns}	33,3	17,7	48,8	3443,5
G20	3617 b	1,3	89,0	87,2	89,9	-15.6 ^{ns}	63,0	70,5	55,5	3342,4
G21	4029 a	0,8	98,4	97,4	100,6	-29.1 ^{ns}	24,5	29,8	19,3	3336,7
G22	4075 a	1,0	100,5	97,9	102,2	-20.1 ^{ns}	24,7	30,3	19,0	3056,6

*RG: rendimento de grãos (kg ha⁻¹). † genótipos. ¹ I_i , $I_{i(f)}$ e $I_{i(d)}$: estimativas para ambientes gerais, ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente, pelo método de Annicchiarico (1992). ² Coeficiente e desvio da regressão da metodologia de Eberhart e Russell (1966), valores de $\hat{\sigma}_{di}^2$ estão divididos por 1.000. ³ P_i , $P_{i(f)}$ e $P_{i(d)}$: estimativas para ambientes gerais, ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente, pelo método de Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998). ³ Os valores apresentados estão divididos por 10.000. ⁴ médias não ligadas pela mesma letra diferem estatisticamente pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. ^{ns}, * e **: não significativo, significativo ao nível de 5% ($p \leq 0,05$) e 1% ($p \leq 0,01$), respectivamente.

Na análise gráfica de média vs. estabilidade, pela metodologia GGE biplot, (Figura 9b) é possível identificar a magnitude da estabilidade de cada genótipo através do comprimento do vetor perpendicular a seta de única extremidade (YAN e TINKER, 2006). Quanto menor esse vetor, mais estável é o comportamento do genótipo. Nesse sentido, G2 e G14 foram os mais produtivos; entretanto, evidenciaram relativa instabilidade. Portanto, nenhum dos genótipos estudados foi considerado ideal. Para uma cultivar ser considerada ideal deve aliar alta performance

em RG e ser absolutamente estável (YAN e TINKER, 2006). Embora uma cultivar ideal não exista, essa serve de base para a identificação de genótipos que se assemelham a ela. A presença de IGA significativa, aliada ao ranqueamento diferenciado dos genótipos entre os ambientes, sugere uma estratégia de melhoramento buscando genótipos com adaptação específica a grupos de ambientes homogêneos (AYALNEH; LETTA; ABINASA, 2013).

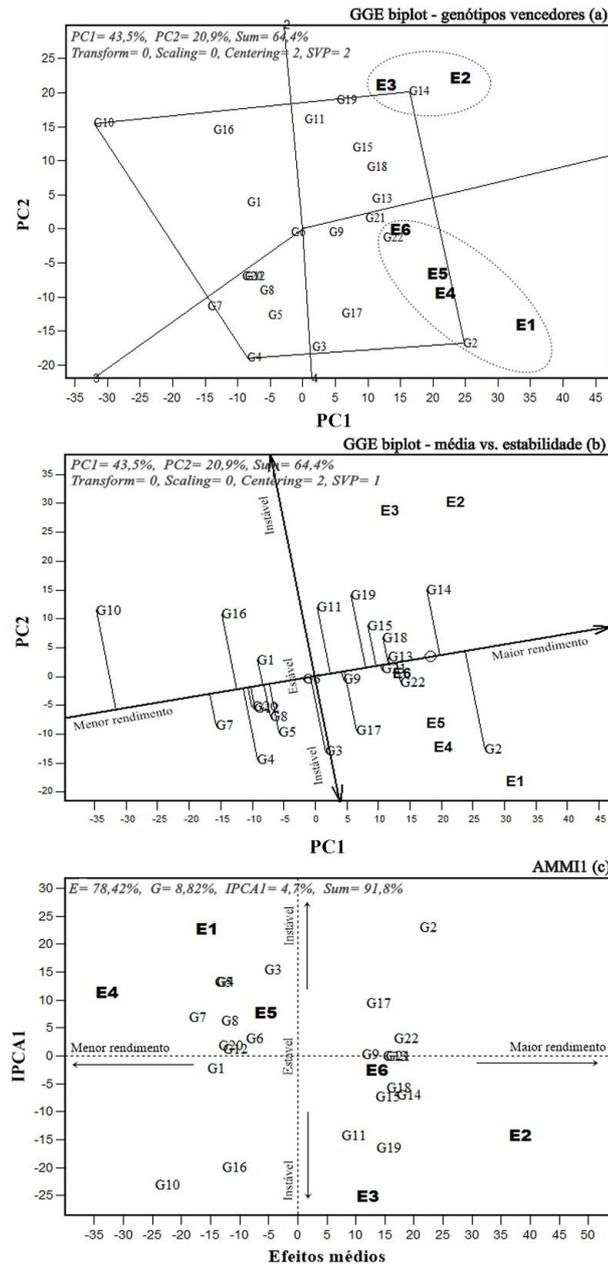


Figura 9. Gráficos biplot representando os escores de genótipos e ambientes da análise GGE quanto a identificação de genótipos vencedores (a) e adaptabilidade e estabilidade (b). Biplot AMMI1 com os escores do primeiro componente principal (IPCA) vs. o desempenho médio dos genótipos e ambientes (c). G1 a G22 são os códigos referentes aos genótipos e E1 a E6 são os códigos referentes aos ambientes (vide Tabela 7). PC1 e PC2 – primeiro e segundo componentes principais, respectivamente. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

Na análise AMMI1, o eixo das abcissas representa o efeito médio de genótipo e ambiente, enquanto que o eixo das ordenadas infere sobre a estabilidade (escores IPCA1) (Figura 9c). Os resultados mostram que o eixo do primeiro componente principal da interação (IPCA1) explicou mais de 90% da variação dos dados. Em particular, os efeitos de ambiente capturaram a maior parte da soma de quadrados, explicando mais de 78% da variação no RG. Escores de IPCA1 próximos a zero, para genótipos e ambientes, caracterizam uma baixa contribuição para a interação e, portanto, são estáveis (DE VITA et al., 2010). Nota-se que os ambientes 6, 2 e 3 apresentaram média produtiva superior sendo, portanto, considerados favoráveis. Isso corrobora com os resultados das análises pelos métodos de Annicchiarico (1992) e Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998). A classificação dos genótipos quanto à estabilidade pelo método AMMI pode ser verificada na Tabela 9. Yan et al. (2007) salientam a superioridade da metodologia GGE biplot sobre o método AMMI, principalmente devido à maior explicação de G+GE e pela propriedade interna do biplot.

Tabela 9. Classificação de 22 genótipos de trigo avaliados em 6 ambientes, constituídos de três locais (Guarapuava, Cascavel e Abelardo Luz) durante dois anos de testes (2012 e 2013), quanto ao rendimento de grãos e parâmetros estatísticos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

G	RG†	ω_i	I_i	$I_{i(f)}$	$I_{i(d)}$	$\hat{\sigma}_{di}^2$	P_i	$P_{i(f)}$	$P_{i(d)}$	MHVG	IPCA	GGE
G1	20	14	20	18	20	12	18	13	20	21	6	8
G2	1	21	15	9	3	17	1	9	1	1	21	21
G3	12	15	13	11	13	14	13	19	7	12	18	18
G4	18	17	19	21	18	18	19	22	14	17	16	17
G5	19	16	18	22	15	16	15	18	13	18	15	13
G6	13	13	16	20	11	15	12	11	10	13	8	1
G7	21	1	14	17	12	8	21	21	19	20	11	11
G8	16	8	12	10	17	3	14	15	15	15	10	10
G9	10	6	5	8	7	2	9	10	9	9	1	3
G10	22	19	22	15	22	21	22	16	22	22	22	22
G11	11	18	17	5	19	20	10	5	17	11	17	15
G12	14	9	11	16	9	6	16	20	12	14	4	7
G13	6	4	4	1	8	9	6	6	6	6	2	4
G14	2	22	10	19	5	19	2	1	5	5	12	16
G15	8	10	7	3	16	13	7	2	11	10	13	12
G16	15	20	21	14	21	22	20	12	21	19	20	20
G17	9	11	6	13	1	4	11	14	4	7	14	14
G18	4	7	3	2	6	1	5	4	8	4	9	9
G19	7	12	8	4	14	11	8	3	16	8	19	19
G20	17	5	9	12	10	5	17	17	18	16	5	5
G21	5	2	2	7	4	10	3	7	3	3	3	2
G22	3	3	1	6	2	7	4	8	2	2	7	6

†RG – rendimento de grãos; parâmetros avaliadores da adaptabilidade e estabilidade: ecovalência (Wricke, 1964) – ω_i , Annicchiarico (1992) a $\alpha = 0,05$ – I_i , $I_{i(f)}$ e $I_{i(d)}$, Eberhart & Russel (1966)² - $\hat{\sigma}_{di}^2$, Lin

& Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) – P_i , $P_{i(f)}$ e $P_{i(d)}$, estabilidade por modelos mistos (REML/BLUP) – *MHVG*, primeiro componente principal da análise AMMI1 – *IPCA*, e estabilidade em dois mega-ambientes (MA_1 e MA_2) obtidos pela análise GGE. *i*, (*f*) e (*d*): resposta geral, a ambientes favoráveis e a ambientes desfavoráveis, respectivamente.

Todos os coeficientes de correlação de Spearman entre os pares de parâmetros, com foco em estabilidade, foram computados (Figura 10). O estudo das correlações entre os métodos é de grande importância na definição de qual ou quais metodologias estatísticas deverão ser utilizadas na identificação de genótipos promissores (SCAPIM et al., 2010; DOMINGUES et al., 2013). Coeficientes de correlação significativos e de elevada magnitude indicam similaridade na classificação dos genótipos. Observa-se que, das 66 associações apresentadas, ocorreu significância em 55% das vezes. O uso de metodologias com alto grau de associação gera informações redundantes e não contribui no processo de seleção. Por outro lado, o emprego de metodologias que se complementam, quando usadas conjuntamente, podem aumentar a confiança na classificação e indicação de cultivares (CARVALHO et al., 2013). Ocorreu associação significativa entre o RG e as estatísticas provenientes da metodologia de Annicchiarico (1992), Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e estabilidade por modelos mistos (MHVG). Isso indica que essas metodologias permitem identificar genótipos estáveis e, ao mesmo tempo, mais produtivos. Em contrapartida, RG não foi associado a ω_i ; $\hat{\sigma}_{di}^2$; *IPCA1* e a estabilidade pela análise GGE. Isso indica que genótipos estáveis não necessariamente são mais produtivos, fato também reportado por Franceschi et al. (2010). Metodologias que mensuram a performance genotípica, integrando RG e estabilidade, são fortemente associadas ao rendimento de RG, assim como relatado por Flores; Moreno; Cubero (1998).

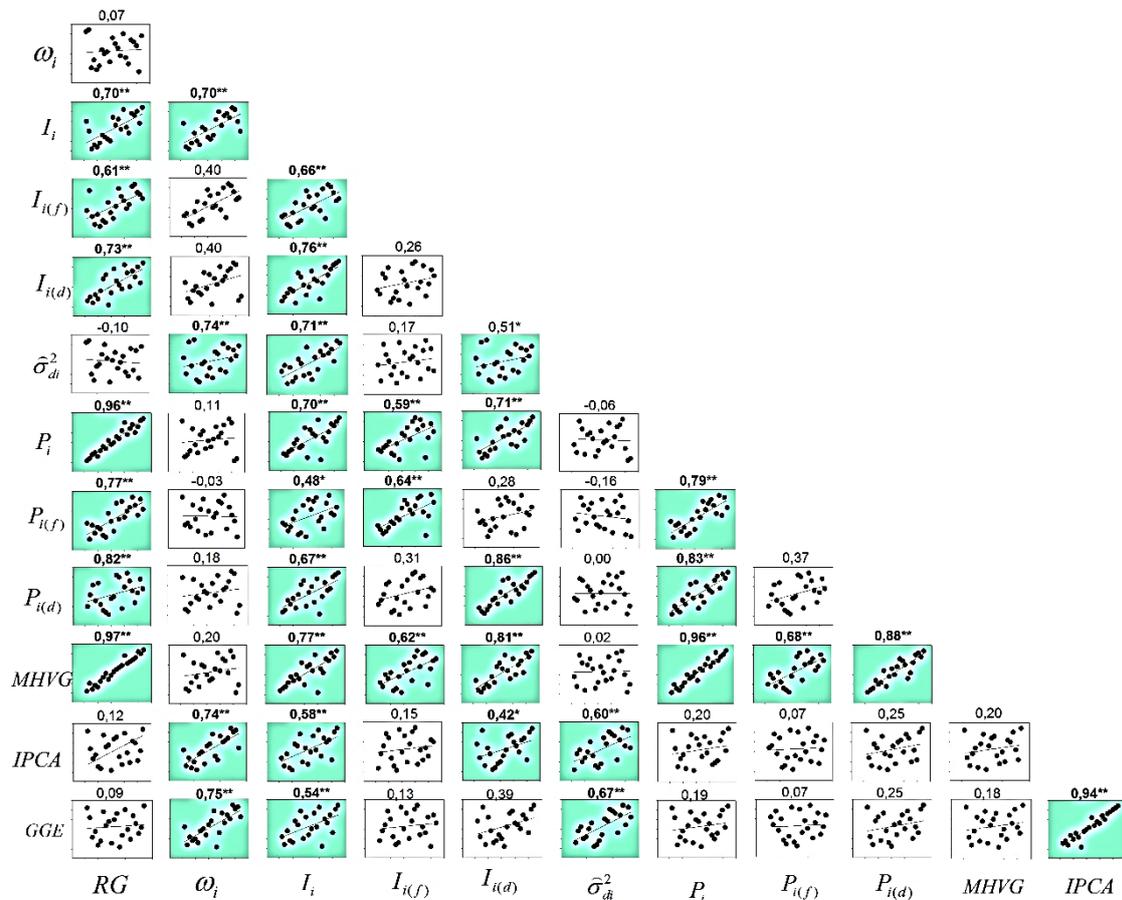


Figura 10. Coeficientes de correlação de Spearman entre as posições de indicação de 22 genótipos de trigo pelo rendimento de grãos – RG e os parâmetros de avaliação da “estabilidade”: ecovalência (Wricke, 1964) – ω_i , Annicchiarico (1992) a $\alpha=0,05$ – I_i , $I_{i(f)}$ e $I_{i(d)}$, Eberhart & Russel (1966)² – $\hat{\sigma}_{di}^2$, Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) – P_i , $P_{i(f)}$ e $P_{i(d)}$, estabilidade por modelos mistos (REML/BLUP) – MHVG, primeiro componente principal da análise AMMI1 – IPCA1, e estabilidade obtida pela análise GGE. *i*, (*f*) e (*d*): comportamento frente a ambientes gerais, favoráveis e desfavoráveis, respectivamente. UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

* e **Significativo a 5% ($p \leq 0,05$) e 1% ($p \leq 0,01$) de probabilidade, respectivamente. Ausência de coloração demonstra a não significância entre pares de variáveis.

O conceito estático de estabilidade refere-se à constância de desempenho do genótipo através dos ambientes, não respondendo aos estímulos ambientais, ao passo que o conceito dinâmico refere-se à resposta em RG do genótipo paralela a média dos genótipos testados em cada ambiente (ANNICCHIARICO, 2002). Observando a Figura 10, é possível estabelecer dois grupos de metodologias de avaliação da estabilidade. No grupo 1, encontram-se as estatísticas de Annicchiarico (1992), Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e MHVG. Por estarem associadas ao RG, essas metodologias estão relacionadas ao conceito dinâmico de estabilidade. Por outro lado, no grupo 2, estão os parâmetros ω_i , $\hat{\sigma}_{di}^2$, IPCA1 e GGE.

Estes por sua vez, foram relacionados ao conceito estático de estabilidade. Entretanto, alguns parâmetros se associaram entre os dois grupos, de forma contrária ao relato de Mohammadi et al. (2010). É importante destacar a ocorrência de associação do parâmetro I_i de Annicchiarico (1992) com todos os demais parâmetros, com magnitude variando de 0,48* a 0,77**.

Foi observada associação entre a metodologia de Wricke (1964) com IPCA (0,74**) e com os desvios de regressão de Eberhart & Russel (1966) (0,74**). Tadege; Utta e Aga (2014) relataram associação de 0,98** entre o método de Wricke (1964) e desvios de regressão de Eberhart & Russel (1966). Associação entre esses três métodos é reportada por Mohammadi et al. (2010), com alta repetibilidade entre os anos. Essa condição ocorreu, pois esses parâmetros são indicativos de estabilidade independentemente do rendimento médio. Genótipos que demonstram esse tipo de estabilidade não necessariamente respondem a melhoria do ambiente, o que não é preferível, do ponto de vista agrônomo. Também, a análise AMMI1 promoveu resultados semelhantes ao método de Eberhart & Russel (1966) na identificação de genótipos estáveis ($r = 0,60^{**}$), corroborando com Kota et al. (2013) e Paula et al. (2014).

O método de modelos mistos (MHVG) evidenciou associação com o RG e com os três parâmetros de Annicchiarico (1992) e Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998). Essa metodologia é vantajosa por apresentar os resultados na mesma escala de medição do caráter avaliado e de forma simultânea (NETO et al., 2013) e pode ser utilizada eficientemente para a estimação de adaptabilidade e estabilidade em dados desbalanceados (MACHADO et al., 2010), característicos de ensaios multi-ambiente de trigo. Também, as três metodologias foram associadas entre si ($r > 0,64^{**}$), gerando informações redundantes, corroborando com Condé et al. (2010). Em cana de açúcar, Paula et al. (2014) observaram concordância entre as metodologias de Annicchiarico (1992), Lin & Binns (1988) e modelos mistos, relatando preferência por esta última. Resultado semelhante é reportado por Silva e Duarte (2006), onde sugerem a possibilidade de utilização de um desses métodos combinado com Eberhart & Russel (1966), visando agregar informação. De fato, a possibilidade de se trabalhar com dados desbalanceados é importante, principalmente para ensaios de valor de cultivo e uso (VCU). Nesses ensaios, nem todos os genótipos são semeados em todos os locais de avaliação.

Métodos paramétricos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade são dependentes do atendimento de pressupostos matemáticos. Contrariamente, medidas de estabilidade baseadas em modelos não-paramétricos não requerem suposições sobre distribuição normal e homogeneidade das variâncias (SABAGHNIA; DEHGhani; SABAGHPOUR, 2006). O parâmetro P_i de Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e MHVG foram altamente associados ao rendimento de grãos, assim como relatado em outros estudos. Pouredad (2010) observou correlação de elevada magnitude entre P_i e o RG, como repetibilidade ao longo dos anos. O índice P_i é reportado por Mohammadi et al. (2010) como um dos melhores métodos para o ranqueamento de genótipos em ensaios com presença de IGA, pois está associado ao RG e relacionado ao conceito dinâmico de estabilidade. Sabaghnia; Dehghani; Sabaghpour (2006) também reforçam a preferência por métodos não-paramétricos, argumentando a facilidade no uso e interpretação. Ainda quanto a P_i , este não foi associado a ω_i , e $\hat{\sigma}_{ai}^2$, corroborando com Scapim et al. (2010).

A presença de associação significativa e de elevada magnitude entre os parâmetros avaliadores da estabilidade indica classificação similar dos genótipos. Consequentemente, apenas um dos parâmetros pode ser suficiente para selecionar genótipos estáveis em programas de melhoramento (SABAGHNIA; DEHGhani; SABAGHPOUR, 2006). Embora possa ocorrer associação de elevada magnitude, é essencial observar os melhores genótipos indicados em cada método, pois estes podem não ser os mesmos. Embora exista associação de 0,96** entre P_i e MHVG (Figura 10), estes métodos não compartilham o mesmo segundo genótipo mais estável no ranque (Tabela 9). A existência de associação entre métodos não garante a concordância geral entre eles (SILVA e DUARTE, 2006). Isso confirma a necessidade da utilização de mais de uma ferramenta na avaliação da adaptabilidade e estabilidade.

Alguns parâmetros gerados pelas metodologias utilizadas neste estudo não evidenciam associação com o RG (Figura 10). É o caso do método de Eberhart e Russell (1966), também abordado em outros estudos (ALWALA et al., 2010). Nesse caso, a indicação de genótipos deve provir da avaliação conjunta dos parâmetros de estabilidade com o desempenho produtivo de cada genótipo. Frente a isso, a Figura 11 ilustra os coeficientes de correlação de Spearman entre sete metodologias de estudo da IGA; porém neste caso, foi obtido um único ranqueamento entre cada método, integrando o efeito do RG. Esta abordagem, em que é considerado o efeito

médio, é também descrita por Domingues et al. (2013). Todos os métodos foram associados entre si, porém, com magnitudes de correlação variando de 0,50* a 0,96**. Nota-se elevada associação entre o método AMMI e GGE biplot (0,94**), indicando redundância de informações em relação ao ranqueamento de genótipos pela estabilidade e RG geradas por essas análises e corroborando com outros estudos (SILVA et al., 2011; ROOSTAEI, MOHAMMADI E AMRI, 2014). A utilização única da análise GGE biplot é questionada, sendo indicada a utilização de modelos mistos (YANG et al., 2009).

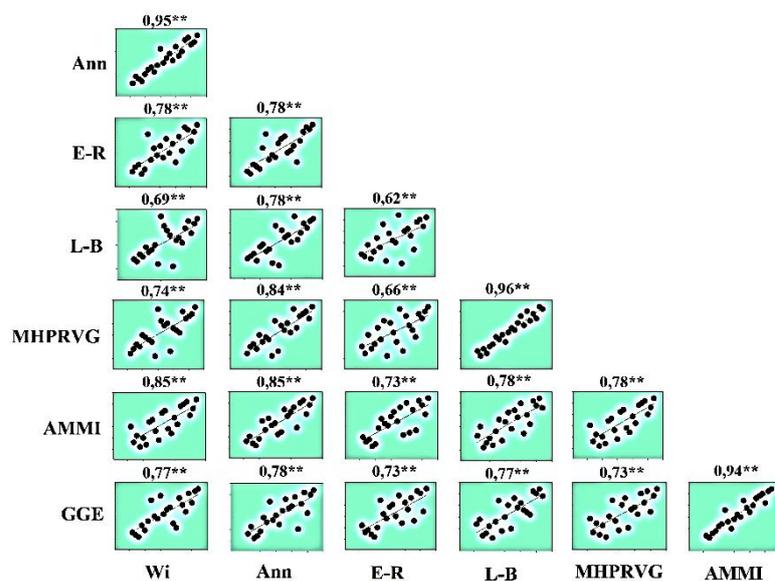


Figura 11. Coeficientes de correlação de postos de Spearman entre metodologias de interpretação da interação genótipo vs. ambiente, com foco no “rendimento e estabilidade”, incluindo Wricke (1964) – “ ω_i ”, Annicchiarico (1992)¹ a $\alpha = 0,05$ – “Ann”, Eberhart & Russel (1966) – “E-R”, Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) – “L-B”, média harmônica de valores genotípicos por modelos mistos (REML/BLUP) – “MHPRVG”, AMMI (ZOBEL et al., 1988) e análise GGE para média e estabilidade, obtidos a partir da avaliação de 22 genótipos de trigo avaliados em 6 ambientes, constituídos de três locais (Guarapuava, Cascavel e Abelardo Luz) durante dois anos de testes (2012 e 2013). UTFPR, Câmpus Pato Branco – PR, 2015.

Coeficiente de correlação de 0,96** foi obtido da associação entre a Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG) vs. Lin & Binns (1988) modificado por Carneiro (1998). Resende (2004) relata o mesmo ranqueamento de genótipos entre estes métodos, bem como entre MHPRVG vs. Annicchiarico (1992), ressaltando que MHPRVG é adequado para a seleção visando a semeadura em ambientes com diferentes e variados padrões de IGA. Essa elevada associação promove a indicação do método baseado em modelos mistos, principalmente pelo embasamento em modelos estatísticos que permitem maior acurácia na previsão de valores genotípicos. Vantagens acerca da metodologia de

modelos mistos aplicados ao melhoramento é relatada por Fritsche-Neto et al. (2010) com desbalanceamento de dados e em Resende (2004).

Agrônomos e melhoristas normalmente preferem genótipos de alto potencial produtivo, que respondam a ambientes favoráveis e a melhoria do ambiente pela utilização de insumos. Nesse sentido, a identificação de genótipos que atendam a esse conceito é importante. Das metodologias testadas, Eberhart & Russell (1966) fornece estimativas da capacidade de resposta dos genótipos à melhoria ambiental por meio dos coeficientes de regressão, podendo ser utilizada em complementariedade a outros métodos. Por não evidenciar associação com o rendimento de grãos (ALWALA et al., 2010) é altamente recomendado o seu uso de forma simultânea a outro método. Silva e Duarte (2006) indicam o uso combinado de Eberhart & Russell (1966) com AMMI, visando complementariedade de informações. Entretanto, Alwala et al. (2010) relatam a superioridade da análise GGE biplot sobre Eberhart & Russell (1966). Além disso, quando um número elevado de genótipos são analisados, métodos de fácil interpretação como GGE biplot simplificam o processo de seleção.

Os 22 genótipos utilizados neste estudo diferiram entre os ambientes quanto ao RG e a influência ambiental foi predominante na variação deste caráter. Resultados semelhantes são reportados por Kota et al. (2013). Muitas vezes, a ocorrência de IGA do tipo complexa conduz a incertezas na indicação de uma cultivar; nesse caso, técnicas gráficas de inferência sobre adaptabilidade e estabilidade podem fornecer informações precisas e de fácil entendimento, assim como reportado por Silveira et al. (2013). A identificação de genótipos estáveis e altamente produtivos entre ambientes variados permanece um desafio constante para melhoristas de diversas culturas ao redor do mundo. Também, são essenciais estudos sobre IGA e suas bases, com foco na seleção de parentais estáveis, bem como, na determinação de ambientes onde é possível intensificar a pressão de seleção.

4.6 CONCLUSÕES

A manutenção dos locais de avaliação englobados neste estudo é justificada pela presença de interação genótipo x ambiente (IGA) significativa.

As análises em gráficos biplot AMMI1 e GGE fornecem informações precisas e aliam praticidade na análise e interpretação em dados com a presença de IGA, com destaque para a maior versatilidade da análise GGE devido a propriedade interna do biplot. A análise de correlações de postos mostrou concordância entre estas duas metodologias.

O método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos é vantajoso na avaliação de genótipos em ensaios multi-ambiente de trigo, pelo fato de inferir simultaneamente sobre estabilidade, adaptabilidade e rendimento de grãos. Este método pode ser utilizado em substituição a Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e Annicchiarico (1992). Estes três métodos foram associados ao rendimento de grãos.

Há concordância na indicação de genótipos estáveis de trigo pelos métodos de Eberhart & Russell (1966), Wricke (1965), AMMI1 e GGE biplot, tornando desnecessário o uso concomitante desses métodos.

Sugere-se a utilização do método baseado em modelos mistos média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos em associação com as análises gráficas GGE biplot na seleção de genótipos estáveis e de alto rendimento de grãos.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A avaliação do progresso genético em programas de melhoramento deve ser realizada com periodicidade como medida de eficiência, a fim de identificar problemas e definir estratégias para incrementar o ganho anual. Além disso, é importante que os estudos sejam executados a partir de dados coletados em regiões específicas, como por exemplo, regiões de VCU. Desta forma, informações mais acuradas são geradas, permitindo melhor interpretação. Foi demonstrado uma taxa anual de ganho elevada ($1,68\% \text{ ano}^{-1}$), com variações expressivas entre regiões de VCU, permitindo concluir que o programa de melhoramento de trigo da Coodetec está sendo eficiente.

O rendimento de grãos é o caráter principal em programas de melhoramento, porém, há necessidade de avaliação nos ganhos obtidos em outros caracteres. Neste estudo, foi demonstrado que a seleção para genótipos de qualidade de panificação superior (alta força de glúten), têm conduzido a um desequilíbrio na relação tenacidade/extensibilidade. Assim, é fundamental o acompanhamento das alterações de outros caracteres, devido a elevada pressão de seleção para genótipos mais produtivos e de qualidade superior.

Inúmeros procedimentos estatísticos estão de fato disponíveis para o estudo da interação genótipo x ambientes. Todavia, é necessário que os melhoristas utilizem procedimentos que sejam informativos e de fácil interpretação. Pelos resultados obtidos nesse estudo, sugere-se a utilização do método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) baseado em modelos mistos, em associação com as análises gráficas GGE biplot, pela capacidade de inferir sobre ambientes, genótipos e suas relações. Também, são métodos que permitem análises de dados desbalanceados, típicos de ensaios de VCU.

Por fim, foi demonstrado um progresso genético em torno de $1\% \text{ ano}^{-1}$ para um conjunto representativo de cultivares lançadas entre 1998 e 2014. A magnitude deste ganho é comparado a taxas reportadas em inúmeros estudos em países tipicamente produtores de trigo. Isso permite inferir que as instituições públicas e empresas privadas brasileiras, mantenedoras de programas de melhoramento, estão desempenhando seu papel de forma eficiente.

6 REFERÊNCIAS

AACC - AMERICAN ASSOCIATION OF CEREAL CHEMISTS. **Approved Methods of Analysis**. 11th ed. St. Paul: AACC International, 2010.

ABITRIGO – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DA INDÚSTRIA DO TRIGO. **Estatísticas: estimativa aparente de participação da farinha no mercado de derivados 2005 a 2012**. Disponível em: < <http://www.abitrigo.com.br/index.php?mpg=09.02.00>>. Acessado em: 16 de Janeiro de 2015.

ALMEIDA FILHO, J.E.; TARDIN, F.D.; RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F.; GRANATO, Í.S.C.; MENEZES, C.B. Genetic evaluation of grain sorghum hybrids in Brazilian environments using the REML/BLUP procedure. **Scientia Agricola**. v.71, n.2, p.146-150, 2014.

ALWALA, S.; KWOLEK, T.; MCPHERSON, M.; PELLOW, J.; MEYER, D. A comprehensive comparison between Eberhart and Russell joint regression and GGE biplot analyses to identify stable and high yielding maize hybrids. **Field Crops Research**, v.119, n.2, p.225–230, 2010.

ANNICCHIARICO, P. Genotype x Environment Interaction: Challenges and Opportunities for Plant Breeding and Cultivar Recommendation, FAO Plant Production and Protection (Paper No. 174), Food and Agriculture Organization, Rome, 2002.

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v.46, p.269-278, 1992.

ATROCH, A.L.; NUNES, G.H.S. Progresso genético em arroz de várzea úmida no estado do Amapá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.4, p.767-771, 2000.

ATWELL, W.A. **Wheat flour**. Ed. American Association of Cereal Chemists, St. Paul, Minnesota, USA, 2001.

AYALNEH, T.; LETTA, T.; ABINASA, M. Assessment of stability, adaptability and yield performance of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars in South Eastern Ethiopia. **American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences**, v.13, n.7, p.885-890, 2013.

BASSOI, M.C.; FLINTHAM, J. Relationship between grain colour and preharvest sprouting-resistance in wheat. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, n.10, p.981-988, 2005.

BECHE, E.; BENIN, G.; SILVA, C.L.; MUNARO, L.B.; MARCHESE, J.A. Genetic gain in yield and changes associated with physiological traits in Brazilian wheat during the 20th century. **European Journal of Agronomy**, v.61, p.49–59, 2014.

BELL, M.A.; FISCHER, R.A.; BYERLEE, D.; SAYRE, K. Genetic and agronomic contributions to yield gains: A case study for wheat. **Field Crops Research**, v.44, p.55-65, 1995.

BENIN, G.; STORCK, L.; MARCHIORO, V.S.; FRANCO, F.A.; SCHUSTER, I. Precisão experimental de ensaios de trigo em regiões homogêneas de adaptação. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.4, p.365-372, 2013.

BORGES, V.; SOARES, A.A.; RESENDE, M.D.V.; REIS, M.S.; CORNÉLIO, V.M.O.; SOARES, P.C. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de minas gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, v.27, n.3, p.478-490, 2009.

BRASIL. Ministério da Agricultura, do Abastecimento e da Reforma Agrária. **Portaria nº 167 de 29 de julho de 1994**. Diário Oficial, n. 147, p. 11.640-11.642, ago. 1994.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instrução normativa nº 58, de 19 de novembro de 2008. Valor de cultivo e uso de trigo**. Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil, 25 nov. 2008. Seção 1.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instrução Normativa n.º 38, de 30 de novembro de 2010. Regulamento técnico do trigo**. Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil, Brasília, Seção 1, n.29, p.2, 1, 2010.

BRESEGHELLO F.; MORAIS O.P.; PINHEIRO P.V.; SILVA A.C.S.; CASTRO E.M.; GUIMARÃES É.P.; CASTRO A.P.; OLIVEIRA J.P. Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science**, v.51, p.914-923, 2011.

BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O.P.; RANGEL, P.H.N. A new method to estimate genetic gain in annual crops. **Genetics and Molecular Biology**, v.21, n.4, 1998.

BRISSON, N.; GATE, P.; GOUACHE, D.; CHARMET, G.; OURY, F.X.; HUARD, F. Why are wheat yields stagnating in Europe? A comprehensive data analysis for France. **Field Crops Research** V.119, p.201–212, 2010.

BUENO FILHO, J. S. S.; VENCOVSKY, R. Alternativas de análise de ensaios em látice no melhoramento vegetal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n.2, p. 259-269, 2000.

CAIERÃO, E.; SCHEEREN, P.L.; SILVA, M.S.; CASTRO, R.L. History of wheat cultivars released by Embrapa in forty years of research. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.14, p.216-223, 2014.

CARGNIN, A.; SOUZA, M.A.; FRONZA, V. Progress in breeding of irrigated wheat for the Cerrado region of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.8, p.39-46, 2008.

CARGNIN, A.; SOUZA, M.A; FRONZA, V.; FOGAÇA, C.M. Genetic and environmental contributions to increased wheat yield in Minas Gerais, Brazil. **Scientia Agricola**, v.66, n.3, p.317-322, 2009.

CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 168f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

CARVALHO, E. V.; PELUZIO, J. M.; SANTOS, W. F.; AFFÉRI, F. S.; DOTTO, M. A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em Tocantins. **Revista Agroambiente**, v. 07, n. 02, p. 162-169, 2013.

CASTILLO, D.; MATUS, I.; POZO, A.; MADARIAGA, R.; MELLADO, M. Adaptability and genotype x environment interaction of spring wheat cultivars in Chile using regression analysis, AMMI, and SREG. **Chilean journal of agricultural research**, v.72, n.2, p.167-174, 2012.

CLARKE, J.M.; CLARKE, F.R.; POZNIAK, C.J. Forty-six years of genetic improvement in Canadian durum wheat cultivars. **Canadian Journal of Plant Science**, v.90, p.791-801, 2010.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Séries históricas de área, produção e produtividade de grãos: safra 2013 de trigo**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 07 Ago. 2014.

CONAB-Companhia Nacional de Abastecimento. **Séries históricas de área, produção e produtividade de grãos: safra 2014 de trigo**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acessado em: Jan. 06, 2015.

CONDÉ, A.B.T.; COELHO, M.A.O.; YAMANAKA, C. H.; CORTE, H.R. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de trigo sob cultivo de sequeiro em minas gerais. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 40, n.01, p. 45-52, 2010.

CONDÓN, F.; RASMUSSEN, D.C.; SCHIEFELBEIN, E.; VELASQUEZ, G.; SMITH, K.P. Effect of advanced cycle breeding on genetic gain and phenotypic diversity in barley breeding germplasm. **Crop Science**, v.49, p. 1751-1761, 2009.

CORMIER, F.; FAURE, S.; DUBREUIL, P.; HEUMEZ, E.; BEAUCHÊNE, K.; LAFARGE, S.; PRAUD, S.; LE GOUIS, J. A multi-environmental study of recent breeding progress on nitrogen use efficiency in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.126, p.3035–3048, 2013.

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

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol 1. 3 ed.Viçosa: Editora UFV, 2004. 480 p.

CRUZ, C.D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, p.271-276, 2013.

CUNHA, G.R.; SCHEEREN, P. L.; PIRES, J.L.F.; MALUF, J.R.T.; PASINATO, A.; CAIERÃO, E.; SÓ E SILVA, M.; DOTTO, S.R.; CAMPOS, L. A. C.; FELÍCIO, J.C.; CASTRO, R.L.; MARCHIORO, V.; RIEDE, C.R.; ROSA FILHO, O.; TONON, V.D.; SVOBODA, L.H. **Regiões de adaptação para trigo no Brasil. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2006. 10 p. html.** (Embrapa Trigo. Circular técnica online, 20). Disponível em: <http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/ci/p_ci20.htm>. Acesso em: 28 Mai. 2014.

DE LA VEGA, A.J.; CHAPMAN, S.C. Mega-environment differences affecting genetic progress for yield and relative value of component traits. **Crop Science**, v.50, p. 574-583, 2010.

DE VITA, P.; MASTRANGELOA, A.M.; MATTEUA, L.; MAZZUCOTELLIB, E.; VIRZÌC, N.; PALUMBOC, M.; LO STORTOD, M.; RIZZAB, F.; CATTIVELLIA, L. Genetic improvement effects on yield stability in durum wheat genotypes grown in Italy. **Field Crops Research**, v.119, p.68–77, 2010.

DE VITA, P.; NICOSIA, O.L.D.; NIGRO, F.; PLATANI, C.; RIEFOLO, C.; DI F.N.; CATTIVELLI, L. Breeding progress in morpho-physiological, agronomical and qualitative traits of durum wheat cultivars released in Italy during the 20th century. **European Journal of Agronomy**, v.26, p.39–53, 2007.

DENČIĆ, S.; MLADENOV, N.; KOBILJSKI, B. Effects of genotype and environment on breadmaking quality in wheat. **International Journal of Plant Production**, v5, n.1, 2011.

DOMINGUES, L.S.; RIBEIRO, N.D.; MINETTO, C.; SOUZA, J.F.; ANTUNES, I.F. Metodologias de análise de adaptabilidade e de estabilidade para a identificação de linhagens de feijão promissoras para o cultivo no Rio Grande do Sul. **Semina: Ciências Agrárias, Londrina**, v. 34, n. 3, p. 1065-1076, 2013.

EBERHART, S.A.; RUSSEL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p. 36-40, 1966.

FARIA, L.C.; MELO, P.G.S.; PEREIRA, H.S.; DEL PELOSO, M.J.; BRÁS, A.J.B.P.; MOREIRA, J.A.A.; CARVALHO, H.W.L.; MELO, L.C. Genetic progress during 22 years of improvement of carioca-type common bean in Brazil. **Field Crops Research**, v.142, p.68–74, 2013.

FLAGELLA, Z.; GIULIANI, M.M.; GIUZIO, L.; VOLPI, C.; MASCI, S. Influence of water deficit on durum wheat storage protein composition and technological quality. **European Journal of Agronomy**, v.33, p.197–207, 2010.

FLORES, F.; MORENO, M.T.; CUBERO, J.I. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze GxE interaction. **Field Crops Research**, v.56, n.03, p.271–286, 1998.

FRITSCHÉ-NETO, R.; GONÇALVES, M.C.; VENCOVSKY, R.; SOUZA JUNIOR, C.L. Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.10, p.32-39, 2010.

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

GÓMEZ, M.; APARICIO, N.; RUIZ-PARÍS, E.; OLIETE, B.; CABALLERO, P.A. Evolution of bread-making quality of Spanish bread-wheat genotypes. **Spanish Journal of Agricultural Research**, v.7, n.3, p.585-595, 2009.

GOODING, M.J.; ELLIS, R.H.; SHEWRY, P. R.; SCHOFIELD, J.D. Effects of restricted water availability and increased temperature on the grain filling, drying and quality of winter wheat. **Journal of Cereal Science**, v.37, p.295-309, 2003.

GOURDJI, S.M.; MATHEWS, K.L.; REYNOLDS, M.; CROSSA, J.; LOBELL, D.B. An assessment of wheat yield sensitivity and breeding gains in hot environments. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, v.282, n.1801, p.1-8, 2012.

GRAYBOSCH, R.A.; PETERSON, C.J. Genetic Improvement in Winter Wheat Yields in the Great Plains of North America, 1959–2008. **Crop Science**, v.50, p.1882- 1890, 2010.

GUARDA, G.; PADOVAN, S.; DELOGU, G. Grain yield, nitrogen-use efficiency and baking quality of old and modern Italian bread-wheat cultivars grown at different nitrogen levels. **European Journal of Agronomy**, v.21, p.181–192, 2004.

GUARIENTI, E.M. **Qualidade do trigo brasileiro: realidade versus necessidade**. In: Oficina sobre o trigo no Brasil: bases para a construção de uma nova triticultura. Passo Fundo, Embrapa Trigo, 2009, 192p.

HINTSA, G.H., ABAY, F. AMMI and GGE biplot analysis of bread wheat genotypes in the northern part of Ethiopia. **Journal of Plant Breeding and Genetics**, v.1, p.12–18, 2013

ICTA – Instituto de Ciência e Tecnologia de Alimentos. **Avaliação da qualidade tecnológica/industrial da farinha de trigo**. Disponível em: <<http://www.ufrgs.br/napead/repositorio/objetos/avaliacao-farinha-trigo/index.php>>. Acesso em: 28 de Janeiro de 2015.

KONG, L.; SI J.; ZHANG, B.; FENG, B.; LI, S.; WANG, F. Environmental modification of wheat grain protein accumulation and associated processing quality: a case study of China. **Australian Journal of Crop Science**, v.7, n.2, p.173-181, 2013.

KOTA, S.; SINGH, S.S.; MOHAPATRA, T.; SINGH, A.M.; BRAJENDRA; BHADANA, V. P.; RAVICHANDRAN, S. Genotype x environment interaction analysis for grain yield in new plant type (NPT) wheat derivatives. **SABRAO Journal of Breeding and Genetics**, v.45, n.3, p.382-390, 2013.

LANGE, C.E.; FEDERIZZI, L.C. Estimation of soybean genetic progress in the south of Brazil using multi-environmental yield trials. **Scientia Agricola**, v.66, n.3, p.309-316, 2009.

LI, Y.; WU, Y.; HERNANDEZ-ESPINOSA, N.; PEÑA, R.J. The influence of drought and heat stress on the expression of end-use quality parameters of common wheat. **Journal of Cereal Science**, v.57, p.73e78, 2013

LIN, C.S.; BINNS, M.R.A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v.68, p.193-198, 1988.

MACHADO, J.R.A.; GUIMARÃES, L.J.M.; GUIMARÃES, P.E.O.; PACHECO, C.A.P.; MEIRELLES, W.F.; PARENTONI, S.N.; SILVA, A.R.; EMYGDIO, B.M.; TEIXEIRA, M.C.C. Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho para região subtropical via modelos mistos. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2010. 23 p.

MENDES DE PAULA, T.O.; MARINHO, C.D.; SOUZA, V.; BARBOSA, M.H.P.; PETERNELLI, L.A; KIMBENG, C.A; ZHOU, M.M. Relationships between methods of variety adaptability and stability in sugarcane. **Genetics and Molecular Research**, v.13, n.2, p.4216–4225, 2014.

MENDES, F.F.; GUIMARÃES, L.J.M.; SOUZA, J.C.; GUIMARÃES, P.E.O.; PACHECO, C.A.P.; MACHADO, J.R.A.; MEIRELLES, W.F.; DA SILVA, A.R.; PARENTONI, S.N. Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.12, p.111-117, 2012.

MOHAMMAD, R.; ABDULAH, A.; HAGHPARAST, R.; ARMION, M. Interpreting genotype x environment interactions for durum wheat grain yields using nonparametric methods. **Euphytica**, v.157, p.239–251, 2007.

MOHAMMADI, R.; ROOSTAEI, M.; ANSARI, Y.; AGHAEI, M.; AMRI, A. Relationships of phenotypic stability measures for genotypes of three cereal crops. **Can. J. Plant Sci.**, v.90, p.819-830, 2010.

MORGOUNOV, A.I.; BELAN, I.; ZELENSKIY, Y.; ROSEEVA, L.; TMOSKOZI, S.; BÉKÉS, F.; ABUGALIEVA, A.; CAKMAK, I.; VARGAS, M.; CROSSA, J. Historical changes in grain yield and quality of spring wheat varieties cultivated in Siberia from 1900 to 2010. **Canadian Journal of Plant Science**, v.93: p.425-433, 2013.

MUNARO, L.B.; BENIN, G.; MARCHIORO, V.S.; FRANCO, F.A.; SILVA, R.R.; SILVA, C.L.; BECHE, E. Brazilian spring wheat homogeneous adaptation regions can be dissected in major megaenvironments. **Crop Science**, v.54, n.4, p.1374-1383, 2014.

MUNDSTOCK, C. M. **Planejamento e manejo integrado da lavoura de trigo**. 2. ed. Porto Alegre, 1999. 227 p.

NEDEL, J.L. Progresso genético no rendimento de grãos de cultivares de trigo lançadas para cultivo entre 1940 e 1992. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.29, n.10, p.1565-1570, 1994.

NETO, A.R.; RAMOS JUNIOR, E.U.; GALLO, P.B.; FREITAS, J.G.; AZZINI, L.E. Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. **Revista Ciência Agronômica**, v. 44, n. 3 p. 512-519, 2013.

ORTIZ, R., R.M. TRETOWAN, G. ORTIZ FERRARA, M. IWANAGA, J.H. DODDS, J.H. CROUCH, J. CROSSA, AND H.-J. BRAUN. High yield potential, shuttle breeding and a new international wheat improvement strategy. **Euphytica**, v.157, p.365–384, 2007.

OURY, F.-X.; GODIN, C.; MAILLIARD, A.; CHASSIN, A.; GARDET, O.; GIRAUD, A.; HEUMEZ, E.; MORLAIS, J.-Y.; ROLLAND, B.; ROUSSET, M.; TROTET, M. CHARMET, G. A study of genetic progress due to selection reveals a negative effect of climate change on bread wheat yield in France. **European Journal of Agronomy**, v.40, p.28–38, 2012.

PEÑA, R.J.; TRETOWAN, R.; PFEIFFER, W.H; VAN GINKEL, M. **Quality (end-use) improvement in wheat: Compositional, genetic, and environmental factors**. In 'Quality improvement infield crops'. The Haworth Press Inc.: London, p.1–37, 2002.

PEÑA, E.; BERNARDO, A.; SOLER, C.; JOUVE, N. Relationship between common wheat (*Triticum aestivum* L.) gluten proteins and dough rheological properties. **Euphytica**, v.143, p.169-177, 2005.

POURDAD, S.S. Repeatability and relationships among parametric and non-parametric yield stability measures in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes. **Crop Breeding Journal**, v.01, n.02, p.109-118, 2011.

RANDALL, P.J.; MOSS, H.J. Some effects of temperature regime during grain filling on wheat quality. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.41, n.4, p.603 – 617, 1990.

RCBPTT - Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale. **Informações técnicas para trigo e triticale – safra 2012**. Dourados, MS, Embrapa Agropecuária Oeste, 2011, 204 p.

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

RESENDE, M.D.V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65 p. (Documentos, 100).

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 2002. 975p.

RESENDE, M.D.V. **Software SELEGEN – REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 67p. (Embrapa Florestas – Documentos 77).

REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO E TRITICALE – RCBPTT. **Informações técnicas para trigo e triticale – safra 2013**. Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR), 2013. Londrina, PR. 220p.

RHARRABTI, Y.; ROYO, C.; VILLEGAS, D.; APARICIO, N.; GARCÍA DEL MORAL, L.F. Durum wheat quality in Mediterranean environments I. Quality expression under different zones, latitudes and water regimes across Spain. **Field Crops Research**, v.80, p.123–131, 2003.

RIBEIRO, N.D.; POSSEBON, S.B.; STORCK, L. Progresso genético em caracteres agrônômicos no melhoramento do feijoeiro. **Ciência Rural**, v.33, n.4, p.629-633, 2003.

RODRIGUES, O.; LHAMBY, J.C.B.; DIDONET, A.D.; MARCHESI, J.A. Fifty years of wheat breeding in Southern Brazil: yield improvement and associated changes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.6, p.817-825, 2007.

ROOSTAEI, M.; MOHAMMADI, R.; AMRI, A. Rank correlation among different statistical models in ranking of winter wheat genotypes. **The Crop Journal**, v.2, p.154–163, 2014.

SABAGHNIA, N.; DEGHANI, H.; SABAGHPOUR, S.H. Nonparametric methods for interpreting genotype x environment interaction of lentil genotypes. **Crop Science**, v.46, n.03, p.1100-1106, 2006.

SANCHEZ-GARCIA, M.; ÁLVARO, F.; PEREMARTI, A.; MARTÍN-SÁNCHEZ, J.A.; ROYO C. Changes in bread-making quality attributes of bread wheat varieties cultivated in Spain during the 20th century. **European Journal of Agronomy**, v.63, p.79–88, 2015.

SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; VIEIRA, R.A.; PINTO, R.J.B.; CONRADO, T.V. Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. **Euphytica**, v.174, p.209–218, 2010.

SEAB/DERAL – Secretaria de Agricultura e Abastecimento do Estado do Paraná / Departamento de Economia Rural. Produção agrícola do estado do Paraná: trigo. Disponível em: <<http://www.agricultura.pr.gov.br/modules/conteudo/conteudo.php?conteudo=137>>. Acessado em: 214 de Janeiro de 2015.

SHARMA, R. C.; CROSSA, J.; VELU, G.; HUERTA-ESPINO, J.; VARGAS, M.; PAYNE, T.S.; SINGH, R.P. Genetic Gains for Grain Yield in CIMMYT Spring Bread Wheat across International Environments. **Crop Science**, v.52, p.1522-1533, 2012.

SILVA, D.L.; RIBEIRO, N.D.; MINETTO, C.; SOUZA, J.F.; ANTUNES, I.F. Metodologias de análise de adaptabilidade e de estabilidade para a identificação de linhagens de feijão promissoras para o cultivo no Rio Grande do Sul. **Semina: Ciências Agrárias**, v.34, n.3, p.1065-1076, 2013.

SILVA, G.O.; CARVALHO, A.D.F.; VIEIRA, J.V.; BENIN, G. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, v.70, n.3, p.494-501, 2011.

SILVA, W.C.J.; DUARTE, J.B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.1, p.23-30, 2006.

SILVA, R.R.; BENIN, G.; MARCHESI, J.A.; SILVA, É.D.B.; MARCHIORO, V.S. The use of photothermal quotient and frost risk to identify suitable sowing dates for wheat. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.36, n.1, p.99-110, 2014.

SIMEPAR - Sistema Meteorológico do Paraná. **Dados climáticos dos Municípios de Palotina e Cascavel – PR**. Disponível em: <http://www.simepar.br/>> Acesso de 10/01/2015.

St. MARTIN, S.K.; McBLAIN, B.A. Procedure to estimate genetic gain by stages in multistage testing programs. **Crop Science**, v.31, p.1367–1369, 1991.

STEEL, R.G.D; TORRIE, J.H. **Principles and Procedures of Statistics**. McGraw - Hill, New York. 1960.

STEFANOVA, K.T.; BUIRCHELL, B. Multiplicative Mixed Models for Genetic Gain Assessment in Lupin Breeding. **Crop Science**, v.50, n.3, p.880-891, 2010.

STORCK, L.; BISOGNIN, D.A.; CARGNELUTTI FILHO, A. Ganho genético decorrente da substituição anual de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, n.9, p.881-886, 2005.

SUBIRA, J.; PEÑA, R.J.; ÁLVARO, F.; AMMAR, K.; RAMDANI, A.; ROYO, C. Breeding progress in the pasta-making quality of durum wheat cultivars released in Italy and Spain during the 20th Century. **Crop & Pasture Science**, v.65, p.16–26, 2014.

TADEGE, M.B.; UTTA, H.Z.; AGA, A.A. Association of statistical methods used to explore genotype x environment interaction (GEI) and cultivar stability. **African Journal of Agricultural Research**, v.9, n.29, p. 2231-2237, 2014.

TAHIR, I. S. A., NAKATA, N., ALI, A. M., MUSTAFA, H. M., SAAD, A. S. I., TAKATA, K., ISHIKAWA N.; ABDALLA O. S. Genotypic and temperature effects on wheat grain yield and quality in a hot irrigated environment. **Plant Breeding**, v.125, n.4, p.323–330, 2006.

THOMAS, J.B.; GRAF, R.J. Rates of yield gain of hard red spring wheat in western Canada. **Canadian Journal of Plant Science**, v.94, p.1-13, 2014.

UNDERDAHL, J.L.; MERGOUM M.; RANSOM J.K.; SCHATZ B.G. Agronomic traits improvement and associations in hard red spring wheat cultivars released in North Dakota from 1968 to 2006. **Crop Science**, v.48, p.158-166, 2008.

USDA-United States Department of Agriculture. **Oferta e demanda mundial de trigo**. Disponível em: <<http://www.fas.usda.gov/psdonline/psdQuery.aspx>>. Acessado em: Jan. 06, 2015.

USDA-United States Department of Agriculture. **Oferta e demanda mundial de trigo**. Disponível em: <<http://www.fas.usda.gov/psdonline/psdQuery.aspx>>. Acessado em: Jan. 06, 2015.

VÁZQUEZ, D.; BERGER, A.G.; CUNIBERTI, M.; BAINOTTI, C.; MIRANDA, M.Z.; SCHEEREN, P.L.; JOBET, C.; ZÚÑIGA, J.; CABRERA, G.; VERGES, R.; PEÑA, R.J. Influence of cultivar and environment on quality of Latin American wheats. **Journal of Cereal Science**, v.56, p.196-203, 2012.

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M. **Progresso genético em vinte anos de melhoramento do milho no Brasil**. In: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 16., 1986, Belo Horizonte. Anais... Sete Lagoas: Embrapa CNPMS, 1988. p.300-307.

WEEGELS, P.L.; HAMER, R.J.; SCHOFIELD, J.D. Functional properties of wheat glutenin. **Journal of Cereal Science**, v.23, p.1–18, 1996.

WRICKE, G. Zur Berechnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafer. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, v.52, p.127-138, 1965.

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

YAN, W. Biplot analysis of incomplete two-way data. **Crop Science**, v.53, n.1, p.48–57. 2013.

YAN, W. GGE biplot - A Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, v.93, p.1111-1118, 2001.

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

YAN, W.; KANG, M.S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v.47, p.643-655, 2007.

YANG, R.C.; CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L.; BURGUEÑO, J. Biplot analysis of genotype \times environment interaction: proceed with caution. **Crop Science**, v.49, n.5, p.1564-1576, 2009.

ZHOU, Y.; HE, Z.H.; SUI, X.X.; XIA, X.C.; ZHANG, X.K.; ZHANG, G.S. Genetic improvement of grain yield and associated traits in the Northern China winter wheat region from 1960 to 2000. **Crop Science**, v.47, p. 245- 253, 2007.

ANEXOS

ANEXO A - Regiões de adaptação para ensaios de Valor de Cultivo e Uso de trigo no Brasil. Fonte: adaptado de Cunha et al. (2006).

