Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”

Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja convencional e transgênica com ênfase em produtividade e tolerância à ferrugem

Felipe Maniero Nazato

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em Ciências. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2018

Felipe Maniero Nazato
Engenheiro Agrônomo

Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja convencional e transgênica com ênfase em produtividade e tolerância à ferrugem

Orientador:
Prof. Dr. **NATAL ANTONIO VELLO**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em Ciências. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2018

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA – DIBD/ESALQ/USP

Nazato, Felipe Maniero

Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja convencional e transgênica com ênfase em produtividade e tolerância à ferrugem / Felipe Maniero Nazato -- Piracicaba, 2018.

179 p.

Tese (Doutorado) -- USP / Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. *Glycine max* (L.) Merrill 2. *Phakopsora pachyrhizi* 3. Manejos com fungicidas 4. Resistência horizontal 5. *Incremental crop tolerance* 6. REML/BLUP 7. GGE-biplot 8. MHPRVG I. Título

Aos meus pais, Ângela e Luís Carlos,
a minha esposa Marcely e
a minha irmã Larissa,
pela imensa compreensão, contribuição, amor,
dedicação, confiança, apoio e
por serem essenciais em minha vida.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por me permitir o dom da vida e me direcionar em todos os passos.

A todos os meus familiares, amigos e pessoas que me incentivaram e me ajudaram a concluir mais essa etapa em minha vida.

A minha esposa e amor de minha vida, Marcelly, por me apoiar em todas as minhas decisões e estar sempre ao meu lado.

Ao meu orientador Prof. Dr. Natal Antonio Vello pelas oportunidades durante a minha formação acadêmica e profissional e, também, pela grande amizade durante todos esses anos.

A Universidade de São Paulo, por meio da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” e do Departamento de Genética, por uma excelente estrutura de ensino e pesquisa que fizeram parte e foram de suma importância para a minha formação acadêmica durante a graduação, mestrado e, também, pela oportunidade da realização do meu doutorado.

A CAPES, CNPq e FAPESP pela concessão das bolsas de estudos e pelo financiamento da pesquisa, indispensáveis à realização deste trabalho. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, processo CNPq número 142368/2016-4 e processo FAPESP número 2013/07152-0.

Ao professor Dr. George L. Graef e a Universidade de Nebraska-Lincoln (EUA) pela oportunidade de realizar meu treinamento no exterior e aprimorar minhas habilidades teóricas e práticas na área de melhoramento de plantas.

Aos professores Dr. José Baldin Pinheiro e Dr. Gerhard Bandel, pela amizade, convivência e trocas de experiências durante todos esses anos. E também ao professor Dr. Thiago Libório Romanelli pela amizade, conselhos e grande ajuda durante o período que morei em Lincoln (NE, EUA).

Ao Sr. Antonio Fernandes Antoniali pela amizade, pelo exemplo profissional e pessoal a ser seguido, pelos ensinamentos e pela oportunidade de amadurecimento profissional que me forneceu. Também ao Sr. Marcos Antoniali pela amizade, companheirismo, aprendizagem profissional e por acreditar em meu trabalho como pesquisador.

Aos meus amigos Lucas Polo, Heinz Stephan Suadicani, Rafael Nalin, Luís Guilherme Polizel Libardi, Liliane Severino, Mayara Salvian e Mariana Falda pelo companheirismo, auxílio e grande amizade que prezo e levarei comigo para o resto da vida.

A todos os funcionários do Departamento de Genética pela grande ajuda na realização deste trabalho e pelo bom ambiente de trabalho que me proporcionaram durante esse período. Um especial agradecimento à equipe do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas (SGAEA),

Antonio Roberto Cogo (*in memoriam*), Claudinei Antonio Didoné e Marcos Custódio Nekatschlow, pelo apoio indispensável na execução desse trabalho.

Aos amigos do SGAEA que levarei comigo para o resto da vida, Dr. Philip Traldi Wysmierski, Dr. Inocencio Junior de Oliveira, Dra. Flávia Aparecida Amorim, Dr. Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira, M.S. Aliandra Graña de Medeiros, Dra. Regina Helena Geribello Priolli, doutorando Elesandro Bornhofen, doutorando Renan Silva e Souza, doutorando Rafael Massahiro Yasue, doutorando Fernando Garcia Espolador, doutorando Pedro Augusto Medeiros Barbosa, Dr. Walter Fernando Bernardi, Dr. Marcelo Cunha Marques, Dr. Renato Sérgio Batista Carvalho, Dr. Nelson Enrique Casas-Leal, Dr. Ribamar de Assunção Filho, Dra. Iradenia da Silva Sousa, Dra. Gabriela Antônia de Freitas Rocha e Dra. Fernanda Aparecida Castro Pereira, pelos ensinamentos, amizade e ajuda na realização dos experimentos e redação da tese.

A todos que participaram, direta ou indiretamente, desse trabalho e da minha formação profissional, obrigado.

“Não se deve ir atrás de objetivos fáceis, é preciso buscar o que só pode ser alcançado por meio dos maiores esforços”

Albert Einstein

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	10
1. INTRODUÇÃO E OBJETIVOS	11
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	15
2.1. MODELOS MISTOS.....	15
2.1.1. Efeito de genótipos	16
2.1.2. Efeito de blocos.....	18
2.1.3. Melhor preditor linear não viesado (BLUP)	18
2.1.4. Método da máxima verossimilhança restrita (REML)	19
2.1.5. Análise de deviance (ANADEV)	20
2.2. PARÂMETROS GENÉTICOS	20
2.3. FERRUGEM ASIÁTICA DA SOJA.....	22
2.3.1. Formas de controle da ferrugem: foco no melhoramento genético.....	23
2.3.2. Seleção para tolerância à ferrugem em uma abordagem de modelos mistos.....	26
2.4. INTERAÇÕES DOS GENÓTIPOS COM OS AMBIENTES.....	28
2.4.1. Adaptabilidade e Estabilidade.....	30
2.4.2. Métodos de estudo de adaptabilidade e estabilidade	30
2.4.3. Linhas gerais da metodologia GGE-biplot	33
2.4.3.1. Modelo GGE-Biplot em uma abordagem de modelos mistos.....	34
2.4.4. Outras medidas de adaptabilidade e estabilidade no contexto de modelos mistos	36
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	39
3.1. MATERIAL GENÉTICO	39
3.2. DESCRIÇÃO DOS AMBIENTES DE CULTIVO	39
3.2.1. Locais.....	40
3.2.2. Condições de ausência e de presença da ferrugem.....	40
3.3. DESCRIÇÃO DOS EXPERIMENTOS	41
3.4. DELINEAMENTO E PARCELA EXPERIMENTAL	42
3.5. CARACTERES AVALIADOS	42
3.5.1. Produtividade de grãos (PG)	42
3.5.2. Peso de cem sementes (PCS)	42
3.5.3. Número de dias para a maturidade (NDM).....	42
3.5.4. Severidade da ferrugem (SEV)	43
3.6. ANÁLISES ESTATÍSTICO-GENÉTICAS	43

3.6.1. Modelo estatístico.....	43
3.6.2. Análises exploratórias dos dados e dos resíduos.....	46
3.6.3. Significância dos efeitos aleatórios e fixos.....	46
3.6.4. Parâmetros genéticos	47
3.6.5. Teste de médias	48
3.6.6. Reação à ferrugem	49
3.6.6.1. Efeito ferrugem (EF).....	49
3.6.6.2. Índice ICT.....	50
3.6.6.3. Área abaixo da curva de progresso da doença (AUC).....	51
3.6.6.4. Tipos de lesão foliar.....	51
3.6.7. Análises da adaptabilidade e estabilidade.....	52
3.6.7.1. Modelo GGE-biplot	52
3.6.7.2. Medidas de adaptabilidade e estabilidade no contexto de modelos mistos	54
3.6.8. Coeficientes de correlação	55
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	57
4.1. Análise exploratória dos dados e resíduos.....	57
4.2. Análises individuais, conjuntas e parâmetros genéticos.....	57
4.3. Médias e valores genotípicos: comentários gerais	64
4.4. Tolerância e resistência à ferrugem.....	68
4.4.1. Aspectos gerais.....	68
4.4.2. Caracterização dos genótipos	70
4.4.3. Correlação entre caracteres e medidas de tolerância/resistência.....	72
4.5. ANÁLISE DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE.....	74
4.5.1. GGE-biplot.....	74
4.5.1.1. Considerações gerais sobre o método GGE-biplot.....	74
4.5.1.2. Adaptabilidade via GGE-biplot.....	77
4.5.1.3. Estabilidade via GGE-biplot.....	80
4.5.1.4. Discriminação e representatividade dos ambientes de teste via GGE-biplot..	83
4.5.2. MHPRVG.....	84
4.6. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	86
5. CONCLUSÕES	89
REFERÊNCIAS.....	91
APÊNDICES	109
ANEXOS.....	129

RESUMO

Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja convencional e transgênica com ênfase em produtividade e tolerância à ferrugem

Estudou-se a interação GE e suas implicações no desempenho agrônomo, adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja transgênicas (tolerantes a herbicidas, RR) e convencionais visando contribuir com a ampliação da base genética da cultura, aumento da produtividade e tolerância/resistência à ferrugem asiática da soja (*Phakopsora pachyrhizi*). Para isso, 100 linhagens experimentais (50 convencionais e 50 RR) desenvolvidas a partir de dois dialelos parciais 5x2 foram avaliadas. As tecnologias RR e convencional tiveram diferentes manejos com herbicidas. Para cada tecnologia, foram considerados 12 ambientes experimentais formados pela combinação de três anos agrícolas, três localidades e dois manejos com fungicidas (OP = fungicidas para controle de ferrugem, D = fungicida para controle de outras doenças, exceto ferrugem). Os experimentos foram planejados em blocos casualizados com duas repetições e testemunhas em comum. Os dados coletados de produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS), número de dias para a maturidade (NDM) e área abaixo da curva de progresso da ferrugem (AUC) foram analisados com auxílio de modelos mistos, sendo os genótipos considerados como aleatórios. Os componentes da variância foram estimados por REML e os valores genotípicos foram preditos por BLUP. Diversos parâmetros genéticos foram estimados. Um índice ICT (*Incremental Crop Tolerance*) foi calculado a partir dos efeitos genéticos e foi utilizado para avaliar a tolerância, enquanto que os valores de AUC foram utilizados para verificar a resistência dos genótipos à ferrugem. Também foram realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica e genotípica com auxílio das metodologias GGE-biplot (*Genotype Main Effects and Genotype Environment Interaction*) e MHPRVG (Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos). Concluiu-se que: a) Os caracteres PG e PCS foram os mais afetados pela interação GE; b) A existência de interação do tipo complexa reduziu as estimativas de herdabilidade no sentido restrito para PG, PCS, NDM e AUC nas análises conjuntas; c) A seleção de linhagens promissoras para PG, PCS, NDM e AUC utilizando valores genotípicos se assemelhou à seleção utilizando médias ajustadas; d) Os caracteres PG, PCS e NDM foram negativamente afetados pela presença da ferrugem; e) Houve evidências da existência de poligenes agindo no controle da resistência dos genótipos RR e convencionais à ferrugem; f) A tolerância dos genótipos à ferrugem apresentou-se como uma combinação da capacidade intrínseca de suportar certos níveis da doença e também da capacidade de evitar um ataque mais severo da doença apresentada por genótipos de menor ciclo médio; g) A tolerância à ferrugem mostrou-se diretamente relacionada com PG, PCS, adaptabilidade ampla e estabilidade; h) Na metodologia GGE-biplot, utilizar valores genotípicos ao invés de médias fenotípicas ajustadas permitiu explorar melhor a variação disponível para PG, PCS, NDM e AUC; i) O efeito de anos agrícolas agiu fortemente na formação de mega-ambientes para PG e PCS; j) As metodologias GGE-biplot e MHPRVG foram bastante semelhantes na recomendação de genótipos promissores em termos de adaptabilidade ampla, estabilidade e produtividade, mas também foram complementares, ao ponto que GGE-biplot explorou melhor os ambientes experimentais e permitiu indicar genótipos adaptados a ambientes específicos, enquanto que MHPRVG resultou em um ordenamento mais simples e direto, facilitando a seleção de genótipos simultaneamente para adaptabilidade ampla, estabilidade e PG; k) Apesar da tecnologia RR ter tendências de ser mais produtiva, mais resistente à ferrugem e mais tolerante em termos de NDM na média geral, ambas as tecnologias foram consideradas potencialmente análogas para a seleção de genótipos promissores para produtividade, tamanho de sementes, ciclo, estabilidade, adaptabilidade (ampla e específica), tolerância e resistência à ferrugem; l) A linhagem RR 42 (BRS 245 RR x USP 70.007) e as linhagens convencionais 69 (Conquista x USP 70.007) e 76 (BRS 133 x USP 70.108) foram consideradas as melhores linhagens simultaneamente para produtividade, para tolerância e resistência à ferrugem e para estabilidade e ampla adaptação aos ambientes diversos em termos de PG.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill; *Phakopsora pachyrhizi*; Manejos com fungicidas; Resistência horizontal; *Incremental crop tolerance*; REML/BLUP, GGE-biplot; MHPRVG

ABSTRACT

Adaptability and stability of conventional and transgenic soybean experimental lines with emphasis on productivity and tolerance to rust

This research evaluated the GE interaction and its implications on the agronomic performance, adaptability and stability of transgenic (herbicide tolerant, RR) and conventional soybean experimental lines in order to contribute to increase the soybean genetic base, productivity and tolerance/resistance to rust (*Phakopsora pachyrhizi*). One hundred experimental lines (50 conventional and 50 RR) developed from two 5x2 partial diallel were evaluated. The conventional and RR technologies had different herbicide managements. For each technology, 12 environments were considered by the combination of three years, three locations and two fungicide managements (O&P = fungicides for rust control, D = fungicide against other diseases, except rust). The experiments were designed in randomized blocks with two replications and two checks. The data of seed yield (PG, kg.ha⁻¹), seed size (PCS, g), number of days to maturity (NDM) and area under the rust progress curve (AUC) were analyzed by mixed models. Genotypes were considered as random effects. The variance components were estimated by REML and the genotypic values were predicted by BLUP. Several genetic parameters were estimated. An Incremental Crop Tolerance index (ICT) was calculated from the genetic effects and was used to assess the genotypes tolerance to rust, while AUC values were used to verify the resistance of genotypes to rust. Phenotypic and genotypic stability and adaptability were performed using the GGE-biplot (Genotype Main Effects and Genotype Environment Interaction) and MHPRVG (Harmonic Mean of Relative Performance of Genotypic Values) methodologies. It was concluded that: a) PG and PCS were the most affected traits by the GE interaction; b) The complex type interaction reduced narrow-sense heritability estimates for PG, PCS, NDM and AUC in the combined analyzes; c) The line selection for PG, PCS, NDM and AUC using genotypic values was the same that using adjusted means; d) PG, PCS and NDM were negatively affected by the presence of rust; e) There was evidence of polygenes acting on the resistance control of rust in the genotypes (RR and conventional); f) The tolerance of genotypes to rust was a combination of the intrinsic capacity of the genotype to support certain levels of the disease and also the ability to avoid a severe attack of the disease presented by early genotypes; g) Rust tolerance was directly related to PG, PCS, wide adaptability and stability; h) Using genotypic values instead of adjusted phenotypic means in GGE-biplot methodology allowed a better exploration of the available variation for PG, PCS, NDM and AUC; i) The year effect was very strong in the formation of mega-environments for PG and PCS; j) The ranking for wide adaptability, stability and productivity by GGE-biplot and MHPRVG methodologies were very similar but the GGE methodology exploited better the environments and indicated genotypes adapted to specific environments while the MHPRVG methodology allowed a simple and direct ordering for broad adaptability, stability and productivity; k) Although RR technology tends in general mean to be more productive, more resistant and more tolerant to rust in terms of NDM, both technologies (RR and conventional) were considered potentially analogous for genotype selection for seed yield, seed size, maturity cycle, stability, adaptability (wide and specific), tolerance and resistance to rust; l) The line 42 RR (BRS 245 RR x USP 70.007) and the conventional lines 69 (Conquista x USP 70.007) and 76 (BRS 133 x USP 70.108) were considered the best genotypes simultaneously for seed yield, tolerance and resistance to rust and for stability and wide adaptation to different environments in terms of PG.

Keywords: *Glycine max* (L.) Merrill; *Phakopsora pachyrhizi*; Different fungicides managements; Horizontal resistance; Incremental crop tolerance; REML / BLUP; GGE-biplot; MHPRVG

1. INTRODUÇÃO E OBJETIVOS

A soja, *Glycine max* (L.) Merrill, destaca-se entre as mais importantes oleaginosas cultivadas no mundo, compreendendo 8,18% da área total cultivada (FAO, 2016). O Brasil, com uma produção de 120,5 milhões de toneladas e 37,5 milhões de hectares (USDA, 2018), está classificado como o segundo maior produtor mundial dessa oleaginosa e possui, atualmente, uma cadeia produtiva estável, que exporta aproximadamente 44% de tudo que é produzido na forma de grãos *in natura* e processa aproximadamente 39% da produção na forma de farelo e 10% na forma de óleo.

Um dos grandes obstáculos que ameaça a produtividade das lavouras e pode gerar instabilidade da cadeia produtiva é a ocorrência de doenças. Dentre as mais de 300 doenças já identificadas para a soja, a ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi* Sydow & Sydow) está classificada entre as mais agressivas e devastadoras, causando elevadas perdas econômicas (MEDEIROS, 2009; VELLO; CARVALHO, 2013) da ordem de US\$ 2,2 bilhões na safra brasileira de 2013/14 (ABAG, 2016). Atualmente, o uso de fungicidas é a principal forma de controle desta doença, mas os altos custos, as dificuldades no gerenciamento das aplicações, uma maior conscientização ambiental e a perda relativamente rápida de eficácia com consequente substituição de fungicidas enaltecem a necessidade da busca por cultivares tolerantes e/ou resistentes à ferrugem para uso em programas de manejo integrado da doença.

Contudo, caracteres de herança poligênica, como a produtividade, a tolerância e a resistência horizontal a doenças, sofrem influência relativamente grande tanto de efeitos genotípicos (G) e ambientais (E), como das interações dos genótipos com os ambientes (GE) em suas expressões fenotípicas, o que pode atrapalhar a seleção de materiais genéticos superiores amplamente adaptados aos ambientes variados de cultivo (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Através de estudos de estabilidade e adaptabilidade, o efeito da interação GE pode ser reduzido principalmente com a divisão dos ambientes de cultivo em subgrupos menores e mais homogêneos (zoneamento), ou pode ser explorado com a indicação de cultivares mais adequadas para cada ambiente específico, de modo que a produtividade nesse ambiente seja maximizada (BERNARDO, 2010).

Segundo Maia et al. (2006), no melhoramento de plantas a interação GE também deve ser tratada como um fenômeno biológico e não apenas como um efeito estatístico, já que as diferentes constituições genotípicas das cultivares contribuem com diferentes especialidades, desde mecanismos que regulam a expressão gênica até características morfológicas (CHAVES, 2001), resultando em diferentes respostas à adaptação. Em análises comparativas entre soja

transgênica (RR) e convencional, Amorim (2011) evidenciou que a presença do gene CP4 EPSPS (gene RR) na soja transgênica (tolerante a herbicidas, soja RR) não afetou significativamente a produtividade de óleo, mas reduziu em 7% a produtividade de grãos de progênies F_{2:3}. Nazato (2014), estudando progênies F_{2:5} e F_{2:6}, também observou que a tecnologia convencional (soja convencional e manejo com herbicidas convencionais) foi mais produtiva que a tecnologia transgênica (soja RR e manejo com glifosato), mas notou uma tendência de ambas as tecnologias serem semelhantes para a tolerância à ferrugem asiática. No entanto, ainda não foi observado o efeito da presença do gene RR e nem do uso da tecnologia da soja transgênica sobre a estabilidade fenotípica e a adaptabilidade das linhagens de soja, parâmetros estes fundamentais para a seleção e a caracterização do desempenho agrônômico de novas linhagens superiores.

Na literatura existem diversas metodologias para se avaliar a adaptabilidade e a estabilidade de materiais genéticos. Segundo Silva e Benin (2012) essas metodologias se distinguem em termos de conceitos e procedimentos, mas de acordo com Bastos et al. (2007) a maioria das metodologias utilizam regressão linear e não linear, estatísticas não paramétricas e análises multivariadas, como o modelo AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction*) e GGE-biplot (*Genotype main effects and Genotype Environment Interaction*). A metodologia GGE-biplot é um procedimento estatístico que elimina o efeito principal do ambiente e agrupa os efeitos principais dos genótipos com os efeitos multiplicativos das interações GE, submetendo, ao mesmo tempo, esses efeitos à análise de componentes principais (YAN et al., 2000), resultando em gráficos biplot que representam uma matriz de dados e facilitam a interpretação. De acordo com Silva e Benin (2012) e Yan et al. (2007), o modelo GGE-biplot explora com bastante eficácia a interação GE, principalmente no caso em que essa interação se mostra bastante complexa, sendo adequado para identificar mega-ambientes (formado quando um conjunto de ambientes apresenta uma variação menor dentro desse conjunto em comparação a uma maior variação entre conjuntos) e para indicar genótipos com maior adaptabilidade e estabilidade a ambientes específicos.

Porém ao se aplicar o modelo GGE-Biplot é comum considerar os efeitos de G e GE como fixos nas análises, mas Resende e Duarte (2007) afirmam que considerar o efeito de genótipos como aleatórios e obter os respectivos valores de BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) é uma alternativa bastante eficiente e indicada para propósitos de melhoramento genético de plantas, principalmente envolvendo experimentos multi-ambientais, pois permite prever a performance futura dos genótipos de forma mais apurada, reduzindo o efeito de ruídos extras nas predições de valores genotípicos, além de levar o ordenamento dos efeitos genotípicos o

mais próximo possível do *rank* verdadeiro dos genótipos (PASTINA, 2010). Assim, uma alternativa, segundo Balestre et al. (2009) é incorporar uma abordagem de modelos mistos na análise GGE permitindo considerar os efeitos de genótipos e da interação GE como aleatórios, tornando a análise mais acurada. Entretanto, os mesmos autores apontam que esse tipo de abordagem ainda é pouco explorado, principalmente em estudos que envolvem doenças de plantas.

Nesse contexto, combinar metodologias mostra-se como uma alternativa bastante apropriada para tentar entender a interação GE e suas implicações na adaptabilidade e estabilidade de genótipos (GAUCH, 2006; YAN et al., 2007; SILVA; BENIN, 2012). Assim, o método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) pode complementar informações ao método GGE-biplot, por apresentar uma interpretação simples e permitir a seleção simultânea dos genótipos para produtividade, adaptabilidade e estabilidade (RESENDE, 2007).

Por isso, o objetivo principal dessa pesquisa foi avaliar a interação GE e suas implicações no desempenho agrônomo, adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja transgênicas (RR) e convencionais oriundas de um programa de melhoramento que visa a ampliação da base genética da cultura, aumento da produtividade e tolerância/resistência à ferrugem asiática, com auxílio de modelos mistos, metodologia GGE-biplot e medidas de performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG).

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Modelos mistos

Um modelo estatístico busca explicar a resposta de uma variável dependente em função de uma ou mais variáveis independentes compostas por efeitos de natureza fixa e/ou aleatória. Por definição, um modelo é classificado como fixo quando apresenta todos os seus efeitos de natureza fixa, exceto o erro experimental, que é sempre de natureza aleatória. Já um modelo é classificado como aleatório quando apresenta todos os seus efeitos de natureza aleatória, exceto a média geral (ou intercepto do modelo), que é sempre definida como fixa. E, para ser classificado como misto, o modelo deve apresentar uma combinação de efeitos fixos e aleatórios (SEARLE; CASELLA; MCCULLOCH, 1992), excluindo-se a média geral e o erro experimental.

De acordo com Resende (2007), o modelo misto de seleção foi concebido ao redor de 1949 e foi formalmente apresentado por Henderson (1984). Nos dias atuais os modelos mistos são amplamente utilizados no melhoramento genético animal, mas também vêm mostrando crescente emprego no melhoramento de plantas, principalmente em estudos de mapeamento de QTLs (*Quantitative Trait Loci*), mapeamento associativo, seleção assistida, seleção genômica e, crescentemente, em análise de grupos de experimentos para comparações de variedades e dados MET (*Multi-Environmental Trials*) (FREITAS, 2013).

A maioria dos trabalhos que utilizam modelos mistos no melhoramento de plantas têm a finalidade de estimar os componentes da variância genética e também obter uma melhor estimativa do erro experimental, garantindo maior precisão com menor acúmulo de erros na hora de testar as hipóteses dos efeitos fixos (FREITAS, 2013). Mas, de acordo com Resende (2007), a avaliação de genótipos em experimentos de campo tem frequentemente a finalidade de obter os verdadeiros valores de cultivo e uso dos materiais genéticos que, segundo o autor, equivalem aos valores genotípicos obtidos com auxílio de preditores em um contexto de modelos mistos e resultam em um melhor ordenamento dos genótipos para a seleção quando comparado com a utilização de médias fenotípicas.

Outro ponto que também pode ser destacado é que em experimentação de campo na área de melhoramento de plantas podem ocorrer problemas de desbalanceamento de dados, principalmente devido a perdas de plantas ou parcelas, ou até perda de informações de ambientes inteiros, o que muitas vezes faz com que não seja possível a avaliação de todos os genótipos combinados em todos os ambientes. Nesses cenários de dados desbalanceados, de acordo com

Resende (2007), utilizar concomitantemente os métodos REML (*Restricted Maximum Likelihood*) e BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) é altamente indicado, uma vez que o preditor BLUP assume como sendo conhecidos os componentes de variância apropriados, ao ponto que o método REML estima esses componentes de variância de uma forma iterativa a partir das estimativas BLUP de efeitos aleatórios, de forma que o BLUP é o método ótimo para a predição dos valores genéticos e o REML é o método ótimo de estimação de componentes de variância.

Resende (2007) ainda destacou que a utilização de modelos mistos no melhoramento de plantas, principalmente via o procedimento REML/BLUP, permite a comparação de genótipos ao longo do tempo (gerações e anos) e do espaço (locais e blocos) e pode ser aplicado a delineamentos não ortogonais, pois permite lidar com estruturas complexas de dados, permite a utilização conjunta de um grande número de informações visando obter estimativas e predições mais precisas e também permite que sejam ajustados diversos modelos alternativos de forma parcimoniosa (com menor número de parâmetros).

2.1.1. Efeito de genótipos

Há uma certa dificuldade prática na interpretação da natureza dos efeitos de um modelo estatístico, que muitas vezes é alvo de críticas e acarreta em uma diversidade de pontos de vista disponíveis na literatura (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; RESENDE, 2007). Duarte (2000) aponta diversos argumentos clássicos existentes para auxiliar na escolha da natureza de um efeito, um deles é a resposta à seguinte questão: “Os efeitos representam uma amostra aleatória originária de uma população inicial?”. Quando a resposta a essa pergunta for positiva, ou seja, os níveis do fator são amostrados de uma grande população, os efeitos serão considerados como aleatórios. Quando a resposta for negativa, ou seja, os efeitos foram definidos de acordo com os interesses do pesquisador, esses efeitos serão fixos e qualquer inferência sobre esses efeitos tomadas na análise estatística ficarão restritas ao próprio efeito, ou seja, ao conjunto de dados utilizados na análise.

Segundo Vencovsky e Barriga (1992), definir o efeito de genótipos como fixo ou aleatório depende da própria natureza da pesquisa, mas Smith, Cullis e Thompson (2005) afirmam que a escolha também deve levar em conta os objetivos da análise e das considerações sobre as propriedades anexas aos dois tipos de procedimentos de estimação, a predição linear não viesada (BLUP, *Best Linear Unbiased Prediction*), em se tratando de efeitos aleatórios, e a estimação linear não viesada (BLUE, *Best Linear Unbiased Estimation*) para os efeitos fixos.

Outra condição para que o efeito de genótipos apresente natureza aleatória é referente ao tamanho da população. Em populações de tamanho suficientemente grande, o efeito de genótipos pode ser considerado como aleatório, mas Searle, Casella e McCulloch (1992) apontam que as populações não precisam apresentar tamanhos infinitos e que dimensões finitas também permitem admitir o efeito de genótipos como aleatório. De acordo com Stroup e Multize (1991), quando o número de tratamentos está entre 20 e 100, ou mais, considerar a natureza dos efeitos de genótipos como aleatório e obter suas predições BLUP é mais eficiente que considerar os genótipos como fixo e obter as estimativas de BLUE dos mesmos, até quando o efeito em questão é definido por métodos tradicionais como fixo. Resende e Duarte (2007) demonstraram que quando o número de genótipos for superior a dez esses devem ser considerados como aleatórios pois, estatisticamente essa medida minimiza o erro quadrático médio na predição dos verdadeiros valores genéticos. Piepho, Buscse e Emrich (2003) também recomendam que os efeitos de genótipos sejam assumidos como aleatórios quando são avaliados mais de cinco genótipos.

Além disso, Resende e Duarte (2007) apontam que em análises de dados obtidos em experimentos multi-ambientes (MET), considerar os efeitos de genótipos como aleatórios e obter os respectivos valores de BLUP é altamente indicado para propósitos de melhoramento genético, pois a performance futura dos genótipos é predita de forma mais apurada. Pastina (2010) também afirma que para o objetivo de seleção de linhagens, de forma a se predizer da melhor forma possível os efeitos dos genótipos e obter um ranqueamento desses efeitos o mais próximo possível do rank verdadeiro, o efeito de genótipos deve ser considerado como aleatório. Smith, Cullis e Gilmour (2001), também apontam que considerar o efeito de genótipos como aleatório reduz o efeito de ruídos extras, geralmente de natureza ambiental, na predição. No entanto, Pastina (2010) considera que utilizar o método da predição é inadequado quando o objetivo é determinar diferenças entre pares específicos de genótipos, porque a predição de uma diferença específica é viesada, sendo nesse caso indicado considerar o efeito de genótipos como fixo.

Bernardo (2010) descreve uma série de vantagens do uso das predições BLUP, entre elas permitir a comparação entre genótipos desenvolvidos em diferentes populações de melhoramento e avaliados em diferentes conjuntos de ambientes, o que torna muito útil esse tipo de dado para a exploração e seleção de genótipos quanto à adaptabilidade e à estabilidade em diversos ambientes, principalmente considerando ambientes contrastantes, com diferentes situações de manejo com fungicidas, manejos com herbicidas e locais; além disto, segundo Smith, Cullis e Thompson (2005), o uso das predições BLUP também permite a análise de um conjunto de dados históricos avaliados em vários anos.

2.1.2. Efeito de blocos

Embora exista uma tendência em se considerar o efeito de blocos como aleatório, Resende (2007) pondera que os blocos não são realmente amostras aleatórias, pois eles são escolhidos pelo pesquisador e geralmente são alocados próximos uns dos outros durante a conformação do delineamento experimental. De acordo com Piepho (1997), isso pode gerar uma subestimação do erro padrão da média, razão pela qual seria melhor considerar o efeito de blocos como fixo. Também foi observado por Gusmão (1986) que geralmente os blocos são alocados de forma sistemática, o que inviabiliza considerar a natureza de seus efeitos como aleatória. Mas, segundo Mistro (2013) ao considerar o efeito de blocos como fixo pode ficar a impressão de que a população está confinada apenas ao conjunto de blocos considerados no experimento, o que não é correto.

Resende (2007) recomenda que no melhoramento de plantas, de maneira geral, blocos incompletos (como no caso dos delineamentos em látice) devem ser tidos como aleatórios, com a finalidade de se recuperar a informação interblocos, visando a estimação dos efeitos de tratamentos com médias menos viciadas. Mas, o mesmo autor acrescenta que blocos completos (por exemplo no caso de delineamento de blocos ao acaso), não contribuem com informações genéticas a respeito dos indivíduos e devem ser classificados como fixos quando o experimento apresentar um número inferior a cinco blocos, sendo melhor tratados como aleatórios quando esse número for superior a cinco.

2.1.3. Melhor preditor linear não viesado (BLUP)

Segundo Resende (2007), no melhoramento de plantas, com o objetivo de selecionar genótipos superiores, é muito mais interessante a obtenção dos valores genotípicos dos indivíduos livres dos efeitos ambientais, do que utilizar na seleção apenas as médias fenotípicas, pois os valores genotípicos dos indivíduos são os verdadeiros valores de cultivo e uso dos genótipos, enquanto que as médias fenotípicas podem nunca mais se repetir quando esses indivíduos forem novamente cultivados.

De acordo com Lynch e Walsh (1998), o BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) tem sido o método dominante para se obter os valores genotípicos dos indivíduos. Resende (2007) apresenta uma série de vantagens da utilização do BLUP, entre elas o fato do BLUP ser um procedimento que maximiza a acurácia seletiva, além de apresentar um mínimo erro qua-

drático médio, o que o torna superior a qualquer outro índice de seleção combinada (com exceção dos que utilizam todos os efeitos aleatórios do modelo como o caso dos multiefeitos). O BLUP também permite usar simultaneamente várias fontes de informação advindas de vários experimentos realizados em um ou diversos locais e avaliados em uma ou diversas colheitas.

Além disso, o BLUP é um estimador do tipo *shrinkage* que permite eliminar os efeitos residuais do ambiente embutidos nos dados fenotípicos, fato esse que pode levar a um ganho em acurácia quando comparado ao estimador BLUE (*Best Linear Unbiased Estimation*). Genericamente, de acordo com Resende (2007), um estimador do tipo *shrinkage* tem a forma de um escalar e pode ser interpretado como um coeficiente de confiabilidade, ou seja, para casos balanceados, esse estimador multiplica as médias fenotípicas por um fator que varia de zero a um, dependendo da confiabilidade que se tem nessas médias estimadas. O mesmo autor completa que nos casos de testes envolvendo materiais genéticos, o fator de confiabilidade ótimo é função da herdabilidade ao nível de médias através das repetições. Assim, na avaliação genotípica, a relevância está na escolha do estimador/preditor mais acurado e de mínimo erro quadrático médio, que propicia inferências mais corretas, como o caso do BLUP.

2.1.4. Método da máxima verossimilhança restrita (REML)

O método da máxima verossimilhança restrita (REML, *Restricted Maximum Likelihood*) foi proposto por Patterson e Thompson (1971) e surgiu de uma adaptação do método da máxima verossimilhança (ML) desenvolvido por Fisher em 1922 (MISTRO, 2013). De acordo com Resende (2007), o método REML, na realidade, é uma generalização da análise de variância (ANOVA) aplicada a situações mais complexas. O mesmo autor aponta que para casos simples e balanceados, a ANOVA e o método REML são equivalentes e apresentam resultados semelhantes. Na prática, a matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios é desconhecida, sendo necessário obter suas estimativas. O método REML estima esses componentes de variância de uma forma iterativa e, diferente dos estimadores da ANOVA, o método REML não possui exigências sobre o delineamento e nem sobre o desbalanceamento dos dados.

Além disso, o REML não apresenta problemas de vieses resultantes da estimação dos efeitos fixos do modelo como o método ML, o qual é eliminado pela maximização da função densidade de probabilidade dos efeitos aleatórios e, por isso, as estimativas dos componentes de variância não são afetadas (RESENDE, 2002). No método REML, a função de verossimilhança é dividida em duas partes independentes, de forma que a parte referente aos efeitos aleatórios do modelo está totalmente livre da parte referente aos efeitos fixos, e a função densidade

de probabilidade das observações é resultado da soma de cada uma dessas funções separadamente (PATTERSON; THOMPSON, 1971).

2.1.5. Análise de deviance (ANADEV)

Na abordagem de modelos mistos, para se testar a significância dos efeitos aleatórios do modelo é altamente recomendado a utilização do teste da razão de verossimilhança (LRT) (RESENDE, 2007). Com os resultados do teste LRT pode-se construir algo semelhante ao quadro de análise de variância clássica (ANOVA), o qual é denominado de quadro da análise de deviance (ANADEV). Um teste F aproximado pode ser utilizado para se testar a significância dos efeitos fixos do modelo (RESENDE, 2007).

Para se realizar a ANADEV, primeiro é necessário a obtenção dos pontos de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) dos modelos com (modelo saturado) e sem o efeito a ser testado. Posteriormente, é calculada a deviance ($D = -2 \log L$), que é a diferença do logaritmo da função de verossimilhança do modelo saturado em relação ao logaritmo da função de verossimilhança do modelo a ser testado (sem o efeito), e permite medir a qualidade do ajuste entre os dados observados e os preditos pelo modelo. Em seguida, obtêm-se a razão de verossimilhança (LR) através da subtração das deviances entre o modelo saturado e o modelo sem o efeito de interesse. Ao final, a significância dessa diferença é testada via LRT, utilizando-se um teste qui-quadrado (X^2) com um grau de liberdade (RESENDE, 2007).

2.2. Parâmetros genéticos

A obtenção de parâmetros genéticos é de grande importância quando se almeja selecionar genótipos/indivíduos de maneira eficiente em um programa de melhoramento, pois permite conhecer a estrutura e estabelecer o potencial genético da população estudada (VENCOVSKY, 1987). Dentre diversos parâmetros genéticos, alguns se destacam como parâmetros mais importantes para o avanço de programas de melhoramento, entre eles: coeficiente de variação genética, coeficiente de variação relativa, coeficiente de herdabilidade no sentido restrito e ganho genético esperado com a seleção.

O coeficiente de variação genética (CVg, em %) mostra o quanto da média do caráter é decorrente da variação genética e permite inferir sobre a magnitude da variabilidade que está presente na população estudada (RESENDE, 2002). O coeficiente de variação relativo (CVr,

em %) é obtido através da razão entre os coeficientes de variação genética e o coeficiente de variação experimental. É uma medida não influenciada pela média do caráter avaliado e fornece a real grandeza do incremento de um caráter na população (VENCOVSKY, 1987). O CV_r verifica a presença da variabilidade genética na população e valores de CV_r iguais ou maiores que um, representam condições favoráveis à seleção de indivíduos superiores (VENCOVSKY, 1987; MISTRO, 2013).

O coeficiente de herdabilidade no sentido restrito é calculado pela razão entre a variância genotípica aditiva e a variância fenotípica, e exprime o quanto das características genéticas intrínsecas dos indivíduos estão presentes nos fenótipos observados, ou seja, é um coeficiente altamente importante para fins de melhoramento, pois considera o valor genético herdável dos efeitos aditivos que influenciará o progresso genético da próxima geração (FALCONER; MACKAY, 1996). A amplitude de valores desse coeficiente oscila entre zero e um. Em resumo, o fenótipo observado de um indivíduo para uma característica é resultado do genótipo (G) desse indivíduo somado ao efeito do ambiente (E) que está agindo sobre esse indivíduo e da interação entre o genótipo e o ambiente (GE). Quando a herdabilidade restrita é igual a um, significa que o ambiente e a interação GE não afetaram a expressão fenotípica do caráter, e os efeitos aditivos do genótipo do indivíduo determinaram completamente o fenótipo observado. Quando a herdabilidade restrita é igual a zero, significa que a variabilidade fenotípica do caráter observada não possui influência dos efeitos genéticos aditivos do indivíduo (G e GE são nulos) e considera apenas as variações decorrentes do ambiente, ou seja, nesse caso a seleção de indivíduos visando aumento do progresso genético da população para essa característica não faz sentido, pois não há correlação entre o valor genético dos indivíduos e o valor fenotípico observado (FALCONER; MACKAY, 1996).

O ganho genético ou progresso genético esperado mede o aperfeiçoamento da geração selecionada em relação ao desempenho da população antes da seleção. É uma medida de eficiência do método de seleção empregado pelo melhorista e é calculado multiplicando-se o diferencial de seleção da população melhorada e o coeficiente de herdabilidade no sentido restrito. Diversos fatores interferem de maneira direta ou indireta nesse parâmetro, como a intensidade da seleção a ser aplicada, propriedades genéticas da população base e a própria herdabilidade do caráter (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

2.3. Ferrugem asiática da soja

A ferrugem asiática da soja foi constatada pela primeira vez na safra brasileira de 2001/02 no estado do Paraná (YORINORI et al., 2005). No Brasil, a doença encontrou condições de clima favorável ao seu desenvolvimento e, além disso, a grande extensão das lavouras em monocultura de soja permitiu a sua rápida disseminação pelo país. O fungo *Phakopsora pachyrhizi* Sydow & Sydow, agente causador da doença, é biotrófico, capaz de apresentar várias gerações em um único ciclo do hospedeiro (doença policíclica) e apresenta esporos denominados uredósporos, com eficiente disseminação pelo vento (principal forma de dispersão), em taxas superiores a um metro por dia (NAVARINI et al., 2007).

Os primeiros sintomas da ferrugem são sutis pontuações mais escuras no tecido das folhas localizadas no terço médio e inferior da planta. De início, as folhas infectadas conservam a coloração verde e somente após a ocorrência de abundante esporulação é que as células infectadas morrem, resultando na coloração escura. O tamanho inicial pequeno das lesões e a ocorrência simultânea de outras doenças que possuem sintomatologia semelhante à da ferrugem, como a mancha parda (*Septoria glycines*), o crestamento bacteriano (*Pseudomonas savastanoi* pv *glycinea*) e a pústula bacteriana (*Xanthomonas axonopodis* pv *glycines*), dificultam a identificação inicial da doença na lavoura, que deve ser continuamente monitorada, na tentativa de aumentar a eficiência dessa detecção o quanto antes.

Embora os sintomas da ferrugem se tornem mais evidentes durante a fase reprodutiva das plantas de soja (a partir do florescimento), em condições de clima favorável e alta pressão de inóculos, os sintomas também podem ocorrer durante a fase vegetativa, o que caracteriza uma suscetibilidade ao fungo durante todos os estádios fenológicos da cultura (BROMFIELD; HARTWING, 1980). Dessa forma, a lavoura deve ser atentamente observada desde a germinação das plântulas, intensificando-se o monitoramento após o início do florescimento ou com a comprovação da ocorrência da doença na região (EMBRAPA, 2004).

A ferrugem é confirmada na lavoura pela presença de urédias, que são pequenas lesões salientes semelhantes a bolhas de um a dois milímetros de diâmetro que aparecem na face abaxial das folhas e são as estruturas reprodutivas do fungo, nas quais estão acolhidos os uredósporos. Em cultivares de soja suscetíveis, essas lesões são predominantemente de cor castanho-clara ou bege (tipo “TAN”), podendo, sobre alta incidência, a doença causar crestamento foliar, semelhante ao de *Cercospora*. Já em cultivares resistentes, há predominância de lesões com coloração castanho-avermelhada (tipo “RB”). De acordo com Hartman, Sinclair e Rupe (1999),

sintomas dos tipos TAN e RB podem ocorrer simultaneamente em um mesmo folíolo; os sintomas tipo TAN estão associados à reação de suscetibilidade, enquanto que os do tipo RB indicam resistência à ferrugem; além disso, também podem ocorrer reações de imunidade, as quais são caracterizadas por pequenas manchas (FLECKS) acinzentadas. Segundo Camolese et. al (2012), são poucos os casos em que há caracterização de imunidade com a ausência de lesões. Urédias que deixaram de esporular se assemelham a pústulas, mas com os poros abertos, o que permite a distinção da pústula bacteriana com a qual é frequentemente confundida.

Os principais danos da ferrugem são a redução da taxa fotossintética (área foliar comprometida pelas lesões) e a desfolha prematura, os quais podem interferir direta e negativamente na formação dos grãos, com diminuições do tamanho, da qualidade e da produtividade de grãos (YANG et al., 1991). O nível do dano depende do momento em que a doença incide sobre a cultura, das condições climáticas favoráveis à infecção e multiplicação do fungo, do ciclo e características de tolerância/resistência da cultivar de soja (VELLO; CARVALHO 2013); quanto mais cedo ocorrerem essas condições, maiores serão os danos (YANG et al., 1991). Segundo Navarini et al. (2007), podem ser observadas reduções de 10% a 100% na produtividade final, sendo os maiores danos observados em áreas nas quais o controle da doença não foi realizado ou foi executado tardiamente.

O desenvolvimento ótimo do fungo ocorre em temperaturas que variam de 18°C a 28°C, sendo necessário para a ocorrência de danos severos condições de clima úmido, no qual o período de molhamento das folhas exceda seis horas e a umidade do ar esteja entre 75% e 82% (MARCHETTI; MELCHING; BROMFIELD, 1976; YORINORI; NUNES JÚNIOR; LAZZAROTTO, 2004; DEL PONT et al., 2006). Temperaturas inferiores a 15°C ou superiores a 30°C, principalmente quando associadas a condições secas, retardam o desenvolvimento do fungo (EMBRAPA, 2004).

2.3.1. Formas de controle da ferrugem: foco no melhoramento genético

Desde os primeiros relatos da doença no Brasil, o método mais utilizado para o controle da ferrugem tem sido o químico com o uso de fungicidas. Mas a grande extensão territorial das lavouras, o clima favorável ao desenvolvimento do patógeno, as falhas nas aplicações de fungicidas, a necessidade de várias aplicações de produtos, a alta densidade de plantas nas atuais lavouras e a sobrevivência do patógeno em plantas daninhas dificultam e encarecem essa forma de controle (MEDEIROS, 2009).

Como o fungo causador da ferrugem é biotrófico e se beneficia da ponte criada pelo cultivo sucessivo da soja também na entressafra, a partir de 2005/06, a maioria dos Estados brasileiros produtores de soja vem adotando o uso do chamado “vazio sanitário”, que corresponde a um período do ano (de 60 a 90 dias, dependendo do Estado) de ausência obrigatória de plantas vivas de soja. É uma prática de manejo cultural preventiva da doença que visa reduzir a quantidade de uredósporos (esporos) no ambiente durante a entressafra e, dessa forma, diminuir a possibilidade de incidência precoce da ferrugem na lavoura.

O uso conjunto dessas medidas de manejo disponíveis são atualmente indispensáveis para a redução da ocorrência da ferrugem na lavoura e para a produção de soja no Brasil, mas o desenvolvimento de cultivares de soja mais especializadas, resistentes/tolerantes à ferrugem (MARTINS; JULIATTI, 2012; YOKOMIZO et al., 2013; MELO; ROESE; GOULART, 2015; WYSMIERSKI, 2015), é de extrema importância para um adequado manejo integrado da doença, com benefícios econômicos, sociais e ambientais ao produtor e à população.

Embora sejam relacionados, os conceitos de resistência e tolerância são distintos. A resistência a doenças ocorre por mecanismos naturais das plantas que restringem, atrasam ou impedem as atividades de infecção, colonização e/ou reprodução do patógeno (CARNEIRO, 2007), e pode ser classificada como vertical ou horizontal (VAN DER PLANK, 1966). Já o termo tolerância é referido à capacidade própria ou adquirida de uma planta em suportar certos níveis da doença, sem afetar significativamente sua produtividade, quando comparado com outros genótipos da mesma espécie (SCHAFER, 1971). As plantas tolerantes não detêm habilidades sobre a atividade do patógeno, não têm capacidade de prevenir o estabelecimento e nem de restringir o crescimento e desenvolvimento do patógeno. Portanto, as plantas tolerantes são fenotipicamente semelhantes a plantas suscetíveis, mas exibem uma produtividade comparável com a de plantas sadias (CAMARGO; BERGAMIN FILHO, 1995).

A resistência vertical é controlada por um ou poucos genes e garante resistência exclusiva a alguma raça do patógeno, mas não às outras, razão pela qual também é conhecida como raça-específica. Já a resistência do tipo horizontal é, em geral, poligênica e efetiva contra diversas raças do patógeno (raça-inespecífica). Apesar das evidências de herança poligênica, o tipo de controle genético da tolerância à ferrugem ainda não é bem conhecido (ARAÚJO, 2009; UNFRIED, 2007).

Atualmente são conhecidos sete loci de resistência a *Phakopsora pachyrhizi* (*Rpp1* a *Rpp7*) que abrigam ao menos 12 alelos que conferem resistência do tipo raça-específica à ferrugem, entre eles os alelos dominantes *Rpp1*, *Rpp1-b*, *Rpp2*, *Rpp3*, *Rpp4*, *Rpp5*, *Rpp6*, *Rpp?*(Hyuuga), *Rpp?*(PI 567068A) e *Rpp7*, e os alelos recessivos *rpp2* e *rpp5* (HYTEN et al.,

2007, 2009; GARCIA et al., 2008; SILVA et al., 2008; VERNETTI; VERNETTI JÚNIOR, 2009; CHAKRABORTY et al., 2009; LI et al., 2012; HOSSAIN et al., 2015; KING et al., 2016; CHILDS et al., 2017). Essas fontes de resistência foram descobertas em várias introduções de plantas (PI) do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), a saber, PI 200492 (*Rpp1*), PI 594538A (*Rpp1-b*), PI 230970 (*Rpp2*), PI 224270 (*rpp2*), PI 462312 (*Rpp3*), PI 459025 (*Rpp4*), PI 200487 (*Rpp5*), PI 200456 (*rpp5*), PI 567102B (*Rpp6*), Hyuuga (*Rpp?*), PI 567068A (*Rpp?*), PI 605823 (*Rpp7*).

Apesar de ser mais facilmente utilizada em programas de melhoramento (TWIZEYI-MANA et al., 2008) por se tratar de uma característica de herança mono ou oligogênica, a obtenção de materiais com resistência vertical à ferrugem tem sido dificultada pela grande instabilidade desse tipo de resistência frente à variabilidade genética do fungo. Há relatos de que o surgimento de novas raças do patógeno tem sido capaz de quebrar a resistência de alguns genótipos de soja e, segundo Panthee et al. (2007), os genes dominantes *Rpp1* e *Rpp3* já não conferem mais resistência à raça prevalente no Brasil. Em contrapartida, a resistência horizontal se mostra mais estável, pois o provável controle genético poligênico exige uma maior variabilidade do patógeno, que necessitaria de mutações e/ou recombinações em vários loci de uma única vez em um tempo relativamente curto para que essa resistência seja quebrada (CAMARGO; BERGAMIN FILHO, 1995). Mas o uso da resistência horizontal em programas de melhoramento genético vem sendo restrito e pouco explorado devido às dificuldades em se avaliar e quantificar a taxa de desenvolvimento da doença (TSCHANZ; TSAI, 1983).

Frente às dificuldades em termos de avaliação, há uma ressalva que a avaliação da tolerância pela comparação da produtividade em experimentos com e sem o ataque severo do patógeno (SCHAFFER, 1971) seja mais simples do que a avaliação da resistência (MEDEIROS, 2009; VIEIRA, 2009; WYSMIERSKI, 2015), pois segundo Tschanz e Wang (1985), a produtividade pode ser apurada com maior eficácia e praticidade, e ser altamente relacionada com a tolerância, enquanto a resistência está relacionada à avaliação da severidade da doença (sintomas), que é mais difícil de se mensurar, principalmente em condições de campo.

Assim, estudos que mensurem o resultado da interação do patógeno com o hospedeiro frente às variações dos ambientes de produção são escassos e de grande importância para o melhor entendimento tanto da dinâmica da tolerância como da resistência à ferrugem ao nível de campo, e essenciais para o desenvolvimento de cultivares de soja mais especializadas.

2.3.2. Seleção para tolerância à ferrugem em uma abordagem de modelos mistos

Visando estimar a tolerância de um genótipo à ferrugem asiática da soja, Levy (2004), Tichagwa et al. (2004) e Levy (2005) desenvolveram, na região sul da África, com destaque para o Zimbabwe, um método com base em diferentes manejos com fungicidas. Adaptações foram feitas com a finalidade de melhorar a eficiência do uso deste método em condições brasileiras (UNFRIED, 2007; VIEIRA, 2009; ARAÚJO; VELLO, 2010; WYSMIERSKI, 2015). Nesses trabalhos, as estimativas de tolerância dos genótipos de soja foram calculadas através da diferença entre as médias ajustadas de produtividade e do tamanho das sementes (representado pelo peso de cem sementes), obtidas em experimentos com dois diferentes manejos de fungicidas; em um dos manejos foram aplicados fungicidas que controlam a ferrugem e as demais doenças de fim de ciclo (DFC), enquanto que no segundo manejo aplicou-se fungicida que controla as DFC, exceto a ferrugem. Como é comum aparecerem novas raças da ferrugem, com consequente perda de eficácia dos fungicidas, tem sido necessário substituir os fungicidas que controlam a doença, ao longo dos anos consecutivos de avaliação experimental. Mas, de acordo com Lemerle et al. (2006) que estudaram a tolerância de genótipos de trigo à matocompetição, utilizar apenas a diferença entre as médias ajustadas de produtividade de um referido genótipo na presença e ausência de um fator estressante reflete na seleção para um potencial produtivo e não especificamente para a tolerância. Para contornar esse entrave, os referidos autores propuseram estimar um índice denominado ICT (*Incremental Crop Tolerance*) com auxílio de modelagem mista e dos métodos REML/BLUP, de forma a isolar o efeito da tolerância, resultando em uma seleção mais direcionada dos genótipos identificados como tolerantes, sem correlação direta com o potencial produtivo desses genótipos.

No cálculo do ICT os autores consideraram as medidas de produtividade de grãos nos experimentos com e sem a presença de ervas daninhas como duas características avaliadas para cada genótipo, as quais posteriormente foram analisadas através de um modelo misto bivariado. Para essa análise foi considerado o seguinte modelo linear misto (Equação 1):

$$y = X\tau + Zv + \varepsilon \quad (1)$$

Em que:

y : é o vetor contendo os valores individuais de cada parcela analisada;

τ : é o vetor de comprimento dois contendo a média geral para cada característica (média de produtividade nos experimentos com e sem a mato-competição), tido como fixo;

v : é o vetor contendo os efeitos genotípicos aleatórios para cada característica, ordenados como genótipos dentro de cada característica;

ε : é o vetor de efeitos residuais do modelo tido como aleatório;

X, Z : são as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Sendo o vetor v particionado em v_p e v_m , em que:

v_p : compõem os efeitos genotípicos para a produtividade na presença de mato-competição;

v_m : compõem os efeitos genotípicos para a produtividade na ausência de mato-competição.

Os efeitos aleatórios e residuais foram considerados pelos autores como independentes entre si, seguindo distribuição normal com média zero e estrutura de variância que permitiram obter a correlação genética entre as duas características, dada por (Equação 2):

$$Var \begin{pmatrix} v_p \\ v_m \end{pmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_p^2 & \sigma_{pm} \\ \sigma_{pm} & \sigma_m^2 \end{bmatrix} \otimes I \quad (2)$$

Para acomodar a natureza multi-ambiental dos dados, os autores utilizaram uma adaptação da abordagem proposta por Smith, Cullis e Thompson (2001) estendida para o aspecto bivariado. Desta forma, o modelo final utilizou uma estrutura de variâncias que permitiu obter uma correlação genética comum entre os experimentos com e sem ervas-daninhas e diferentes correlações genéticas entre cada par de experimentos (mas estas não mudam entre os dois manejos da mato-competição).

Assim, as estimativas do índice ICT para cada genótipo foram obtidas através da equação (Equação 3):

$$ICT = u_p - bu_m \quad (3)$$

Em que:

u_p : são os BLUPs de v_p ;

u_m : são os BLUPs de v_m ;

b : é a estimativa do coeficiente angular da regressão, que é dada por (Equação 4):

$$b = \frac{\sigma_{pm}}{\sigma_m^2} \quad (4)$$

Em que:

σ_{pm} : é a covariância genética entre os valores genotípicos preditos na presença e na ausência de mato-competição, estimada por REML;

σ_m^2 : é a variância genética dos efeitos genotípicos preditos na ausência da mato-competição, estimada por REML.

Segundo os autores, valores positivos e altos de ICT indicaram um grande desvio positivo da linha de regressão, ou seja, na presença da mato-competição, esses genótipos apresentaram um bom rendimento em relação aos outros com a mesma capacidade básica de produção (rendimento na ausência da mato-competição). O cálculo desse índice ICT pode ser extrapolado para questões de tolerância a doenças de plantas e permitir que dados coletados em diferentes manejos com fungicidas sejam melhor explorados para seleção de genótipos de soja tolerantes à ferrugem com o auxílio do método REML/BLUP em uma abordagem de modelos mistos.

2.4. Interações dos genótipos com os ambientes

O cultivo da soja em quase todo território brasileiro direciona os programas de melhoramento a obter cultivares eficientes e produtivas em diversos tipos de ambientes (MAIA et al., 2006) que, de acordo com Vencovsky e Barriga (1992), podem compreender diferentes localidades, tipos de clima, tipos de solo, épocas de plantio, tipos de adubação, entre outros. Nesse cenário, afloram-se os efeitos da interação dos genótipos com os ambientes, naturalmente entendida como o comportamento diferencial dos genótipos frente a variações ambientais, ao ponto que a avaliação do desempenho de genótipos em um só ambiente pode inflacionar as estimativas da variância genética e dos ganhos esperados com a seleção. Dessa maneira, para fins de melhoramento genético, é altamente indicado avaliar os genótipos em experimentos multi-ambientes (MET) visando minimizar o efeito da variabilidade ambiental na instabilidade

de caracteres relacionados à produtividade, além de permitir a exploração de interações positivas no âmbito de recomendações mais adequadas e rendimentos mais elevados (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Yan et al. (2010) estudaram os efeitos da interação genótipos x ambientes (GE) em diversas características agronômicas, avaliando 68 genótipos de soja convencionais e transgênicos pré-selecionados em experimentos na Universidade de Wisconsin. Para isso, os genótipos foram cultivados em quatro locais seguindo os respectivos manejos com herbicidas, convencional para soja convencional e manejo com glifosato para soja transgênica, entre os anos de 2003 e 2004. Os caracteres analisados foram produtividade de grãos, teor de proteína, teor de óleo e de seus componentes, ácidos graxos, ácido palmítico, ácido esteárico, ácido oleico, ácido linoleico e ácido linolênico. Os autores verificaram que a interação GE influenciou todas as características agronômicas analisadas, em diferentes proporções, sendo a produtividade de grãos e o teor de ácidos graxos insaturados, especialmente o teor de ácido linolênico, os mais afetados pelos efeitos da interação GE.

Quando presente, a interação GE deve ser apropriadamente mensurada para que possa ser atenuada e devidamente explorada. A caracterização de cultivares com boa estabilidade fenotípica e ampla adaptação aos mais diversos tipos de ambientes são alternativas para se minimizar e melhor explorar os efeitos da interação GE na tentativa de se obter maior segurança no processo de indicação de cultivares (MELO et. al, 2007). Outro ponto desejável ao se avaliar a interação GE é a obtenção de informações a respeito dos ambientes testados, visando complementar as informações para a seleção de genótipos superiores. Yokomizo et al. (2013), estudando 28 linhagens (F6 e F7) experimentais de soja em 12 ambientes, formados pelas combinações de anos agrícolas, locais e manejos com diferentes fungicidas, através da metodologia AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) capturou 57% da variação associada ao padrão da interação GE e verificou que esse padrão foi fortemente influenciado pelo efeito de ambientes, verificando que o primeiro componente da interação GE se associou ao efeito de anos agrícolas, apresentando caráter imprevisível, e o segundo componente se associou ao manejo diferenciado de fungicidas entre os ambientes de cultivo. Os autores também conseguiram destacar as linhagens convencionais USP 02-16.045 e USP 10-10 como os genótipos que apresentaram ampla adaptabilidade produtiva.

2.4.1. Adaptabilidade e Estabilidade

Embora sejam fatores relacionados (CRUZ; CARNEIRO, 2003), a adaptabilidade pode ser caracterizada como a habilidade dos genótipos em aproveitar os estímulos ambientais obtendo vantagens, o que é muito interessante para um aumento da produtividade agrícola, enquanto que a estabilidade é a capacidade dos genótipos em apresentarem comportamento constante e previsível mesmo em diferentes condições ambientais (MARIOTTI et al., 1976, citados por VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

A adaptabilidade de genótipos pode ser classificada no sentido amplo, quando são caracterizados genótipos com um bom desempenho em todos ou na maioria dos ambientes cultivados, ou adaptabilidade no sentido específico, quando são caracterizados genótipos com um bom desempenho em poucos ou apenas um ambiente bem definido de cultivo (ANNICCHIARICO, 2002). Já a estabilidade de genótipos pode ser dividida em estática (ou biológica) e dinâmica (ou agrônômica) (BECKER; LÉON, 1988). Estabilidade estática ocorre quando, mesmo havendo pequenas variações do ambiente, o genótipo exibe performance constante e não apresenta desvios em relação a seu desempenho (sua variação entre os ambientes é zero); é quantificada pela variância ambiental que mede todos os desvios em relação à média geral de cada genótipo; segundo Squilassi (2003), a estabilidade estática resume uma baixa resposta dos genótipos aos estímulos para maior produtividade (como por exemplo a adubação); de acordo com Borém e Miranda (2013), a estabilidade estática é importante em características como resistência a doenças, indeiscência de vagens e resistência ao acamamento. Já na estabilidade dinâmica, o genótipo responde às variações do ambiente de forma previsível (BORÉM; MIRANDA, 2013), ou seja, em cada ambiente o desempenho do genótipo com estabilidade dinâmica está sempre paralelo ao nível estimado pela resposta média dos genótipos testados (BECKER; LÉON, 1988). Dessa forma, a medida de estabilidade dinâmica depende do conjunto específico de genótipos testados, diferentemente da medida da estabilidade estática.

2.4.2. Métodos de estudo de adaptabilidade e estabilidade

Um dos métodos mais utilizados para estudar a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos de soja, considerando diversas características inclusive produtividade de grãos, é o método de Eberhart e Russell (1966) que utiliza como base procedimentos de regressão linear. Resumidamente, o método inicia-se com o cálculo de um índice ambiental (I_j) por meio da diferença entre a média de um ambiente particular (média de todos os genótipos no ambiente

em questão) e a média geral de todos os experimentos (média geral de todos os genótipos em todos os ambientes estudados). O “ I_j ” calculado e o valor observado de cada genótipo em um determinado ambiente (Y_{ij}) são dispostos em um sistema de coordenadas no plano cartesiano, sendo o “ Y_{ij} ” disposto no eixo das ordenadas (eixo y) e “ I_j ” no eixo das abscissas (eixo x), no qual é estimado uma regressão linear ($y = a + b_i \cdot x$) para cada genótipo testado. Nesse método, o coeficiente angular (b_i) estima a adaptabilidade do genótipo, que é interpretada da seguinte forma: $b_i < 1$, o genótipo responde pouco à melhoria do ambiente, sendo mais adaptado a ambientes desfavoráveis; $b_i = 1$, o genótipo responde de forma mediana à melhoria do ambiente; $b_i > 1$, o genótipo responde de forma acentuada à melhoria do ambiente, sendo mais indicado para ambientes superiores. Já a estabilidade é estimada pelo somatório das variâncias dos desvios ($s^2 d_i$) da regressão, sendo o genótipo mais estável o que apresentar menor valor de “ $s^2 d_i$ ”. A interpretação do coeficiente linear (b_i) depende da não significância dos valores de desvios da regressão ($s^2 d_i$); caso esses sejam significativos, não faz sentido a interpretação da reta de regressão (o modelo linear não se ajustaria aos dados); nestas situações, o uso do coeficiente de determinação (R_i^2) seria uma medida auxiliar na comparação entre os genótipos.

Segundo Hongyu et al. (2015), outros métodos mais recentes que têm se destacado nos estudos de interações de genótipos com ambientes são o modelo AMMI (ZOBEL et al., 1988; GAUCH, 1992) e o modelo GGE-biplot (YAN et al., 2000). Ambos os métodos estão sendo bastante utilizados na cultura da soja para estudos de diversos caracteres, inclusive produtividade de grãos (ZHANG et al. 2006; MAIA et al. 2006; MARTINS; JULIATTI, 2012; YOKOMIZO et al. 2013).

A metodologia AMMI é um procedimento estatístico que permite entender a estrutura de interações entre os genótipos e os ambientes de cultivo (HONGYU et al., 2015). A análise modela os efeitos principais (efeitos dos genótipos e dos ambientes) e a interação entre eles (GE) de forma separada (DUARTE; VENCOVSKY, 1999; HONGYU et al., 2015). Na primeira etapa é realizada uma análise de variância comum (técnica univariada) aplicada à matriz de médias para ajustar os efeitos principais, resultando em um resíduo de não aditividade (própria interação GE); em uma segunda etapa é realizada a análise de componentes principais (ACP, técnica multivariada) aplicada à matriz de interações, que para esse tipo de abordagem e aplicação pode ser realizada utilizando-se a técnica de decomposição de valores singulares (DVS) (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Os resultados desse método são apresentados na forma de análises de variância e gráficos biplots (GABRIEL, 1971) de simples interpretação.

Um ponto importante na aplicação da análise AMMI é que o modelo deve descrever o padrão da interação GE através de um número reduzido de eixos (ou termos) de interação da

ACP (componentes principais ou eixos singulares), ou seja, o modelo deve ter uma boa capacidade de descrever a variabilidade devida à interação GE original e, ao mesmo tempo, descartar um resíduo adicional, através da utilização de poucos graus de liberdade (DUARTE; VENCOVSKY, 1999; HONGYU et al., 2015). Isso gera uma família de modelos AMMI que tem sua denotação em função da quantidade de termos retidos no modelo (AMMI0, AMMI1, ... AMMIF), sendo AMMI0 um modelo aditivo sem interação, ou seja, nenhum eixo é ajustado, AMMI1 é um modelo no qual apenas o primeiro eixo da interação é ajustado, AMMI2 possui dois eixos da interação ajustados e, assim, em sequência até chegar em AMMIF que seria o ajuste do modelo completo (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). A escolha da quantidade de eixos retidos pode ser definida por simulação (CORNELIUS; CROSSA, 1999), pela porcentagem acumulada do padrão associado à interação GE (soma de quadrados da interação acumulada) desde o primeiro até o último termo (GAUCH; ZOBEL, 1988) ou por meio de testes F (GOLLOB, 1968; CORNELIUS, 1993) que são os mais utilizados.

Já a metodologia GGE-biplot é um procedimento estatístico que elimina o efeito principal do ambiente e agrupa os efeitos principais dos genótipos com os efeitos multiplicativos das interações GE, submetendo, ao mesmo tempo, esses efeitos à análise de componentes principais (YAN et al., 2000), resultando também em gráficos biplot que representam uma matriz de dados e facilitam a interpretação, como na metodologia AMMI. A principal diferença entre as metodologias AMMI e GGE-biplot é que no método GGE o efeito principal dos genótipos (G) e a interação (GE) são analisados diretamente (G + GE) pelo modelo, o que torna a análise mais informativa (YAN, 2011). Já na metodologia AMMI há uma separação na etapa inicial da análise dos efeitos G e GE (YAN, 2011; HONGYU et al. 2015).

Embora o modelo GGE seja criticado por alguns autores (GAUCH et al., 2008), há uma série de vantagens da técnica que permite a visualização conjunta dos efeitos G + GE nos gráficos biplot e geralmente explica uma boa proporção desses efeitos, resultando em gráficos com boa acurácia (YAN et al., 2007; BALESTRE et al., 2009; BALESTRE et al., 2010). De acordo com Yan et al. (2007) e Silva e Benin (2012), o modelo GGE-biplot explora com bastante eficácia a interação GE, principalmente no caso em que essa interação se mostra bastante complexa, com grande número de genótipos testados em diversas condições ambientais, sendo mais adequado para identificar mega-ambientes (formados quando um conjunto de ambientes apresenta uma variação menor dentro desse conjunto em comparação a uma maior variação entre conjuntos) (YAN; KANG, 2002) e para indicar genótipos com maior adaptabilidade e estabilidade a ambientes específicos. Ainda, Yan (2011) aponta que apesar das duas análises (AMMI e GGE) serem bastante eficientes na análise de dados coletados em experimentos multi-

ambientes (MET), a metodologia GGE se mostra mais eficiente pois capta uma maior variação de G+GE em seus biplots em comparação ao gráfico AMMI1. O autor também aponta que a metodologia GGE é bastante efetiva no estudo de ambientes, pois contém biplots específicos para essa finalidade, diferentemente da metodologia AMMI.

2.4.3. Linhas gerais da metodologia GGE-biplot

Simplificadamente, o valor fenotípico observado de um determinado genótipo coletado em experimentos multi-ambientes pode ser representado através de um modelo aditivo envolvendo o valor do efeito principal do genótipo (G), o efeito principal dos ambientes (E) e o valor da interação genótipos x ambientes (GE). Na maioria dos casos, observa-se que o efeito principal de E é muito maior que os efeitos de G e da GE, e isso atrapalha a análise dos dados multi-ambientais, visto que o efeito de E gera muitos resíduos não relevantes para a avaliação do desempenho de cultivares em diferentes ambientes de cultivo (YAN; KANG, 2002). O modelo GGE permite que a análise dos dados seja direcionada apenas na parte mais útil (retira o efeito de E) dos dados para os melhoristas, analisando conjuntamente os efeitos de G e GE e particionando essa mistura em dois termos multiplicativos ao invés de separá-los na análise.

O resultado da análise GGE são gráficos biplots de simples interpretação. O gráfico biplot é representado em duas dimensões formadas, na maioria dos casos, pelos dois primeiros componentes (CP1 e CP2) oriundos de uma análise de componentes principais (ACP) com o uso de modelos de regressões locais (YAN, 2011; HONGYU et al., 2015), em que o CP1 está relacionado com o efeito principal do genótipo e o CP2 representa o efeito da interação GE (YAN, 2011). Ou seja, para formar o gráfico final são plotados todos os valores de *scores* de CP de cada genótipo e de cada interação GE em um único diagrama de dispersão que permite graficamente compreender padrões mais complexos oriundos de dados multivariados gerados por uma tabela de dupla entrada, com os genótipos nas linhas e os ambientes nas colunas.

Normalmente, a maioria das análises GGE utilizam os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2) para representar uma tabela de dupla entrada em um gráfico biplot. Mas, geralmente a porcentagem somada dos dois primeiros componentes (CP1 + CP2) não explica 100% da variação existente na tabela de dupla entrada. Então é necessário verificar se o biplot formado por CP1 e CP2 exhibe adequadamente o padrão da tabela e pode ser usado para interpretações, ou se serão necessários considerar mais CP. Em estudos envolvendo produtividade de soja, o número de CP utilizados para representação gráfica de biplots pela metodologia

AMMI tem sido aquele que acumula um mínimo de 53% de proporção significativa da variância total existente na tabela de dupla entrada (MAIA et al., 2006; YOLOMIZO et al., 2013).

Para auxiliar na identificação de quantos e quais CP serão utilizados para formar o biplot, Yan e Tinker (2006) propuseram o uso da estimativa “*information ratio*” (IR), que é calculada para cada componente (PC1, PC2, PC3, ...) dividindo-se a proporção da variação total que é explicada pelo componente em questão por um fator “ $1/k$ ”. Para uma tabela de dupla entrada com “g” genótipos e “e” ambientes, o fator “k” é definido como sendo o valor mínimo global entre “g-1” e “e” [$k = \min(e, g-1)$] e representa o número máximo de componentes principais que é requerido para representar totalmente (100%) a tabela de dupla entrada. Um CP com valor de $IR \geq 1$ tem evidências de conter informações importantes e padrões de associação dos dados, enquanto que componentes com $IR < 1$ carregam pouca informação ou muitas vezes não possuem informações e nem padrões de associação, apenas ruídos. Ou seja, quanto maior o valor de IR, maior a quantidade de informação que será obtida com esse CP. Com um exemplo, um conjunto de dados coletados no inverno de 1993 em Ontario (Canadá) contendo 18 genótipos de trigo testados em 9 ambientes (YAN; RAJCAN, 2002), os autores mostram que os três primeiros CP explicaram 59% ($IR=5,31$), 19% ($IR=1,71$) e 10% ($IR=0,90$) da variação G + GE, respectivamente, e que as informações da matriz G + GE contidas nos dados estavam bem representadas por um biplot 2D (contendo CP1 e CP2), mas seriam melhores ajustadas por um biplot 3D (contendo CP1, CP2 e CP3).

2.4.3.1. Modelo GGE-Biplot em uma abordagem de modelos mistos

Na maioria dos casos, ao aplicar técnicas de análise multivariadas (como AMMI ou GGE-biplot) para explicar a interação genótipos x ambientes, é bastante comum os melhoristas utilizarem as médias ajustadas dos valores fenotípicos observados. Porém, de acordo com Bailestre et al. (2009), em análises de adaptabilidade e estabilidade via o método GGE-biplot, o uso da matriz conjunta de efeitos de genótipos (G) e da interação genótipos x ambientes (GE), denominada de matriz G+GE, formada por valores genotípicos de cada genótipo em cada ambiente tem maior eficiência e poder preditivo que a utilização de médias fenotípicas. Ou seja, considerar os efeitos G e GE como aleatórios em um contexto de modelos mistos e obter as predições BLUP desses efeitos bem como os seus valores genotípicos relacionados para cada genótipo em cada ambiente, apresenta maior acurácia do que considerar esses efeitos como fixos e trabalhar com médias, isso porque as predições BLUP são ajustadas para o valor da

herdabilidade do caráter. Entretanto, segundo os mesmos autores, esse tipo de abordagem que permite agrupar a estrutura de modelos mistos (considerando G e GE como efeitos aleatórios) e análises multivariadas (como o caso do modelo GGE-biplot) para a explicação da complexidade da interação genótipos x ambientes ainda é difícil de ser encontrada nos trabalhos científicos, principalmente nos estudos que envolvem doenças de plantas.

Pereira et al (2015) realizaram a análise GGE-biplot para verificar a potencialidade de seleção indireta para a resistência a podridão de espiga em milho, causada por *Fusarium verticillioides* e *Diplodia maydis*, e algumas doenças foliares (mancha branca da folha, mancha cinzenta da folha e helmintosporiose), através da observação de produtividade (rendimento) de espigas descascadas. Para isso, utilizaram um conjunto de dados de produtividade de 238 linhagens de milho e quatro testemunhas coletados em experimentos multi-ambientes e predizeram as estimativas de G e GE utilizando REML/BLUP em uma abordagem de modelos mistos. Obtiveram a matriz G+GE (formada por valores de BLUP de G e GE) da análise conjunta dos múltiplos ambientes e submeteram essa matriz à análise de biplots pelo modelo GGE, o que permitiu elucidar as relações entre produtividade, sintomas de doenças foliares e sintomas de doenças de espigas. Com isso, os autores concluíram que a produtividade da espiga descascada está mais associada à podridão de espiga do que com as doenças foliares avaliadas, justificando a seleção indireta para resistência à podridão de espiga através de experimentos de avaliação da produtividade.

Balestre et al. (2010) estudando genótipos de arroz compararam a utilização da matriz G+GE formada a partir de predições (BLUP) e médias fenotípicas ajustadas de 14 linhagens experimentais de arroz e seis testemunhas. Os autores utilizaram no estudo da adaptabilidade e estabilidade o modelo GGE-biplot considerando duas situações, uma delas envolvendo apenas os valores fenotípicos observados (médias ajustadas) de cada genótipo em cada ambiente (modelo considerando G e GE como efeitos fixos) e outra situação utilizando os valores genotípicos preditos de cada genótipo em cada ambiente (com auxílio de modelos mistos e considerando os efeitos de G e GE como aleatórios). Os autores concluíram que em todos os parâmetros utilizados na comparação dos modelos fixo e misto, o uso de médias fenotípicas apresentou um menor potencial preditivo, principalmente sob condição de desbalanceamento simulado, ao ser comparado com o uso de valores genotípicos preditos.

2.4.4. Outras medidas de adaptabilidade e estabilidade no contexto de modelos mistos

Na análise da interação genótipos x ambientes (GE), como já citado anteriormente, diversos procedimentos podem ser utilizados, mas muitos deles apresentam limitações ao lidar com dados desbalanceados, delineamentos não ortogonais ou com a heterogeneidade de variâncias entre os diferentes ambientes de experimentação (RESENDE, 2007). Outro aspecto importante a ser considerado na escolha do procedimento ideal a ser utilizado é que alguns possuem propriedades estatísticas superiores a outros e/ou apresentam interpretações mais simples e diretas para a seleção de materiais promissores, o que é muito indicado no melhoramento genético de plantas. Nesse contexto, o método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) é altamente indicado pois, além de considerar o efeito de genótipos como aleatórios em uma abordagem de modelos mistos, permite também lidar com situações de desbalanceamento de dados, heterogeneidade de variâncias, fornece valores genéticos já penalizados pela instabilidade dos ambientes, elimina ruídos da interação GE ao considerar a herdabilidade desses efeitos, além de permitir a seleção simultânea para produtividade, adaptabilidade ampla e estabilidade de uma maneira simples e direta com ordenamento dos genótipos (RESENDE, 2007).

O método MHPRVG é bastante similar aos métodos de Lin e Binns (1988) e Annicchiarico (1992), mas não depende de suposições e cálculos de estimativas extras e ainda o resultado final é interpretado diretamente como os valores genéticos dos genótipos ajustados simultaneamente para a produtividade, adaptabilidade e estabilidade. Outra vantagem do método MHPRVG é que pode ser aplicado utilizando-se modelos multivariados ou univariados, com estrutura $g + ge$ e correção para heterogeneidade de variâncias (Resende, 2007).

Outras estimativas que podem ser consideradas nesse contexto de modelos mistos são, visando a seleção simultânea para produtividade e estabilidade, a média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) e, para a avaliação conjunta de produtividade e adaptabilidade genotípica, o valor da performance relativa dos valores genotípicos em relação à média de cada local (PRVG). A medida MHVG considera uma média dos valores genotípicos preditos para cada caráter em cada ambiente, penalizada pelas variações decorrentes da instabilidade entre esses ambientes, o que resulta em uma “nova média” da performance ajustada por essa penalização, facilitando a seleção simultânea por produtividade e estabilidade (RESENDE, 2007). Já na PRVG os valores genotípicos são expressos em proporção da média geral de cada local e, posteriormente, é obtida a média dessa proporção através dos locais, resultando em uma medida

que é bastante semelhante à performance relativa dos dados fenotípicos utilizada como base no método de Annicchiarico (1992).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material Genético

Como material genético desta pesquisa, foram utilizadas 50 linhagens experimentais transgênicas tolerantes a herbicidas (RR) e 50 linhagens experimentais convencionais avaliadas em gerações avançadas de endogamia, a saber, nas gerações $F_{6:8}$ (ano agrícola 2013/14), $F_{6:9}$ (ano agrícola 2014/15) e $F_{6:10}$ (ano agrícola 2015/16). Também foram utilizadas duas cultivares comerciais de soja RR como testemunhas comuns aos experimentos, a saber, M-SOY 7908 RR (representada pelo código T09) e TMG 4001 RR (representada pelo código T12). Todos esses genótipos foram cultivados em 12 ambientes e um total de 24 experimentos foram avaliados (itens 3.2 e 3.3).

As linhagens experimentais, representadas nesse trabalho pelos códigos de 1 a 50 (linhagens RR) e 51 a 100 (linhagens convencionais), foram oriundas de dois dialelos parciais 5x2, sem recíprocos, que envolveram cinco genitores convencionais de alta produtividade de grãos e óleo (USP-70.108, USP-70.010, USP-70.113, USP-70.007 e USP-70.042), desenvolvidos pelo programa de seleção recorrente de número 22 do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas (SGAEA), Departamento de Genética, ESALQ/USP, em cruzamentos com: (1) duas cultivares elites convencionais (BRS 133 e Conquista) da EMBRAPA (2016); (2) suas versões essencialmente derivadas transgênicas (BRS 245 RR e BRS Valiosa RR). As genealogias completas das linhagens estão apresentadas na Tabela 1. Houve etapas de seleção (seleção de progênies e seleção de plantas individuais) anteriormente à obtenção dessas linhagens. As gerações iniciais destes dois dialelos foram pesquisadas por Amorim (2011) e Nazato (2014).

Nenhum dos genitores possui genes principais identificados para resistência à ferrugem asiática da soja. As cultivares essencialmente derivadas BRS 245 RR e BRS Valiosa RR envolvem, respectivamente, os cruzamentos BRS 133 x E96-246 e Conquista x E96-246 seguidos de cinco gerações de retrocruzamentos para BRS 133 e Conquista, acumulando em média 98,44% das informações genéticas de seu ascendente convencional mais o transgene *CP4 EPSPS* (RR) para resistência ao glifosato doado pelo genitor E96-246.

3.2. Descrição dos ambientes de cultivo

Foram considerados 12 ambientes de cultivo (Tabela 2), formados pelas combinações de três anos agrícolas (2013/14, 2014/15 e 2015/16), três locais (ESALQ-sede, E.E. Areão e

E.E. Anhumas) e dois sistemas de manejos com diferentes fungicidas simulando a ausência (OP) ou a presença da ferrugem (D).

3.2.1. Locais

As três estações experimentais utilizadas como locais de cultivo são administradas pelo Departamento de Genética da ESALQ/USP. A estação denominada ESALQ-sede (22°42'15,779''S, 47°38'24,097'' W) é caracterizada por apresentar relevo muito ondulado, amenizado artificialmente com o uso de curvas de nível, solo do tipo Nitossolo Vermelho eutrófico (terra roxa estruturada) e está localizada dentro do Departamento de Genética. A Estação Experimental Areão (E.E. Areão, 22°41'51,814''S, 47°38'50,521''W) é caracterizada por relevo ondulado, solo do tipo Argissolo Vermelho-Amarelo distrófico, de textura médio-argilosa e dista aproximadamente 5 km da estação ESALQ-sede. E a Estação Experimental Anhumas (E.E. Anhumas, 22°50'1,025''S, 48°01'42,449''W) está localizada cerca de 60 km da ESALQ-sede, apresenta solo do tipo Latossolo Amarelo Distrófico, contendo 72% de areia, 20% de argila e 8% de silte e um pH médio de 6,4 pós-correção com calcário dolomítico; trata-se de um local semelhante aos encontrados nos cerrados do Brasil Central.

As três estações experimentais estão localizadas na cidade de Piracicaba (546m de altitude média) e a E.E. Anhumas faz limite com o município de Anhembi, SP. O clima na classificação de Köppen é Cwa, ou seja, subtropical quente, com inverno seco, temperatura do mês mais frio menor que 18°C e do mês mais quente maior que 22°C, com média total anual de chuvas de 1.278 mm e um total de chuvas do mês mais seco menor que 30 mm (ROLIM et al., 2007).

3.2.2. Condições de ausência e de presença da ferrugem

Foram realizados dois tipos de tratamentos distintos de doenças com o auxílio de fungicidas. Para simular a situação de ausência da ferrugem, foi realizado o manejo denominado de OP (com controle da ferrugem) em metade dos experimentos, com uma aplicação dos fungicidas Piraclostrobina (79,8 g i.a./ha) e Epoxiconazol (30g i.a./ha) entre os estádios R1 e R2 (FEHR; CAVINESS, 1977) e uma segunda aplicação com os fungicidas Azoxistrobina (60 g i.a./ha) e Ciproconazol (24 g i.a./ha) entre os estádios R5 e R6, visando-se o controle de doenças de fim de ciclo (DFC), incluindo-se a ferrugem asiática.

Em contrapartida, para simular a presença da ferrugem, foi realizado o manejo denominado de D (sem controle da ferrugem), em que a outra metade dos experimentos receberam uma aplicação do fungicida Carbendazim (250 g i.a./ha) entre os estádios R5 e R6, visando-se o controle de DFC com exceção da ferrugem.

Todas as aplicações de fungicidas foram feitas com as dosagens e os procedimentos de aplicações adotadas em áreas de cultivo de soja comercial.

3.3. Descrição dos experimentos

Todas as 100 linhagens experimentais e as duas testemunhas RR foram avaliadas nos 12 ambientes, mas os experimentos que envolveram as linhagens RR e os experimentos que envolveram as linhagens convencionais foram avaliados separadamente, por decorrência dos diferentes sistemas de manejos químicos adotados para controle da matocompetição. Isso acarretou que em cada ambiente fossem avaliados simultaneamente dois experimentos vizinhos, um envolvendo as 50 linhagens RR e as duas testemunhas e outro envolvendo as 50 linhagens convencionais e as mesmas duas testemunhas, totalizando 24 experimentos (dois experimentos por ambiente) (Tabela 3).

Os experimentos envolvendo os genótipos RR foram manejados com apenas uma aplicação do herbicida Glifosato (Sal de Isopropilamina de Glifosato; dose de 480 g i.a./ha) 25 dias após a emergência das plântulas para controle da matocompetição. Já os experimentos envolvendo os genótipos convencionais foram manejados com aplicações em pré-emergência dos herbicidas Imazaquin (161 g i.a./ha) e Flumetsulam (120g i.a./ha), e em pós-emergência dos herbicidas Cletodim (120 g i.a./ha) e Clorimurom-etílico (40g i.a./ha).

Todas as aplicações de herbicidas foram feitas com as dosagens e os procedimentos de aplicações adotadas em áreas de cultivo de soja comercial. Todos os experimentos que envolveram materiais transgênicos foram feitos de acordo com as normas para pesquisa de organismos geneticamente modificados (OGM's), apesar do transgene em questão (soja RR, gene CP4 EPSPS) envolver um evento que já está em domínio público. Os termos tecnologia RR e tecnologia convencional foram amplamente utilizados nesse trabalho e referem-se, respectivamente, às combinações: genótipos RR e manejo com glifosato (tecnologia RR) e genótipos convencionais e manejo com herbicidas convencionais (tecnologia convencional).

3.4. Delineamento e parcela experimental

Para todos os 24 experimentos utilizou-se um delineamento experimental de blocos ao acaso com duas repetições estratificadas em dois conjuntos, com duas testemunhas em comum (M-SOY 7908 RR e TMG 4001 RR) nos conjuntos (Figura 1) e foi considerada uma parcela experimental formada por uma fileira de 3m (2m semeados + 1m de caminho) x 0,5m de espaçamento, ou seja, apresentando uma área útil de 1,5m².

3.5. Caracteres avaliados

3.5.1. Produtividade de grãos (PG)

O caráter produtividade de grãos (PG) compreendeu o peso em gramas de todos os grãos colhidos na parcela experimental, após pré-secagem à sombra em salas ventiladas, até os grãos alcançarem 13% de umidade interna. Primeiramente, o PG foi medido em g.parcela⁻¹ e, posteriormente, foi transformado em kg.ha⁻¹ considerando a área útil da parcela colhida de 1,5m².

3.5.2. Peso de cem sementes (PCS)

O peso de cem sementes (PCS) correspondeu ao peso em gramas de 100 sementes maduras e sadias, com 13% de umidade interna, amostradas do saco contendo todos os grãos colhidos da parcela. O PCS é uma maneira relativamente simples de se estimar o tamanho das sementes; admitindo-se que a densidade das sementes é semelhante entre os genótipos, quanto maior o valor do PCS, maior o tamanho das sementes.

3.5.3. Número de dias para a maturidade (NDM)

O número de dias para a maturidade (NDM) compreendeu o período em dias entre a semeadura e a data em que a parcela atingiu o estágio R₈ (FEHR; CAVINESS, 1977), com 95% das vagens da parcela apresentando coloração típica de cultivar madura. Correspondeu a uma estimativa do ciclo médio de cada genótipo.

3.5.4. Severidade da ferrugem (SEV)

A avaliação da severidade da doença (SEV) foi realizada para todos os genótipos apenas nos ambientes com presença da ferrugem (manejo D, ambientes E2, E4, E6, E8, E10 e E12), através de notas visuais variando de 1 (maioria das folhas do terço médio da planta com até 0,6% de área infectada) a 6 (folhas com até 78,5% de área infectada), baseando-se na escala diagramática proposta por Godoy, Koga e Canteri (2006). Foram realizadas três avaliações em intervalos de sete dias entre elas, correspondentes aproximadamente aos estádios fenológicos R5 (SEV1), R5.3, (SEV2) e R6 (SEV3). Cada avaliação foi realizada no mesmo dia para todos os genótipos, para que não houvesse interferência do progresso da doença dentro de uma mesma avaliação. Durante a coleta dos dados no campo, foram utilizadas as notas de 1 a 6 para facilitar a anotação. Posteriormente, para as análises estatísticas dos dados, as notas foram transformadas em seus respectivos valores de porcentagens de área foliar afetada com a doença. Com os valores de SEV1, SEV2, SEV3 e o intervalo de dias entre as avaliações (7 dias), foi calculada a área abaixo da curva de progresso da doença (AUC, *Area Under the Disease Progress Curve*, item 3.6.7.3).

3.6. Análises estatístico-genéticas

Todos os dados experimentais referentes à produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS), número de dias para a maturidade (NDM) e severidade da doença (SEV, que posteriormente foi transformado em área abaixo da curva de progresso da doença, AUC) das linhagens e testemunhas, coletados em campo experimental, foram armazenados e organizados em planilhas do programa LibreOffice Calc 2018, em formato “.csv”. Em seguida, as análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se o programa computacional R versão 3.4.2 (R CORE TEAM, 2017).

3.6.1. Modelo estatístico

Visando a estimação de parâmetros genéticos e a obtenção das predições dos valores genéticos dos genótipos para os caracteres PG, PCS, NDM e AUC (item 3.6.6.3), os dados coletados foram submetidos a análises de modelos mistos via Máxima Verossimilhança Res-

trita/ Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP, do inglês *Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction*) com o auxílio da função “lmer” implementada no pacote “lme4” (BATES et al. 2015).

Primeiramente, para verificar a significância do efeito de conjuntos no delineamento experimental, foram realizadas análises individuais por ambientes apenas com as testemunhas de acordo com o seguinte modelo linear (Equação 5):

$$y_{ij} = \mu + t_i + c_j + tc_{(ij)} + b_k + \varepsilon_{ij} \quad (5)$$

Em que:

y_{ij} : é a resposta fenotípica da testemunha i no conjunto j;

μ : é efeito da média geral do experimento (fixo);

t_i : é o efeito da testemunha i (fixo);

c_j : é o efeito do conjunto j (fixo);

$tc_{(ij)}$: é o efeito da interação entre a testemunha i e o conjunto j (fixo);

b_k : é efeito do bloco k (fixo);

ε_{ij} : é o efeito do erro experimental (aleatório).

De acordo com Pimentel-Gomes (2009), a significância das fontes de variação “conjuntos” e/ou da interação “testemunhas x conjuntos” indicaria a necessidade de ajustamento, através de um índice ambiental, para minimizar diferenças ambientais dentro de cada bloco. Caso estas fontes não sejam significativas, a estrutura de conjuntos pode ser esquecida, não sendo necessário realizar nenhum ajuste dos dados, de maneira que as análises individuais para cada ambiente sejam baseadas em um modelo linear univariado (RESENDE, 2007) (Equação 6):

$$y_{ijk} = \mu + b_k + g_i + \varepsilon_{(ik)} \quad (6)$$

Em que:

y_{ik} : resposta fenotípica do genótipo i no bloco k;

μ : efeito da média geral do experimento (fixo);

b_k : efeito do bloco k (fixo);

g_i : efeito genético do genótipo i (aleatório);
 $\varepsilon_{(ik)}$: efeito do erro experimental (aleatório).

Posteriormente às análises individuais, visando verificar os efeitos da interação genótipos x ambientes (GE), foram realizadas as análises conjuntas de todos os ambientes considerando o seguinte modelo linear univariado (SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2001; RESENDE, 2007) (Equação 7):

$$y_{ijk} = \mu + b/l_{k(j)} + g_i + l_j + gl_{ij} + \varepsilon_{(ijk)} \quad (7)$$

Em que:

y_{ijk} : resposta fenotípica do genótipo i , no ambiente j , no bloco k ;
 μ : efeito da média geral do experimento (fixo);
 $b/l_{k(j)}$: efeito do bloco k dentro do ambiente j (fixo);
 g_i : efeito genético do genótipo i (aleatório);
 l_j : efeito do ambiente j (fixo);
 gl_{ij} : efeito da interação do genótipo i no ambiente j (aleatório);
 $\varepsilon_{(ijk)}$: efeito do erro experimental (aleatório).

Não foi assumida nenhuma estrutura de variâncias-covariâncias (VCOV) entre os efeitos, tanto nas análises individuais quanto nas conjuntas. Os efeitos de genótipos (g), da interação genótipos x ambientes (gl) e do erro experimental (ε), tidos como aleatórios nos modelos, foram considerados independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ_g^2 , σ_{gl}^2 e σ_ε^2 , respectivamente. Os efeitos fixos dos modelos foram estimados pelo melhor estimador linear não viesado (*Best Linear Unbiased Estimator*) e os efeitos aleatórios foram preditos pelo BLUP. Os valores de BLUE e BLUP foram extraídos dos modelos com auxílio, respectivamente, das funções “fixef” e “ranef” implementadas no pacote “lme4”. As análises conjuntas do caráter AUC consideraram apenas os ambientes com presença da ferrugem (E2, E4, E6, E8, E10 e E12).

3.6.2. Análises exploratórias dos dados e dos resíduos

Como não foi assumida nenhuma estrutura de VCOV, os modelos mistos utilizados para as análises individuais e conjuntas foram considerados simplistas, ou seja, assumiram a estrutura de independência para modelar os efeitos. Assim, foi assumido que os resíduos e as variáveis aleatórias desses modelos apresentassem distribuição normal, média zero e independência de observações (BERNARDO, 2010; PASTINA, 2010). Essas suposições são semelhantes às empregadas para modelos fixos, com a diferença que em uma situação de elevado desbalanceamento, a análise via modelo fixo talvez não fosse viável.

Dessa forma, para verificar essas pressuposições das análises individuais e conjuntas, primeiramente os conjuntos de dados foram submetidos a uma análise exploratória de resíduos com auxílio de gráficos e testes, como proposto por Resende (2007). Então, foram obtidos os resíduos estandarizados dos modelos das análises lineares. Para verificar a normalidade, foram construídos os gráficos de probabilidade normal dos resíduos (quantis teóricos *versus* quantis amostrais); também foi realizado o teste de Shapiro e Wilk (1965). Para verificar a independência das observações, foi construído o gráfico de resíduos estandarizados *versus* índices (ordem de coleta dos dados). Também foi atestada a homogeneidade de variância, através do gráfico de resíduos estandarizados *versus* valores ajustados pelo modelo.

A análise gráfica dos resíduos também permitiu a identificação de *outliers*. Segundo Dean e Voss (1999), um *outlier* é uma observação que é muito menor ou muito maior que o esperado, sendo de fácil identificação e a sua presença pode alterar a normalidade dos dados, causar diferenças nas variâncias das variáveis ou gerar particularizações incorretas do modelo utilizado. Quando detectados nos conjuntos de dados deste trabalho, os *outliers* foram retirados e substituídos pela sigla “NA” (*not available*)

Para atender às pressuposições discutidas anteriormente os dados de AUC foram transformados via metodologia proposta por Box e Cox (1964), implementada na função “boxcox” do pacote “MASS” (VENABLES; RIPLEY, 2002).

3.6.3. Significância dos efeitos aleatórios e fixos

Para verificar a significância de cada um dos efeitos dos modelos, foram realizadas análises de deviance (ANADEV) individuais e conjuntas, com auxílio do teste da razão de verossimilhança (LRT) para testar a significância dos efeitos aleatórios e do teste F de Snedecor para testar a significância dos efeitos fixos, respectivamente por meio das funções “ranova” e

“anova” presentes no pacote “lmerTest” (KUZNETSOVA; BROCKHOFF; CHRISTENSEN, 2017), segundo recomendações de Resende (2007).

A análise de deviance foi realizada da seguinte maneira: primeiramente foram obtidos os valores das deviances para o modelo completo (com todos os efeitos) e para cada um dos efeitos do modelo (deviance do modelo sem o efeito de interesse). Posteriormente, fez-se a diferença entre as deviances do modelo sem o efeito (a ser testado) e do modelo completo, obtendo a razão de verossimilhança (LR) e, então, a significância dessa diferença foi testada via LRT usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, a 1% e 5% de probabilidade.

3.6.4. Parâmetros genéticos

Com base nos componentes da variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) aplicada aos modelos estatísticos descritos anteriormente, foram obtidos parâmetros genéticos para cada um dos caracteres avaliados (PG, PCS, NDM e AUC), tanto para as análises individuais quanto para as conjuntas, de acordo com as seguintes equações (Equações 8 a 15) propostas por Resende (2002, 2007):

$$CV_g = \left(\frac{\sqrt{V_g}}{\bar{x}} \right) \cdot 100 \quad (8)$$

CV_g : coeficiente de variação genotípica, em %;

V_g : variância genética entre as linhagens (que no caso de elevada endogamia equivale a variância genética aditiva);

$\bar{x}$: média do referido caráter;

$$CV_e = \left(\frac{\sqrt{V_e}}{\bar{x}} \right) \cdot 100 \quad (9)$$

CV_e : coeficiente de variação experimental, em %;

V_e : variância residual;

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e} \quad (10)$$

CV_r : coeficiente de variação relativa, em %;

$$c_{res}^2 = \frac{V_e}{V_f} \quad (11)$$

c_{res}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos residuais;

V_f : variância fenotípica total;

$$h^2 = \frac{V_g}{V_f} \quad (12)$$

h^2 : coeficiente de herdabilidade no sentido restrito;

$$r_{gg} = \left[1 - \frac{1}{1 + (CV_r)^2 / k} \right]^{1/2} \quad (13)$$

r_{gg} : acurácia seletiva;

k : número de repetições (blocos);

$$c_{gl}^2 = \frac{V_{gl}}{V_f} \quad (14)$$

c_{gl}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes (GE);

V_{gl} : variância da interação GE;

$$PEV = (1 - r_{gg}^2) \cdot V_g \quad (15)$$

PEV : variância do erro da predição do valor genético.

3.6.5. Teste de médias

Para verificar, em ambas as tecnologias, as diferenças entre as médias dos efeitos fixos de anos, locais e manejos com diferentes fungicidas, foi realizado o teste de Tukey de comparação múltipla de médias considerando um nível de 5% de significância utilizando o desvio-

padrão residual estimado pelo modelo da análise de variância conjunta dos ambientes (Equação 7), com auxílio da função “LTukey” do pacote “laercio” (SILVA, 2010).

3.6.6. Reação à ferrugem

Para verificar a reação à ferrugem de cada genótipo e quantificar os níveis de tolerância/resistência desses genótipos de forma a direcionar melhor a seleção dos genótipos promissores, foram obtidas algumas estimativas para os caracteres PG, PCS, NDM e SEV. Visando quantificar os danos causados aos genótipos pela ferrugem foi estimado o efeito ferrugem (EF, item 3.6.6.1) para cada genótipo considerando os caracteres PG, PCS e NDM. Para medir o nível de tolerância dos genótipos foi calculado o índice ICT (*Incremental Crop Tolerance*, item 3.6.6.2) também considerando os caracteres PG, PCS e NDM. Como medida de resistência foi estimada a área abaixo da curva de progresso da doença (AUC, item 3.6.6.3) a partir dos dados coletados de severidade da ferrugem (SEV). Para se conhecer a natureza da resposta dos genótipos à ferrugem, os mesmos foram caracterizados quanto ao tipo de lesão foliar apresentado (item 3.6.6.4).

3.6.6.1. Efeito ferrugem (EF)

O efeito ferrugem (EF), ou perda ocasionada pela ferrugem, foi calculado para cada genótipo por meio da diferença entre as médias de PG, PCS e NDM do referido genótipo, ajustadas pelo modelo, nos diferentes manejos com fungicidas (OP e D), sendo: a) manejo OP (com controle da ferrugem), com aplicações sucessivas de fungicidas para controle das doenças de fim de ciclo (DFC) incluindo-se a ferrugem; b) manejo D (sem controle da ferrugem), com aplicações de fungicida que controla as DFC, exceto a ferrugem. De acordo com a Equação 16:

$$EF = \overline{OP} - \overline{D} \quad (16)$$

Foram consideradas para calcular o EF apenas as combinações de manejos OP e D avaliadas em um mesmo local e ano agrícola, de modo que para cada genótipo houve seis combinações de manejos OP e D (E1-E2, E3-E4, E5-E6, E7-E8, E9-E10 e E11-E12). A média dessas combinações resultou no EF final para cada genótipo. A significância do EF foi obtida pela

metodologia esquematizada por Wysmierski (2015), que equipara o cálculo do EF com a comparação de médias avaliadas em blocos diferentes utilizando um teste t pareado.

3.6.6.2. Índice ICT

Para auxiliar na seleção de genótipos mais tolerantes à ferrugem, foi calculado o índice ICT (*Incremental Crop Tolerance*) para PG, PCS e NDM utilizando as informações dos componentes da variância estimados por REML e as predições BLUP dos genótipos, adaptando os fins da metodologia inicialmente proposta por Lemerle et al. (2006).

O ICT considerou a regressão implícita na estrutura de variância dos efeitos genotípicos. Essa estrutura surgiu de uma regressão dos efeitos genotípicos na presença da doença sobre os efeitos genotípicos na ausência da doença. Para cada característica o ICT foi calculado de acordo com a seguinte equação (Equação 17):

$$ICT = u_p - bu_a \quad (17)$$

Em que:

u_p : valores BLUPs dos genótipos preditos na condição de presença da ferrugem;

u_a : valores BLUPs dos genótipos preditos na condição de ausência da ferrugem;

b : estimativa do coeficiente angular da regressão, que é dado por (Equação 18):

$$b = \frac{\sigma_{pa}}{\sigma_a^2} \quad (18)$$

Em que:

σ_{pa} : covariância genética entre os valores genotípicos preditos na presença e na ausência da ferrugem, estimada por REML;

σ_a^2 : variância genética dos efeitos genotípicos preditos na ausência da ferrugem, estimada por REML.

Valores positivos e altos de ICT indicaram um grande desvio positivo da linha de regressão, ou seja, na presença da ferrugem, esses genótipos apresentaram um bom desempenho em relação aos outros com a mesma capacidade básica de produtividade (desempenho na ausência da ferrugem). A classificação dos genótipos em tolerantes ou sensíveis foi baseada na

mediana dos dados. Valores de ICT acima da mediana indicaram genótipos tolerantes, enquanto que abaixo da mediana indicaram genótipos sensíveis.

3.6.6.3. Área abaixo da curva de progresso da doença (AUC)

Com os valores de SEV1, SEV2, SEV3 e o intervalo de dias entre as avaliações (7 dias), foi possível calcular a área abaixo da curva de progresso da doença (*Area Under the Disease Progress Curve*, AUC), que é uma medida bastante eficiente de caracterizar materiais que foram pouco ou mais afetados pela doença. Para o cálculo da AUC, foi utilizada a Equação 19 (SHANER; FINNEY, 1977):

$$AUC = \frac{(SEV1+SEV2)(Dias_{SEV2-SEV1})+(SEV2+SEV3)(Dias_{SEV3-SEV2})}{2} \quad (19)$$

Em que:

SEV1: porcentagem de área foliar afetada pela doença na primeira avaliação;

SEV2: porcentagem de área foliar afetada pela doença na segunda avaliação;

SEV3: porcentagem de área foliar afetada pela doença na terceira avaliação;

Dias_{SEV2-SEV1}: diferença de dias entre a segunda e a primeira avaliação;

Dias_{SEV3-SEV2}: diferença de dias entre a terceira e a segunda avaliação;

A variação nas notas visuais dos sintomas indicou os diferentes níveis de resistência à ferrugem dos genótipos de soja, assim os genótipos foram classificados como resistentes quando apresentaram um valor de AUC abaixo da mediana dos dados e como suscetíveis quando apresentaram valores de AUC acima da mediana dos dados.

3.6.6.4. Tipos de lesão foliar

Todos os genótipos foram observados quanto ao tipo de lesão foliar que apresentaram como sintoma de reação à ferrugem. As lesões foliares foram classificadas em três tipos: a) ausência de sintomas ou pequenas lesões foliares na cor acinzentada ou verde-clara (*Flecks* ou reação IF), indicando reação de imunidade; b) lesões (urédias) de cor marrom-avermelhadas

(*Reddish Brown*, RB), caracterizando reação de resistência associada com reação de hipersensibilidade do hospedeiro; c) lesões (urédias) de cor castanho-clara (TAN), exibindo reação de suscetibilidade do hospedeiro à ferrugem.

De acordo com Wymiersky (2015), quatro interpretações diferentes podem ser consideradas quanto ao tipo de lesões observadas: 1ª) quando ocorrem somente sintomas do tipo TAN, as diferenças entre os valores de AUC indicam diferentes níveis de resistência horizontal (poligenes no controle da resistência); 2ª) quando forem observados apenas sintomas do tipo RB, as diferenças entre os valores de AUC indicam diferentes graus de resistência vertical (oligogenes no controle da resistência); 3ª) quando os sintomas forem uma mistura de lesões dos dois tipos (TAN e RB) nas mesmas plantas, os dois sistemas genéticos estão presentes juntos (resistência horizontal e vertical) no mesmo genótipo de soja; 4ª) e quando os sintomas forem apenas *Flecks*, há indicação de reação de imunidade dos genótipos.

3.6.7. Análises da adaptabilidade e estabilidade

Nas análises de adaptabilidade e estabilidade foram considerados separadamente os caracteres produtividade de grãos (PG), tamanho de sementes (representado pelo peso de cem sementes, PCS), ciclo (representado pelo número de dias para a maturidade, NDM) e a resistência à ferrugem (representada pela área abaixo da curva de progresso da doença, AUC), avaliados via metodologias univariadas.

3.6.7.1. Modelo GGE-biplot

Dois tipos de abordagens foram considerados para verificar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos utilizando a metodologia GGE-biplot. Uma abordagem considerou o modelo GGE-biplot usualmente aplicado às médias fenotípicas dos genótipos nos diferentes ambientes da pesquisa, resultado em uma análise de estabilidade e adaptabilidade fenotípica. E uma segunda abordagem considerou o modelo GGE-biplot aplicado aos valores genotípicos, obtidos por meio dos BLUPs de genótipos (g) somados aos BLUPs da interação genótipos x ambientes (ge) e a média geral (μ), obtidos via análise de modelos mistos, resultando em uma análise de adaptabilidade e estabilidade genotípica.

Na primeira abordagem, foram calculadas as médias ajustadas de PG, PCS, NDM e AUC das linhagens experimentais e testemunhas para cada ambiente. De posse dessas médias

foram então geradas quatro tabelas de dupla entrada, uma para cada caráter, que relacionaram nas linhas os genótipos e nas colunas os ambientes em que foram avaliados. Essas tabelas foram denominadas de matrizes “G+GE fenotípicas”. Cada uma dessas matrizes foi submetida à análise GGE-biplot (YAN et al., 2000) segundo o modelo (Equação 20):

$$Y_{ij} - E_{.j} = \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} \quad (20)$$

Em que:

Y_{ij} : média fenotípica ajustada do genótipo i no ambiente j ;

$E_{.j}$: média fenotípica de todos os genótipos no ambiente j ;

λ_k : correspondente ao valor singular do k -ésimo eixo da análise de componentes principais (ACP);

γ_{ik} : k -ésimo autovetor do n -ésimo componente principal genotípico, correspondente ao escore do n -ésimo componente principal do genótipo i ;

α_{jk} : k -ésimo autovetor do n -ésimo componente principal ambiental, correspondente ao escore do n -ésimo componente principal do ambiente j ;

ρ_{ij} : é o resíduo referente ao ajuste.

Na abordagem GGE com auxílio de modelos mistos, primeiramente foram obtidos os valores de BLUP dos genótipos (g) e das interações genótipos x ambientes (ge), para os caracteres PG, PCS, NDM e AUC. Então, esses valores de BLUP de genótipos e interação foram somados e, também, somados com a média geral ($\mu + g + ge$); a seguir, os valores obtidos de $\mu + g + ge$ foram organizados em quatro tabelas de dupla entrada, uma para cada caráter. A estrutura dessas tabelas, assim como no caso das médias fenotípicas, também foi construída com os genótipos nas linhas e os ambientes nas colunas, mas nessa nova abordagem as matrizes foram formadas contendo os valores genotípicos de cada genótipo em cada ambiente. Essas matrizes, construídas para cada caráter foram denominadas de matrizes “G+GE genotípicas”. Posteriormente, cada uma dessas matrizes genotípicas foi submetida à análise GGE-biplot segundo o modelo (Equação 21):

$$VG_{ij} - e_{.j} = \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} \quad (21)$$

Em que:

VG_{ij} : valor genotípico do genótipo i no ambiente j , obtido pela soma dos efeitos genéticos (BLUPs) do genótipo i e da interação do genótipo i com o ambiente j ;

e_j : efeito genotípico do ambiente j , obtido somando os efeitos genotípicos de todos os genótipos nesse ambiente;

λ_k : correspondente ao valor singular do k -ésimo eixo da análise de componentes principais (ACP);

γ_{ik} : k -ésimo autovetor do n -ésimo componente principal genotípico, correspondente ao escore do n -ésimo componente principal do genótipo i ;

α_{jk} : k -ésimo autovetor do n -ésimo componente principal ambiental, correspondente ao escore do n -ésimo componente principal do ambiente j ;

ρ_{ij} : resíduo referente ao ajuste.

Todas as análises GGE-biplot foram realizadas com auxílio da função “GGEbiplot” do pacote “GGEbiplotGUI” (FRUTOS; GALINDO; LEIVA, 2014), considerando os dois primeiros componentes principais.

3.6.7.2. Medidas de adaptabilidade e estabilidade no contexto de modelos mistos

Para complementar as análises de adaptabilidade e estabilidade no contexto de modelos mistos foi calculada, para cada genótipo, a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) visando selecionar simultaneamente para produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica. Também foram calculadas para cada genótipo, em termos de estabilidade, a média harmônica dos valores genotípicos entre os ambientes (MHVG) e, em termos de adaptabilidade, a performance relativa dos valores genotípicos através dos ambientes (PRVG). Os valores de MHPRVG, MHVG e PRVG foram obtidos para os caracteres PG, PCS, NDM e AUC de acordo com as Equações 21 a 23, como proposto por Resende (2004):

$$MHVG_i = \frac{n_i}{\sum_{j=1}^n \left(\frac{1}{VG_{ij}} \right)} \quad (21)$$

$$PRVG_i = \frac{1}{n_i} \left(\frac{\sum_{j=1}^n VG_{ij}}{M} \right) \quad (22)$$

$$MHPRVG_i = \frac{n_i}{\sum_{j=1}^n \left(\frac{VG_{.j}}{VG_{ij}} \right)} \quad (23)$$

Em que:

n_i : número de ambientes em que se avaliou o genótipo i para o caráter em questão;

M : média geral do caráter.

$VG_{ij} = \mu_j + g_i + gl_{ij}$: valor genotípico do genótipo i no ambiente j para o caráter em questão, expresso como proporção da média desse ambiente (RESENDE, 2007), sendo: μ_j a média do ambiente j , g_i o BLUP do genótipo i e gl_{ij} o BLUP da interação entre o genótipo i e o ambiente j ;

$VG_{.j}$: média de todos os valores genotípicos no ambiente j para o caráter em questão.

Ao final, os valores de MHPRVG para PG, PCS e NDM foram expressos na unidade de cada caráter multiplicando os valores obtidos pela média geral do respectivo caráter.

3.6.8. Coeficientes de correlação

Para observar a magnitude da associação entre os caracteres estudados (PG, PCS, NDM e AUC) e os índices estimados visando quantificar o efeito da ferrugem nos genótipos (EF e ICT), foram obtidos os coeficientes de correlação de Pearson. Visando comparar os diferentes métodos de adaptabilidade e estabilidade e outras medidas de ordenação de dados, foram obtidos os coeficientes de correlação de Spearman. Todos os coeficientes de correlação foram estimados com auxílio da função “cor.test” do pacote “stats” (R CORE TEAM, 2017). Para facilitar a visualização da matriz de correlação, foram construídos *heatmaps* com auxílio do pacote “GGally” (SCHLOERKE et al., 2018) e do pacote “ggplot2” (WICKHAM, 2009). A significância das estimativas dos coeficientes de correlação foi verificada pelo teste t , com $n-2$ graus de liberdade (PIMENTEL-GOMES, 2009).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise exploratória dos dados e resíduos

Todas as pressuposições das análises individuais e conjuntas dos caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS), número de dias para a maturidade (NDM) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC) foram verificadas e confirmadas pelas análises exploratórias dos dados e dos resíduos, ou seja, para todos os caracteres avaliados, os resíduos e as variáveis aleatórias das análises individuais e conjuntas das linhagens RR e convencionais apresentaram independência de observações, distribuição normal, média zero e variância σ^2 .

Através das análises exploratórias, também foi possível identificar a presença de *outliers*. Na Tabela 4 estão contabilizados todos os *outliers* e parcelas perdidas detectadas nos conjuntos de dados das tecnologias RR e convencional, considerando as análises individuais por ambiente e também as análises conjuntas dos 12 ambientes (E1 a E12) para PG, PCS e NDM e dos seis ambientes (E2, E4, E6, E8, E10 e E12) para AUC, em porcentagem (%). Observou-se para todos os caracteres que as porcentagens de *outliers* encontradas nas análises individuais e conjuntas das tecnologias RR e convencional não foram superiores a 1,85%, ou seja, baixa frequência de outliers. Em relação às parcelas perdidas (parcelas que morreram no campo), a média das porcentagens encontradas nas análises individuais e conjuntas de ambas as tecnologias também foi baixa ($\leq 4,63\%$). Totalizando os *outliers* e as parcelas perdidas, a maior porcentagem de dados ausentes encontrada foi de 4,63%, considerando todas as análises. Schafer (1999) afirmou que uma taxa de dados ausente de 5% ou menos é irrelevante, e Bennett (2001) considerou que a análise de variância clássica provavelmente não é tendenciosa quando menos de 10% dos dados estão faltando. Mas em qualquer cenário, na presença ou ausência de dados faltantes/perdidos, Resende (2007) sugere que utilizar os métodos REML e BLUP conduz a estimativas mais precisas dos componentes da variância e, conseqüentemente, a predições mais acuradas de valores genéticos, o que corrobora a abordagem com auxílio de modelos mistos adotada nesse trabalho.

4.2. Análises individuais, conjuntas e parâmetros genéticos

Os componentes da variância estimados via REML e alguns parâmetros genéticos de interesse (item 3.6.4) calculados para os caracteres produtividade de grãos (PG), tamanho de

sementes (representado pelo peso de cem sementes, PCS), ciclo (representado pelo número de dias para maturidade, NDM) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC, representando a quantidade de sintomas na presença da ferrugem), obtidos via análises individuais por ambiente são apresentados nas Tabela 5 (tecnologia RR) e Tabela 6 (tecnologia convencional) e obtidos via análises conjuntas de todos os ambientes são apresentados nas Tabela 7 (tecnologia RR) e Tabela 8 (tecnologia convencional).

Observou-se que os valores de coeficientes de variação experimentais (CV_e) obtidos nas análises individuais por ambiente (Tabelas 5 e 6) variaram, para o caráter PG, de 18,68% (E1) a 31,66% (E9) na tecnologia RR e de 20,75% (E7) a 46,28% (E11) na tecnologia convencional, para o caráter PCS de 5,22% (E10) a 7,54% (E4) na tecnologia RR e 4,86% (E2) a 8,56% (E1) na tecnologia convencional, para o caráter NDM de 0,93% (E6) a 2,06% (E9) na tecnologia RR e 0,69% (E8) a 1,77% (E2) na tecnologia convencional, e para o caráter AUC de 10,35% (E8) a 35,36% (E2) na tecnologia RR e 13,97% (E12) a 43,80% (E2) na tecnologia convencional. Já nas análises conjuntas (Tabelas 7 e 8), os valores dos coeficientes de variação experimentais obtidos para os caracteres PG, PCS, NDM e AUC foram, respectivamente, 24,91%, 6,02%, 1,45% e 17,21% para a tecnologia RR e 28,34%, 6,16%, 1,32% e 19,54% para a tecnologia convencional. Esses valores estão de acordo com o habitual encontrado na literatura para esses caracteres em experimentação agrônômica na cultura da soja (WYSMIERSKI, 2015; MARQUES, 2014; UNFRIED, 2007) e atestaram uma boa precisão ambiental dos experimentos.

Outro parâmetro utilizado para verificar a qualidade experimental foi a acurácia seletiva (r_{aa}). Sua interpretação permite verificar a proximidade entre os valores genéticos preditos e os verdadeiros valores genéticos dos genótipos, assim, quanto maior for o valor desse parâmetro para um caráter, maior é a confiabilidade que se tem na avaliação e na predição dos valores genotípicos para esse caráter (RESENDE, 2007). De acordo com os critérios de classificação propostos por Resende e Duarte (2007), valores de acurácia $\geq 0,90$ são classificados como muito altos, entre $0,70 \leq r_{aa} < 0,90$ são classificados como altos, entre $0,40 < r_{aa} < 0,70$ são classificados como médios e entre $0,10 \leq r_{aa} \leq 0,40$ são classificados como baixos. Assim, para o caráter PG do total de 12 experimentos individuais avaliados na tecnologia RR, nove apresentaram valores altos de acurácia e três apresentaram valores médios, já na tecnologia convencional, um experimento apresentou valor muito alto de acurácia, sete apresentaram valores altos, três apresentaram valores médios e apenas um apresentou valor baixo. Para o caráter PCS dos 12 experimentos avaliados na tecnologia RR, 11 apresentaram valores de acurácia muito altos e um apresentou valor considerado alto, já para a tecnologia convencional, seis

experimentos apresentaram acurácia muito alta e os seis restantes apresentaram valores classificados como altos. Considerando o caráter NDM, para tecnologia RR, todos os 12 experimentos avaliados apresentaram valores muito altos de acurácia e na tecnologia convencional, as acurácias de 11 experimentos foram classificadas como muito altas e de um experimento como alta. Para o caráter AUC, dos seis experimentos totais avaliados na tecnologia RR, um apresentou valor alto de acurácia, quatro valores médios e um valor baixo; já na tecnologia convencional, um experimento apresentou valor alto de acurácia, três apresentaram valores médios e dois experimentos apresentaram valores baixos. Considerando as análises conjuntas dos ambientes foi observada uma precisão moderada (0,54 na tecnologia RR e 0,47 na tecnologia convencional) para o caráter PG, uma precisão alta (0,89 na tecnologia RR e 0,82 na tecnologia convencional) para o caráter PCS, uma precisão experimental muito alta para o caráter NDM (0,97 na tecnologia RR e 0,95 na tecnologia convencional) e uma precisão moderada para AUC (0,55 na tecnologia RR e 0,44 na tecnologia convencional). De modo geral, esses valores de acurácia estão dentro dos limites aceitáveis, e indicam que as estimativas dos parâmetros genéticos, componentes da variância e as predições dos valores genéticos dos genótipos para os caracteres PG, PCS, NDM e AUC em ambas as tecnologias, considerando as avaliações por ambiente e conjuntas de todos os ambientes, foram confiáveis para uso na seleção de materiais promissores.

Em relação ao coeficiente de determinação do resíduo (c_e^2), foram observados nas análises individuais valores variando de: 0,37 a 0,85 na tecnologia RR e 0,23 a 0,98 na tecnologia convencional para o caráter PG; 0,16 a 0,34 na tecnologia RR e 0,16 a 0,47 na tecnologia convencional para o caráter PCS; 0,04 a 0,29 na tecnologia RR e 0,04 a 0,35 na tecnologia convencional para o caráter NDM; 0,53 a 0,92 na tecnologia RR e 0,58 a 0,95 na tecnologia convencional para o caráter AUC. Já nas análises conjuntas foram observados valores de c_e^2 , respectivamente para a tecnologia RR e convencional de: 0,42 e 0,41 para o caráter PG; 0,15 e 0,14 para o caráter PCS; 0,07 e 0,07 para o caráter NDM; 0,20 e 0,22 para o caráter AUC. No geral, notou-se que os valores de c_e^2 foram maiores para PG e AUC em comparação aos valores obtidos para PCS e NDM nas análises individuais. Essa diferença ficou ainda mais evidente considerando os valores obtidos de c_e^2 nas análises conjuntas, que permitiu ordenar do maior c_e^2 ao menor c_e^2 os caracteres em $PG > AUC > PCS > NDM$. Não foram observadas tendências específicas das tecnologias em relação a esse parâmetro. Como o resíduo experimental representou os fatores não explicados pelo modelo e sobre os quais não se teve controle na avaliação dos dados e o coeficiente de determinação residual quantificou o quanto da variação fenotípica foi decorrente desses efeitos residuais, é correto afirmar que os caracteres PG e AUC apresentaram

maior complexidade de avaliação, com efeitos de resíduos explicando de 20% a 98% da variação fenotípica quando comparados aos valores de 4% a 47% encontrados para PCS e NDM. Isso também pode ter contribuído para aumentar a dificuldade na seleção de genótipos promissores tanto para produtividade de grãos quanto para resistência à ferrugem.

Em relação aos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito (h^2), de acordo com a classificação de Resende (2007), foram observados nas análises individuais dos ambientes valores de h^2 para PG variando de 0,14 (estimativa baixa) a 0,64 (estimativa alta) na tecnologia RR e de 0,03 (estimativa baixa) a 0,80 (estimativa alta) na tecnologia convencional; para o caráter PCS foram observados valores variando de 0,64 a 0,88 (RR) e 0,50 a 0,86 (convencional), todas classificadas como estimativas altas; para NDM foram observados valores variando de 0,69 a 0,97 (RR) e 0,62 a 0,97 (convencional), também classificadas como estimativas altas; e, para o caráter AUC foram observados valores variando de 0,08 (estimativa baixa) a 0,45 (estimativa média) na tecnologia RR e de 0,05 (baixa) a 0,38 (média) na tecnologia convencional. Esses valores indicaram que para os caracteres PCS e NDM a variância genotípica aditiva (V_g) influenciou uma grande parte da variância fenotípica (V_f), diferentemente do observado para os caracteres PG e AUC que, de maneira geral, não apresentaram elevada influência dos efeitos genotípicos aditivos na variância fenotípica observada, ficando nítida a elevada influência ambiental na expressão desses dois caracteres (PG e AUC).

Em relação às análises conjuntas, foram obtidos valores baixos de herdabilidade no sentido restrito (h^2) para PG (0,09 na tecnologia RR e 0,06 na tecnologia convencional), médios para PCS (0,27 para a tecnologia RR e 0,14 para a tecnologia convencional), médios para NDM (0,50 para a tecnologia RR e 0,30 para tecnologia convencional) e baixos para AUC (0,04 para tecnologia RR e 0,03 para a tecnologia convencional). No geral, os valores de h^2 encontrados para PG, PCS, NDM e AUC, principalmente considerando as análises conjuntas, estão abaixo das estimativas usualmente encontradas para caracteres agronômicos controlados por poucos genes, mas estão dentro do intervalo de valores esperados para caracteres controlados por muitos genes de pequeno efeito, ou seja, comprovam a natureza poligênica desses caracteres. Valores baixos de herdabilidade nas análises conjuntas também podem ser resultados de um comportamento diferencial dos genótipos frente às variações ambientais e indicaram a necessidade de avaliar melhor os efeitos da interação genótipos x ambientes (Rosado et al., 2012), já que por meio das análises de adaptabilidade e estabilidade é possível a maximização dos ganhos com seleção. De acordo com Matei et al. (2017), estimativas da variância da interação (V_{ga}) quando superiores às estimativas da variância genotípica contribuem para reduzir as estimativas de herdabilidade. Resultados semelhantes foram obtidos por outros autores (PINHEIRO et al.,

2013; ROCHA et al., 2015; ANDRANDE et al., 2016; MATEI et al. 2017) que também encontraram baixas estimativas de herdabilidade para produtividade de grãos em análises conjuntas de ambientes.

Considerando os coeficientes de variação genotípica (CV_g), foram encontrados nas análises individuais valores para: PG variando de 11,54% a 30,00% na tecnologia RR e de 8,41% a 39,73% na tecnologia convencional; PCS variando de 9,56% a 14,41% na tecnologia RR e de 6,53% a 12,12% na tecnologia convencional; NDM variando de 2,44% a 4,97% na tecnologia RR e de 1,82% a 4,18% na tecnologia convencional; AUC variando de 6,28% a 12,86% na tecnologia RR e de 4,03% a 15,63% na tecnologia convencional.

Já nas análises conjuntas, foram obtidos valores de CV_g , respectivamente para as tecnologias RR e convencional correspondentes a: 11,41% e 10,66% para o caráter PG; 8,11% e 6,20% para o caráter PCS; 3,82% e 2,75% para o caráter NDM; 7,94% e 6,68% para AUC. No âmbito geral, esses valores de variação genotípica acompanharam a magnitude dos valores da variância genética de cada caráter, como era de se esperar, indicando que o aumento da variância genética implicou em um aumento da variabilidade encontrada para o caráter em questão. Mas, por ser um parâmetro influenciado também pela média do caráter, a interpretação da variabilidade genética como incremento para a seleção foi melhor verificada com auxílio dos coeficientes de variação relativa.

De acordo com Vencovsky (1987), o coeficiente de variação relativa (CV_r) ou também chamado de índice de variação, por ser uma estimativa não influenciada pela média, permite avaliar o sucesso da seleção, sendo considerados valores de CV_r ideais iguais ou superiores a 1,0. Mas, de acordo com Resende e Duarte (2007), cada experimento deve apresentar um valor de CV_r particular e não de forma generalizada, levando em consideração para isso o número de repetições de cada experimento e o valor de acurácia seletiva. Considerando as recomendações de Resende e Duarte (2007), uma acurácia de 0,70 (para experimentação em genética e melhoramento de plantas) e experimentos com duas repetições, o valor ideal é $CV_r = 0,70$. Assim, nas análises individuais foram encontrados valores de $CV_r \geq 0,70$, em termos de PG, em dez ambientes considerando a tecnologia RR e oito ambientes considerando a tecnologia convencional. Já para os caracteres PCS e NDM, todos os 12 ambientes apresentaram $CV_r \geq 0,70$ na avaliação de ambas as tecnologias. Para AUC, apenas o ambiente E12, tanto considerando as avaliações da tecnologia RR como da tecnologia convencional, foi observado com valor de $CV_r \geq 0,70$. Esses resultados indicaram que a real grandeza do incremento em PG pôde ser observada em mais de 66% dos ambientes, mas destacaram-se os ambientes E1, E2, E3, E4, E5, E7, E8 e E12 como os mais propícios para se efetuar a seleção dos genótipos RR e convencionais visando a

melhoria da produtividade de grãos. Já para PCS e NDM, todos os ambientes foram propícios para se efetuar a seleção. Enquanto que para AUC, apenas o ambiente E12 foi indicado para se realizar a seleção visando a resistência dos genótipos RR e convencionais à ferrugem. Essas observações foram confirmadas pela interpretação dos valores de CV_r obtidos nas análises considerando os 12 ambientes conjuntamente. Para PG e AUC, não foi encontrado nenhum valor de $CV_r \geq 0,70$ nas análises conjuntas das tecnologias RR e convencional, indicando que a combinação de todos os 12 ambientes gerou complexidade nas observações e isso certamente foi causado pela maior influência da interação GE sobre esses dois caracteres. Já para PCS e NDM, foram obtidos valores de $CV_r \geq 0,70$ nas análises conjuntas de ambas as tecnologias, corroborando o observado anteriormente nas análises individuais.

Nas Tabelas 9 e 10 são apresentadas as análises de deviances (ANADEV) conjuntas de todos os ambientes para as linhagens RR (Tabela 9) e linhagens convencionais (Tabela 10). Nessas tabelas estão contidos os valores e as significâncias do teste da razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos aleatórios do modelo e também os respectivos componentes da variância estimados por REML desses efeitos aleatórios. Também se encontram nessas tabelas a significância do teste F para os efeitos fixos juntamente com seus respectivos quadrados médios estimados.

Foram verificados valores altamente significativos ($p < 0,01$) de LRT para o efeito de genótipos, tanto na tecnologia RR quanto na convencional, para todos os caracteres avaliados (PG, PCS, NDM e AUC). Já para o efeito da interação genótipos x ambientes (GE) foram encontrados valores de LRT altamente significativos ($p < 0,01$) para os caracteres PG, PCS e NDM nas duas tecnologias e significativo ($p < 0,05$) para AUC apenas na tecnologia RR. Esses resultados comprovaram a existência de variabilidade genética para PG, PCS, NDM e AUC dentro dos conjuntos de linhagens RR e convencionais e também evidenciaram um comportamento diferencial dos genótipos RR em termos de PG, PCS, NDM e AUC e dos genótipos convencionais em termos de PG, PCS e NDM frente às variações ambientais, com possível existência de genótipos mais adaptados a ambientes específicos, além de configurarem a existência de interações GE do tipo complexa (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Assim, houve a necessidade de detalhar os efeitos da interação GE no comportamento, adaptabilidade e estabilidade desses genótipos, já que a seleção dos melhores indivíduos para essas características mostrou-se dependente das identidades genéticas intrínsecas de cada genótipo e também de suas respostas ambientais, justificando a posterior aplicação de metodologias como GGE-Biplot e MHPRVG nesse trabalho. A existência de interação do tipo complexa também pode ser confirmada observando os gráficos do tipo *interaction plot* apresentados na Figura 2.

Já a não significância do efeito da interação GE para AUC avaliado na tecnologia convencional mostrou que a presença dessa interação não afetou significativamente o comportamento dos genótipos convencionais em termos de quantidade de sintomas na presença da ferrugem (representado por AUC). Como o caráter AUC foi avaliado apenas nos ambientes com a presença da ferrugem, ou seja, sobre uma mesma condição de manejo com fungicidas, significou que mesmo com a variação conjunta de anos e locais (fatores que variavam para o caráter AUC) o desempenho dos genótipos convencionais em termos de AUC foi semelhante e a classificação para esse caráter ficou fortemente dependente das características genéticas intrínsecas dos próprios genótipos, ou seja, mesmo existindo interação (valor da variância da interação não foi nulo) a sua magnitude não afetou expressivamente a classificação dos genótipos convencionais.

Levando também em consideração os valores de coeficiente de determinação para a interação (c_{ga}^2) obtidos nas análises conjuntas (Tabelas 7 e 8), foram encontrados os seguintes valores: para PG, $c_{ga}^2 = 0,23$ (tecnologia RR) e 0,19 (tecnologia convencional); para PCS, de 0,28 (RR) e 0,16 (convencional); para NDM, foram 0,08 (RR) e 0,15 (convencional); e, para AUC foram 0,03 (RR) e 0,02 (convencional). Esses valores reforçaram a observação de que a interação GE realmente afetou todos os caracteres avaliados em ambas as tecnologias, mas com diferentes magnitudes e que os efeitos da interação foram mais expressivos para os caracteres PG e PCS, nos quais a variância da interação representou de 16% a 28% da variação fenotípica total observada. Isso pode ser esperado em razão da natureza poligênica de PG e PCS, sendo resultado da grande influência ambiental sofrida por esses caracteres, fato esse previamente observado por outros autores (WYSMIERSKI, 2015; MATEI et al. 2017). Já para os caracteres NDM e AUC, a variância da interação representou apenas 2% a 15% da variância fenotípica total. Outro aspecto observado foi que os valores de c_{ga}^2 para PG, PCS, NDM e AUC foram sempre maiores para a o conjunto avaliado de linhagens RR, indicando que os genótipos transgênicos foram mais influenciados pelas variações ambientais, fato este que certamente também contribuiu para a observação do efeito significativo da interação para o caráter AUC apenas quando avaliado na tecnologia RR.

Considerando o efeito de ambientes (E), foram encontrados valores de quadrado médio altamente significativo ($p < 0,01$) pelo teste F de Snedecor para todas as características (PG, PCS, NDM e AUC) e em ambas as tecnologias, o que atesta que os ambientes dessa pesquisa foram consideravelmente contrastantes e permitiram a compreensão dos efeitos da interação GE através das análises de adaptabilidade e estabilidade.

4.3. Médias e valores genotípicos: comentários gerais

Devido à complexidade das interações entre os genótipos e os ambientes (GE) observada na Figura 3 e amplamente discutida no item 4.3 para os caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS), número de dias para a maturidade (NDM) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC), tanto as médias fenotípicas ajustadas pelo modelo, como os valores genotípicos e efeitos genéticos considerando esses caracteres obtidos para cada combinação de genótipo e ambiente não foram comentadas detalhadamente nesse capítulo, sendo amplamente utilizadas e discutidas ao se tratar da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos (item 3.6.5). As médias fenotípicas e valores genotípicos dos genótipos por ambiente são apresentados na íntegra nos Apêndices A até P.

Assim, nas Tabelas 11 a 14 são apresentados os valores médios gerais fenotípicos ajustados pelo modelo ($\bar{x}$), os efeitos genéticos (g, que são as predições BLUPs dos genótipos), os valores genotípicos preditos ($\mu + g$), a classificação (ranking) dos melhores genótipos ordenados pela média fenotípica (*Rank* fenotípico) e a classificação dos melhores genótipos ordenados pelo valor genético predito (*Rank* genotípico), para o conjunto de linhagens experimentais e testemunhas avaliadas na tecnologia RR e na tecnologia convencional, para os caracteres PG (Tabela 11), PCS (Tabela 12), NDM (Tabela 13) e AUC (Tabela 14), considerando as análises conjuntas de todos os ambientes em que o respectivo caráter foi avaliado, ou seja, considerando os 12 ambientes conjuntamente para PG, PCS e NDM e apenas seis ambientes na presença da ferrugem para o caráter AUC. Nos ordenamentos apresentados (*Rank* fenotípico e *Rank* genotípico) para os caracteres PG e PCS, os genótipos foram classificados do maior para o menor valor; entretanto, para os caracteres NDM e AUC, aconteceu o contrário, ou seja, os genótipos foram classificados do menor para o maior valor. Além disso, para o caráter AUC, não foram apresentados os valores de efeitos genéticos (g) e dos valores genéticos preditos ($\mu + g$), porque previamente às análises desse caráter, os dados originais foram transformados pela metodologia proposta por Box-Cox (1964), fato este que distorceu a magnitude dos valores absolutos das predições.

Na Tabela 11 (caráter PG) foi observado para a tecnologia RR uma média fenotípica geral de 2707 kg.ha⁻¹, enquanto que para a tecnologia convencional a média geral foi 2571 kg.ha⁻¹, indicando que a tecnologia RR foi 5,3% mais produtiva que a tecnologia convencional em valores médios absolutos. Qaim e Traxler (2005) também verificaram que a tecnologia RR foi mais produtiva (10% de superioridade) que a tecnologia convencional. Já outros autores (DUFFY; ERNST, 1999; BENBROOK, 1999; DUFFY, 2001; AMORIM, 2009; NAZATO,

2014) encontraram que a soja convencional foi em média 3,4% a 3,8% mais produtiva que a soja transgênica. Levando em consideração a amplitude de valores, na tecnologia RR foram encontrados genótipos que produziram de 1933 kg.ha⁻¹ a 3343 kg.ha⁻¹ e na tecnologia convencional genótipos que produziram de 1662 kg.ha⁻¹ a 3354 kg.ha⁻¹. Utilizando uma intensidade de seleção de 10%, os melhores genótipos transgênicos em termos de médias fenotípicas para PG foram, respectivamente, as linhagens de número 27 (3343 kg.ha⁻¹), 15 (3288 kg.ha⁻¹), 21 (3277 kg.ha⁻¹), 38 (3270 kg.ha⁻¹) e 39 (3184 kg.ha⁻¹). Esses genótipos exibiram 17,62% a 23,49% a mais de produtividade que a média geral desse conjunto de dados avaliado considerando os 12 ambientes conjuntamente, valores esses muito expressivos. Essas mesmas linhagens também mostraram os maiores valores genotípicos para PG e, portanto, apresentaram também os maiores efeitos genéticos positivos para o caráter, mas a classificação da produtividade teve uma leve alteração, a saber: linhagem nº 27 (3157 kg.ha⁻¹, +450,02), 21 (3111 kg.ha⁻¹, +403,72), 38 (3104 kg.ha⁻¹, +396,29), 15 (3093 kg.ha⁻¹, +385,14) e 39 (3045 kg.ha⁻¹, +337,67).

Considerando a tecnologia convencional e também uma intensidade de seleção de 10%, as melhores linhagens convencionais em termos de médias fenotípicas foram, respectivamente, a linhagem nº 86 (3354 kg.ha⁻¹), 76 (3200 kg.ha⁻¹), 77 (3130 kg.ha⁻¹), 69 (3084 kg.ha⁻¹) e 96 (3024 kg.ha⁻¹). Esses genótipos foram de 17,61% a 30,45% mais produtivos que a média geral desse conjunto de dados e também mostraram os maiores valores genotípicos para PG e os maiores efeitos genéticos positivos para o caráter, com uma leve alteração na classificação da produtividade, a saber: linhagem nº 86 (3072 kg.ha⁻¹, +501,43), 76 (2974 kg.ha⁻¹, +403,16), 69 (2908 kg.ha⁻¹, +337,40), 77 (2889 kg.ha⁻¹, +318,34) e 96 (2862 kg.ha⁻¹, +291,25). Esses resultados comprovam que apesar da diferença entre as médias gerais das duas tecnologias, ambas exibiram um mesmo potencial para a seleção de genótipos promissores em termos de PG.

Já para o caráter PCS (Tabela 12) foi observado que a média geral da tecnologia RR foi de 14,08g e da tecnologia convencional foi 13,96g, configurando valores absolutos muito próximos. De acordo com Vello (1992) e Espolador et al. (2017) o tamanho das sementes (representado pelo PCS) é uma característica que define os usos da soja, principalmente para a alimentação humana, e valores variando de 10 a 19 gramas/100 sementes são comumente observados em soja do tipo grão (soja comum), valores menores que 10 gramas/100 sementes classificam cultivares destinadas à produção de brotos comestíveis e *natto* (fermentado) e valores maiores que 20 gramas/100 sementes são próprios de soja tipo hortaliça, principalmente consumida na forma de saladas ou *in natura*. Nesse sentido, não só valores de PCS altos são

desejados pelos melhoristas, mas também valores baixos e médios, de forma a obter variabilidade a ser explorada visando atender às diferentes exigências e ou nichos do mercado consumidor.

Ainda na Tabela 12, foi observada uma amplitude de valores para PCS de 11,28g a 16,67g para tecnologia RR e de 11,61g a 16,00g para a tecnologia convencional. Esses valores evidenciaram que tanto a tecnologia RR quanto a convencional exibiram variabilidade disponível para a seleção em termos de PCS em uma mesma magnitude e permitiram a seleção de indivíduos promissores, para valores baixos, médios ou altos de PCS. Destaques foram obtidos com valores altos de PCS para as linhagens RR de nº 17, 41, 24, 13 e 15, e entre as linhagens convencionais aquelas de nº 88, 69, 61, 91, 86 e 71 como os genótipos que apresentaram as maiores médias fenotípicas (entre 14,87g e 16,67g), os maiores valores genotípicos (entre 14,75g e 16,42g) e também os maiores efeitos genéticos positivos para o caráter (entre +0,79 e +2,34). Também houve destaque das linhagens RR de nº 22, 49, 38, 45 e 21, e das linhagens convencionais de nº 90, 82, 83, 77 e 62, como as linhagens que apresentaram as menores médias fenotípicas (entre 11,28g e 12,99g), juntamente com os menores valores genotípicos (entre 11,61g e 13,10g) e os maiores efeitos genéticos negativos para o caráter (entre -0,86 e -2,47). Em termos classificatórios, tanto as médias fenotípicas quanto os valores genotípicos ordenaram os genótipos de maneira semelhante em termos de PCS, apenas com algumas alterações de posições intermediárias, semelhantemente ao que também foi observado para PG.

Analisando o caráter NDM (Tabela 13), observou-se o mesmo valor absoluto de média geral de ciclo (133 dias) para as tecnologias RR e convencional. Em relação à amplitude para NDM, na tecnologia RR foram observados valores variando de 120 a 142 dias e na tecnologia convencional variando de 119 a 142 dias, resultados estes muito semelhantes para as duas tecnologias, não havendo nenhuma tendência quanto ao tipo de tecnologia interferir no ciclo da soja, ficando esse fator fortemente dependente das características intrínsecas de cada genótipo e de suas interações com o ambiente. Observando as médias fenotípicas e utilizando uma intensidade de seleção de 10%, os genótipos destacados e classificados do mais precoce ao mais tardio no conjunto de dados da tecnologia RR foram T12 (TMG 4001 RR, com 120 dias), linhagem nº17 (121 dias), 13 (124 dias), 24 (125 dias), 1 (127 dias) e 36 (127 dias); já no conjunto de dados avaliados na tecnologia convencional, a classificação por ciclo foi a seguinte: testemunha T12 (TMG 4001 RR, com 119 dias), linhagem nº 95 (126 dias), 90 (128 dias), 62 (128 dias), 91 (129 dias) e 97 (129 dias). Considerando os valores genotípicos e os efeitos genéticos, na tecnologia RR encontrou-se a mesma classificação observada para as médias fenotípicas, a saber: testemunha T12 (TMG 4001 RR, com 120 dias, -12,61), linhagem nº 17 (121 dias, -

11,67), 13 (124 dias, -8,90), 24 (125 dias, -7,24), 1 (127 dias, -5,74) e 36 (127 dias, -5,58). Entretanto, para o conjunto de genótipos avaliados na tecnologia convencional, houve uma pequena alteração na classificação, a saber: testemunha T12 (TMG 4001 RR, com 120 dias, -13,75), linhagem nº 95 (127 dias, -6,70), 90 (128 dias, -5,33), 62 (129 dias, -4,84), 97 (129 dias, -4,54) e 98 (129 dias, -4,51).

O caráter AUC é uma medida bastante eficiente para caracterizar materiais que foram pouco ou mais afetados pela ferrugem, podendo separar como resistentes os genótipos que apresentaram menor área foliar afetada pela doença e, portanto, exibiram baixos valores de AUC, bem como genótipos susceptíveis aqueles que apresentaram maior área foliar afetada pela doença e, consequentemente, maiores valores de AUC. A estimativa de AUC também foi utilizada por outros autores como parâmetro para medir a resistência de genótipos de soja à ferrugem (PHAM et al. 2010; MARTINS; JULIATTI, 2012). Nesse sentido, observando a Tabela 14, notou-se que a média fenotípica geral da tecnologia RR para AUC (106,91) foi inferior à média fenotípica geral da tecnologia convencional (135,11) e, em relação à amplitude de valores, foram obtidas medidas de AUC variando de 61,66 a 198,86 na tecnologia RR e de 73,00 a 214,92 na tecnologia convencional. Soares et al. (2008) apontam em seu trabalho que o herbicida glifosato proporciona uma redução na germinação dos esporos do fungo *Phakopsora pachyrhizi*, fato este que afeta, consequentemente, o desenvolvimento da ferrugem. Esse fator pode explicar o menor valor da média geral de AUC observado na tecnologia RR, mas como em ambas as tecnologias foram observados genótipos que apresentaram medidas altas e próximas de AUC (198,86 na tecnologia RR e 214,92 na tecnologia convencional), fica claro que a resistência dos genótipos RR e convencionais à ferrugem dependeu fortemente e exclusivamente das características intrínsecas dos próprios genótipos e da sua resposta frente às variações ambientais, não sendo influenciados pela presença ou ausência de genes que conferem a resistência a herbicidas (gene RR). Desse modo, apesar de haver uma leve tendência dos genótipos avaliados na tecnologia RR serem em média mais resistentes que os genótipos avaliados na tecnologia convencional, ambas as tecnologias apresentaram potencial de mesma magnitude para a seleção visando a resistência à ferrugem. Considerando uma intensidade de seleção de 10%, as linhagens experimentais que exibiram os menores valores de AUC (Tabela 14), tanto considerando as médias fenotípicas quanto os valores genotípicos e os efeitos genéticos foram: na tecnologia RR 7, a linhagem nº 10, 11, 20, 31, 35 e 42, com valores de AUC variando de 61,66 a 86,80; já na tecnologia convencional, foram observados os menores valores de AUC (maior resistência) nas linhagens nº 51, 52, 58, 59, 67 e 82, com valores de AUC variando de 73,00 a 85,98.

Outro fator observado considerando todos os caracteres (Tabelas 11 a 14) foi que a classificação via valores genotípicos (*Rank* genotípico) foi muito semelhante à classificação das médias fenotípicas (*Rank* fenotípico), de forma que mudanças mínimas na ordem ocorreram apenas em genótipos intermediários. Esse fato indica que a recomendação de genótipos promissores em termos de PG, PCS, NDM e AUC pode ser feita por ambos os parâmetros (valores genotípicos e médias fenotípicas), o que também torna viável a recomendação de genótipos para locais não testados na rede experimental usando os valores genotípicos ($\mu + g$), já que o desempenho genotípico é livre do efeito da interação GE. Resultados semelhantes para PG foram relatados por Borges et al. (2012) e Matei et al. (2017).

4.4. Tolerância e resistência à ferrugem

4.4.1. Aspectos gerais

Na Figura 3 estão apresentadas as condições climáticas dos três anos agrícolas envolvidos nesse estudo (2013/14, 2014/15 e 2015/16). Observa-se que nos três anos agrícolas as condições de temperatura e pluviosidade foram favoráveis ao desenvolvimento da cultura da soja, principalmente entre os meses de novembro e março, que foram respectivamente as épocas de semeadura e colheita dos experimentos. Já nos meses de janeiro e fevereiro, período em que a ferrugem começou a se estabelecer na cultura, houve diferenças nítidas entre os três anos agrícolas o que afetou significativamente o estabelecimento e desenvolvimento da doença.

No ano agrícola de 2013/14, nos meses de janeiro e fevereiro ocorreram, respectivamente, 11 e 12 dias de chuva, a precipitação total acumulada foi de 83,3mm e 62,4mm, as temperaturas variaram de 20°C a 33°C e de 21°C a 34°C e a umidade relativa do ar média foi 69% e 64%. No ano agrícola de 2014/15, considerando também os meses de janeiro e fevereiro, ocorreram respectivamente 13 e 16 dias de chuva, a precipitação total acumulada foi de 104,1mm e 248,2mm, as temperaturas variaram de 22°C a 34°C e de 21°C a 32°C e umidade relativa do ar média foi 72% e 84%. Finalmente, no ano agrícola de 2015/16, também considerando os mesmos meses, ocorreram respectivamente 15 e 17 dias de chuva, a precipitação total acumulada foi de 267,8mm para janeiro e 197,6mm para fevereiro, as temperaturas variaram de 21°C a 32°C e de 21°C a 31°C e a umidade relativa do ar média foi de 82% para janeiro e 83% para fevereiro. De acordo com Marchetti, Melching e Bromfield (1976) e Del Pont et al. (2006), as condições ideais para a ocorrência de infecção pelo fungo causador da ferrugem são de dez a 12 horas de molhamento foliar, temperaturas entre 18°C e 28°C e umidade relativa do

ar entre 75% e 80%. Levando em consideração essas informações, apenas no ano de 2013/14 a umidade relativa do ar estava abaixo do ideal, tanto em janeiro como em fevereiro, o que certamente atrapalhou a infecção inicial do fungo e acarretou em um menor desenvolvimento da doença nesse ano agrícola, o que pôde ser evidenciado pelas menores médias encontradas de AUC para esse ano, tanto na tecnologia RR (Tabela 15) quanto na tecnologia convencional (Tabela 16). Wysmierski (2015) também relatou a ocorrência de seca interferindo negativamente no desenvolvimento da ferrugem e resultando em notas de severidade da doença mais baixas. Em contrapartida, os anos de 2014/15 e 2015/16 agregaram temperatura ótima e alta umidade nesses meses, principalmente em fevereiro (maior pico de desenvolvimento da doença), o que favoreceu o desenvolvimento da ferrugem, resultando em maiores valores de AUC para esses anos (Tabelas 15 e 16), principalmente para o ano de 2014/15 que foi o ano classificado com a maior média de AUC pelo teste de Tukey a 5% de significância.

Quanto aos três locais utilizados na pesquisa, foi observado que eles apresentaram médias contrastantes em ambas as tecnologias em termos de PCS, NDM, AUC e também para PG na tecnologia RR. Isso indicou que apesar da proximidade geográfica, esses locais possuem propriedades inerentes, relacionadas principalmente ao tipo de solo, que afetaram significativamente o comportamento dos genótipos em termos de PG, PCS, NDM e AUC, contribuindo positivamente na formação dos ambientes contrastantes para o estudo da interação genótipos x ambientes (GE) nesse trabalho. A E.E. Areão foi o local no qual foram encontradas as maiores médias de PCS tanto na tecnologia RR (14,57g) quanto na tecnologia convencional (15,08g). Já em termos de ciclo, a E.E. Anhumas foi o local que apresentou as menores médias de NDM (131 dias nas duas tecnologias), seguido sequencialmente pela ESALQ-sede e pela E.E. Areão, em ambas as tecnologias. Considerando as médias de AUC, o local E.E. Areão foi o que apresentou os menores valores (36,93 na tecnologia RR e 43,15 na tecnologia convencional), seguido respectivamente pela ESALQ-sede e pela E.E. Anhumas. Esses resultados evidenciam que a E.E. Anhumas foi o local no qual foram encontradas as maiores notas de severidade da ferrugem (220,78 na tecnologia RR e 272,79 na tecnologia convencional) e também foi o local em que os genótipos apresentaram menor ciclo médio (131 dias nas duas tecnologias) e podem estar relacionados, já que geralmente observa-se uma redução no ciclo médio de cultivares de soja sob ataque severo da ferrugem. Outro ponto que pôde ser notado foi que, na tecnologia RR, o local E.E. Anhumas apresentou a maior média em termos de PG (2856 kg.ha⁻¹) evidenciando que as condições físico-químicas do solo e o microclima da E.E. Anhumas são bastante favoráveis à produtividade de soja. Mas, relacionando a elevada produtividade dos genótipos RR na E.E. de Anhumas com o fato de também na E.E. de Anhumas os genótipos serem bastante

afetados pela ferrugem (local com maior média de AUC), fica evidente a existência de genótipos RR altamente tolerantes à ferrugem nesse conjunto de dados.

4.4.2. Caracterização dos genótipos

Na Tabela 17 são apresentados os valores absolutos do efeito ferrugem (EF) estimados para cada genótipo, na tecnologia RR e convencional, considerando os caracteres PG, PCS e NDM e também a média geral de cada manejo de fungicida simulando a ausência (OP) e a presença da ferrugem (D).

De maneira geral, foram observadas diferenças significativas ($p < 0,05$) pelo teste de Tukey entre as médias de OP e D para todos os caracteres em ambas as tecnologias avaliadas, sempre com a média de OP sendo superior à média de D. Isso evidenciou que a presença da ferrugem acarretou danos em todos os genótipos (convencionais e transgênicos) em termos de PG, PCS e NDM. Outros autores (SOARES et al., 2004; ARAÚJO e VELLO, 2010; YOKO-MIZO et al., 2013) também constataram que os caracteres PG e PCS são altamente afetados pela ferrugem.

Ainda na Tabela 17, observou-se que os valores positivos de EF foram variáveis: para PG, de 89 kg.ha⁻¹ a 1131 kg.ha⁻¹ na tecnologia RR e de 58 kg.ha⁻¹ a 1239 kg.ha⁻¹ na tecnologia convencional; para PCS, variaram de 0,11g a 2,94g na tecnologia RR e de 0,04g a 2,25g na tecnologia convencional; para NDM variaram de 0,82 a 5,34 dias na tecnologia RR e de 1,35 a 5,5 dias na tecnologia convencional. Esses resultados corresponderam a aproximadamente uma redução em PG de 2,65% a 38,79%, em PCS de 0,25% a 17,78% e em NDM de 0,62% a 3,89%. Inayati e Yusnawan (2016) verificaram reduções altas para PG em soja (de 5% a 89%) ocasionadas pela inoculação da ferrugem em ambientes controlados (casa-de-vegetação). Também foi observado que diversos genótipos apresentaram EF para PG, PCS e NDM significativos ($p < 0,05$) e altamente significativos ($p < 0,01$) pelo teste t pareado, indicando a existência de variações significativas para PG, PCS e NDM entre os dois manejos com diferentes fungicidas e evidenciando a existência de diferentes níveis de tolerância dos genótipos (em relação a diferentes raças do fungo), tanto RR quanto convencionais. Diversos autores também encontraram valores de EF significativos em trabalhos comparando PG e PCS simulando a presença e ausência da ferrugem ao nível de campo com o uso de fungicidas (UNFRIED, 2007; VIEIRA, 2009; ARAÚJO; VELLO, 2010; WYSMIERSKI, 2015).

Quanto à tolerância, os genótipos foram melhor classificados por meio das estimativas do índice ICT, já que os valores de EF negativos possivelmente indicaram apenas sensibilidade de certos genótipos ao(s) fungicida(s) utilizado(s) no manejo simulando a ausência da ferrugem, caracterizando provavelmente uma reação de fitotoxidade do genótipo a esse(s) fungicida(s), não contribuindo para informações sobre a tolerância desse genótipo.

Considerando o tipo da lesão, foram observados em todos os experimentos e em todos os genótipos apenas sintomas do tipo TAN, portanto, de acordo com Wysmierski (2015), as diferenças entre os valores de AUC encontradas para os genótipos indicaram diferentes níveis de resistência horizontal, ou seja, houve indícios de poligenes regendo o controle da resistência das linhagens RR e convencionais desse trabalho.

Nas Figuras de 4 a 6 são apresentados os valores médios de AUC (eixo das abscissas) e os valores do índice ICT (eixo das ordenadas) estimados considerando os caracteres PG (Figura 4), PCS (Figura 5) e NDM (Figura 6) para cada genótipo, plotados separadamente para o conjunto de dados da tecnologia RR e da tecnologia convencional. Nessas figuras, a mediana dos valores de AUC e ICT permitiram a separação do gráfico em quatro quadrantes que relacionaram as reações de resistência e tolerância desses genótipos à ferrugem, a saber: (Q1) genótipos que apresentaram simultaneamente valores altos de AUC e ICT (acima da mediana dos dados), classificados como genótipos suscetíveis e tolerantes; (Q2) genótipos que apresentaram baixos valores de AUC e altos valores de ICT, classificados como resistentes e tolerantes; (Q3) genótipos que apresentaram baixos valores de AUC e de ICT, classificados como resistentes e sensíveis; e, (Q4) genótipos que apresentaram valores altos de AUC e baixos de ICT, classificados como suscetíveis e sensíveis. A utilização da mediana dos dados para a formação de quadrantes visando a seleção de genótipos promissores para tolerância à ferrugem também foi explorada por outros autores (JARVIE; SHANAHAN, 2009; WYSMIERSKI, 2015). Logo os genótipos pertencentes ao quadrante Q2 foram os genótipos mais desejáveis, pois apresentaram baixos valores de AUC (abaixo da mediana dos dados), ou seja, baixa área foliar afetada pelos sintomas da ferrugem, mostrando serem resistentes e simultaneamente apresentaram altos valores de ICT, ou seja, exibiram um grande desvio positivo da linha de regressão entre os dois manejos com diferentes fungicidas e, por isso, também foram classificados como tolerantes.

De maneira geral, para o caráter PG (Figura 4), observando a disposição geral dos dados não se notou nenhuma tendência clara assumida pelos genótipos, tanto RR como convencionais. Foram classificadas, simultaneamente como resistentes e tolerantes, 12 linhagens RR, ou seja, as linhagens nº 1, 3, 4, 7, 10, 11, 14, 15, 20, 31, 35 e 42; entre as linhagens convencionais, destacaram-se 13 linhagens, com os nºs 56, 57, 60, 61, 67, 69, 76, 78, 79, 83, 84,

85 e 100. Isso evidenciou que nas duas tecnologias houve variabilidade disponível para seleção visando resistência e tolerância em termos de PG, permitindo a obtenção de genótipos promissores para essas características em igual magnitude.

Em termos de PCS (Figura 5), também não foi observada nenhuma tendência entre os genótipos, tanto RR como convencionais, uma vez que os genótipos mostraram-se bem distribuídos em todos os quadrantes. Foram obtidas 11 linhagens RR tolerantes e resistentes, a saber, as linhagens nº 1, 3, 7, 8, 10, 11, 19, 22, 34, 42 e 47; entre as linhagens convencionais um total de 15 linhagens mostraram-se tolerantes e resistentes, ou seja, as linhagens nº 51, 52, 56, 60, 61, 69, 73, 76, 78, 79, 80, 82, 83, 84 e 99.

Já para NDM (Figura 6), considerando a tecnologia convencional, observou-se que as linhagens convencionais estavam mais concentradas nos quadrantes Q3 e Q4 (19 e 20 linhagens experimentais, respectivamente) em comparação aos quadrantes Q1 e Q2 (6 e 7 linhagens experimentais, respectivamente). No conjunto de dados da tecnologia RR não foi observada nenhuma tendência entre os genótipos, evidenciando a possibilidade das linhagens convencionais serem menos tolerantes em termos de NDM que as linhagens RR, ou seja, na presença da ferrugem, as linhagens convencionais apresentaram uma redução maior no ciclo médio do que as linhagens RR. Foram classificadas como resistentes e tolerantes em termos de NDM 15 linhagens RR (nº 1, 3, 5, 6, 8, 10, 11, 12, 16, 18, 20, 22, 35, 42 e 47) e sete linhagens convencionais (nº 51, 56, 69, 76, 79, 80 e 82).

Os maiores destaques envolveram as linhagens RR nº 1, 3, 10, 11 e 42 e as linhagens convencionais nº 56, 69, 76 e 79, como os genótipos que foram classificados como resistentes e tolerantes à ferrugem considerando os caracteres PG, PCS e NDM conjuntamente. Esse resultado mostrou que certamente essas linhagens possuem genes que garantiram uma ampla resistência horizontal e tolerância à ferrugem e, portanto, são as linhagens mais promissoras desse conjunto geral de dados, sendo as mais indicadas para serem usadas como genitores em programas futuros com o intuito de melhorar características de resistência e tolerância à ferrugem em termos de PG, PCS e NDM conjuntamente.

4.4.3. Correlação entre caracteres e medidas de tolerância/resistência

Na Figura 7 é apresentado um *heatmap* contendo todos os coeficientes de correlação de Pearson e as suas respectivas significâncias, relacionando as estimativas de EF para PG (EFPg, em kg.ha⁻¹), PCS (EFPCS, em g) e NDM (EFNDM, em dias), os índices ICT estimados

também para PG (ICTPG), PCS (ICTPCS) e NDM (ICTNDM) e os valores genotípicos preditos para PG (VGPG, em kg.ha⁻¹), PCS (VGPCS, em g), NDM (VGNDM, em dias) e AUC (VGAUC). Nessa figura 7, valores positivos de correlação apresentam coloração avermelhada e a intensidade da cor vermelha aumenta com o aumento da magnitude da correlação, já correlações negativas apresentam coloração azulada e a intensidade da cor azul é maior quanto mais negativa for a correlação.

Observou-se correlações de alta magnitude (-0,8), negativas e altamente significativas ($p < 0,01$) entre o EFPG e o índice ICTPG. A correlação entre EFPCS e ICTPCS também foi de alta magnitude (-0,6), negativa e significativa ($p < 0,01$). A correlação entre EFNDM e ICTNDM também foi negativa, altamente significativa ($p < 0,01$), mas apresentou magnitude intermediária (-0,5). Esses resultados indicaram que os índices ICT e os EF estimados para cada caráter foram altamente correlacionados, o que era esperado, já que ambas as estimativas representam diferentes níveis de tolerância dos genótipos à ferrugem, mas com escalas interpretadas em sentidos opostos, ou seja, quanto menor o EF, menos afetado o genótipo foi pela ferrugem e maior a tolerância desse genótipo, já considerando o índice ICT, quanto maior e positivo for esse índice, maior a tolerância desse genótipo.

Outra correlação observada foi entre EFPG e EFPCS, que foi positiva, significativa ($p < 0,05$) e de baixa magnitude (0,2), indicando uma pequena tendência de que em alguns casos a ferrugem afetou PG e PCS na mesma direção, ou seja, alguns genótipos que apresentaram redução na produtividade de grãos por efeito da ferrugem também apresentaram uma leve redução no tamanho de suas sementes por conta da doença.

Destacou-se também a correlação entre EFPG e VGNDM com um valor de baixa magnitude (0,2), mas positivo e significativo ($p < 0,05$) o que evidenciou uma leve tendência dos genótipos mais precoces serem mais tolerantes à ferrugem em termos de PG. Isso também foi observado por Wysmierski (2015) e foi relacionado ao evento de “escape” dos genótipos à presença do fungo *Phakopsora pachyrhizi*, ou seja, os genótipos que apresentaram um ciclo mais curto escaparam de um ataque mais severo da ferrugem, o que gerou uma aparente tolerância em termos de PG. Mas, paralelamente, a correlação positiva, significativa ($p < 0,05$) e de baixa magnitude (0,2) entre EFNDM e ICTPG evidenciou que alguns genótipos bastante afetados pela ferrugem em termos de NDM, com reduções no comprimento total do ciclo na presença da doença, apresentaram também uma leve tendência de serem mais tolerantes à ferrugem em termos de PG. Analisando conjuntamente esses fatos, pôde-se notar que a tolerância à ferrugem em termos de PG nesse trabalho foi uma combinação da capacidade intrínseca dos próprios

genótipos em suportar certos níveis da doença sem alterar sua produtividade e também da capacidade de evitar um ataque mais severo apresentada por genótipos de menor ciclo médio.

A correlação entre ICTPG e VGPG, positiva, média (0,4) e altamente significativa ($p<0,01$), também indicou que a tolerância à ferrugem em termos de PG está relacionada diretamente com o valor absoluto de produtividade dos genótipos, ou seja, genótipos mais produtivos, apresentaram maiores chances de serem tolerantes à ferrugem. Interpretação semelhante pôde ser observada levando em consideração o tamanho de sementes já que a correlação entre ICTPCS e VGPCS foi significativa ($p<0,05$), positiva, mas de baixa magnitude (0,2), ou seja, evidenciando que em alguns casos os genótipos que apresentaram um maior tamanho de sementes, também foram mais tolerantes à ferrugem em termos de PCS.

Em termos de resistência, foram observadas correlações significativas ($p<0,01$), de alta magnitude e negativas entre VGAUC e VGNDM (-0,6), significativas ($p<0,05$), de baixa magnitude e negativas entre VGAUC e VGPG (-0,2) e significativas ($p<0,01$), de média magnitude e positivas entre VGAUC e EFNDM (0,4). Essas correlações indicaram que genótipos que apresentaram muitos sintomas da ferrugem (elevados valores de AUC) e que foram classificados como suscetíveis à doença, tiveram uma redução significativa em seu ciclo médio (EFNDM significativo), acarretando em valores genotípicos de NDM menores e também apresentaram uma leve tendência de serem menos produtivos (PG).

4.5. Análise de adaptabilidade e estabilidade

4.5.1. GGE-biplot

4.5.1.1. Considerações gerais sobre o método GGE-biplot

A partir dos resultados obtidos nas ANADEV e também dos cálculos das médias fenotípicas ajustadas e dos valores genotípicos das linhagens em cada ambiente, para os caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS), número de dias para a maturidade (NDM) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC), foram realizadas as análises de adaptabilidade e estabilidade via modelo GGE biplot.

Como descrito anteriormente (item 3.6.5.1) foram realizadas duas abordagens, uma considerando as médias fenotípicas das linhagens (G+GE fenotípico) e outra considerando seus valores genotípicos em cada ambiente (G+GE genotípico). Na abordagem considerando as médias fenotípicas, a porcentagem acumulada pelos dois primeiros componentes principais PC1 e

PC2 (Tabela 18) explicaram, para PG, 54,48% (29,98% + 24,50%) da variação total existente na tabela de dupla entrada (efeitos de G+GE) da tecnologia RR e 45,34% (25,00% + 20,34%) na tecnologia convencional; por outro lado, na abordagem considerando os valores genotípicos, os valores de PC1 e PC2 somados (Tabela 19) explicaram para PG 67,16% (47,09% + 20,07%) da variação total existente na tecnologia RR e 59,96% (43,74% + 16,21%) na tecnologia convencional. Com isso, notou-se que o modelo GGE considerando os valores genotípicos de PG das linhagens explicou 23,27% e 32,22% a mais, respectivamente para as tecnologias RR e convencional, da variância total da interação dos genótipos com os ambientes (interação GE), que o modelo GGE aplicado às médias fenotípicas de PG.

O mesmo padrão observado para PG, também foi verificado para os demais caracteres. Assim, na avaliação de PCS foram encontradas as porcentagens acumuladas explicadas por PC1 e PC2 de 78,34% (49,52% + 28,82%) para a tecnologia RR e 66,84% (43,29% + 23,55%) para a tecnologia convencional nas análises realizadas com as médias fenotípicas e nas análises considerando os valores genotípicos foram obtidas porcentagens acumuladas explicadas por PC1 e PC2 de 83,08% (60,14% + 22,94%) para a tecnologia RR e 76,10% (58,74% + 17,36%), equivalente a um aumento na variação explicada pelo modelo genotípico de 6,05% para a tecnologia RR e 13,85% para a tecnologia convencional. Na avaliação de NDM foram encontradas as porcentagens acumuladas explicadas por PC1 e PC2 de 90,88% (87,21% + 3,67%) para a tecnologia RR e 85,89% (75,93% + 9,96%) para a tecnologia convencional nas análises realizadas com as médias fenotípicas e de 94,98% (92,92% + 2,06%) para a tecnologia RR e 89,27% (81,60% + 7,67%) nas análises considerando os valores genotípicos, configurando um aumento na variação explicada pelo modelo genotípico de 4,51% para a tecnologia RR e 3,93% para a tecnologia convencional. E, por último, na avaliação do caráter AUC foram encontradas as porcentagens acumuladas explicadas por PC1 e PC2 de 83,36% (69,47% + 13,89%) para a tecnologia RR e 86,28% (64,55% + 21,73%) para a tecnologia convencional nas análises realizadas com as médias fenotípicas e de 90,04% (86,21% + 3,83%) para a tecnologia RR e 93,08% (89,91% + 3,17%) nas análises considerando os valores genotípicos, mostrando um aumento na variação explicada pelo modelo genotípico de 8,01% para a tecnologia RR e 7,88% para a tecnologia convencional.

Esses resultados comprovaram que a utilização dos valores genotípicos e/ou dos efeitos genéticos (BLUPs de genótipos somados aos BLUPs da interação) na análise GGE gerou gráficos biplot que conseguiram captar melhor os efeitos da interação genótipos x ambientes, apresentando um maior potencial nos estudos de adaptabilidade e estabilidade do que a utilização das médias fenotípicas ajustadas, corroborando o que foi observado por Balestre et al.

(2010) através de validação cruzada em estudo da interação GE sobre genótipos endogâmicos de arroz. Também revelaram que a decomposição de valores singulares (DVS) dos efeitos da matriz G+GE apresentou menor eficiência para o caráter PG em relação aos demais caracteres (PCS, NDM e AUC) nas duas abordagens (médias fenotípicas e valores genéticos) e para as duas tecnologias (tecnologia RR e convencional), já que valores de PC1 e PC2 acumulados conseguiram explicar para PCS, NDM e AUC uma porcentagem da variação total sempre maior que para o caráter PG (Tabelas 18 e 19).

Em relação à magnitude de valores, de acordo com Yang, Crossa e Cornelius (2009), quando PC1 e PC2 capturam uma porcentagem pequena da variância total, há uma baixa confiabilidade dos padrões identificados no biplot construído com esses dois componentes. Mas Gauch (1988) afirma que são os dois primeiros eixos singulares da decomposição os responsáveis por capturarem a maior porcentagem do “padrão” que explica a variação de interesse, sendo o restante dos eixos responsáveis pelo incremento de “ruídos”, ou seja, pôde-se afirmar que os valores da variação GE não explicados por PC1 e PC2 para PG, PCS, NDM e AUC representaram em sua maioria “ruídos” das análises, e foram interpretados como contaminações da matriz de interações original por fatores imprevisíveis (OLIVEIRA et al., 2006). Assim, para a construção de todos os biplots (para PG, PCS, NDM e AUC) foram utilizados apenas PC1 e PC2, que segundo Piepho (1997) é sempre mais vantajoso, mesmo sabendo que os demais eixos também podem ser estatisticamente significativos.

Avaliando a estabilidade e a adaptabilidade de 20 linhagens de feijão-caupi em 47 locais para produtividade de grãos, Carvalho (2015) obteve uma proporção acumulada de 35,01% de explicação da variação total por PC1 e PC2. Oliveira (2015), também utilizando a metodologia GGE-biplot, obteve porcentagens explicadas por PC1 e PC2 respectivamente de 41,57% e 31,76% para PG e de 52,11% e 28,7% para PCS, na avaliação de 33 genótipos de soja em três ambientes. Yokomizo et al. (2013) avaliando 28 genótipos de soja em 12 ambientes através da metodologia AMMI obteve para PC1 e PC2, respectivamente 44% e 13% de explicação da variação total para PG. Portanto, os valores encontrados nesse trabalho das porcentagens da variação explicadas pelos dois primeiros eixos (PC1 e PC2) para PG, PCS, NDM e AUC, tanto na abordagem utilizando médias fenotípicas ajustadas (Tabela 18) como valores genotípicos (Tabela 19), em ambas as tecnologias, além de estarem dentro da variação comumente observada em pesquisas de mesma natureza (CARVALHO, 2015; OLIVEIRA, 2015; YOKOMIZO et al., 2013), puderam ser considerados suficientes para explicar os padrões da interação GE de interesse nesse trabalho, até para o caráter PG que obteve valores acumulados menores, de forma que as análises gráficas de estabilidade e adaptabilidade foram realizadas

considerando apenas os dois primeiros eixos da interação GE, com uma boa confiabilidade de interpretação.

Mas, levando em consideração o fato de que os padrões de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos obtidos nos biplots construídos com médias fenotípicas ajustadas foram semelhantes aos padrões obtidos nos biplots construídos utilizando valores genotípicos, para as interpretações finais e verificação dos padrões de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos foram utilizados apenas os biplots obtidos na abordagem utilizando os valores genotípicos, para as tecnologias RR e convencional, já que os mesmos permitiram explorar melhor a variação disponível (PC1 e PC2 explicaram maior porcentagem acumulada da variação total). O menor poder preditivo da utilização de médias fenotípicas em relação ao uso de médias genotípicas em estudos de adaptabilidade e estabilidade utilizando a metodologia GGE-biplot também foi observado por Balestre et al. (2010). Os biplots obtidos na abordagem GGE aplicada à matriz de médias fenotípicas ajustadas estão apresentados nos Apêndices Q até T.

4.5.1.2. Adaptabilidade via GGE-biplot

Nas Figuras 8 e 9 são apresentados os biplots do tipo *wich-won-where* obtidos para as tecnologias RR e convencional considerando os caracteres PG (Figura 8) e PCS (Figura 9), ambos construídos com a abordagem de modelos mistos, ou seja, com o modelo GGE aplicado à matriz de valores genotípicos (considerando BLUPs de genótipos somados aos BLUPs da interação). Os biplots do tipo *wich-won-where* para os caracteres NDM e AUC não foram considerados na discussão, pois a interpretação desse tipo de biplot para esses caracteres em específico não trouxeram nenhuma informação adicional pertinente. Os biplots apresentados nas Figuras 8 e 9 foram construídos considerando o ambiente centrado dois, escala zero (sem escala) e PVS (particionamento em valor singular) dois (fornecendo prioridade aos efeitos dos ambientes). Nas Figuras 8 e 9, as linhagens RR estão identificadas pelos números 1 a 50 na coloração vermelha, as linhagens convencionais estão identificadas pelos números 51 a 100 na coloração azul, enquanto que os ambientes estão representados por textos alfanuméricos na cor preta iniciando com a letra “E”.

Nos biplots do tipo *wich-won-where*, as linhas retas que ligaram a origem do biplot ao ponto da colocação de um determinado ambiente ou de um determinado genótipo foram chamadas, respectivamente, de “vetor de ambiente” e “vetor de genótipo”, como também usado por Hogyu et al (2015). A partir desses vetores foi possível observar as interações específicas

entre cada genótipo e cada ambiente estudado. Como interpretação geral desse tipo de biplot, tem-se que o desempenho de um genótipo qualquer em um dado ambiente é considerado melhor que a média desse ambiente se o ângulo formado entre o vetor desse genótipo e o vetor do ambiente for menor que 90° ; se esse ângulo for igual a 90° o genótipo apresenta um desempenho intermediário; já se esse ângulo for maior que 90° , o desempenho desse genótipo nesse ambiente é menor do que a média (YAN; TINKER, 2006; YAN, 2011). Considerando apenas os vetores dos ambientes, os ângulos formados entre vetores de diferentes ambientes representam a correlação que existe entre eles, de forma que quanto menor o ângulo formado, mais correlacionado são esses ambientes (YAN; TINKER, 2006).

Assim, os biplots *wich-won-where* permitiram o agrupamento visual dos ambientes com divisão em sub-regiões significativas, de modo que a interação GE pudesse ser melhor explorada. Para a construção desse tipo de biplot os genótipos que estavam nos pontos mais extremos do gráfico foram interligados formando um polígono. Retas saindo da origem do biplot e perpendiculares aos lados do polígono foram traçadas e dividiram o gráfico em setores (ALWALA et al., 2010). Os ambientes alocados em um mesmo setor compuseram um mega-ambiente (YAN, 2011). Todos os genótipos que ficaram alocados dentro de um determinado setor compreenderam os genótipos com melhor adaptação a aquele grupo de ambientes, ou seja, adaptados a aquele mega-ambiente. Nos vértices e nas linhas laterais do polígono ficaram identificados os melhores genótipos em termos de adaptabilidade ao mega-ambiente no qual estava inserido. Para visualizar melhor os ângulos de correlação entre os diferentes ambientes foram construídas as Figuras 10 (para o caráter PG) e 11 (para PCS) representando os biplots do tipo *Relationship among environments*, considerando também o ambiente centrado dois, escala zero e PVS dois.

Para o caráter PG avaliado na tecnologia RR (Figura 8a), os vértices do polígono foram formados pelos genótipos de nº 1, 15, 22, 27, 33, 35, 40 e T12. Os 12 ambientes foram agrupados em três mega-ambientes pelas linhas que saíram da origem do biplot, a saber os grupos: (i) E1, E2, E3, E4, E5 e E6, (ii) E7, E8 e E9 e (iii) E10, E11 e E12. Os demais setores formados pelas linhas perpendiculares ao polígono que não contem ambientes compreenderam os genótipos que não foram produtivos em nenhum ambiente, ou seja, nesses setores estão alocados os piores genótipos em relação a PG em alguns ou todos os ambientes. De maneira geral, observando a divisão dos mega-ambientes da Figura 8a e os ângulos de correlação entre os ambientes na Figura 10a, pôde-se concluir que o efeito de anos foi muito forte na caracterização dos mega-ambientes para PG, fator esse também observado por Yokomizo et al. (2013) utilizando a metodologia AMMI para avaliar os efeitos da interação GE sobre a produtividade de grãos em

soja. Em relação à adaptabilidade, destacaram-se os genótipos de nº 11 e 15 como vértices do mega-ambiente “i” sendo, portanto, os genótipos que tiveram o melhor desempenho genotípico nesse grupo de ambientes em termos de PG, ou seja, os genótipos mais adaptados em termos de produtividade de grãos a esse mega-ambiente. Já no mega-ambiente “ii” destacou-se o genótipo nº 27 com maior valor genotípico para PG. Finalmente, no mega-ambiente “iii” destacou-se o genótipo nº 40 com o maior valor genotípico para PG. Os genótipos RR que apresentaram os piores valores genotípicos para PG nesse conjunto de ambientes foram as linhagens de nº 1, 22, 33, 35 e a testemunha T12.

Considerando o caráter PG avaliado na tecnologia convencional (Figura 8b), os vértices do polígono foram formados pelos genótipos de nº 57, 58, 69, 70, 76, 86, 98 e T12. Os 12 ambientes foram agrupados em três mega-ambientes, a saber os grupos: (i) E1, E2, E3, E4, E5, E6, E7, E8 e E9; (ii) E10; e, (iii) E11 e E12. Com auxílio da Figura 10b, observou-se que não houve nenhuma tendência clara assumida entre a os efeitos de anos, locais e manejos com diferentes fungicidas no desdobramento dos ambientes. Em relação à adaptabilidade, destacou-se a linhagem nº 86 como o genótipo convencional mais amplamente adaptado em termos de PG, pois mostrou adaptabilidade a nove ambientes dentre os 12 considerados nesse trabalho. Repetindo o desempenho apresentado na tecnologia RR, também na tecnologia convencional, a testemunha T12 (TMG 4001 RR) apresentou um dos piores valores genotípicos, não sendo adaptada a nenhum ambiente dessa pesquisa.

Para o caráter PCS avaliado na tecnologia RR (Figura 9a), foram formados três mega-ambientes, a saber: (i) E1, E2, E3 e E4; (ii) E5, E6 e E10; e, (iii) E7, E8, E9, E11 e E12. Mas, observando também os “vetores de cada ambiente”, fica evidente que mesmo dentro do mega-ambiente “i”, há uma certa proximidade entre os ambientes E1 e E2 (avaliados no local ESALQ-sede no ano de 2013/14) e entre os ambientes E3 e E4 (avaliados no local E.E Areão, no ano de 2013/14), demonstrando que a correlação entre esses ambientes próximos é grande. Também se observa, com auxílio da Figura 11a, que no mega-ambiente “ii” há maior correlação entre os ambientes E6 e E10 (avaliados no local ESALQ-sede); já no mega-ambiente “iii” há uma maior proximidade entre os pares de ambientes E9 e E12 (avaliados no ano agrícola 2015/16) e E8 e E11 (avaliados no local E.E. Anhumas). Isso demonstrou que a separação de mega-ambientes foi, a princípio, fortemente influenciada pelo efeito de anos, mas houve também o efeito secundário de locais correlacionando os dados avaliados em um mesmo local. Quanto aos genótipos, destacaram-se com maior valor genotípico de PCS as linhagens RR de nº 15 no mega-ambiente “i”, a linhagem nº 24 no mega-ambiente “ii” e as linhagens de nº 17, 41 e 39 no mega-ambiente “iii”.

Considerando as linhagens convencionais avaliadas para o caráter PCS (Figura 9b), na construção do biplot foram formados dois mega-ambientes, a saber: (i) E1, E2, E3, E4, E5 e E6; (ii) E7, E8, E9, E10, E11 e E12. Também se notou, com auxílio da Figura 11b, que houve uma maior correlação entre os ambientes E2, E3 e E4 (avaliados no ano agrícola 2013/14) no mega-ambiente “i” e entre os ambientes E7, E9 e E11 (avaliados na ausência da ferrugem, nos anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16) e dos ambientes E8, E10 e E12 (avaliados na presença da ferrugem, nos anos agrícolas de 2014/15 e 2015/16) no mega-ambiente “ii”. Isso novamente evidenciou que o efeito de anos agiu fortemente na separação dos mega-ambientes para PCS, mas também foi observado que a presença ou ausência da ferrugem, apesar de não influenciar na separação dos mega-ambientes, foi bastante expressiva sobre o caráter PCS avaliado na tecnologia convencional, expondo uma maior correlação entre ambientes que tiveram uma mesma condição de presença ou ausência da doença (Figura 11b). O fato do caráter PCS ser bastante influenciado pela ferrugem também já foi observado por outros autores (WYSMIERSKI, 2015; ARAÚJO, 2010). Quanto aos genótipos, as linhagens convencionais destacadas com maior valor genotípico para PCS foram, a linhagem nº 61 no mega-ambiente “i” e as linhagens de nº 69, 88 e 91 no mega-ambiente “ii”.

4.5.1.3. Estabilidade via GGE-biplot

De acordo com Yan et al. (2007) e Yan (2011), o biplot do tipo “Média *versus* Estabilidade” é uma eficiente ferramenta para avaliar genótipos em ambos os aspectos. Nesse tipo de biplot, a linha com uma seta que passa pelo ponto da origem do biplot é designada de “eixo do ambiente-médio” e aponta para o maior desempenho dos genótipos. A linha que cruza perpendicularmente o eixo do ambiente-média na origem do biplot, representa a média geral de desempenho dos genótipos juntamente com a variabilidade do desempenho médio, em ambas as direções. Quanto mais distante o genótipo estiver da média em direção ao sentido da seta, maior é o valor que o genótipo apresenta para o caráter; em contrapartida, quanto mais afastado no sentido oposto ao da seta, menor é esse valor. Em termos da estabilidade (variação de desempenho em relação ao ambiente médio), quanto mais próximo o genótipo estiver do eixo do ambiente-médio, menor sua variação de desempenho para o conjunto de ambientes considerado, ou seja, mais estável é o genótipo; em compensação, quanto mais afastado do eixo do ambiente-médio, mais instável é o genótipo.

As Figuras 12 a 15 apresentam os biplots do tipo “média *versus* estabilidade” para os caracteres PG (Figura 12), PCS (Figura 13), NDM (Figura 14) e AUC (Figura 15), construídos para ambos os conjuntos de linhagens, RR e convencional. Todos esses biplots foram construídos considerando o ambiente centrado dois, escala zero (sem escala) e PVS (particionamento em valor singular) um, ou seja, os valores singulares foram compartimentados dando prioridade para os escores genotípicos (YAN, 2011). Também, para auxiliar a classificar os genótipos conjuntamente para PG e estabilidade em ambas as tecnologias, foi utilizado o biplot do tipo *Rank genotypes with reference to the ideal genotype* (ou também denominado de “*Ranking* para o genótipo ideal”), que é semelhante ao biplot do tipo “média *versus* estabilidade” mas adiciona a ele círculos concêntricos sobre o eixo do ambiente-médio. O centro desses círculos representa o genótipo ideal, ou seja, o genótipo mais produtivo e estável para esse conjunto de dados. Quanto mais próximo estiver o genótipo do centro desses círculos, mais desejável em termos de produtividade e estabilidade é esse genótipo. Os biplots do tipo “*Ranking* para o genótipo ideal” para PG foram apresentados na Figura 16 (para PG avaliado nas duas tecnologias) e também foram construídos considerando o ambiente centrado dois, escala zero e PVS um.

Na Figura 12a os genótipos RR foram classificados do maior para o menor valor genotípico predito para PG na seguinte ordem numérica: 27 > 21 > 38 > 15 > 39 > 32 > 46 > 42 > 40 > 34 > 31 > 10 > ... > média geral > ... > 18 > T12 > 45 > 23 > 17 > 33 > 22. Analisando conjuntamente PG e estabilidade, e com auxílio da Figura 13a, destacaram-se as linhagens RR de nº 21, 27, 42 e 46 apresentando os maiores valores genotípicos para PG conjuntamente a elevados níveis de estabilidade nos diferentes ambientes. Observou-se também que as linhagens de nº 21 e 27 foram as que mais se aproximaram de serem os ideótipos desse conjunto de dados (Figura 16a). A linhagem 15, apesar de ser o quarto colocado em termos de produtividade foi um genótipo altamente instável. Os piores genótipos para serem recomendados em termos de PG foram os genótipos de nº 17, 22, 23, 33 e 45, pois apresentaram os menores valores genotípicos para PG, apesar dos genótipos 17, 45 e 22 serem bastante estáveis.

Para o conjunto de linhagens convencionais, observa-se na Figura 12b que o ordenamento dos genótipos do maior para o menor valor genotípico para PG foi numericamente: 86 > 76 > 69 > 77 > 96 > 60 > ... > média geral > ... > 53 > 87 > 74 > 57 > 95 > T12. Considerando apenas o alto nível de estabilidade, os destaques foram as linhagens convencionais de nº 56, 57, 61, 73, 76, 87, 93 e 94 como os genótipos mais estáveis do conjunto total dos 50 genótipos convencionais. Mas, analisando conjuntamente PG e estabilidade, destacou-se apenas o genótipo nº 76 como o mais produtivo e estável de todos, sendo considerado o ideótipo desse conjunto de dados (Figura 16b). A linhagem nº 86, apesar de ser o genótipo que apresentou o maior

valor genotípico para PG, não apresentou um elevado grau de estabilidade. Os genótipos de nº 69, 77 e 96 também apresentaram elevados valores de PG e um aceitável nível de estabilidade. As piores linhagens convencionais para serem recomendados em termos de PG e estabilidade foram as de nº 57, 74 e 95.

Considerando o caráter PCS, não só valores de PCS altos são desejados pelos melhoristas, mas também valores baixos e médios, de forma a obter variabilidade a ser explorada visando atender as diferentes exigências dos mercados consumidores. Assim, as linhagens que apresentaram elevados níveis de estabilidade para o tamanho de sementes foram ordenadas dos maiores para os menores valores genotípicos de PCS, na tecnologia RR (Figura 13a) numericamente: 42 > 44 > 31 > 30 > 29 > 21 > 38 > 49 > 22; já na tecnologia convencional (Figura 13b) obteve-se a seguinte ordem numérica: 69 > 86 > 89 > 51 > 63 > 53 > 75 > 57 > 78 > 80 > 62.

Para NDM (Figura 14) observou-se que as linhagens RR (Figura 14a) estavam mais concentradas próximas ao eixo do ambiente-médio do que as linhagens convencionais (Figura 14b), mostrando uma aparente maior estabilidade das linhagens RR em relação às linhagens convencionais em termos de NDM. Outro fator que pôde ser observado foi que as testemunhas T09 (M-SOY 7908 RR) e T12 (TMG 4001 RR) mostraram-se altamente estáveis para NDM quando avaliadas em ambas as tecnologias. Juntando essas informações, pôde-se caracterizar uma possível tendência da tecnologia da soja RR ser mais estável que a tecnologia convencional em termos de NDM, mas ao se pensar em variabilidade para ser explorada pela seleção, em ambas as tecnologias foram encontradas linhagens com destaques conjuntamente para estabilidade em ciclo e precocidade, ordenadas do menor para o maior valor genotípico de NDM: na tecnologia RR, destaque para as linhagens de nº 24 < 1 < 4 < 29 < 10; já na tecnologia convencional, destacaram-se as linhagens de nº 95 < 90 < 62.

E para o caráter AUC (Figura 15), observou-se uma leve tendência de a tecnologia convencional ser mais estável que a tecnologia RR, pois de maneira geral as linhagens convencionais estavam concentradas mais próximas ao eixo do ambiente-médio e, além disso, a testemunha T12 (TMG 4001 RR) mostrou uma maior instabilidade quando avaliada junto às linhagens da tecnologia RR. Mas, também em ambas as tecnologias houveram destaques de linhagens classificadas com baixos valores genotípicos de AUC (maior resistência horizontal à ferrugem) conjuntamente com elevados níveis de estabilidade de sintomas ao longo dos ambientes na presença da ferrugem, a saber: na tecnologia RR (Figura 15A), as linhagens de nº 5, 8, 10, 11, 12, 14, 19, 24 e 47, principalmente a linhagem nº 11, como o menor valor de AUC desse

conjunto; já na tecnologia convencional (Figura 15B), os melhores destaques foram as linhagens nº 51, 56, 61, 67, 76 e 82.

4.5.1.4. Discriminação e representatividade dos ambientes de teste via GGE-biplot

Quando dados multi-ambientes são avaliados, um ponto de grande importância é a identificação de ambientes de teste que podem ser utilizados para selecionar genótipos superiores de forma eficaz. Esses ambientes se caracterizam por apresentar alta discriminação dos genótipos, ou seja, ser bastante informativos quanto às diferenças entre os genótipos e também por apresentar elevada representatividade, ou seja, o quanto esse ambiente representa o grupo dos demais ambientes e o biplot do tipo “Discriminação e Representatividade” é uma ferramenta eficaz para definir os melhores ambientes para a avaliação dos genótipos (FRUTOS et al., 2014). Nesse tipo de biplot, o comprimento do vetor de um determinado ambiente está altamente relacionado ao desvio padrão das médias dos genótipos, ou seja, é proporcional à variância observada no ambiente, a qual pode ser utilizada para medir o quanto esse ambiente em questão é discriminativo em relação aos genótipos (YAN, 2011). Assim, quanto mais longo for o vetor de determinado ambiente em relação à origem do biplot, mais discriminante é o referido ambiente. Já a representatividade é medida nesse tipo de biplot em relação ao “eixo do ambiente-médio” (reta com uma seta), ou seja, quanto menor o ângulo entre o vetor do referido ambiente e o eixo do ambiente-médio, maior é a representatividade desse ambiente teste em questão.

As Figuras 17 a 20 apresentam os biplots do tipo “Discriminação e Representatividade” dos ambientes, respectivamente para os caracteres PG (Figura 17), PCS (Figura 18), NDM (Figura 19) e AUC (Figura 20). Todos esses biplots foram construídos considerando o ambiente centrado dois, escala zero (sem escala) e PVS (particionamento em valor singular) dois, ou seja, os valores singulares foram compartimentados para os escores ambientais (YAN, 2011).

Considerando o caráter PG avaliado na tecnologia RR (Figura 17a), observou-se de maneira geral que os ambientes apresentaram uma magnitude semelhante na discriminação dos genótipos RR, havendo pequenas oscilações. Destacou-se para esse conjunto de dados o ambiente E8 (2014/15, E.E. Anhumas e presença da ferrugem), como o mais discriminante e repre-

sentativo. Ainda para o caráter PG, avaliado na tecnologia convencional (Figura 17b) destacaram-se os ambientes E5, E7, E8, E11 e E12 como os ambientes mais discriminantes para o conjunto de linhagens convencionais, sendo os ambientes E7 (2014/15, E.E. Anhumas e ausência da ferrugem) e E8 (2014/15, E.E. Anhumas e presença da ferrugem) os mais discriminantes e representativos simultaneamente. Desdobrando-se o efeito de ambientes em locais, notou-se que os ambientes E7, E8, E11 e E12 compreendem os dados avaliados no local E.E. Anhumas, ou seja, esse local aparentemente foi o que mais contribuiu com informações sobre as diferenças entre os genótipos convencionais em termos de PG.

Em termos de PCS (Figura 18), destacou-se o ambiente E6 (2014/15, ESALQ-sede e presença da ferrugem) como o mais discriminante e representativo tanto para os genótipos avaliados na tecnologia RR (Figura 18a) como para os genótipos avaliados na tecnologia convencional (Figura 18b) mas, de maneira geral, não foi assumida nenhuma tendência clara entre os demais ambientes. Para NDM (Figura 19), também não foi observada nenhuma tendência clara assumida pelos ambientes em termos de discriminação e representatividade, havendo destaques apenas dos ambientes E7 (2014/15, E.E. Anhumas e ausência da ferrugem) na tecnologia RR (Figura 19a) e do ambiente E3 (2013/14, E.E. Areão e ausência da ferrugem) na tecnologia convencional (Figura 19b), simultaneamente como os ambientes mais discriminantes e representativos. Já para AUC, observou-se nas tecnologias RR (Figura 20a) e convencional (Figura 20b) que o ambiente E12 (2015/16, E.E. Anhumas e presença da ferrugem) foi considerado o ambiente mais discriminante de todos, mas não o mais representativo; neste sentido, concomitantemente para discriminação e representatividade em termos de AUC destacaram-se os ambientes E6 (2014/15, ESALQ-sede e presença da ferrugem) e E10 (2015/16, ESALQ-sede e presença da ferrugem) em ambas as tecnologias, sendo considerados os melhores ambientes para realizar a seleção visando à resistência de genótipos à ferrugem.

4.5.2. MHPRVG

Nas Tabelas 20 a 23 são apresentadas as classificações das linhagens RR e convencionais com base na estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e, simultaneamente, para estabilidade e adaptabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) para os caracteres PG (Tabela 20), PCS (Tabela 21), NDM (Tabela 22) e AUC (Tabela 23), bem como os valores das estimativas MHPRVG expressos na unidade de cada caráter (MHPRVG*MG). Considerando os caracteres PG e PCS, os genótipos foram ordenados dos maiores para os menores valores de

MHVG, PRVG e MHPRVG, enquanto que para os caracteres NDM e AUC, os genótipos foram ordenados do menor valor para o maior valor dessas estimativas. Também são apresentados nas Figuras 21 a 24 os valores de coeficiente de correlação de postos de Spearman entre as estimativas MHVG, PRVG, MHPRVG e os valores genotípicos (VG), considerando os caracteres PG (Figura 21), PCS (Figura 22), NDM (Figura 23) e AUC (Figura 24).

De maneira geral, para todos os caracteres observou-se que os ordenamentos dos genótipos RR e convencionais por MHVG, PRVG e MHPRVG foram muito próximos, havendo bastante concordância nas indicações dos melhores e dos piores genótipos para essas estimativas, como pode ser evidenciado pelos valores altos (maiores que 0,97), positivos e altamente significativos ($p < 0,01$) das correlações de Spearman apresentadas para os caracteres PG (Figura 21), PCS (Figura 22), NDM (Figura 23) e AUC (Figura 24).

Também foi observado nas Figuras 21 a 24 que o ordenamento dos genótipos em termos de valor genotípico (VG) livres do efeito da interação (apresentados nas Tabelas 11 a 14) assemelhou-se muito ao ordenamento via MHPRVG, ao ponto que foram obtidas correlações de Spearman positivas, altamente significativas ($p < 0,01$) e maiores que 0,98 entre esses ordenamentos, indicando que os genótipos que apresentaram os maiores valores de PG, PCS e os menores valores de NDM e AUC também foram os melhores genótipos para adaptabilidade e estabilidade. Resultados similares foram obtidos por Mendes et al. (2012) e Almeida Filho et al. (2014) considerando o caráter produtividade.

Com uma intensidade de seleção de 10% para PG (Tabela 20), a metodologia MHPRVG permitiu a seleção das seguintes linhagens RR, do maior para o menor valor de estimativa, numericamente: $27 > 21 > 38 > 32 > 42$; já entre as linhagens convencionais destacaram-se aquelas de nº $86 > 76 > 69 > 77 > 96$, como sendo os melhores genótipos em termos de PG, adaptabilidade ampla e estabilidade considerando todos os ambientes avaliados na análise conjunta. Essas cinco linhagens RR selecionadas foram de 14% a 22% mais produtivas que a média geral de PG da tecnologia RR, enquanto que as cinco linhagens convencionais destacadas foram de 13% a 21% mais produtivas que a média da tecnologia convencional. Considerando uma herdabilidade para o caráter PG de 0,075 (média aritmética entre os valores encontrados para as tecnologias nas análises conjuntas), a seleção dessas linhagens pode acarretar pequenos ganhos em PG, da ordem de 1% a 1,7% na população melhorada.

Já em termos de PCS (Tabela 21), as linhagens RR de nº 13, 15, 17, 24 e 41 e as linhagens convencionais de nº 61, 69, 86, 88 e 91 destacaram-se com os maiores valores de MHPRVG. Por outro lado, a partir de uma herdabilidade de 0,21, com a seleção dessas linhagens observou-se um aumento de 1,26% a 3,78% para o caráter PCS. Destacaram-se também

as linhagens RR de nº 21, 22, 38, 45 e 49 e as linhagens convencionais de nº 62, 77, 82, 83 e 90 com os menores valores de MHPRVG e representando uma redução de 1,68% a 3,99% no tamanho das sementes da população melhorada.

Para o caráter NDM (Tabela 22) houve destaque das linhagens RR de nº 1, 13, 17, 24 e 36 e das linhagens convencionais nº 62, 90, 95, 97 e 98 como as mais precoces, adaptadas e estáveis; além disso, a testemunha T12 (TMG 4001 RR) apresentou-se como o genótipo mais precoce entre todos os genótipos RR e convencionais. Enquanto isso, para o caráter AUC (Tabela 23) destacaram-se as linhagens RR de nº 11, 14, 35, 7 e 10 e as linhagens convencionais nº 51, 52, 58, 59 e 67 como as mais promissoras para serem usadas em programas que visam obter simultaneamente adaptabilidade ampla, estabilidade e resistência à ferrugem.

4.6. Considerações finais

Os resultados mostraram que a existência de interação genótipos x ambientes (GE) do tipo complexa para todos os caracteres avaliados acarretou em estimativas baixas de herdabilidade nas análises conjuntas, principalmente para PG e PCS que foram os caracteres mais afetados pela interação GE. Ao comparar as médias fenotípicas ajustadas dos genótipos e os seus respectivos valores genotípicos obtidos na análise conjunta dos ambientes, foi verificada uma semelhança na classificação dos melhores e dos piores genótipos em termos de PG, PCS, NDM e AUC, tanto na tecnologia RR como convencional. Isso evidenciou que as recomendações de genótipos promissores podem ser feitas por ambos os parâmetros (médias e valores genotípicos), o que viabiliza a seleção de genótipos para PG, PCS, NDM e AUC em locais não pertencentes à rede de experimentos, por meio do desempenho genotípico que é livre da interação GE.

Notou-se também que a ferrugem afetou PG e PCS em uma mesma direção, reduzindo o valor desses caracteres. Em termos de sintomas foliares foram observados sintomas apenas do tipo TAN, razão pela qual os diferentes valores de AUC encontrados para os genótipos RR e convencionais indicaram diferentes níveis de resistência horizontal à ferrugem e a existência de poligenes agindo no controle desse caráter. Também foi observado que os genótipos (RR e convencionais) que apresentaram grande quantidade de sintomas foliares da ferrugem também apresentaram menores valores de NDM e PG. Por outro lado, a tolerância à ferrugem em termos de PG apresentou-se como uma combinação da capacidade intrínseca dos genótipos em suportar certos níveis da doença sem alterar sua produtividade e da capacidade de evitar um ataque

mais severo da doença apresentada por genótipos de menor ciclo médio. Além disso, foi observado que genótipos RR e convencionais com maiores valores de PG e PCS foram também mais tolerantes à ferrugem estimada com base nesses caracteres.

De modo geral, nas análises de adaptabilidade e estabilidade via método GGE-biplot a abordagem utilizando os valores genotípicos, tanto na tecnologia RR quanto na convencional, permitiu explorar melhor a variação disponível para PG, PCS, NDM e AUC e apresentou um maior poder preditivo do que a utilização de médias fenotípicas ajustadas para os mesmos fins. Isso foi comprovado pela maior porcentagem da variação total explicada pelos valores acumulados de PC1 e PC2 obtidos na abordagem utilizando valores genotípicos para esses caracteres. Ainda, pelas análises GGE-biplot foi observado que o efeito de anos agrícolas agiu fortemente na formação de mega-ambientes para os caracteres PG e PCS.

Também foi observado que os ordenamentos dos genótipos RR e convencionais, em termos de valores genotípicos livres do efeito da interação, foram semelhantes aos ordenamentos via MHPRVG, indicando que os genótipos com os maiores valores de PG, PCS e os menores valores de NDM e AUC são também os melhores genótipos para adaptabilidade e estabilidade.

Apesar das metodologias GGE-biplot e MHPRVG recomendarem praticamente os mesmos genótipos em termos de adaptabilidade, estabilidade e desempenho para PG, PCS, NDM e AUC, elas foram consideradas complementares, pois por meio da metodologia GGE-biplot o conjunto de ambientes foi melhor explorado, havendo a divisão desses em mega-ambientes, além dessa metodologia também permitir a indicação de genótipos adaptados a ambientes específicos. Por outro lado, na metodologia MHPRVG o ordenamento dos genótipos foi bastante simples, permitindo uma seleção direta e prática de genótipos simultaneamente para adaptabilidade ampla, estabilidade e desempenho.

Comparando as tecnologias, houve uma indicação inicial dos genótipos RR terem sofrido maior variação ambiental, todavia, observando os valores absolutos, médias e valores genotípicos em termos de potencialidade para seleção, os resultados encontrados para a tecnologia RR e convencional comprovaram que ambas as tecnologias se comportaram de maneira análoga, pois embora a tecnologia RR tenha mostrado tendência de ser mais produtiva na média, mais resistente à ferrugem e mais tolerante em termos de NDM, a amplitude total de valores médios e genotípicos encontrados para PG, PCS, NDM e AUC foi muito semelhante entre elas e nas duas tecnologias (RR e convencional) foi possível a seleção de genótipos promissores para esses caracteres.

Entre os destaques, o ambiente E8 (2014/15, E.E. Anhumas e presença da ferrugem) foi considerado o ambiente mais representativo e discriminante para PG, enquanto que o ambiente E6 (2014/15, ESALQ-sede e presença da ferrugem) foi o mais representativo e discriminante para PCS. Já para AUC, destacaram-se simultaneamente os ambientes E6 (2014/15, ESALQ-sede e presença da ferrugem) e E10 (2015/16, ESALQ-sede e presença da ferrugem) para representatividade e discriminação, mas o ambiente E12 (2015/16, E.E. Anhumas e presença da ferrugem) foi o mais discriminativo dos ambientes para AUC em ambas as tecnologias. Em geral, os genótipos mais destacados foram a linhagem RR nº 42 (2221-2091-05-01, BRS 245 RR x USP 70.007) e as linhagens convencionais nº 69 (2222-2041-09-02, Conquista x USP 70.007) e 76 (2222-2061-03-02, BRS 133 x USP 70.108), sendo classificadas como as mais produtivas, as mais tolerantes e resistentes à ferrugem em termos de PG, PCS e NDM, além de apresentarem elevados níveis de estabilidade e ampla adaptação aos diversos ambientes para produtividade de grãos. As linhagens de nº 42, 69 e 76 seriam as mais indicadas para uso como genitores em novos cruzamentos de programas de seleção recorrente de soja (VELLO; NAZATO, 2017).

5. CONCLUSÕES

Conclui-se que:

- a) Os caracteres produtividade de grãos (PG) e peso de cem sementes (PCS) foram os mais afetados pela interação genótipos x ambientes, os quais juntamente com o número de dias para a maturidade (NDM) foram negativamente afetados pela presença da ferrugem;
- b) A existência de interação do tipo complexa contribuiu para a obtenção de baixas estimativas de herdabilidade no sentido restrito para PG, PCS, NDM e área abaixo da curva da ferrugem (AUC);
- c) A seleção de linhagens promissoras para PG, PCS, NDM e AUC utilizando valores genotípicos se assemelhou à seleção baseada em médias ajustadas;
- d) Houve evidências da existência de poligenes agindo no controle da resistência dos genótipos RR e convencionais à ferrugem;
- e) A tolerância à ferrugem dos genótipos RR e convencionais, apresentou-se como uma combinação entre a capacidade intrínseca dos próprios genótipos em suportar certos níveis da doença e a capacidade deles em evitar um ataque mais severo da doença devido ao menor ciclo (NDM);
- f) A tolerância à ferrugem mostrou-se diretamente relacionada com as médias de PG e PCS, bem como com os parâmetros de adaptabilidade ampla e estabilidade;
- g) Na metodologia GGE-biplot, utilizar valores genotípicos ao invés de médias fenotípicas ajustadas permitiu explorar melhor a variação disponível para PG, PCS, NDM e AUC;
- h) O efeito de anos agrícolas agiu fortemente na formação de mega-ambientes para PG e PCS;
- i) As metodologias GGE-biplot e MHPRVG foram bastante semelhantes na recomendação de genótipos promissores em termos de adaptabilidade ampla, estabilidade e produtividade; as duas metodologias foram complementares, de maneira que a metodologia GGE explorou melhor os ambientes experimentais e permitiu indicar genótipos adaptados a ambientes específicos, enquanto que a metodologia MHPRVG resultou em um ordenamento mais simples e direto, facilitando a seleção de genótipos simultaneamente para adaptabilidade ampla, estabilidade e produtividade;
- j) Apesar da tecnologia RR ter apresentado tendências de ser mais produtiva, mais resistente à ferrugem e mais tolerante em termos de NDM, na média geral, ambas as tecnologias (RR e convencional) foram consideradas potencialmente análogas para a seleção de genótipos promissores para produtividade, tamanho de sementes, ciclo, estabilidade, adaptabilidade (ampla e específica), tolerância e resistência à ferrugem;

- k) A linhagem RR nº 42 (2221-2091-05-01, BRS 245 RR x USP 70.007) e as linhagens convencionais nº 69 (2222-2041-09-02, Conquista x USP 70.007) e 76 (2222-2061-03-02, BRS 133 x USP 70.108) foram consideradas as melhores linhagens simultaneamente para produtividade, para tolerância e resistência à ferrugem e para estabilidade e ampla adaptação a ambientes diversos em termos de PG;

REFERÊNCIAS

- ABAG. **O futuro da soja nacional: Impactos socioeconômicos da Ferrugem Asiática na cadeia da soja nos próximos dez anos.** 2016. Disponível em: <<http://www.abag.com.br/media/images/0-futuro-da-soja-nacional---ieag---abag.pdf>>. Acesso em: 03 set. 2018.
- ALMEIDA FILHO, J.E.; TARDIN, F.D.; RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F; GRANATO, I.S.C.; MENEZES, C.B. Genetic evaluation of grain sorghum hybrids in Brazilian environments using the REML/BLUP procedure. **Scientia Agricola**, Piracicaba, 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**, Amsterdam, v. 119, n.2-3, p.225-230, 2010.
- AMORIM, F.A. **Efeito do gene CP4 EPSPS na produtividade de óleo em populações de soja.** 2011. 198p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.
- ANDRADE, A.C.B.; SILVA, A.J.; FERRAUDO, A.S.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; DI MAURO, A.O. Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. **African Journal of Agricultural Research**, Ebène, v. 11, n. 1, p. 23-31, 2016.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, Rome, v. 46, p. 269-269, 1992.
- ANNICCHIARICO, P. **Genotype x environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations.** Rome: Food and Agriculture Organization, Plant Production and Protection Paper, nº 174, 2002. 119p.

- ARAÚJO, M.M. **Caracterização e seleção de linhagens de soja resistentes ou tolerantes à ferrugem asiática**. 2009. 77p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.
- ARAÚJO, M.M.; VELLO, N.A. Characterization of soybean genotypes for Asian soybean rust reaction. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 10, n.3, p.197-203, 2010.
- BALESTRE, M.; SANTOS, V.B.D.; SOARES, A.A.; REIS, M.S. Stability and adaptability of upland rice genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.10, n.4, p.357-363, 2010.
- BALESTRE, M.; VON PINHO, R.G.; SOUZA, J.C.; OLIVEIRA, R.L. Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.8, n.4, p. 1311-1322, 2009.
- BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.A.; SILVEIRA, L.C.I.D.; DONDA, L.R.; FIGUEIREDO, I.C.R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.37, n.4, p. 195-203, 2007.
- BATES D.; MAECHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of Statistical Software**, Los Angeles, v.67, n.1, p.1-48, 2015. doi:10.18637/jss.v067.i01.
- BECKER, H.C.; LÉON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant breeding**, Malden, v.101, n.1, p. 1-23, 1988.
- BENBROOK, C. **Evidence of the magnitude and consequences of the Roundup Ready soybean yield drag from university-based varietal trials in 1998**. 1999. Disponível em: <<http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/download?doi=10.1.1.527.4528&rep=rep1&type=pdf>>. Acesso em: 10 set. 2018.

- BENNETT, D.A. How can I deal with missing data in my study? **Australian and New Zealand Journal of Public Health**, Nova Zelândia, v. 25, n. 5, p. 464-469, 2001.
- BERNARDO, R. **Breeding for Quantitative Traits in Plants**. 2^a ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. 390p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. 5^a Ed. Viçosa: UFV. 2013. 523p.
- BORGES, V.; SOARES, A.A.; RESENDE, M.D.V.D.; REIS, M.D.S.; CORNELIO, V.M.D.O.; LEITE, N.A.; COSTA JÚNIOR, G.T. Value for cultivation and use of upland rice cultivars tested in multi-environments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.12, n.1, p. 25-33, 2012.
- BOX, G.E.P.; COX, D.R. An analysis of transformations. **Journal of the Royal Statistical Society**. New York, v.26, n.2, Series B (Methodological), p.211-252, 1964.
- BROMFIELD, K.R.; HARTWIG, E.E. Resistance to soybean rust and mode of inheritance. **Crop Science**, Madison, v. 20, n. 2, p. 254-255, 1980.
- CAMARGO, L.E.A.; BERGAMIN FILHO, A. Controle genético. In: AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A. **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: Ceres, cap.37, p.729-760, 1995.
- CAMOLESE, A.C.; BOTELHO, L.; PINHEIRO, M.; FRAGA, T.; MAIA, M.; RINCÃO, M.; ABDELNOOR, R. **Ranqueamento de populações de soja quanto à resistência a *Phakopsora pachyrhizi***. 2012. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/67766/1/ID-33378.pdf>>. Acesso em: 03 set. 2018.
- CARNEIRO, L.C. **Caracterização epidemiológica da resistência parcial e análise da tolerância de genótipos de soja à ferrugem asiática**. 2007. 75p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

- CARVALHO, L.C.B. **Interpretação da interação genótipos x ambientes em feijão-caupi usando modelos multivariados, mistos e covariáveis ambientais**. 115p. 2015. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.
- CHAKRABORTY, N.; CURLEY, J.; FREDERICK, R.D.; HYTEN, D.L.; NELSON, R.L.; HARTMAN, G.L.; DIERS, B.W. Mapping and confirmation of a new allele at from soybean PI 594538A conferring RB lesion-type resistance to soybean rust. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 3, p. 783-790, 2009.
- CHAVES, L.J. Interação de genótipos com ambientes. In.: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento de Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.
- CHILDS, S.P.; KING, Z.R.; WALKER, D.R.; HARRIS, D.K.; PEDLEY, K.F.; BUCK, J.W.; BOERMA, H.R.; LI, Z. Discovery of a seventh *Rpp* soybean rust resistance locus in soybean accession PI 605823. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v.131, ed.1, p.27-41, 2017.
- CORNELIUS, P.L. Statistical test and retention of terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v.33, p.1186-1193, 1993.
- CORNELIUS, P.L.; CROSSA, J. Prediction assessment of shrinkage estimators of multiplicative models for multi-environment cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v.39, p.998-1009, 1999.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v.2, 2003.
- DEAN, A.; VOSS, D. **Design and Analyses of Experiments**. New York: Springer, 1999. 751p.

- DEL PONTE, E.M.; GODOY, C.V.; LI, X.; YANG, X.B. Predicting severity of Asian soybean rust epidemics with empirical rainfall models. **Phytopathology**, St. Paul, v. 96, n.7, p. 797-803, 2006.
- DUFFY, M. **Who benefits from biotechnology?** 2001. Disponível em: <<http://cite-seerx.ist.psu.edu/viewdoc/download;jsessionid=059E27FF5B9AB46B1BFDC3D86DEE9549?doi=10.1.1.553.3067&rep=rep1&type=pdf>> Acesso em: 10 set. 2018.
- DUFFY, M.; ERNST, M. Does planting GMO seed boost farmers' profits? **Leopold Center for Sustainable Agriculture Letter**, Ames, v. 11, n.3, p. 1-5, 1999.
- DUARTE, J.B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. 2000. 293 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.
- DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999, 60p.
- EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.
- EMBRAPA. **Ferrugem "asiática" da soja no Brasil: evolução, importância econômica e controle**. Londrina, 36p., 2004. Disponível em:< <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/467712/ferrugem-asiatica-da-soja-no-brasil-evolucao-importancia-economica-e-controle>>. Acesso em: 03 set. 2018.
- _____. **Catálogo de produtos e serviços: cultivares de soja**. EMBRAPA. 2016. Disponível em:< http://www.catalogosnt.cnptia.embrapa.br/catalogo20/catalogo_de_produtos_e_servicos/arvore/CONTAG01_18_4112005181517.html>. Acesso em: 11 fev. 2016.

ESPOLADOR, F.G.; SOUZA, R.S; BORNHOFEN, E.; BARBOSA, P.A.M.; NAZATO, F.M.; YASSUE, R.M.; VELLO, N.A. **Soja Hortalica**, Piracicaba: ESALQ – Divisão de Biblioteca, 2017, 54p. (Série Produtor Rural nº 65)

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. Essex: Longman, 1996. 464 p.

FAO. **FAOSTAT Statistics Database**. 2016. Disponível em: <<http://faostat3.fao.org/home/E>>. Acesso em: 28 out. 2018.

FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, Cooperative Extension Service, 1977. 11 p. (Special Report, n. 80)

FREITAS, E.G. **Uso de informações de parentesco e modelos mistos para avaliação e seleção de genótipos de cana-de-açúcar**. 2013. 101p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2013.

FRUTOS, E.; GALINDO, M.P.; LEIVA, V. An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. **Stochastic Environmental Research and Risk Assessment**, Heidelberg, v. 28, n. 7, p. 1629-1641, 2014.

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

GARCIA, A.; CALVO, E.S.; KIIHL, R.A.S.; HARADA, A.; HIROMOTO, D.M.; VIEIRA, L.G.E. Molecular mapping of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) resistance genes: discovery of a novel locus and alleles. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 117, n. 4, p. 545-553, 2008.

GAUCH, H.G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**, Washington, p. 705-715, 1988.

- GAUCH, H.G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. Amsterdam: Elsevier Science Publishers, 1992. 278p.
- GAUCH, H.G. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, Madison, v.46, n.4, p.1488-1500, 2006.
- GAUCH, H.G.; PIEPHO, H.P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. **Crop Science**, Madison, v. 48, n.3, p. 866-889, 2008.
- GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.76, p.1-10, 1988.
- GODOY, C.V.; KOGA, L.J.; CANTERI, M.G. Diagrammatic scale for assessment of soybean rust severity. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 31, n. 1, p. 63-68, 2006.
- GOLLOB, H.F. A statistical model which combines features of factor analysis and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, Baltimore, v.33, p.73-115, 1968.
- GUSMÃO, L. Inadequacy of blocking in cultivar yield trials. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 72, n. 1, p. 98-104, Jan. 1986.
- HARTMAN, G.L.; SINCLAIR, J.B.; RUPE, J.C. **Compendium of soybean diseases**. 4^a ed. St. Paul: The American Phytopathological Society (APS Press), 1999. 100p.
- HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Ontario: University of Guelph, 1984. 462 p.
- HONGYU, K.; SILVA, F.L.; OLIVEIRA, A.C.S.; SARTI, D.A.; ARAUJO, L.B.; DIAS, C.T.S. Comparação entre os modelos AMMI e GGE-biplot para os dados de ensaios multi-ambientais. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v. 33, n. 2, p. 139-155, 2015.

- HOSSAIN, M.M.; AKAMATSU, H.; MORISHITA, M.; MORI, T.; YAMAOKA, Y.; SUE-NAGA, K.; SOARES, R.M.; BOGADO, A.N.; IVANCOVOCH, A.J.G.; YAMANAKA, N. Molecular mapping of Asian soybean rust resistance in soybean landraces PI 594767A, PI 587905 and PI 416764. **Plant Pathology**, Loughborough, v. 64, n. 1, p. 147-156, 2015.
- HYTEN, D.L.; HARTMAN, G.L.; NELSON, R.L.; FREDERICK, R.D.; CONCIBIDO, V.C.; NARVEL, J.M.; CREGAN, P.B. Map location of the locus that confers resistance to soybean rust in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 837-838, 2007.
- HYTEN, D.L.; SMITH, J.R.; FREDERICK, R.D.; TUCKER, M.L.; SONG, Q.; CREGAN, P.B. Bulk segregant analysis using the GoldenGate assay to locate the locus that confers resistance to soybean rust in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 1, p. 265-271, 2009.
- INAYATI, A.; YUSNAWAN, E. Characterization of soybean genotypes for Asian soybean rust reaction under screen house condition. **Biodiversitas Journal of Biological Diversity**, Surakarta, v. 17, n. 2, p.609-613, 2016.
- JARVIE, J.A.; SHANAHAN, P.E. Assessing tolerance to soybean rust in selected genotypes. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 114, n. 3, p. 419-425, 2009.
- KING, Z.R.; HARRIS, D.K.; PEDLEY, K.F.; SONG, Q.; WANG, D.; WEN, Z.; BUCK, J.W.; BOERMA, H. R. A novel *Phakopsora pachyrhizi* resistance allele (Rpp) contributed by PI 567068A. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v.106, n.10, p.1-18, 2016.
- KUZNETSOVA, A.; BROCKHOFF, P.B.; CHRISTENSEN, R.H.B. lmerTest Package: Tests in Linear Mixed Effects Models. **Journal of Statistical Software**, Los Angeles, v. 82, n.13, p. 1-26, 2017. doi: 10.18637/jss.v082.i13 (URL:<http://doi.org/10.18637/jss.v082.i13>)
- LEMERLE, D.; SMITH, A.; VERBEEK, B.; KOETZ, E.; LOCKLEY, P.; MARTIN, P. Incremental crop tolerance to weeds: a measure for selecting competitive ability in Australian wheats. **Euphytica**, Wageningen, v. 149, n. 1-2, p. 85-95, 2006.
- LEVY, C. Zimbabwe – a country report on soybean rust control. In: VII WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, VI INTERNATIONAL SOYBEAN PROCESSING AND

- UTILIZATION CONFERENCE, III CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 3, 2004, Foz do Iguassu, PR. **Proceedings...** Londrina: Embrapa, 2004. P.340-348.
- LEVY, C. Epidemiology and chemical control of soybean rust in Southern Africa. **Plant Disease**, St. Paul, v. 89, n. 6, p. 669-674, 2005.
- LI, S.; SMITH, J.R.; RAY, J.D.; FREDERICK, R.D. Identification of a new soybean rust resistance gene in PI 567102B. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 125, n. 1, p. 133-142, 2012.
- LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar $\times$ location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 68, n. 1, p. 193-198, 1988.
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1998. 980p.
- MAIA, M.C.C.; VELLO, N.A.; ROCHA, M.D.M.; PINHEIRO, J.B.; JÚNIOR, N.F.S. Adaptability and stability of soybean experimental lines selected for agronomic traits and insect resistance by uni-multivariate method. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 2, p. 215-226, 2006.
- MARCHETTI, M.A.; MELCHING, J.S.; BROMFIELD, K.R. The effects of temperature and dew period on germination and infection by urediospores of *Phakopsora pachyrhizi*. **Phytopathology**, St. Paul, v. 66, n. 4, p. 461-463, 1976.
- MARQUES, M.C. **Performance de cruzamentos entre genitores tolerantes à ferrugem asiática da soja**. 2014. 110p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2014.
- MARTINS, J.A.S.; JULIATTI, F.C. Adaptability and stability of soybean advanced lines of semi early cycle for rust resistance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 12, n. 1, p. 43-51, 2012.

MATEI, G.; BENIN, G.; WOYANN, L.G.; DALLÓ, S.C.; MILIOLI, A.S.; ZDZIARSKI, A.D. Agronomic performance of modern soybean cultivars in multi-environment trials. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 52, n. 7, p. 500-511, 2017.

MEDEIROS, A.G. **Parâmetros genéticos e potencial agrônômico de cruzamentos tipo adaptado x exótico em soja, com ênfase na reação à ferrugem asiática**. 2009, 157p. Dissertação (Mestrado em agronomia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

MELO, L.C.; MELO, P.G.S.; DE FARIA, L.C.; DIAZ, J.L.C.; DEL PELOSO, M.J.; RAVA, C.A.; DA COSTA, J.G.C. Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na Região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 5, p. 715-723, 2007.

MELO, C.L.P.; ROESE, A.D.; GOULART, A.C.P. Tolerância de genótipos de soja à ferrugem-asiática. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 8, p. 1353-1360, 2015.

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**, Londrina, v.12, p.111-117, 2012.

MISTRO, J.C. **Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta (*Coffea canephora* Pierre ex. A. Froehner)**. 2013. 152p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2013.

NAVARINI, L.; DALLAGNOL, L.J.; BALARDIN, R.S.; MOREIRA, M.T.; MENEGHETTI, R.C.; MADALOSSO, M.G. Controle químico da ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi* Sydow & Sydow) na cultura da soja. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 33, n. 2, p. 182-186, 2007.

- NAZATO, F.M. **Análise da tolerância à ferrugem asiática em dialelo parcial com genitores transgênicos e convencionais de soja**. 2014. 136p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.
- OLIVEIRA, A.B.; DUARTE, J.B.; CHAVES, L.J.; COUTO, M.A. Environmental and genotypic factors associated with genotype by environment interactions in soybean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 6, n. 1, p.79-86, 2006.
- OLIVEIRA, K.C. **Seleção e desenvolvimento de genótipos de soja resistentes ao complexo de percevejos**. 2015. 79p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.
- PANTHEE, D.R.; YUAN, J.S.; WRIGHT, D.L.; MAROIS, J.J.; MAILHOT, D.; STEWART, C.N. Gene expression analysis in soybean in response to the causal agent of Asian soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi* Sydow) in an early growth stage. **Functional & integrative genomics**, Heidelberg, v. 7, n. 4, p. 291-301, 2007.
- PASTINA, M.M. **Mapeamento de QTLs e estudo da interação entre QTLs, ambientes e cortes em cana-de-açúcar, usando a abordagem de modelos mistos**. 2010. 89p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2010.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. **Biometrika**, Cambridge, v. 31, p. 100-109, 1971.
- PEREIRA, G.S.; CAMARGOS, R.B.; BALESTRE, M.; VON PINHO, R.G.; MELO, W.M.C. Indirect selection for resistance to ear rot and leaf diseases in maize lines using biplots. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 11052-11062, 2015.
- PHAM, T. A.; HILL, C.B.; MILES, M.R.; NGUYEN, B.T.; VU, T.T.; VUONG, T.D.; VAN-TOAI, T.T.; NGUYEN, H.T.; HARTMAN, G.L. Evaluation of soybean for resistance to soybean rust in Vietnam. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 117, n. 1, p. 131-138, 2010.

PIEPHO, H.P. Analyzing genotype-environment data by mixed models with multiplicative terms. **Biometrics**, Washington, v. 53, p. 761-766, 1997.

PIEPHO, H.P.; BÜCHSE, A.; EMRICH, K. A hitchhiker's guide to the mixed model analysis of randomized experiments. **Journal of Agronomy and Crop Science**, Malden, v. 189, n. 5, p. 310-322, 2003.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451p.

PINHEIRO, L.C.M.; GOD, P.I.V.G.; FARIA, V.R.; OLIVEIRA, A.G.; HASUI, A.A.; PINTO, E.H.G.; ARRUDA, K.M.A.; PIOVESAN, N.D.; MOREIRA, M. A Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína em soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 9, p. 1246-1253, 2013.

QAIM, M; TRAXLER, G. Roundup Ready soybeans in Argentina: farm level, environmental and welfare effects. **Agricultural Economics**, Malden, v. 32, p. 73-86, 2005.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, version 3.2.3, Viena, 2017. Disponível em: <<http://www.r-project.org>>. Acesso em: 28 out. 2018.

RESENDE, M.D.V. de. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M.D.V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Brasília: Embrapa Florestas, 2007. 362p.

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

- ROCHA, F.; VIEIRA, C.C.; FERREIRA, M.C.; DE OLIVEIRA, K.C.; MOREIRA, F.F.; PINHEIRO, J.B. Selection of soybean lines exhibiting resistance to stink bug complex in distinct environments. **Food and Energy Security**, Oxford, v.4, n.2, p.133-143, 2015.
- ROLIM, G.S.; CAMARGO, M.B.P.D.; LANIA, D.G.; MORAES, J.F.L.D. Classificação climática de Köppen e de Thornthwaite e sua aplicabilidade na determinação de zonas agroclimáticas para o estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, p. 711-720, 2007.
- ROSADO, A.M.; ROSADO, T.B.; ALVES, A.A.; LAVIOLA, B.G.; BHERING, L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n.7, p.966-973, 2012.
- SCHAFER, J.F. Tolerance to plant disease. **Annual Review of Phytopathology**, Manhattan, v.9, p.235-252, 1971.
- SCHAFER, J.L. Multiple imputation: a primer. **Statistical Methods in Medical Research**, Oxford, v.8, n. 1, p. 3-15, 1999.
- SCHLOERKE, B.; CROWLEY, J.; COOK, D.; HOFMANN, H.; WICKHAM, H.; BRIATTE, F.; THOEN, E. **GGally: Extension to 'ggplot2'**. R package version 1.4.0., 2018. Disponível em: < <https://CRAN.R-project.org/package=GGally>>. Acesso em: 28 out. 2018.
- SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C.E. **Variance Components**. New York: John Wiley & Sons, 1992. 501 p.
- SHANER, G.; FINNEY, R.E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. **Phytopathology**, St. Paul, v. 67, n. 8, p. 1051-1056, 1977.
- SHAPIRO, S.S.; WILK, M.B. An analysis of variance test for normality (Complete Samples). **Biometrika**, London, v. 52, n.3, p.591-611, 1965.

SILVA, D.C.G.; YAMANAKA, N.; BROGIN, R.L.; ARIAS, C.A.; NEPOMUCENO, A.L.; DI MAURO, A.O.; PEREIRA, S.S.; NOGUEIRA, L.M.; PASSIANOTTO, A.L.L.; ABDELNOOR, R.V. Molecular mapping of two loci that confer resistance to Asian rust in soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 117, n. 1, p. 57-63, 2008.

SILVA, L. J. **laercio: Duncan test, Tukey test and Scott-Knott test**. R package version, v. 1, n. 1, 2010. Disponível em: < <https://CRAN.R-project.org/package=laercio>>. Acesso em: 28 out. 2018.

SILVA, R.R.; BENIN, G. Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.42, n.8, p.1404-1412, 2012.

SMITH, A.; CULLIS, B.; GILMOUR, A. Applications: the analysis of crop variety evaluation data in Australia. **Australian & New Zealand Journal of Statistics**, Nova Zelândia, v.43, n.2, p.129-145, 2001.

SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, Washington, v. 57, n.4, p. 1138-1147, 2001.

SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v.143, n.6, p. 449-462, 2005.

SOARES, R.M.; GAZZIERO D.L.P.; MORITA D.A.S.; CILIATO M.L.; FLAUSINO A.M.; SANTOS L.C.M.; JANEGITZ T. Utilização de glifosato para o controle de ferrugem da soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, p. 473-477, 2008.

SOARES R.M.; RUBIN, S.A.L.; WIELEWICKI A.P.; OZELAME J.G. Fungicidas no controle da ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) e produtividade da soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 4, p. 1245-1247, 2004.

SQUILASSI, M.G. **Interação de genótipos com ambientes**. 2003. Disponível em: <http://www.cpatc.embrapa.br/publicacoes_2003/Livro_GXE.pdf>. Acesso em: 03 set. 2018.

STROUP, W.W.; MULITZE, D.K. Nearest neighbor adjusted best linear unbiased prediction. **The American Statistician**, Riverside, v. 45, n. 3, p. 194-200, 1991.

TICHAGWA, J.S et al. Breeding for resistance to soybean rust in Zimbabwe. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 7., INTERNATIONAL SOYBEAN PROCESSING AND UTILIZATION CONFERENCE, 6., CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 3., 2004, Foz do Iguassu, PR. **Proceedings...** Londrina: Embrapa, 2004, p. 349-353.

TSCHANZ, A.T.; TSAI, B.Y. Evidence of tolerance to soybean rust in soybeans. **Soybean Rust Newsletter**. Urbana-Champaign, v.6, p. 28-31, 1983.

TSCHANZ, A.T.; WANG, T.C. Interrelationships between soybean development, resistance, and *Phakopsora pachyrhizi*. In: INTERNATIONAL CONGRESS OF THE SOCIETY FOR THE ADVANCED OF BREEDING RESEARCH IN ASIA AND OCEANIA, 1985. Bangkok. **Proceedings...** Bangkok: Society for the Advanced of Breeding Research in Asia and Oceania, 1985. p. 14-20.

TWIZEYIMANA, M.; OJIAMBO, P.S.; IKOTUN, T.; LADIPO, J.L.; HARTMAN, G.L.; BANDYOPADHYAY, R. Evaluation of soybean germplasm for resistance to soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Nigeria. **Plant Disease**, St. Paul, v. 92, n. 6, p. 947-952, 2008.

UNFRIED, J.R. **Estratégias para seleção de linhagens experimentais de soja para tolerância à ferrugem e associações com outras doenças**. 2007. 220p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

USDA. **World agricultural production**. 2018. Disponível em: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>>. Acesso em: 16 set. 2018.

VAN DER PLANK, J.E. Horizontal (polygenic) and vertical (oligogenic) resistance against blight. **American Potato Journal**, Orono, v. 43, n. 2, p. 43-52, 1966.

VELLO, N.A. Ampliação da base genética do germoplasma e melhoramento da soja na ESALQ-USP. In: SIMPÓSIO SOBRE A CULTURA E PRODUTIVIDADE DA SOJA, 1992, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: FEALQ, 1992. p. 60-81.

VELLO, N.A.; CARVALHO, R.S.B. Melhoramento da soja para resistência genética a doenças. In: _____. **Melhoramento genético no manejo de doenças de plantas**. Visconde de Rio Branco: Suprema, 2013. cap. 5, p. 81-104.

VELLO N.A.; NAZATO F.M. Recurrent Selection. In: LOPES DA SILVA F.; BORÉM A.; SEDIYAMA, T; LUDKE, W.H. (Ed.) **Soybean Breeding**. Cham: Springer Nature, 2017. Cap.10, p.172-191. DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-319-57433-2_10

VENABLES, W. N.; RIPLEY, B. D. **Modern Applied Statistics with S**. 4ª edição. New York: Springer. 2002. ISBN 0-387-95457-0

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, cap. 5, p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VERNETTI, F.J.; VERNETTI JÚNIOR, F.J.V. **Genética da soja: caracteres qualitativos e diversidade genética**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2009.

VIEIRA, P.F.M.J. **Dialelo entre genitores de soja tolerantes à ferrugem asiática**. 2009. 85p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2010.

WICKHAM, H. **ggplot2: elegant graphics for data analysis**. New York: Springer, 2009.

WYSMIERSKI, P.T. **Seleção de linhagens experimentais de soja para tolerância à ferrugem asiática e produtividade**. 2015. 168p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.

- YAN, W. GGE Biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. **Journal of the India Society of Agricultural Statistics**, New Delhi, v.65, n.2, p.181-193, 2011.
- YAN, W.; KANG, M. S. **GGE Biplot Analysis: a Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists**. Boca Raton: CRC Press, 2002. 271p.
- YAN, W.; KANG, M.S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P.L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 643-653, 2007.
- YAN, W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and megaenvironment investigation based on GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v.40, n. 3, p.597-605, 2000.
- YAN, Z.; LAUER, J.G.; BORGES, R.; DE LEON, N. Effects of genotype $\times$ environment interaction on agronomic traits in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 50, n. 2, p. 696-702, 2010.
- YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 1, p. 11-20, 2002.
- YAN, W.; TINKER, A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v.86, n.3, p.623-645, 2006.
- YANG, R.C.; CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L. Biplot analysis of genotype $\times$ environment interaction: proceed with caution. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 5, p. 1564-1576, 2009.
- YANG, X.B.; TSCHANZ, A.T.; DOWLER, W.M.; WANG, T.C. Development of yield loss models in relation to reductions of components of soybean infected with *Phakopsora pachyrhizi*. **Journal of Phytopathology**, Berlin, v.81, p.1420-1426, 1991.
- YOKOMIZO, G.K.I.; DUARTE, J.B.; VELLO, N.A.; UNFRIED, J.R. Análise AMMI da produtividade de grãos em linhagens de soja selecionadas para resistência à ferrugem asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 10, p. 1376-1384, 2013.

YORINORI, J.T.; NUNES JÚNIOR, J.; LAZZAROTTO, J.J. **Ferrugem" asiática" da soja no Brasil: evolução, importância econômica e controle**. Londrina: Embrapa Soja-Fôlder/Folheto/Cartilha (INFOTECA-E), 2004.

YORINORI, J.T.; PAIVA, W.M.; FREDERICK, R.D.; COSTAMILAN, L.M.; BERTAGNOLLI, P.F.; HARTMAN, G.E.; GODOY, C.V.; NUNES JR, J. Epidemics of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Brazil and Paraguay from 2001 to 2003. **Plant Disease**, St. Paul, v. 89, n. 6, p. 675-677, 2005.

ZHANG, M.; KANG, M.S.; REESE JR, P.F.; BHARDWAJ, H.L. Soybean cultivar evaluation via GGE biplot analysis. **Journal of New Seeds**, Binghamton, v.7, n. 4, p. 37-50, 2006.

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, p. 388-393, 1988.

APÊNDICES

APÊNDICE A. Médias fenotípicas ajustadas das linhagens experimentais RR e testemunhas em comum de produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹) estimada em cada ambiente. Tecnologia RR, PG, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
1	1500	1319	1820	1632	2487	2910	3660	2850	1970	2550	3807	3450	2496
2	2940	1990	2610	3043	4010	2810	2490	2120	2500	1010	2270	1803	2466
3	2860	3210	3100	2452	4226	3980	2910	2510	1960	850	1710	2322	2674
4	2199	930	1726	2118	4680	3550	3390	2902	2689	2935	3030	4560	2892
5	3870	3140	2870	2960	5120	3190	2430	2472	2090	1300	1840	2540	2818
6	2610	2510	3140	1680	3730	2690	2150	1520	1662	1085	2718	951	2204
7	1739	2170	2860	2160	3680	2920	2960	4180	2961	2195	2300	3030	2763
8	2530	2089	3730	2500	4060	3510	3360	3174	1874	1530	1910	1670	2661
9	2250	1590	3840	2340	4644	2720	3050	2590	2720	1370	2220	2305	2637
10	2719	2430	1600	2620	4690	3800	2945	3400	2744	2890	3690	2590	3010
11	3540	2710	2740	3060	3990	4220	3360	3040	1904	980	610	1420	2631
12	3530	3020	3343	2580	5798	4090	3180	2660	1387	980	1870	2439	2906
13	2089	1519	2622	2116	4940	3445	3459	2100	3710	1841	3934	3144	2910
14	2060	3460	3344	3010	4883	3910	2530	3550	1960	1460	2110	1820	2841
15	4245	3850	3869	3692	5940	3770	3580	2850	1660	2125	1300	1860	3228
16	3090	2720	3160	1936	4700	3230	3255	2300	2131	1450	2910	1660	2712
17	1519	1107	1581	1851	4260	1908	1240	2552	2111	2454	1972	1859	2034
18	2490	2124	2240	2200	2970	2240	2170	1195	1710	1860	2790	3620	2301
19	2670	2360	2790	1760	3790	3250	2460	1990	1664	1350	1745	1350	2265
20	3050	3560	3340	3540	3790	2706	2490	2250	2484	1685	930	1732	2630
21	2730	3580	2373	2120	5060	3120	4260	2840	3530	2320	3407	3990	3277
22	1829	1058	1958	2114	2575	2980	2980	1740	1534	1455	1436	1554	1934
23	2099	1567	1551	2438	2945	2093	3475	940	830	1460	3190	2460	2087
24	2179	1027	1631	2488	4260	3170	3270	2750	1616	1840	3147	1814	2433
25	2970	1530	3470	2489	3010	3210	2599	1820	2384	1820	2300	3110	2559
26	1940	3450	1756	2172	4250	3310	3380	3122	3070	3320	2700	3120	2966
27	2830	3520	2980	2607	3830	3440	4120	3040	3990	3210	3430	3120	3343
28	2130	2040	1590	1710	4500	2380	5140	2730	2827	3195	3230	3260	2894
29	1829	1769	1872	1879	5760	3316	2740	2740	2860	2420	2710	3970	2822
30	2300	2220	2160	2350	4045	3190	3390	3104	2874	2760	3307	2972	2889
31	1890	2440	3620	2070	3560	4090	4130	4060	2359	1635	3165	2870	2991
32	2720	2320	2310	2480	3280	3670	4350	5230	3100	2690	2760	3160	3173
33	1600	1470	1370	1410	2750	1813	2520	1954	2100	2300	2500	2350	2011
34	1870	1980	3250	2270	5720	3880	3400	3312	3014	1860	3070	2644	3022
35	2190	2860	2370	1330	3880	4290	2390	1730	1352	1070	1842	1184	2207
36	1719	1128	1789	2385	2920	2686	3520	2700	2374	2510	3046	2422	2433
37	2710	2170	2600	1650	4300	2780	4250	3380	2410	1860	4580	2820	2959
38	3400	2930	2730	2470	3960	3200	4750	2390	3100	1970	5030	3380	3276
39	2419	2518	1392	2375	5380	4430	4150	2892	3464	3005	3290	2892	3184
40	1480	1880	2240	2343	3500	3720	4750	4760	2984	2160	4470	2870	3096
41	1980	2150	1290	1733	4010	3810	3200	2540	2370	2250	3590	2960	2657
42	2110	2380	3650	2270	3560	4880	3430	3990	2194	2530	3730	3130	3155
43	1540	1970	1423	1613	3660	3300	3370	2420	2330	3030	3230	2620	2542
44	2440	1990	2600	1750	4250	3080	2365	1520	2030	1710	2320	1750	2317
45	1970	2180	1866	2250	2461	2440	2480	2210	1980	1990	2327	2070	2185
46	1360	1570	3490	2830	5938	4309	3670	2640	2560	2380	3390	3450	3132
47	2130	2040	3120	2340	4650	3880	2070	2630	2710	2220	4520	2970	2940
48	2460	2580	2240	3510	4000	3380	3480	2530	2480	2570	4310	2300	2987
49	2448	1790	2101	1970	3530	3613	3600	4260	1450	1987	3200	2861	2734
50	1280	1470	3166	2460	3110	2500	4710	3320	1790	2880	3005	1872	2630
T09	1905	1835	2255	1810	3149	3402	2482	1971	2510	2090	3445	3487	2528
T12	2259	1398	1896	1338	2720	1653	2556	3320	2276	2302	3005	2363	2257
média	2350	2204	2508	2274	4056	3267	3232	2746	2353	2052	2853	2575	2707

APÊNDICE B. Valores genotípicos preditos das linhagens experimentais RR e testemunhas em comum para produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹) em cada ambiente. Tecnologia RR, PG, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipo	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
1	1988	1621	2054	1839	3353	2906	3281	2817	2257	2226	3149	3106	2560
2	2733	1963	2458	2568	4141	2843	2658	2424	2525	1408	2333	2232	2538
3	2761	2672	2785	2328	4324	3527	2948	2698	2311	1394	2109	2574	2685
4	2487	1550	2137	2226	4636	3374	3272	2977	2767	2561	2875	3821	2839
5	3333	2679	2707	2540	4836	3156	2739	2721	2423	1674	2221	2732	2776
6	2486	2162	2662	1780	3921	2707	2406	2036	2012	1374	2495	1982	2384
7	2203	2157	2689	2205	4068	3001	3004	3604	2866	2129	2449	2975	2748
8	2583	2080	3111	2349	4233	3276	3179	3042	2262	1747	2210	2228	2676
9	2415	1797	2901	2244	4518	2840	2995	2714	2684	1641	2351	2539	2631
10	2799	2376	2111	2529	4680	3545	3078	3277	2835	2576	3260	2827	2922
11	3103	2395	2581	2633	4186	3638	3169	2962	2268	1448	1518	2087	2655
12	3190	2650	2990	2473	5227	3662	3167	2855	2089	1540	2271	2713	2849
13	2438	1868	2616	2234	4781	3328	3267	2671	3311	1996	3357	3087	2858
14	2397	2859	2969	2677	4725	3546	2804	3300	2367	1770	2375	2367	2803
15	3680	3201	3382	3172	5417	3610	3492	3070	2348	2256	2088	2669	3092
16	2894	2428	2829	2070	4586	3146	3141	2601	2414	1722	2751	2240	2712
17	1843	1355	1774	1798	4128	2225	1857	2505	2176	2021	2032	2117	2234
18	2441	1977	2208	2071	3541	2489	2434	1883	2055	1799	2550	3129	2422
19	2525	2090	2486	1854	3960	3008	2576	2290	2020	1520	1992	1929	2399
20	2845	2841	2896	2884	4081	2844	2712	2547	2571	1817	1686	2250	2654
21	2895	3069	2606	2357	4964	3278	3858	3074	3337	2368	3202	3651	3111
22	1971	1295	1930	1902	3210	2754	2736	2046	1839	1463	1717	1923	2162
23	2160	1608	1770	2022	3451	2335	3041	1673	1517	1512	2683	2445	2260
24	2323	1447	1933	2266	4261	3021	3055	2743	2050	1832	2782	2227	2515
25	2780	1753	2940	2309	3648	3084	2746	2298	2495	1864	2380	2949	2604
26	2376	2896	2178	2279	4435	3273	3292	3117	2991	2787	2726	3091	2891
27	2969	3059	2946	2634	4341	3468	3806	3201	3600	2856	3236	3217	3157
28	2452	2132	2067	2013	4542	2762	4191	2887	2839	2697	2980	3140	2840
29	2270	1966	2190	2077	5178	3228	2908	2868	2833	2267	2683	3488	2789
30	2539	2225	2364	2347	4302	3185	3271	3082	2863	2468	3019	2987	2837
31	2358	2375	3164	2234	4081	3690	3693	3617	2627	1912	2978	2968	2908
32	2854	2373	2538	2510	3996	3531	3870	4292	3076	2526	2827	3181	3037
33	1878	1537	1655	1560	3328	2168	2521	2184	2162	1932	2301	2367	2218
34	2358	2144	2980	2350	5225	3591	3321	3235	2981	2041	2939	2860	2931
35	2258	2337	2251	1589	3992	3538	2524	2138	1841	1461	2028	1826	2367
36	2081	1500	2017	2212	3559	2767	3187	2717	2448	2184	2729	2546	2515
37	2778	2222	2618	2003	4459	2993	3746	3250	2643	2020	3710	2931	2886
38	3187	2724	2790	2537	4384	3317	4111	2834	3108	2181	4049	3328	3103
39	2700	2480	2060	2459	5100	3934	3769	3069	3271	2695	3109	3044	3045
40	2179	2116	2476	2413	4085	3532	4054	4020	2990	2223	3698	3003	2983
41	2293	2111	1830	1945	4205	3432	3094	2708	2520	2123	3089	2903	2673
42	2529	2398	3234	2394	4136	4160	3381	3635	2595	2436	3330	3159	3024
43	2024	1978	1861	1844	3983	3126	3144	2607	2461	2493	2862	2686	2592
44	2420	1913	2403	1840	4217	2935	2542	2059	2228	1725	2309	2155	2433
45	2130	1968	1974	2058	3235	2555	2558	2377	2158	1828	2269	2278	2340
46	2128	1966	3143	2680	5376	3853	3500	2920	2779	2350	3144	3319	3008
47	2467	2148	2884	2359	4636	3563	2596	2850	2794	2202	3672	3003	2873
48	2656	2447	2439	2988	4311	3317	3351	2814	2689	2401	3578	2668	2906
49	2564	1946	2280	2094	3978	3353	3303	3635	2063	2009	2910	2876	2725
50	1917	1745	2805	2318	3725	2736	3877	3108	2207	2444	2774	2323	2654
T09	2156	1860	2271	1886	3581	3215	2571	2256	2593	2018	3083	3299	2573
T12	2352	1495	1960	1498	3223	1948	2558	3121	2369	2100	2717	2462	2369
média	2503	2153	2479	2239	4240	3160	3122	2835	2529	2039	2723	2729	2707

APÊNDICE C. Médias fenotípicas ajustadas das linhagens experimentais convencionais e testemunhas em comum de produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹) estimada em cada ambiente. Tecnologia convencional, PG, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
51	2370	1520	1798	2200	3880	2924	2740	2920	2100	1310	1808	1520	2258
52	1540	2110	2440	1260	4888	2284	1940	2830	2140	1679	3120	2140	2364
53	1680	2500	2920	2620	3650	2220	2972	2390	1280	989	2140	640	2167
54	2390	3300	4120	2040	5190	2530	2850	3530	2355	550	2040	850	2645
55	1450	2290	1760	940	5440	3660	2410	2568	1150	2099	1610	1540	2243
56	3190	2540	2600	2280	4540	3040	3270	3410	1570	2100	2400	3620	2880
57	1580	1011	1780	1450	1590	2373	2512	2500	2370	1909	2930	2010	2001
58	2360	2105	3660	2468	6100	3080	2090	2310	1599	980	1070	400	2352
59	2460	2290	2054	1530	5580	2850	3670	3310	740	978	1681	717	2322
60	2720	2460	3580	1740	4870	3630	3560	3940	1810	2380	2460	2620	2981
61	2677	3710	3375	2490	3950	3530	3790	3190	1980	1360	2376	2180	2884
62	1165	2011	3208	2200	4990	3170	4170	3230	1509	2158	2336	2210	2696
63	2600	1790	4710	2630	2820	2470	4303	3840	2270	2110	1457	2770	2814
64	3320	2690	2910	1440	5150	2350	3240	2918	1390	1710	2860	1940	2660
65	4080	3860	3126	3856	3820	2910	3480	2600	1449	1140	1140	1100	2713
66	3770	3230	3110	2040	4100	2350	2860	2770	940	1110	600	640	2293
67	2420	3380	3020	2810	4190	2640	3700	3160	2420	2260	2731	1760	2874
68	2950	3500	3490	3650	3320	2460	2090	2170	1500	1400	3090	1180	2567
69	1500	3230	3080	2680	3890	3620	3060	5380	2150	2140	4172	2110	3084
70	2590	3120	3240	1760	1070	3750	3050	2020	1900	2020	2920	2210	2471
71	2668	1000	2110	1780	4960	2647	2930	2940	2010	1198	1212	1124	2215
72	2340	2625	2980	2740	2800	3290	3080	1840	1139	1210	2950	1680	2390
73	2513	1760	3100	2890	4330	2610	4330	1610	1680	1208	3222	1660	2576
74	2900	2310	1527	3030	2790	1679	2035	1920	1268	1419	2730	1120	2061
75	1770	2780	2950	3310	5030	4050	3460	2250	1340	1599	2261	1170	2664
76	2600	2840	2820	2840	4560	4970	5070	4810	1287	969	3568	2062	3200
77	2270	2440	3160	2060	4760	3860	3560	4890	3050	1520	2250	2932	3063
78	3202	3000	2210	2484	3230	2280	3650	2340	1830	1750	3002	3320	2691
79	2466	2560	2630	2940	5600	2634	2580	4680	1750	1340	1740	910	2653
80	2320	1590	2530	2100	5060	4034	4070	4620	2750	2250	1600	1730	2888
81	1595	1902	1683	1850	2560	3181	4350	2460	2180	2070	2860	2850	2462
82	1610	2732	2117	1960	4404	4133	3980	1590	1449	850	1573	1640	2336
83	2089	2066	2650	2830	3254	2604	2580	2635	2020	1480	2000	1802	2334
84	1993	2420	1348	2460	4630	4470	1780	5760	1198	2019	960	680	2477
85	3220	2480	3240	2580	2730	3970	3560	3150	2201	1990	2920	2530	2881
86	3930	2650	3812	3440	5390	3010	4950	4730	2350	1850	1568	2570	3354
87	2640	2950	1620	2640	3079	2870	2770	2190	1878	978	1163	1174	2163
88	2560	2590	3970	3040	5140	2784	3770	3610	1598	1898	2000	1790	2896
89	2870	1722	3510	1950	4250	2490	3015	4020	2407	1830	1815	1950	2652
90	2950	3520	1720	3480	3059	2870	2760	3130	2389	1809	2046	1960	2641
91	1510	860	2073	2190	2930	3083	2052	4120	1859	2729	2782	2387	2381
92	2330	2686	2470	1850	3470	2323	3650	3800	1590	1468	3121	2010	2564
93	2194	1892	2168	1990	3280	3894	3900	3720	2119	1860	2077	1214	2526
94	2950	3960	3210	3287	3710	2930	5040	2890	2090	1419	2530	1070	2924
95	1204	2364	1779	2020	2314	2681	1500	2125	1965	1636	1103	1664	1863
96	3700	2106	2910	2780	3840	3430	3720	3900	2239	2310	3090	2260	3024
97	1875	3452	2398	2940	2000	2644	3730	3530	1445	1497	2086	1877	2456
98	2330	2262	2784	2270	2500	2630	5300	4570	2140	1359	3270	2290	2809
99	2250	3630	3220	2300	3670	2700	3660	3670	2060	860	1317	964	2525
100	2819	2533	2590	2720	2430	2789	3610	3110	1827	2179	2407	2920	2661
T09	1635	2086	3070	2570	2775	2246	2549	3309	1499	1630	2137	1395	2242
T12	1222	1678	1604	1387	2309	1434	2560	2563	1132	1518	1788	859	1671
média	2410	2502	2730	2400	3844	2982	3294	3221	1815	1617	2232	1764	2571

APÊNDICE D. Valores genotípicos preditos das linhagens experimentais convencionais e testemunhas em comum para produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹) em cada ambiente. Tecnologia convencional, PG, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
51	2284	1881	1960	2132	3553	2837	2845	2966	1859	1519	1901	1409	2375
52	1907	2193	2297	1702	4068	2553	2483	2948	1904	1723	2399	1735	2425
53	1920	2327	2474	2306	3412	2466	2928	2680	1432	1333	2032	952	2317
54	2426	2877	3218	2278	4321	2778	3031	3394	2115	1282	2146	1216	2632
55	1833	2250	1936	1517	4305	3189	2680	2791	1394	1897	1800	1414	2366
56	2872	2567	2539	2362	4064	3084	3293	3395	1793	2092	2379	2380	2745
57	1817	1551	1867	1685	2359	2486	2651	2679	1906	1725	2361	1562	2212
58	2310	2196	2894	2293	4661	2944	2561	2701	1647	1389	1574	896	2435
59	2349	2276	2105	1828	4399	2822	3317	3177	1220	1379	1860	1040	2416
60	2691	2574	3061	2146	4270	3417	3480	3698	1955	2275	2454	2179	2835
61	2638	3149	2930	2478	3792	3336	3560	3303	2006	1748	2382	1934	2773
62	1843	2263	2787	2276	4235	3100	3682	3260	1716	2074	2301	1887	2654
63	2568	2185	3545	2514	3212	2790	3607	3585	2114	2079	1904	2188	2710
64	2877	2581	2631	1896	4301	2691	3219	3097	1647	1844	2543	1744	2631
65	3263	3166	2753	3085	3673	2980	3353	2960	1693	1585	1726	1354	2665
66	2975	2723	2608	2067	3672	2571	2915	2905	1308	1433	1327	993	2398
67	2510	2986	2754	2630	3906	2902	3513	3285	2216	2181	2551	1727	2767
68	2667	2943	2881	2937	3383	2713	2631	2704	1669	1664	2624	1345	2571
69	2137	2986	2926	2640	3833	3450	3275	4434	2158	2196	3322	1969	2908
70	2461	2727	2729	1989	2260	3308	3065	2600	1832	1933	2510	1813	2510
71	2426	1827	2108	1926	4074	2700	2935	2973	1813	1461	1610	1214	2370
72	2313	2461	2576	2438	3073	3058	3053	2486	1436	1513	2498	1529	2459
73	2449	2093	2686	2562	3867	2780	3712	2426	1751	1564	2523	1572	2560
74	2477	2200	1763	2470	2960	2169	2439	2417	1391	1507	2284	1150	2250
75	2126	2626	2652	2804	4244	3517	3328	2775	1624	1792	2254	1372	2633
76	2704	2830	2764	2752	4192	4138	4284	4192	1773	1662	3063	1980	2974
77	2500	2593	2885	2330	4245	3556	3508	4187	2585	1907	2380	2358	2889
78	2837	2749	2309	2419	3387	2800	3436	2834	1877	1881	2629	2431	2665
79	2460	2515	2492	2621	4517	2826	2897	3949	1819	1663	1998	1242	2626
80	2474	2129	2529	2298	4340	3590	3704	4005	2388	2188	2147	1724	2790
81	1975	2134	1970	2029	2980	3029	3693	2810	1965	1954	2478	2120	2505
82	1941	2495	2140	2042	3833	3449	3472	2347	1569	1321	1813	1493	2425
83	2173	2172	2398	2463	3275	2707	2793	2853	1845	1626	2019	1570	2424
84	2174	2415	1815	2331	3990	3660	2453	4417	1495	1936	1563	1074	2517
85	2790	2545	2857	2515	3194	3543	3441	3276	2106	2047	2639	2097	2760
86	3400	2789	3296	3093	4645	3238	4276	4203	2340	2140	2144	2277	3072
87	2384	2544	1842	2315	3133	2780	2829	2581	1720	1327	1557	1209	2314
88	2585	2610	3222	2749	4373	2979	3554	3510	1825	2013	2203	1749	2781
89	2656	2109	2919	2141	3862	2756	3108	3629	2137	1900	2034	1746	2626
90	2697	2983	2160	2885	3286	2943	2986	3200	2131	1892	2148	1754	2630
91	1924	1895	2175	2185	3150	2972	2569	3606	1800	2264	2431	1886	2486
92	2365	2547	2386	2063	3455	2646	3387	3494	1712	1696	2638	1747	2570
93	2281	2144	2222	2113	3345	3390	3490	3437	1951	1775	2114	1343	2535
94	2762	3262	2842	2719	3668	3037	3919	3149	2051	1769	2448	1387	2758
95	1587	2127	1819	1914	2663	2588	2113	2450	1663	1546	1428	1347	2120
96	3180	2417	2750	2665	3785	3334	3571	3693	2178	2255	2774	2018	2862
97	2112	2887	2319	2560	2710	2770	3394	3331	1610	1735	2104	1650	2508
98	2446	2423	2620	2348	3066	2876	4269	3948	2060	1746	2792	1964	2728
99	2313	2992	2737	2269	3539	2816	3379	3418	1927	1388	1751	1226	2545
100	2634	2505	2476	2517	2982	2904	3399	3191	1859	2072	2324	2220	2632
T09	1821	2105	2654	2363	2860	2407	2652	3192	1537	1697	2067	1310	2343
T12	1429	1745	1575	1510	2685	1925	2538	2582	1175	1502	1717	884	1991
média	2399	2467	2516	2330	3636	2967	3205	3214	1821	1771	2205	1623	2571

APÊNDICE E. Médias fenotípicas ajustadas das linhagens experimentais RR e testemunhas em comum de peso de cem sementes (PCS, em g) estimada em cada ambiente. Tecnologia RR, PCS, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
1	11,38	13,78	13,27	14,78	13,85	13,63	16,57	15,29	13,71	11,20	15,55	13,55	13,88
2	19,41	17,56	16,29	13,65	15,45	12,62	14,04	12,39	11,71	11,67	12,92	11,20	14,07
3	18,48	16,87	14,79	15,90	15,16	14,11	13,85	11,77	11,43	10,73	12,12	11,54	13,89
4	11,48	11,33	11,62	12,85	14,47	12,53	15,79	14,06	11,54	9,59	13,08	12,76	12,59
5	18,38	16,71	16,99	14,09	15,92	12,92	13,87	12,23	11,71	11,47	13,29	12,19	14,15
6	16,43	16,83	17,17	15,21	17,54	16,64	15,94	14,11	13,23	12,00	13,54	10,38	14,92
7	17,84	16,98	16,38	17,07	18,78	15,27	16,41	15,61	12,81	11,97	13,88	13,92	15,57
8	17,26	18,26	17,12	15,53	15,88	13,73	15,27	14,47	12,34	10,81	13,26	12,57	14,71
9	16,88	16,27	16,96	14,16	15,94	13,02	14,22	13,58	12,10	11,08	13,06	11,73	14,08
10	14,01	13,82	13,95	13,67	15,83	14,98	15,51	14,07	12,26	11,90	15,14	14,79	14,16
11	18,09	17,25	15,59	16,08	14,86	14,09	14,20	12,41	12,94	11,21	8,73	12,68	14,01
12	18,18	17,42	15,13	14,33	16,27	13,13	13,50	12,30	11,71	11,16	12,46	11,12	13,89
13	15,76	15,35	14,35	14,62	17,99	15,29	21,63	15,41	16,25	14,48	17,98	17,64	16,39
14	18,38	15,84	15,09	15,16	15,23	13,38	14,35	12,23	12,14	11,73	12,52	11,40	13,95
15	19,86	19,58	18,35	16,89	17,89	15,87	16,11	13,61	13,41	12,77	15,22	12,41	15,99
16	13,81	14,59	14,75	12,80	17,51	14,40	14,99	13,56	11,32	10,80	13,32	11,77	13,63
17	16,49	16,06	15,48	14,68	19,25	16,12	21,58	18,63	16,05	14,27	14,99	16,49	16,67
18	14,00	13,15	13,60	12,59	15,01	13,73	17,02	13,04	11,47	12,29	13,55	12,90	13,53
19	15,45	14,88	14,58	14,01	15,41	14,62	13,20	11,93	12,47	10,63	12,47	12,00	13,47
20	13,66	14,12	14,57	14,34	14,79	12,38	14,22	13,56	11,48	12,01	14,05	11,58	13,39
21	12,30	13,89	14,10	12,85	14,16	10,95	13,35	11,49	11,01	8,97	13,14	12,05	12,35
22	11,10	10,79	13,16	12,94	12,40	11,65	13,20	11,54	9,59	8,55	10,61	10,82	11,36
23	14,44	14,51	14,80	16,83	14,44	11,26	15,70	10,90	11,23	10,76	13,97	12,14	13,41
24	14,68	15,91	19,67	18,37	17,89	15,30	20,16	17,25	13,67	11,99	17,35	13,80	16,33
25	15,28	16,25	14,61	13,72	14,90	14,28	15,60	14,26	12,06	10,94	13,02	12,65	13,96
26	14,20	13,95	15,67	14,26	17,44	15,15	18,07	16,21	14,66	11,20	16,29	14,74	15,15
27	12,27	13,35	16,23	13,67	14,83	14,59	17,14	15,14	13,48	11,71	14,54	12,23	14,10
28	13,70	14,58	17,70	15,53	16,87	15,54	18,53	16,12	13,95	11,69	17,59	14,35	15,51
29	12,78	13,78	15,09	12,83	14,22	13,36	14,21	13,99	11,50	10,28	13,01	11,42	13,04
30	12,73	12,67	14,75	13,94	14,12	15,04	16,80	15,61	14,28	13,41	14,95	14,04	14,36
31	13,68	14,38	16,25	14,26	15,73	15,45	15,06	13,76	12,66	10,36	14,48	12,31	14,03
32	13,38	13,51	15,90	15,85	15,16	14,77	17,30	16,27	13,49	12,09	16,06	14,52	14,86
33	15,62	15,56	15,39	12,35	14,85	13,71	16,61	12,37	11,44	11,97	15,44	12,83	14,01
34	12,65	14,20	17,13	16,39	16,08	14,13	18,30	15,79	13,48	13,10	16,31	13,96	15,12
35	14,60	13,53	15,06	13,59	15,34	14,45	13,56	11,41	11,71	9,77	14,02	12,02	13,25
36	13,79	14,31	14,94	13,95	14,95	13,56	15,98	16,77	15,01	12,61	14,02	12,51	14,36
37	13,47	12,09	13,83	12,27	13,08	12,33	15,98	14,57	10,72	9,92	14,41	12,13	12,90
38	14,86	12,70	13,21	11,07	13,37	12,11	13,93	11,83	10,05	8,59	12,91	11,99	12,22
39	13,28	13,17	14,49	12,30	17,12	14,78	19,72	14,20	16,61	12,71	18,01	14,43	15,07
40	11,87	12,81	15,34	13,14	12,21	11,65	15,13	14,47	12,85	11,60	15,03	13,18	13,27
41	14,41	14,62	17,33	15,93	17,80	16,69	20,18	17,26	15,81	14,66	19,02	14,89	16,55
42	16,17	15,63	14,97	15,02	16,84	14,86	16,61	14,77	13,89	13,39	15,47	12,80	15,03
43	13,30	14,36	15,86	14,37	14,40	13,99	16,48	15,45	13,20	12,93	15,67	13,28	14,44
44	15,64	14,69	14,14	13,66	16,18	16,05	16,27	14,94	13,02	11,56	14,46	13,09	14,47
45	12,21	11,93	13,27	12,03	11,19	12,42	13,69	14,48	11,56	9,93	13,58	11,27	12,30
46	13,94	15,23	14,08	13,17	14,46	14,91	16,48	14,37	11,96	11,42	15,51	12,65	14,01
47	14,36	15,42	13,10	12,34	14,64	14,89	15,88	15,02	11,87	11,58	14,62	12,95	13,89
48	13,86	13,36	14,16	12,98	14,33	13,86	16,79	14,64	11,87	11,32	15,91	13,36	13,87
49	13,88	13,26	12,37	11,12	12,59	12,35	14,35	12,75	9,35	9,11	13,71	9,90	12,06
50	11,94	12,07	13,75	12,17	12,46	12,41	15,09	13,44	10,81	9,50	13,29	11,53	12,37
T09	15,20	16,21	16,94	16,50	16,36	15,38	18,61	15,72	12,81	11,37	16,12	13,16	15,36
T12	11,82	11,75	12,06	11,49	13,45	11,43	15,20	14,48	12,09	11,50	13,69	12,00	12,58
média	14,66	14,63	15,10	14,10	15,32	13,95	16,00	14,14	12,57	11,43	14,37	12,76	14,08

APÊNDICE F. Valores genotípicos preditos das linhagens experimentais RR e testemunhas em comum para peso de cem sementes (PCS, em g) em cada ambiente. Tecnologia RR, PCS, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
1	12,11	14,20	13,54	14,52	14,15	13,63	16,31	15,25	13,66	11,30	15,10	13,48	13,89
2	18,47	17,21	15,95	13,67	15,44	12,88	14,35	13,01	12,13	11,71	13,07	11,66	14,07
3	17,70	16,64	14,74	15,40	15,18	14,02	14,17	12,49	11,87	10,94	12,41	11,90	13,91
4	11,94	12,02	12,00	12,75	14,38	12,53	15,44	14,03	11,71	9,79	12,91	12,60	12,73
5	17,68	16,56	16,52	14,08	15,82	13,13	14,24	12,89	12,14	11,57	13,38	12,46	14,14
6	16,30	16,81	16,82	15,07	17,26	16,21	16,02	14,53	13,49	12,14	13,73	11,72	14,88
7	17,53	17,05	16,31	16,64	18,35	15,26	16,51	15,83	13,28	12,23	14,12	14,10	15,42
8	16,90	17,88	16,73	15,27	15,90	13,88	15,44	14,76	12,74	11,16	13,46	12,86	14,64
9	16,48	16,19	16,17	14,06	15,82	13,19	14,49	13,94	12,43	11,24	13,18	12,08	14,05
10	14,24	14,29	14,13	13,70	15,76	14,75	15,53	14,34	12,57	11,91	14,83	14,51	14,15
11	17,42	16,95	15,39	15,57	14,96	14,02	14,47	13,01	13,08	11,34	9,77	12,82	14,01
12	17,47	17,06	15,01	14,16	16,05	13,24	13,89	12,90	12,09	11,27	12,68	11,57	13,90
13	16,03	15,90	14,86	14,86	17,87	15,42	20,20	15,76	16,13	14,35	17,49	17,16	16,10
14	17,63	15,84	14,99	14,83	15,24	13,46	14,58	12,86	12,44	11,73	12,74	11,80	13,96
15	19,20	19,18	17,95	16,59	17,74	15,81	16,36	14,34	13,83	12,95	15,25	13,20	15,82
16	13,98	14,79	14,66	12,91	16,98	14,19	15,02	13,84	11,73	10,94	13,30	12,03	13,67
17	16,67	16,53	15,82	14,98	18,93	16,14	20,79	18,42	16,04	14,26	15,20	16,33	16,42
18	14,11	13,63	13,74	12,72	14,99	13,65	16,59	13,41	11,83	12,09	13,46	12,90	13,58
19	15,23	14,98	14,49	13,72	15,29	14,33	13,57	12,52	12,60	10,77	12,60	12,18	13,51
20	13,82	14,37	14,47	14,08	14,79	12,56	14,37	13,79	11,81	11,85	13,83	11,83	13,45
21	12,54	13,99	13,90	12,70	14,09	11,23	13,48	11,96	11,24	9,25	12,91	12,00	12,51
22	11,41	11,36	12,85	12,58	12,51	11,59	13,17	11,81	9,93	8,73	10,73	10,84	11,61
23	14,42	14,68	14,65	15,61	14,51	11,67	15,52	11,70	11,61	10,86	13,76	12,27	13,43
24	15,19	16,35	19,05	17,82	17,80	15,42	19,60	17,27	14,10	12,39	16,99	14,15	16,11
25	15,20	16,16	14,62	13,70	14,99	14,17	15,56	14,46	12,38	11,11	13,13	12,79	13,97
26	14,58	14,58	15,67	14,36	17,22	15,08	17,73	16,22	14,65	11,55	15,93	14,66	15,04
27	12,86	13,91	15,92	13,68	14,96	14,44	16,80	15,18	13,52	11,74	14,35	12,48	14,09
28	14,26	15,15	17,34	15,42	16,83	15,46	18,17	16,22	14,16	12,00	17,02	14,42	15,37
29	13,05	14,04	14,81	12,82	14,28	13,26	14,29	14,07	11,76	10,41	12,94	11,64	13,13
30	13,27	13,42	14,80	13,95	14,45	14,84	16,58	15,60	14,20	13,13	14,72	13,95	14,33
31	13,96	14,70	15,92	14,14	15,65	15,10	15,15	14,08	12,86	10,67	14,29	12,53	14,03
32	13,88	14,18	15,80	15,55	15,36	14,73	17,07	16,21	13,68	12,19	15,69	14,43	14,78
33	15,47	15,62	15,23	12,63	14,95	13,73	16,36	12,98	11,90	11,93	15,04	12,94	14,01
34	13,36	14,77	16,82	16,02	16,14	14,27	17,91	15,88	13,72	13,04	15,94	14,04	15,02
35	14,53	13,89	14,84	13,46	15,20	14,16	13,82	12,08	11,97	10,25	13,78	12,15	13,35
36	14,11	14,71	14,95	13,96	15,11	13,68	15,94	16,51	14,77	12,51	14,00	12,75	14,33
37	13,57	12,68	13,80	12,36	13,35	12,42	15,65	14,49	11,12	10,11	14,02	12,17	13,01
38	14,32	13,02	13,17	11,27	13,44	12,11	13,90	12,20	10,46	8,92	12,70	11,93	12,37
39	13,84	13,95	14,73	12,80	16,95	14,77	19,02	14,62	16,17	12,71	17,26	14,40	14,97
40	12,39	13,32	15,05	13,11	12,74	11,96	15,06	14,49	12,87	11,50	14,58	13,07	13,35
41	15,02	15,37	17,25	15,94	17,77	16,56	19,66	17,32	15,82	14,53	18,34	15,05	16,30
42	16,10	15,87	15,10	14,93	16,72	14,82	16,56	15,07	14,02	13,24	15,26	13,11	14,93
43	13,73	14,77	15,69	14,30	14,69	14,03	16,35	15,49	13,36	12,77	15,31	13,37	14,40
44	15,58	15,03	14,34	13,75	16,09	15,66	16,18	15,09	13,23	11,70	14,36	13,23	14,43
45	12,47	12,44	13,24	12,05	11,75	12,38	13,74	14,31	11,66	10,00	13,25	11,38	12,46
46	14,15	15,37	14,20	13,27	14,65	14,67	16,26	14,55	12,31	11,50	15,10	12,80	14,01
47	14,46	15,49	13,41	12,60	14,77	14,63	15,77	15,04	12,21	11,60	14,37	13,00	13,90
48	14,06	13,87	14,24	13,10	14,52	13,82	16,48	14,74	12,21	11,39	15,38	13,33	13,88
49	13,73	13,44	12,49	11,29	12,80	12,28	14,25	12,90	9,88	9,30	13,31	10,25	12,25
50	12,27	12,56	13,63	12,17	12,76	12,39	14,85	13,50	11,09	9,67	13,04	11,60	12,53
T09	15,35	16,44	16,78	16,28	16,39	15,33	18,34	15,92	13,16	11,61	15,90	13,38	15,25
T12	12,14	12,21	12,19	11,56	13,53	11,54	15,04	14,52	12,22	11,34	13,45	12,06	12,70
média	14,73	14,91	15,02	14,01	15,34	13,93	15,90	14,39	12,80	11,52	14,22	12,91	14,08

APÊNDICE G. Médias fenotípicas ajustadas das linhagens experimentais convencionais e testemunhas em comum de peso de cem sementes (PCS, em g) estimada em cada ambiente. Tecnologia convencional, PCS, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
51	15,44	16,08	14,60	14,20	18,75	17,31	15,98	16,34	11,16	11,20	13,58	11,39	14,67
52	16,38	16,69	17,05	15,65	18,66	15,98	14,14	14,71	12,06	11,08	13,23	11,77	14,78
53	14,83	16,59	15,02	14,98	16,27	15,88	14,09	13,30	12,64	10,04	13,11	10,71	13,95
54	16,55	16,23	13,76	13,55	15,34	12,49	12,75	11,79	11,92	9,82	12,36	10,86	13,12
55	15,24	16,04	16,27	15,44	16,47	13,47	13,90	12,15	10,69	9,75	12,23	11,05	13,56
56	14,01	15,59	14,08	14,97	16,28	16,72	15,83	13,65	11,63	11,33	14,92	12,74	14,31
57	14,07	14,88	15,97	13,73	16,59	13,93	14,17	14,64	11,41	9,56	12,88	11,71	13,63
58	16,83	16,28	17,74	16,45	17,82	14,57	12,97	12,46	10,55	9,44	11,08	10,66	13,90
59	16,81	16,44	15,21	14,99	17,21	15,06	13,55	12,72	11,46	10,56	12,69	11,29	14,00
60	15,09	14,81	14,82	14,13	14,88	13,87	13,62	12,52	10,37	9,61	11,76	10,76	13,02
61	19,60	19,52	16,32	17,67	17,49	16,22	16,55	14,05	12,43	11,21	13,31	11,72	15,51
62	13,05	15,00	16,89	14,34	14,06	13,01	14,15	13,39	9,77	9,07	12,21	10,97	12,99
63	15,50	16,66	17,67	16,46	15,73	14,64	16,15	15,54	10,63	10,75	14,27	11,51	14,62
64	17,05	17,21	16,72	14,67	16,97	14,18	15,46	13,96	12,06	10,64	13,91	11,96	14,56
65	16,31	16,60	14,43	14,84	14,46	12,96	13,40	11,64	11,13	9,92	11,66	11,70	13,25
66	16,24	15,69	17,50	16,34	19,03	16,49	14,10	15,46	10,81	10,66	9,98	11,30	14,47
67	15,29	16,04	14,06	14,96	15,05	13,71	16,61	12,96	12,33	11,08	15,05	11,93	14,09
68	16,68	19,04	16,37	16,55	16,00	14,75	13,50	14,04	11,11	9,11	12,31	10,35	14,15
69	15,10	18,65	15,35	16,93	17,49	16,34	17,39	17,04	13,36	11,83	15,41	13,38	15,69
70	14,82	16,36	16,30	14,79	15,55	14,89	15,71	12,86	12,80	12,51	15,78	12,50	14,57
71	15,63	14,69	16,64	15,11	20,12	15,87	14,41	16,59	12,69	11,37	12,60	12,60	14,86
72	12,69	14,46	14,11	14,98	14,83	13,56	14,54	13,62	10,94	9,82	13,21	10,75	13,12
73	16,10	17,83	15,51	16,16	16,39	12,83	14,25	13,25	11,10	10,22	13,15	11,92	14,06
74	14,58	18,02	16,97	16,17	15,59	14,02	15,90	13,70	13,54	10,56	15,87	10,13	14,59
75	14,57	16,78	16,93	15,63	15,02	12,72	15,69	11,59	10,48	9,89	13,48	10,96	13,64
76	14,27	15,96	14,35	13,34	16,03	15,22	12,59	14,43	10,29	8,48	11,34	10,63	13,07
77	13,03	13,43	12,51	10,91	14,59	14,21	15,10	12,56	11,50	10,92	13,18	11,86	12,81
78	13,81	15,30	13,58	14,77	16,46	13,84	15,02	12,80	11,04	9,91	11,65	11,59	13,31
79	15,48	14,56	14,46	13,77	15,42	14,71	12,80	15,14	11,22	10,82	10,83	10,07	13,27
80	14,11	13,10	14,89	14,17	15,74	15,66	13,97	15,65	10,80	8,79	12,31	10,21	13,28
81	16,20	16,34	15,53	14,37	16,39	15,43	14,32	12,30	12,88	11,33	12,47	11,26	14,07
82	14,05	15,39	14,76	13,12	14,30	13,09	11,14	10,93	9,65	7,81	10,02	10,11	12,03
83	14,73	15,04	13,26	12,94	14,69	12,63	11,73	11,58	10,37	9,23	11,12	10,12	12,28
84	18,32	15,26	16,26	15,42	15,36	14,25	14,07	14,35	10,95	10,52	11,77	10,79	13,94
85	17,12	16,07	16,31	14,97	17,26	15,41	14,93	12,94	11,90	9,58	13,12	10,45	14,17
86	15,82	17,18	16,06	15,67	16,85	14,80	16,61	14,70	13,92	11,49	13,91	11,44	14,87
87	16,31	16,25	15,56	14,79	15,77	15,06	17,00	15,25	13,41	10,18	13,38	11,79	14,56
88	16,21	16,04	16,99	16,10	18,60	15,57	18,62	16,96	15,85	12,29	16,03	12,77	16,00
89	15,70	17,87	16,82	16,22	16,03	15,05	16,54	14,35	13,35	11,41	13,21	11,46	14,83
90	11,70	13,04	12,22	12,10	14,92	11,40	13,95	10,97	10,39	8,16	10,65	10,11	11,63
91	14,63	13,99	15,95	16,05	15,57	16,85	16,85	16,59	15,13	12,46	16,06	12,97	15,26
92	15,22	15,28	15,63	14,34	16,16	13,26	17,42	14,93	14,92	11,41	15,00	11,64	14,60
93	13,97	15,69	14,94	14,52	14,60	14,08	16,13	15,09	13,61	10,33	14,51	11,79	14,10
94	17,01	16,43	15,72	14,54	14,41	15,69	16,63	14,42	12,89	11,43	14,57	10,79	14,54
95	15,14	17,04	15,49	14,74	13,89	15,21	16,93	16,00	15,87	12,20	11,41	12,49	14,70
96	13,56	16,79	14,85	13,83	14,99	14,33	16,55	14,34	12,57	10,85	15,17	12,83	14,22
97	14,27	15,79	15,39	13,82	14,68	13,22	14,90	14,30	15,12	11,31	14,17	11,85	14,07
98	12,45	15,74	14,66	13,37	14,58	12,63	15,23	14,22	12,44	10,22	14,44	11,81	13,48
99	13,12	14,24	13,71	13,32	14,61	13,28	15,84	15,31	11,87	8,56	13,11	10,40	13,11
100	13,50	14,53	15,30	13,79	14,04	13,76	16,97	14,48	14,19	10,62	14,03	12,67	13,99
T09	14,61	16,52	16,70	16,71	16,99	15,24	16,87	14,24	12,66	11,09	13,54	11,43	14,71
T12	11,44	12,51	11,84	12,29	12,23	11,77	14,16	13,57	12,70	10,74	12,28	10,14	12,14
média	15,08	15,91	15,38	14,76	15,91	14,44	15,03	13,97	12,12	10,44	13,14	11,38	13,96

APÊNDICE H. Valores genotípicos preditos das linhagens experimentais convencionais e testemunhas em comum para peso de cem sementes (PCS, em g) em cada ambiente. Tecnologia convencional, PCS, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
51	15,70	15,86	14,70	14,53	18,05	16,60	15,85	15,70	11,80	11,30	13,34	11,49	14,57
52	16,40	16,33	16,46	15,59	18,03	15,70	14,60	14,59	12,47	11,25	13,40	11,79	14,70
53	15,08	16,04	14,81	14,90	16,12	15,41	14,34	13,37	12,66	10,29	12,83	10,83	13,95
54	16,08	15,57	13,70	13,76	15,25	12,80	13,18	12,09	11,94	9,92	12,08	10,72	13,22
55	15,27	15,55	15,59	15,11	16,16	13,60	14,10	12,46	11,19	9,99	12,10	10,96	13,60
56	14,59	15,41	14,23	14,97	16,21	16,08	15,65	13,70	12,04	11,29	14,19	12,22	14,25
57	14,46	14,75	15,40	13,93	16,26	13,94	14,31	14,23	11,71	9,87	12,58	11,44	13,66
58	16,48	15,80	16,72	15,91	17,20	14,47	13,54	12,76	11,17	9,86	11,39	10,78	13,90
59	16,50	15,95	14,96	14,92	16,80	14,85	13,98	12,98	11,85	10,68	12,79	11,26	14,01
60	15,02	14,54	14,42	14,05	14,90	13,75	13,76	12,58	10,82	9,75	11,63	10,62	13,13
61	18,85	18,50	16,13	17,19	17,38	16,04	16,48	14,30	12,91	11,52	13,37	11,94	15,31
62	13,58	14,66	15,88	14,19	14,31	13,13	14,13	13,18	10,39	9,36	11,94	10,76	13,10
63	15,73	16,25	16,85	16,11	15,91	14,70	15,86	15,12	11,41	10,97	13,81	11,56	14,52
64	16,81	16,63	16,16	14,83	16,77	14,36	15,46	14,00	12,41	10,88	13,55	11,86	14,48
65	15,94	15,86	14,21	14,62	14,66	13,16	13,67	12,02	11,41	10,03	11,62	11,34	13,33
66	16,21	15,53	16,69	15,98	18,20	15,96	14,48	15,03	11,50	10,86	10,75	11,38	14,40
67	15,44	15,68	14,17	14,91	15,29	13,91	16,15	13,16	12,48	11,06	14,23	11,72	14,06
68	16,44	17,81	15,81	16,06	15,98	14,66	13,97	13,95	11,63	9,69	12,31	10,62	14,12
69	15,73	17,95	15,93	16,73	17,44	16,19	17,12	16,47	13,63	12,02	14,91	13,17	15,51
70	15,24	16,03	15,87	14,92	15,77	14,86	15,64	13,23	12,93	12,20	14,87	12,25	14,49
71	15,89	15,07	16,19	15,22	19,07	15,64	14,80	15,92	12,93	11,47	12,70	12,40	14,75
72	13,36	14,31	13,95	14,68	14,89	13,56	14,44	13,38	11,25	9,92	12,68	10,64	13,22
73	16,01	16,94	15,18	15,76	16,24	13,28	14,48	13,37	11,61	10,45	13,06	11,71	14,06
74	15,07	17,21	16,35	15,90	15,81	14,26	15,78	13,82	13,46	10,83	14,94	10,58	14,50
75	14,82	16,09	16,08	15,27	15,16	13,09	15,38	12,08	11,06	10,11	13,01	10,92	13,67
76	14,46	15,36	14,11	13,51	15,72	14,71	13,05	13,94	10,78	8,97	11,35	10,54	13,18
77	13,52	13,51	12,74	11,73	14,64	13,93	14,75	12,56	11,56	10,63	12,58	11,34	12,95
78	14,19	14,96	13,63	14,58	16,09	13,78	14,83	12,85	11,37	10,04	11,63	11,28	13,38
79	15,37	14,43	14,24	13,86	15,34	14,41	13,25	14,50	11,49	10,67	11,04	10,20	13,35
80	14,39	13,40	14,54	14,14	15,57	15,07	14,08	14,85	11,19	9,24	11,96	10,29	13,34
81	16,08	15,89	15,20	14,49	16,24	15,12	14,53	12,70	12,86	11,23	12,40	11,24	14,05
82	14,04	14,69	14,13	13,08	14,24	12,94	11,76	11,20	10,06	8,22	10,15	9,90	12,26
83	14,58	14,51	13,13	13,02	14,58	12,68	12,24	11,72	10,63	9,29	10,99	9,98	12,48
84	17,55	15,41	15,69	15,21	15,48	14,26	14,33	14,12	11,48	10,64	11,89	10,89	13,97
85	16,33	15,71	15,76	14,93	16,86	15,12	14,97	13,16	12,18	10,01	12,88	10,68	14,09
86	16,02	16,68	15,78	15,62	16,77	14,88	16,35	14,60	13,80	11,55	13,63	11,58	14,75
87	16,28	15,96	15,35	14,91	15,92	14,98	16,55	14,90	13,36	10,55	13,17	11,74	14,48
88	16,58	16,18	16,73	16,21	18,30	15,72	18,07	16,48	15,46	12,41	15,41	12,81	15,74
89	15,92	17,17	16,31	16,00	16,18	15,05	16,29	14,34	13,39	11,49	13,12	11,58	14,72
90	12,28	12,93	12,24	12,26	14,57	11,65	13,64	11,13	10,48	8,37	10,49	9,80	11,91
91	15,29	15,26	15,75	16,01	15,98	16,44	16,64	16,05	14,78	12,36	15,26	12,78	15,16
92	15,53	15,28	15,41	14,61	16,21	13,72	16,85	14,69	14,43	11,43	14,33	11,65	14,51
93	14,52	15,44	14,79	14,61	14,98	14,17	15,82	14,67	13,39	10,54	13,85	11,63	14,08
94	16,78	16,07	15,45	14,84	14,96	15,42	16,12	14,31	12,99	11,43	14,01	11,03	14,46
95	15,49	16,68	15,34	14,92	14,64	15,13	16,54	15,47	15,14	12,01	11,83	12,28	14,61
96	14,26	16,25	14,76	14,15	15,29	14,38	16,14	14,18	12,68	10,93	14,36	12,39	14,18
97	14,71	15,50	15,10	14,10	15,03	13,56	14,93	14,11	14,44	11,22	13,60	11,66	14,05
98	13,28	15,31	14,43	13,63	14,80	12,99	15,02	13,90	12,40	10,30	13,65	11,48	13,53
99	13,66	14,16	13,67	13,50	14,73	13,35	15,35	14,58	11,90	9,03	12,61	10,39	13,21
100	14,15	14,58	15,02	14,07	14,56	13,92	16,38	14,21	13,77	10,71	13,49	12,22	13,98
T09	14,99	16,17	16,27	16,47	16,88	15,17	16,64	14,19	12,86	11,23	13,29	11,46	14,63
T12	11,98	12,65	11,87	12,47	12,55	11,97	14,00	13,24	12,50	10,55	11,86	10,01	12,35
média	15,25	15,59	15,07	14,75	15,87	14,40	15,00	13,85	12,31	10,59	12,86	11,30	13,96

APÊNDICE I. Médias fenotípicas ajustadas das linhagens experimentais RR e testemunhas em comum de número de dias para a maturidade (NDM, em dias) estimada em cada ambiente. Tecnologia RR, NDM, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
1	127	130	128	134	131	128	130	125	125	118	126	122	127
2	148	143	148	146	143	142	143	140	136	131	136	132	141
3	147	145	147	145	141	142	145	141	131	130	136	133	140
4	127	129	132	132	134	129	131	126	123	119	130	123	128
5	149	143	146	147	143	143	145	143	130	131	136	133	141
6	150	149	149	148	141	142	147	142	132	132	137	134	142
7	142	139	145	143	139	135	143	140	130	127	135	133	137
8	144	142	149	143	145	140	141	140	130	130	136	131	139
9	142	144	147	142	142	138	141	138	130	132	134	132	138
10	133	134	140	138	136	133	133	133	122	121	133	128	132
11	144	144	146	146	142	141	141	141	132	130	135	133	139
12	144	142	144	144	143	141	140	140	129	130	134	132	139
13	128	127	120	126	128	126	126	124	121	119	123	118	124
14	145	141	144	144	142	141	141	136	135	132	136	134	139
15	147	148	149	148	145	142	145	141	137	134	135	132	142
16	134	137	141	137	140	134	137	135	127	124	134	129	134
17	127	129	118	122	123	117	123	120	118	119	122	114	121
18	134	133	138	137	137	134	133	133	125	127	131	128	132
19	140	139	144	147	140	142	143	140	136	129	135	132	139
20	137	139	141	145	142	141	140	135	131	128	135	133	137
21	137	137	143	140	140	135	137	134	129	124	132	129	135
22	130	132	138	136	131	133	132	124	126	125	131	127	130
23	134	130	134	134	133	142	131	133	124	124	133	128	131
24	128	124	133	133	130	129	128	123	121	118	122	117	125
25	133	137	143	138	134	132	135	132	125	127	133	129	133
26	133	130	136	136	132	127	134	130	129	124	134	124	130
27	126	128	138	134	131	127	132	128	123	122	134	126	129
28	131	133	141	135	131	129	134	128	125	122	134	126	131
29	128	128	132	134	132	129	132	125	121	120	130	124	128
30	131	128	134	129	131	129	134	130	126	123	133	125	129
31	139	137	147	143	138	133	139	135	132	129	134	130	136
32	128	127	140	138	133	126	135	127	127	126	133	127	130
33	142	141	146	142	137	132	137	132	128	128	132	126	135
34	125	127	131	128	131	128	131	125	126	124	132	127	128
35	143	147	148	147	144	142	145	142	135	132	135	133	141
36	129	128	134	137	126	124	127	124	125	121	131	120	127
37	133	133	136	139	134	132	136	129	127	127	133	123	132
38	136	135	142	144	138	135	139	135	130	124	133	128	135
39	132	132	134	136	136	128	130	128	121	120	131	124	129
40	130	129	133	135	133	126	130	126	125	120	129	125	128
41	125	127	134	132	131	127	132	126	123	118	130	123	127
42	136	137	144	144	141	137	142	138	134	132	135	134	138
43	131	132	136	136	130	128	134	132	127	122	133	127	130
44	142	138	145	144	137	134	142	132	136	127	136	130	137
45	132	133	137	138	134	130	131	127	127	125	132	118	130
46	132	135	139	138	133	131	134	128	127	126	131	128	132
47	135	135	140	138	133	134	131	129	127	126	128	127	132
48	133	133	140	137	135	132	132	129	128	122	130	124	131
49	134	133	140	138	135	130	136	130	128	124	132	124	132
50	133	134	141	139	134	131	135	129	128	126	134	123	132
T09	133	133	136	137	135	132	133	129	125	124	133	124	131
T12	124	123	122	122	125	121	122	119	117	114	118	114	120
média	135	135	139	138	135	133	135	131	127	125	132	127	133

APÊNDICE J. Valores genotípicos preditos das linhagens experimentais RR e testemunhas em comum para número de dias para a maturidade (NDM, em dias) em cada ambiente. Tecnologia RR, NDM, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
1	127	130	130	133	130	127	130	125	123	118	126	122	127
2	146	143	147	146	142	141	143	139	135	131	137	133	141
3	145	144	146	145	141	141	144	140	131	130	136	134	140
4	128	129	132	132	132	128	131	126	122	119	129	123	128
5	147	143	146	147	142	142	145	141	131	131	137	134	141
6	148	148	148	147	141	142	146	141	133	132	137	135	142
7	141	139	144	143	138	135	142	138	130	127	135	133	138
8	143	142	147	143	143	139	141	139	130	130	136	132	139
9	141	143	146	143	141	138	141	137	130	131	135	133	139
10	133	134	139	137	134	132	134	132	122	122	132	128	132
11	143	143	145	145	141	140	141	139	132	130	136	133	139
12	143	142	144	144	141	140	141	139	129	130	135	133	139
13	127	127	122	127	127	125	126	123	120	118	123	118	124
14	144	141	144	144	141	140	141	136	134	131	136	134	139
15	146	147	148	148	144	142	145	140	136	133	136	134	142
16	134	136	140	138	138	134	137	134	126	124	133	129	134
17	126	127	120	123	122	118	123	119	117	117	121	115	121
18	134	134	138	137	135	133	133	132	125	126	131	128	133
19	140	139	144	146	140	140	143	139	134	129	135	133	139
20	137	139	141	144	140	139	140	135	130	128	135	133	137
21	137	137	142	140	138	135	137	134	128	124	132	129	135
22	130	133	137	136	130	132	133	125	125	124	130	126	131
23	133	131	134	135	132	138	132	132	124	124	132	127	132
24	127	125	132	132	129	127	128	123	120	118	123	118	126
25	133	136	142	138	134	132	135	131	125	126	132	129	133
26	132	131	136	136	131	127	134	129	127	123	132	125	131
27	127	129	137	134	130	127	132	128	122	121	132	126	129
28	131	133	139	135	131	129	134	128	124	122	132	126	131
29	128	129	132	134	130	128	131	125	121	120	129	124	128
30	131	129	134	130	130	129	133	129	125	122	131	125	130
31	138	137	145	143	137	133	139	135	131	128	134	131	136
32	129	128	139	137	132	127	134	127	126	125	131	126	131
33	140	140	144	142	136	132	137	132	128	127	132	127	135
34	126	128	131	130	130	128	131	125	124	122	130	126	128
35	142	146	147	147	143	141	145	141	134	132	136	134	141
36	129	129	133	135	126	125	128	124	123	120	129	121	127
37	133	133	136	139	133	132	135	129	126	126	132	124	132
38	136	135	141	143	137	134	139	134	129	124	133	128	135
39	132	132	134	136	134	128	131	127	121	120	130	124	129
40	130	129	133	134	132	126	130	126	124	120	128	124	128
41	126	128	133	132	129	127	132	125	122	118	129	123	127
42	137	138	144	144	140	137	141	137	132	131	135	133	138
43	131	132	136	136	130	128	134	131	126	122	131	126	131
44	141	138	144	144	137	134	141	133	134	128	136	131	137
45	132	133	137	137	133	129	132	127	126	124	131	120	130
46	132	134	138	137	132	131	134	128	126	125	131	127	132
47	134	134	139	138	133	133	132	129	126	125	129	127	132
48	133	133	139	137	133	131	133	129	126	122	130	124	131
49	134	133	139	138	134	130	135	130	126	123	131	125	132
50	133	134	140	139	133	131	135	129	127	125	132	124	132
T09	133	133	136	137	134	132	133	129	124	123	132	125	131
T12	123	123	123	122	123	120	122	118	116	114	118	115	120
média	135	135	139	138	135	133	136	131	127	125	132	127	133

APÊNDICE K. Médias fenotípicas ajustadas das linhagens experimentais convencionais e testemunhas em comum de número de dias para a maturidade (NDM, em dias) estimada em cada ambiente. Tecnologia convencional, NDM, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
51	133	134	139	133	135	133	134	132	128	125	137	134	133
52	145	145	148	141	144	138	143	137	132	125	136	134	139
53	137	136	142	141	139	131	136	131	129	120	133	128	133
54	145	146	148	147	144	140	142	140	136	130	137	134	140
55	141	139	150	147	146	133	139	133	133	126	138	135	138
56	134	133	144	139	132	130	136	132	130	125	134	129	133
57	133	134	141	136	135	133	135	128	129	122	131	124	132
58	147	146	147	148	148	145	145	140	134	128	138	135	142
59	145	145	147	144	148	144	143	139	130	130	136	134	140
60	137	137	143	142	144	134	141	132	125	125	136	132	135
61	147	145	145	143	141	142	145	136	133	128	136	133	139
62	129	131	135	132	131	134	133	125	121	119	130	124	128
63	134	135	142	139	135	131	135	131	126	118	131	127	132
64	139	140	144	141	141	140	138	134	129	124	134	129	136
65	147	144	145	146	143	141	142	140	130	127	136	133	139
66	139	129	135	137	133	132	134	126	136	130	136	134	133
67	140	147	147	145	144	142	138	134	127	125	135	130	138
68	140	145	146	146	145	143	139	135	132	126	136	130	138
69	132	132	135	139	135	131	134	129	129	125	134	131	132
70	140	147	148	145	146	143	136	135	129	126	135	128	138
71	136	131	138	136	131	128	132	127	135	126	135	132	132
72	131	131	138	137	136	130	136	132	126	120	133	127	131
73	138	136	140	139	139	144	137	130	128	122	135	129	135
74	135	137	135	137	138	132	133	131	125	121	131	131	132
75	137	141	146	143	147	144	134	130	125	120	128	122	135
76	137	137	144	141	140	141	136	132	129	121	133	130	135
77	132	135	141	138	135	136	134	132	132	124	134	127	133
78	140	145	147	147	141	143	137	132	130	121	136	128	137
79	138	129	136	135	131	128	131	126	136	129	136	134	132
80	132	129	139	136	134	129	134	128	129	127	137	135	132
81	137	136	142	142	136	136	137	132	130	125	135	131	135
82	145	137	147	147	134	142	134	129	130	127	136	134	137
83	143	137	145	143	137	136	139	135	130	129	136	132	137
84	143	135	147	146	137	133	137	131	133	128	136	134	136
85	143	136	145	144	136	135	138	132	130	124	136	131	136
86	133	132	136	136	132	128	135	128	131	123	134	124	131
87	144	141	145	143	137	141	140	133	132	126	133	126	137
88	135	136	137	139	130	127	131	126	127	120	133	123	130
89	133	135	138	138	131	130	133	128	131	124	132	126	131
90	130	128	130	135	131	130	134	126	126	118	128	121	128
91	132	127	138	139	129	128	129	125	129	120	131	122	129
92	132	132	138	139	131	129	133	130	130	121	130	123	130
93	132	134	137	135	131	129	132	127	130	119	132	122	130
94	144	142	146	144	141	140	138	134	136	130	135	129	138
95	126	128	128	125	132	129	129	123	125	121	130	123	126
96	129	129	137	136	131	128	134	126	128	121	130	126	129
97	130	129	136	138	130	128	130	125	128	119	130	124	129
98	130	128	136	135	131	128	131	126	127	120	131	124	129
99	131	131	142	139	135	133	133	130	133	125	134	129	133
100	131	127	137	135	131	130	133	127	128	120	131	120	129
T09	131	131	134	132	135	133	132	128	125	121	134	125	130
T12	122	119	121	122	124	121	122	119	116	114	118	114	119
média	136	135	140	139	136	134	135	130	129	123	133	128	133

APÊNDICE L. Valores genotípicos preditos das linhagens experimentais convencionais e testemunhas em comum para número de dias para a maturidade (NDM, em dias) em cada ambiente. Tecnologia convencional, NDM, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes												média
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
51	133	133	139	134	135	132	134	131	128	124	135	133	132
52	144	143	147	141	144	138	142	137	133	125	136	134	138
53	137	135	142	140	138	131	136	130	129	120	133	128	133
54	144	144	147	147	144	140	142	139	136	130	137	134	140
55	141	138	149	145	145	133	139	133	134	126	137	135	137
56	134	132	143	138	132	130	136	131	131	124	133	128	132
57	133	133	141	136	135	133	135	129	129	121	130	124	131
58	146	145	147	147	147	144	145	140	135	128	138	135	141
59	144	144	147	144	147	143	143	139	132	130	136	134	140
60	137	136	142	141	143	134	140	132	127	125	135	131	135
61	146	143	145	142	141	141	144	136	134	128	136	133	139
62	129	130	135	131	131	133	133	125	122	118	129	124	128
63	134	134	141	138	135	131	135	131	127	118	131	127	131
64	139	138	144	140	141	139	138	133	130	124	134	129	135
65	146	142	145	145	143	140	142	139	132	127	136	133	138
66	139	129	136	136	134	132	135	126	136	129	135	133	133
67	140	144	146	144	143	141	138	134	129	125	135	130	137
68	140	143	145	145	144	142	139	135	133	126	136	130	138
69	132	131	136	138	135	131	134	129	129	124	133	130	131
70	140	144	147	144	145	142	137	135	131	126	135	129	137
71	136	130	138	136	132	129	132	127	135	125	134	131	132
72	131	130	138	136	136	130	136	131	127	120	132	126	131
73	138	135	140	139	138	142	137	130	129	122	134	129	134
74	135	135	136	137	138	132	133	130	126	121	131	130	132
75	137	139	145	142	145	142	135	130	127	121	129	123	134
76	137	136	143	140	139	139	136	132	130	121	133	130	134
77	132	134	140	138	135	135	134	132	132	123	133	127	133
78	139	143	146	145	141	141	137	132	131	122	135	129	136
79	137	129	136	135	132	129	132	126	135	128	135	133	132
80	132	129	139	135	134	129	134	128	130	125	135	133	132
81	137	135	141	141	136	136	137	132	131	125	134	130	134
82	144	136	146	145	135	141	135	130	131	126	136	134	136
83	142	136	145	142	137	136	139	134	131	128	136	132	136
84	142	136	146	145	137	133	137	131	134	127	136	133	136
85	142	135	144	143	137	135	138	132	131	124	135	131	135
86	133	131	136	136	132	128	134	128	131	122	133	124	130
87	143	140	144	142	138	140	139	133	133	126	133	127	136
88	135	134	137	137	130	127	131	126	128	120	132	123	130
89	133	134	138	137	131	130	133	128	131	123	131	126	131
90	130	127	131	134	131	130	133	126	126	117	127	121	128
91	132	128	137	137	130	128	129	125	129	119	130	122	129
92	132	131	137	138	132	129	133	129	130	120	130	123	130
93	132	133	136	134	131	129	132	127	130	119	131	123	129
94	143	140	146	143	141	139	138	134	136	129	135	130	137
95	126	128	129	126	132	128	129	123	125	120	129	122	126
96	129	128	136	135	131	128	133	126	128	120	130	125	129
97	130	128	136	136	130	128	130	125	128	119	129	124	128
98	130	128	135	134	131	128	131	126	127	119	130	124	128
99	132	130	142	138	135	132	133	130	133	124	133	129	132
100	131	127	137	134	131	129	133	127	128	120	130	121	129
T09	131	130	134	132	135	132	132	128	126	121	133	125	130
T12	122	119	121	122	124	120	122	119	116	113	118	114	119
média	136	135	140	139	136	134	135	130	130	123	133	128	133

APÊNDICE M. Médias fenotípicas ajustadas das linhagens experimentais RR e testemunhas em comum da área abaixo da curva de progresso da doença (AUC) estimada em cada ambiente. Tecnologia RR, AUC, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes						média
	E2	E4	E6	E8	E10	E12	
1	18,20	36,75	72,45	241,50	58,80	175,00	100,45
2	10,15	53,20	54,95	246,75	31,85	136,50	88,90
3	15,75	36,75	49,00	250,25	34,30	166,25	92,05
4	16,10	66,85	62,30	166,25	77,35	91,00	79,98
5	13,65	28,00	39,55	119,00	58,80	213,50	78,75
6	7,70	25,55	30,80	161,00	54,95	259,00	89,83
7	8,75	10,85	56,35	188,30	43,05	213,50	86,80
8	6,30	34,30	58,80	208,25	40,60	175,00	87,21
9	35,70	36,75	30,80	250,25	80,50	175,00	101,50
10	13,30	28,00	29,75	166,25	26,95	227,50	81,96
11	6,30	20,65	35,70	188,30	60,55	71,75	63,88
12	14,70	23,10	53,20	238,00	59,85	98,00	81,14
13	16,45	45,50	180,60	250,25	161,00	297,50	158,55
14	6,65	20,65	79,10	203,00	43,05	127,75	80,03
15	9,80	26,95	34,65	241,50	40,60	204,75	93,04
16	8,40	40,60	54,95	141,05	79,80	213,50	89,72
17	22,75	51,80	116,55	297,50	200,55	504,00	198,86
18	9,80	60,55	140,00	188,30	25,90	127,75	92,05
19	7,70	45,50	56,35	157,50	48,65	194,25	84,99
20	12,25	54,25	43,05	166,25	31,85	98,00	67,61
21	24,50	45,50	79,10	250,25	97,30	343,00	139,94
22	12,25	43,05	84,00	166,25	58,10	175,00	89,78
23	25,90	18,20	40,60	188,30	51,10	255,50	96,60
24	27,65	46,90	57,40	297,50	158,55	350,00	156,33
25	16,10	25,55	74,20	250,25	39,55	297,50	117,19
26	11,20	80,50	114,10	297,50	88,55	217,00	134,81
27	23,80	23,10	114,10	161,00	121,80	217,00	110,13
28	27,30	99,75	99,05	146,30	59,50	194,25	104,36
29	81,55	49,35	123,55	188,30	79,80	255,50	129,68
30	17,50	49,35	160,30	250,25	59,85	400,75	156,33
31	31,85	29,40	82,25	99,05	35,70	147,00	70,88
32	17,15	29,40	114,10	250,25	26,95	175,00	102,14
33	14,70	63,70	71,40	197,05	35,70	175,00	92,93
34	34,30	25,55	81,55	250,25	40,60	136,50	94,79
35	21,00	26,95	59,85	99,05	73,85	89,25	61,66
36	43,40	45,50	137,55	250,25	53,90	217,00	124,60
37	55,65	31,85	77,35	119,00	31,85	217,00	88,78
38	8,40	38,15	79,10	203,00	29,75	175,00	88,90
39	62,65	24,50	157,50	246,75	30,80	297,50	136,62
40	12,25	15,75	160,30	208,25	54,25	175,00	104,30
41	14,70	29,40	121,10	297,50	58,80	288,75	135,04
42	18,20	43,05	59,85	158,55	30,80	127,75	73,03
43	28,00	31,85	95,55	208,25	39,55	217,00	103,37
44	14,70	36,75	78,05	241,50	59,85	175,00	100,98
45	21,00	45,50	141,05	297,50	58,10	400,75	160,65
46	10,85	40,60	74,20	297,50	43,05	255,50	120,28
47	8,40	28,00	57,40	161,00	31,85	178,50	77,53
48	12,25	23,10	99,05	203,00	58,10	297,50	115,50
49	12,25	13,30	138,60	297,50	116,55	217,00	132,53
50	13,30	19,60	155,05	288,75	82,25	339,50	149,74
T09	21,53	29,40	60,55	273,88	91,18	191,63	111,36
T12	30,28	28,18	118,83	273,88	68,95	474,69	165,80
média	19,90	37,06	85,49	215,14	62,03	220,05	106,91

APÊNDICE N. Valores genotípicos preditos das linhagens experimentais RR e testemunhas em comum para área abaixo da curva de progresso da doença (AUC) em cada ambiente. Tecnologia RR, AUC, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes						média
	E2	E4	E6	E8	E10	E12	
1	103,76	105,54	107,29	110,09	106,95	110,17	106,93
2	103,03	105,16	106,81	109,75	106,27	109,65	106,46
3	103,52	105,35	106,93	109,93	106,49	109,93	106,68
4	103,55	105,67	107,10	109,62	106,92	109,49	106,71
5	103,32	105,11	106,72	109,26	106,64	110,03	106,52
6	103,01	104,99	106,52	109,38	106,51	110,03	106,43
7	103,02	104,53	106,72	109,34	106,36	109,89	106,34
8	103,00	105,16	106,89	109,59	106,44	109,79	106,49
9	103,95	105,55	106,91	110,12	107,18	110,18	106,94
10	103,17	104,97	106,44	109,34	106,12	109,87	106,35
11	102,64	104,56	106,29	109,10	106,30	108,86	106,03
12	103,34	105,00	106,85	109,76	106,66	109,47	106,52
13	104,12	106,28	108,61	110,72	108,23	111,21	107,73
14	102,87	104,83	107,02	109,55	106,39	109,50	106,39
15	103,19	105,04	106,65	109,78	106,47	110,00	106,53
16	103,27	105,42	106,99	109,45	106,92	110,15	106,69
17	104,65	106,57	108,57	111,15	108,69	111,96	108,08
18	103,33	105,64	107,57	109,60	106,29	109,77	106,69
19	102,96	105,18	106,85	109,39	106,36	109,90	106,46
20	103,11	105,26	106,63	109,34	106,18	109,33	106,34
21	104,37	106,13	107,89	110,57	107,74	111,14	107,53
22	103,52	105,57	107,40	109,71	106,88	110,10	106,83
23	103,79	105,17	106,90	109,63	106,67	110,32	106,73
24	104,53	106,22	107,77	110,83	108,17	111,23	107,66
25	103,75	105,42	107,44	110,16	106,80	110,65	106,99
26	103,96	106,41	108,08	110,67	107,55	110,71	107,46
27	104,07	105,48	107,85	109,94	107,47	110,52	107,15
28	104,22	106,40	107,82	109,90	107,21	110,49	107,26
29	104,96	106,23	108,21	110,30	107,68	110,99	107,61
30	104,11	106,12	108,13	110,54	107,39	111,28	107,49
31	103,76	105,16	107,13	109,15	106,42	109,71	106,56
32	103,57	105,28	107,58	110,02	106,46	110,08	106,81
33	103,48	105,48	107,10	109,71	106,53	110,00	106,70
34	104,07	105,36	107,45	110,11	106,76	109,99	106,92
35	103,23	104,78	106,75	108,94	106,51	109,22	106,28
36	104,47	106,06	108,19	110,51	107,31	110,74	107,45
37	104,06	105,37	107,26	109,46	106,52	110,20	106,79
38	103,23	105,34	107,21	109,74	106,37	109,95	106,64
39	104,54	105,63	108,21	110,43	106,93	110,93	107,35
40	103,43	105,01	107,56	109,84	106,74	110,03	106,75
41	103,95	105,71	107,96	110,54	107,23	110,85	107,29
42	103,37	105,24	106,89	109,41	106,26	109,57	106,47
43	104,04	105,52	107,60	109,98	106,81	110,36	107,00
44	103,69	105,56	107,45	110,11	106,99	110,19	106,95
45	104,35	106,20	108,30	110,80	107,48	111,37	107,63
46	103,62	105,61	107,47	110,34	106,88	110,54	107,03
47	103,05	105,01	106,80	109,35	106,22	109,77	106,39
48	103,61	105,36	107,62	110,00	107,00	110,62	106,99
49	103,83	105,27	108,02	110,49	107,64	110,53	107,22
50	103,96	105,50	108,20	110,57	107,46	110,99	107,35
T09	103,89	105,43	107,18	110,39	107,32	110,23	107,02
T12	104,57	105,73	108,28	110,79	107,56	111,89	107,67
média	103,69	105,47	107,39	109,95	106,91	110,28	106,91

APÊNDICE O. Médias fenotípicas ajustadas das linhagens experimentais convencionais e testemunhas em comum da área abaixo da curva de progresso da doença (AUC) estimada em cada ambiente. Tecnologia convencional, AUC, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes						média
	E2	E4	E6	E8	E10	E12	
51	9,10	36,75	39,55	141,05	99,05	178,50	84,00
52	18,90	24,50	59,85	230,30	73,50	106,05	85,52
53	10,15	38,15	155,05	361,38	141,05	336,00	173,63
54	10,50	13,30	99,05	361,38	79,80	208,25	128,71
55	47,25	23,10	98,00	203,00	93,80	129,50	99,11
56	4,20	44,45	54,95	266,88	82,25	236,25	114,83
57	8,05	33,25	102,90	272,13	99,05	252,00	127,90
58	19,25	18,20	97,30	161,00	84,00	129,50	84,88
59	16,80	15,75	35,70	246,93	40,60	82,25	73,00
60	22,40	31,85	116,55	250,25	63,00	255,50	123,26
61	9,10	23,10	77,35	224,88	82,25	217,00	105,61
62	6,65	54,25	194,60	361,38	96,60	445,38	193,14
63	14,70	52,15	205,80	352,63	138,60	269,50	172,23
64	17,85	23,10	98,00	203,00	80,50	143,50	94,33
65	15,40	34,30	123,55	252,18	96,60	274,75	132,80
66	19,25	20,65	97,30	263,38	99,05	301,00	133,44
67	5,60	25,55	101,50	119,00	40,60	250,25	90,42
68	4,55	25,55	57,40	246,93	190,75	297,50	137,11
69	4,55	17,15	118,30	203,00	68,60	308,00	119,93
70	7,70	26,95	107,80	250,25	54,95	362,25	134,98
71	4,20	43,05	84,00	241,50	116,55	381,50	145,13
72	20,30	26,95	277,55	208,25	98,00	394,63	170,95
73	20,30	33,25	118,30	314,13	62,30	208,25	126,09
74	16,80	58,10	79,80	188,30	99,75	308,00	125,13
75	20,30	15,75	239,05	161,00	123,55	654,50	202,36
76	10,15	26,95	58,10	266,88	79,80	169,75	101,94
77	19,95	63,00	104,30	250,25	42,00	190,75	111,71
78	10,50	71,75	167,30	266,88	81,55	149,80	124,63
79	38,85	24,50	136,50	246,75	62,30	255,50	127,40
80	8,05	85,75	79,10	166,25	82,25	213,50	105,82
81	22,40	64,75	190,05	352,63	62,30	110,25	133,73
82	11,20	42,00	35,70	161,00	99,75	166,25	85,98
83	21,35	45,50	141,75	184,98	60,55	175,00	104,85
84	28,70	75,60	77,35	250,25	40,60	166,25	106,46
85	23,80	29,40	78,05	314,13	60,55	273,00	129,82
86	38,50	40,60	183,05	378,00	40,60	445,38	187,69
87	22,40	36,75	135,10	330,75	51,10	361,38	156,25
88	11,20	58,10	141,05	205,63	80,50	400,75	149,54
89	35,70	54,25	182,00	263,38	45,50	297,50	146,39
90	30,10	28,00	203,00	361,38	96,25	500,50	203,20
91	28,00	82,25	116,90	310,63	116,55	361,38	169,28
92	31,85	71,75	57,40	141,05	87,50	316,75	117,72
93	9,80	80,50	99,05	361,38	96,60	381,50	171,47
94	14,70	80,50	177,80	250,25	43,05	259,00	137,55
95	58,10	79,80	205,80	266,88	59,85	247,80	153,04
96	14,00	71,75	119,00	361,38	77,35	269,50	152,16
97	17,85	31,85	98,00	425,25	79,80	217,00	144,96
98	8,05	38,15	141,05	250,25	43,05	343,00	137,26
99	29,05	54,25	132,65	208,25	77,35	274,75	129,38
100	10,50	45,50	95,55	188,30	77,35	250,25	111,24
T09	12,25	37,63	144,90	361,38	101,15	395,94	175,54
T12	31,33	63,00	253,05	272,13	117,08	514,94	208,59
média	18,31	43,13	122,94	259,24	82,06	277,64	133,11

APÊNDICE P. Valores genotípicos preditos das linhagens experimentais convencionais e testemunhas em comum para área abaixo da curva de progresso da doença (AUC) em cada ambiente. Tecnologia convencionais, AUC, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Ambientes						médias
	E2	E4	E6	E8	E10	E12	
51	130,47	132,64	135,10	138,12	134,69	138,47	134,47
52	130,69	132,51	135,28	138,45	134,56	138,23	134,50
53	131,43	133,53	136,65	139,66	135,77	139,81	135,56
54	130,95	132,92	135,94	139,18	135,04	139,03	135,00
55	131,35	132,88	135,88	138,76	135,05	138,68	134,93
56	130,52	132,96	135,43	138,76	134,84	138,84	134,75
57	130,90	133,08	135,96	138,92	135,15	139,13	135,01
58	130,67	132,45	135,52	138,26	134,65	138,25	134,51
59	130,09	131,92	134,64	138,05	133,89	137,63	133,98
60	131,27	133,15	136,14	139,04	135,03	139,25	135,12
61	130,63	132,64	135,50	138,54	134,73	138,73	134,66
62	131,37	133,80	136,89	139,76	135,71	140,11	135,68
63	131,59	133,79	136,90	139,74	135,86	139,75	135,68
64	130,85	132,70	135,70	138,58	134,81	138,54	134,72
65	131,08	133,16	136,13	138,91	135,22	139,28	135,11
66	131,15	132,97	136,00	139,03	135,21	139,24	135,08
67	130,26	132,47	135,45	138,02	134,25	138,62	134,41
68	130,69	132,93	135,65	138,87	135,37	139,21	134,95
69	130,42	132,52	135,63	138,51	134,57	138,96	134,64
70	130,70	132,80	135,86	138,82	134,73	139,22	134,86
71	131,13	133,39	136,10	139,15	135,45	139,63	135,26
72	131,58	133,35	136,97	139,23	135,57	139,80	135,51
73	131,07	132,92	135,89	139,02	134,88	138,94	134,95
74	130,96	133,20	135,82	138,70	135,15	139,28	135,00
75	131,69	133,33	136,97	139,22	135,77	140,36	135,64
76	130,61	132,57	135,35	138,64	134,66	138,55	134,60
77	131,04	133,26	135,83	138,87	134,70	138,83	134,92
78	131,13	133,56	136,40	139,16	135,24	139,02	135,22
79	131,36	132,98	136,18	139,02	135,01	139,24	135,11
80	130,85	133,42	135,80	138,65	135,01	139,00	134,95
81	131,24	133,45	136,47	139,33	135,08	138,84	135,20
82	130,60	132,77	135,13	138,29	134,76	138,50	134,55
83	131,01	133,10	136,00	138,59	134,81	138,82	134,89
84	131,08	133,35	135,78	138,88	134,70	138,82	134,93
85	130,95	132,95	135,76	139,02	134,83	138,97	134,91
86	131,99	133,70	136,88	139,83	135,36	140,11	135,71
87	131,48	133,39	136,37	139,43	135,07	139,67	135,35
88	131,23	133,52	136,36	138,99	135,30	139,69	135,30
89	131,75	133,66	136,61	139,37	135,20	139,65	135,47
90	131,91	133,73	137,06	139,91	135,85	140,33	135,85
91	131,77	133,99	136,50	139,63	135,81	139,95	135,68
92	131,40	133,47	135,77	138,67	135,12	139,39	135,11
93	131,44	133,94	136,45	139,69	135,64	139,91	135,60
94	131,23	133,46	136,35	139,12	134,95	139,33	135,20
95	131,79	133,78	136,76	139,44	135,36	139,59	135,54
96	131,38	133,72	136,41	139,55	135,35	139,54	135,43
97	131,22	133,18	136,09	139,46	135,15	139,17	135,18
98	130,92	133,12	136,12	138,97	134,80	139,34	135,03
99	131,42	133,47	136,27	139,01	135,20	139,40	135,25
100	130,87	133,11	135,85	138,62	134,95	139,05	134,91
T09	131,29	133,47	136,63	139,80	135,58	140,04	135,56
T12	132,34	134,42	137,62	140,00	136,29	140,93	136,27
Genótipos	131,13	133,20	136,09	139,02	135,11	139,24	135,11

APÊNDICE Q. Biplots do tipo (a) *wich-won-where*, (b) média *versus* estabilidade e (c) discriminação e representatividade obtidos com base nas médias fenotípicas ajustadas da produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹) de 52 genótipos avaliados na tecnologia RR (em vermelho) e biplots do tipo (d) *wich-won-where*, (b) média *versus* estabilidade e (c) discriminação e representatividade obtidos com base nas médias fenotípicas ajustadas de PG de 52 genótipos avaliados na tecnologia convencional (em azul). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE fenotípico, PG, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

APÊNDICE R. Biplots do tipo (a) *wich-won-where*, (b) média *versus* estabilidade e (c) discriminação e representatividade obtidos com base nas médias fenotípicas ajustadas do peso de cem sementes (PCS, em g) de 52 genótipos avaliados na tecnologia RR (em vermelho) e biplots do tipo (d) *wich-won-where*, (b) média *versus* estabilidade e (c) discriminação e representatividade obtidos com base nas médias fenotípicas ajustadas de PCS de 52 genótipos avaliados na tecnologia convencional (em azul). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE fenotípico, PCS, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

APÊNDICE S. Biplots do tipo (a) média *versus* estabilidade e (b) discriminação e representatividade obtidos com base nas médias fenotípicas ajustadas do número de dias para a maturidade (NDM, em dias) de 52 genótipos avaliados na tecnologia RR (em vermelho) e biplots do tipo (c) média *versus* estabilidade e (d) discriminação e representatividade obtidos com base nas médias fenotípicas ajustadas de NDM de 52 genótipos avaliados na tecnologia convencional (em azul). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE fenotípico, NDM, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

APÊNDICE T. Biplots do tipo (a) média *versus* estabilidade e (b) discriminação e representatividade obtidos com base nas médias fenotípicas ajustadas da área abaixo da curva de progresso da doença (AUC) de 52 genótipos avaliados na tecnologia RR (em vermelho) e biplots do tipo (c) média *versus* estabilidade e (d) discriminação e representatividade obtidos com base nas médias fenotípicas ajustadas de AUC de 52 genótipos avaliados na tecnologia convencional (em azul). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE fenotípico, AUC, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

ANEXOS

ANEXO A – Tabelas

Tabela 1. Genealogias completas dos cruzamentos. Soja, Piracicaba/SP, 2004 (AMORIM, 2011; NAZATO, 2014).

(continua)

Código Simples	Código Completo	Tecnologia	Cruzamento	Genealogia Completa
1	2221_2011_04_05	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.108*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Hartwig x PI 371.611)
2	2221_2011_05_03	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.108*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Hartwig x PI 371.611)
3	2221_2011_07_04	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.108*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Hartwig x PI 371.611)
4	2221_2011_10_05	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.108*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Hartwig x PI 371.611)
5	2221_2011_11_05	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.108*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Hartwig x PI 371.611)
6	2221_2021_01_01	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.113*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Lamar x 9IAC-6 x UFV-4)
7	2221_2021_03_04	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.113*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Lamar x 9IAC-6 x UFV-4)
8	2221_2021_04_02	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.113*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Lamar x 9IAC-6 x UFV-4)
9	2221_2021_08_03	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.113*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Lamar x 9IAC-6 x UFV-4)
10	2221_2021_09_04	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.113*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Lamar x 9IAC-6 x UFV-4)
11	2221_2031_02_04	RR	BRS Valiosa RR** x USP 70.010*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
12	2221_2031_07_04	RR	BRS Valiosa RR** x USP 70.010*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
13	2221_2031_08_02	RR	BRS Valiosa RR** x USP 70.010*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
14	2221_2031_11_02	RR	BRS Valiosa RR** x USP 70.010*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
15	2221_2031_12_03	RR	BRS Valiosa RR** x USP 70.010*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
16	2221_2041_01_05	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.007*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
17	2221_2041_06_04	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.007*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
18	2221_2041_07_04	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.007*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
19	2221_2041_09_05	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.007*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
20	2221_2041_10_04	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.007*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
21	2221_2051_01_01	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.042*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Soc. 81-76 x Foster) x Hartwig
22	2221_2051_05_01	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.042*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Soc. 81-76 x Foster) x Hartwig
23	2221_2051_06_02	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.042*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Soc. 81-76 x Foster) x Hartwig
24	2221_2051_07_03	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.042*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Soc. 81-76 x Foster) x Hartwig
25	2221_2051_09_05	RR	BRS Valiosa RR*** x USP 70.042*	[Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)] x (Soc. 81-76 x Foster) x Hartwig

Tabela 1. Genealogias completas dos cruzamentos. Soja, Piracicaba/SP, 2004 (AMORIM, 2011; NAZATO, 2014).

(continua)

Código Simples	Código Completo	Tecnologia	Cruzamento	Genealogia Completa
26	2221_2061_01_01	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.108*	(BRS 133(6) x e E96-246) x (Hartwig x PI 371.611)
27	2221_2061_06_02	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.108*	(BRS 133(6) x e E96-246) x (Hartwig x PI 371.611)
28	2221_2061_08_04	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.108*	(BRS 133(6) x e E96-246) x (Hartwig x PI 371.611)
29	2221_2061_10_02	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.108*	(BRS 133(6) x e E96-246) x (Hartwig x PI 371.611)
30	2221_2061_11_01	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.108*	(BRS 133(6) x e E96-246) x (Hartwig x PI 371.611)
31	2221_2071_01_04	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.113*	(BRS 133(6) x e E96-246) x [Lamar x 9IAC-6 x UFV-4]]
32	2221_2071_03_04	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.113*	(BRS 133(6) x e E96-246) x [Lamar x 9IAC-6 x UFV-4]]
33	2221_2071_06_04	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.113*	(BRS 133(6) x e E96-246) x [Lamar x 9IAC-6 x UFV-4]]
34	2221_2071_09_05	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.113*	(BRS 133(6) x e E96-246) x [Lamar x 9IAC-6 x UFV-4]]
35	2221_2071_11_02	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.113*	(BRS 133(6) x e E96-246) x [Lamar x 9IAC-6 x UFV-4]]
36	2221_2081_01_02	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.010*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
37	2221_2081_05_04	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.010*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
38	2221_2081_06_01	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.010*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
39	2221_2081_10_02	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.010*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
40	2221_2081_11_02	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.010*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
41	2221_2091_03_04	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.007*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
42	2221_2091_05_01	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.007*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
43	2221_2091_06_01	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.007*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
44	2221_2091_09_05	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.007*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
45	2221_2091_11_01	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.007*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
46	2221_2101_02_04	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.042*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(SOC 81-76 x Foster) x Hartwig]
47	2221_2101_04_03	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.042*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(SOC 81-76 x Foster) x Hartwig]
48	2221_2101_10_01	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.042*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(SOC 81-76 x Foster) x Hartwig]
49	2221_2101_11_04	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.042*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(SOC 81-76 x Foster) x Hartwig]
50	2221_2101_12_01	RR	BRS 245 RR*** x USP 70.042*	(BRS 133(6) x E96-246) x [(SOC 81-76 x Foster) x Hartwig]

Tabela 1. Genealogias completas dos cruzamentos. Soja, Piracicaba/SP, 2004 (AMORIM, 2011; NAZATO, 2014).

(continua)

Código Simples	Código Completo	Tecnologia	Cruzamento	Genealogia Completa
51	2222_2011_01_05	Convencional	Conquista** x USP 70.108*	(LO 75 x Numbaíra) x (Hartwig x PI 371.611)
52	2222_2011_02_04	Convencional	Conquista** x USP 70.108*	(LO 75 x Numbaíra) x (Hartwig x PI 371.611)
53	2222_2011_04_01	Convencional	Conquista** x USP 70.108*	(LO 75 x Numbaíra) x (Hartwig x PI 371.611)
54	2222_2011_08_02	Convencional	Conquista** x USP 70.108*	(LO 75 x Numbaíra) x (Hartwig x PI 371.611)
55	2222_2011_10_01	Convencional	Conquista** x USP 70.108*	(LO 75 x Numbaíra) x (Hartwig x PI 371.611)
56	2222_2021_03_04	Convencional	Conquista** x USP 70.113*	(LO 75 x Numbaíra) x [Lamar x 9IAC-6 x UFV-4]]
57	2222_2021_04_03	Convencional	Conquista** x USP 70.113*	(LO 75 x Numbaíra) x [Lamar x 9IAC-6 x UFV-4]]
58	2222_2021_08_03	Convencional	Conquista** x USP 70.113*	(LO 75 x Numbaíra) x [Lamar x 9IAC-6 x UFV-4]]
59	2222_2021_09_04	Convencional	Conquista** x USP 70.113*	(LO 75 x Numbaíra) x [Lamar x 9IAC-6 x UFV-4]]
60	2222_2021_12_02	Convencional	Conquista** x USP 70.113*	(LO 75 x Numbaíra) x [Lamar x 9IAC-6 x UFV-4]]
61	2222_2031_02_04	Convencional	Conquista** x USP 70.010*	(LO 75 x Numbaíra) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
62	2222_2031_07_04	Convencional	Conquista** x USP 70.010*	(LO 75 x Numbaíra) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
63	2222_2031_09_05	Convencional	Conquista** x USP 70.010*	(LO 75 x Numbaíra) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
64	2222_2031_11_05	Convencional	Conquista** x USP 70.010*	(LO 75 x Numbaíra) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
65	2222_2031_12_04	Convencional	Conquista** x USP 70.010*	(LO 75 x Numbaíra) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
66	2222_2041_02_02	Convencional	Conquista** x USP 70.007*	(LO 75 x Numbaíra) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
67	2222_2041_05_01	Convencional	Conquista** x USP 70.007*	(LO 75 x Numbaíra) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
68	2222_2041_08_05	Convencional	Conquista** x USP 70.007*	(LO 75 x Numbaíra) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
69	2222_2041_09_02	Convencional	Conquista** x USP 70.007*	(LO 75 x Numbaíra) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
70	2222_2041_11_02	Convencional	Conquista** x USP 70.007*	(LO 75 x Numbaíra) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
71	2222_2051_04_01	Convencional	Conquista** x USP 70.042*	(LO 75 x Numbaíra) x (Soc. 81-76 x Foster) x Hartwig
72	2222_2051_08_05	Convencional	Conquista** x USP 70.042*	(LO 75 x Numbaíra) x (Soc. 81-76 x Foster) x Hartwig
73	2222_2051_09_03	Convencional	Conquista** x USP 70.042*	(LO 75 x Numbaíra) x (Soc. 81-76 x Foster) x Hartwig
74	2222_2051_11_02	Convencional	Conquista** x USP 70.042*	(LO 75 x Numbaíra) x (Soc. 81-76 x Foster) x Hartwig
75	2222_2051_12_02	Convencional	Conquista** x USP 70.042*	(LO 75 x Numbaíra) x (Soc. 81-76 x Foster) x Hartwig

Tabela 1. Genealogias completas dos cruzamentos. Soja, Piracicaba/SP, 2004 (AMORIM, 2011; NAZATO, 2014).

(continua)

Código Simples	Código Completo	Tecnologia	Cruzamento	Genealogia Completa
76	2222_2061_03_02	Convencional	BRS 133** x USP 70.108*	(FT-Abyara x BR93-147) x (Hartwig x PI 371.611)
77	2222_2061_05_02	Convencional	BRS 133** x USP 70.108*	(FT-Abyara x BR93-147) x (Hartwig x PI 371.611)
78	2222_2061_08_03	Convencional	BRS 133** x USP 70.108*	(FT-Abyara x BR93-147) x (Hartwig x PI 371.611)
79	2222_2061_09_02	Convencional	BRS 133** x USP 70.108*	(FT-Abyara x BR93-147) x (Hartwig x PI 371.611)
80	2222_2061_12_04	Convencional	BRS 133** x USP 70.108*	(FT-Abyara x BR93-147) x (Hartwig x PI 371.611)
81	2222_2071_01_02	Convencional	BRS 133** x USP 70.113*	(FT-Abyara x BR93-147) x [Lamar x (IAC-6 x UFV-4)]
82	2222_2071_06_01	Convencional	BRS 133** x USP 70.113*	(FT-Abyara x BR93-147) x [Lamar x (IAC-6 x UFV-4)]
83	2222_2071_08_02	Convencional	BRS 133** x USP 70.113*	(FT-Abyara x BR93-147) x [Lamar x (IAC-6 x UFV-4)]
84	2222_2071_10_01	Convencional	BRS 133** x USP 70.113*	(FT-Abyara x BR93-147) x [Lamar x (IAC-6 x UFV-4)]
85	2222_2071_11_05	Convencional	BRS 133** x USP 70.113*	(FT-Abyara x BR93-147) x [Lamar x (IAC-6 x UFV-4)]
86	2222_2081_01_03	Convencional	BRS 133** x USP 70.010*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
87	2222_2081_06_02	Convencional	BRS 133** x USP 70.010*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
88	2222_2081_09_02	Convencional	BRS 133** x USP 70.010*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
89	2222_2081_10_04	Convencional	BRS 133** x USP 70.010*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
90	2222_2081_12_01	Convencional	BRS 133** x USP 70.010*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)]
91	2222_2091_02_01	Convencional	BRS 133** x USP 70.007*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
92	2222_2091_04_05	Convencional	BRS 133** x USP 70.007*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
93	2222_2091_06_05	Convencional	BRS 133** x USP 70.007*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
94	2222_2091_09_03	Convencional	BRS 133** x USP 70.007*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
95	2222_2091_11_03	Convencional	BRS 133** x USP 70.007*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)]
96	2222_2101_01_02	Convencional	BRS 133** x USP 70.042*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(SOC 81-76 x Foster) x Hartwig]
97	2222_2101_04_01	Convencional	BRS 133** x USP 70.042*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(SOC 81-76 x Foster) x Hartwig]
98	2222_2101_08_05	Convencional	BRS 133** x USP 70.042*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(SOC 81-76 x Foster) x Hartwig]
99	2222_2101_09_05	Convencional	BRS 133** x USP 70.042*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(SOC 81-76 x Foster) x Hartwig]
100	2222_2101_12_05	Convencional	BRS 133** x USP 70.042*	(FT-Abyara x BR93-147) x [(SOC 81-76 x Foster) x Hartwig]

Tabela 1. Genealogias completas dos cruzamentos. Soja, Piracicaba/SP, 2004 (AMORIM, 2011; NAZATO, 2014).

(conclusão)

Código Simples	Código Completo	Tecnologia	Cruzamento	Genealogia Completa
T09	M-SOY 7908 RR	RR	testemunha	—
T12	TMG 4001 RR	RR	testemunha	—
Genitores				
	BRS Valiosa RR***			Conquista(6) x (E96-246 x BRSMT Uirapuru)
	BRS 245 RR***			BRS 133(6) x E96-246
	Conquista**			LO 75 x Numbaira
	BRS 133**			FT-Abyara x BR93-147
	USP 70.108*			Hartwig x PI 371.611
	USP 70.113*			Lamar x 9IAC-6 x UFV-4
	USP 70.010*			(IAC-Foscarin-31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)
	USP 70.007*			(Primavera x Forrest) x (Kirby x FT-2)
	USP 70.042*			(SOC 81-76 x Foster) x Hartwig

Notas:

*Linhagens desenvolvidas com genética clássica para alta produtividade de óleo pelo Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas, Departamento de Genética, ESALQ, USP.

**Cultivar convencional

***Cultivar essencialmente derivada da convencional (compartilham 98,44% das informações genéticas).

Tabela 2. Descrição dos ambientes experimentais. Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Ambiente	Ano agrícola	Local	Controle da ferrugem
E1	2013/14	ESALQ-Sede	OP*
E2	2013/14	ESALQ-Sede	D**
E3	2013/14	E.E. Areão	OP
E4	2013/14	E.E. Areão	D
E5	2014/15	ESALQ-Sede	OP
E6	2014/15	ESALQ-Sede	D
E7	2014/15	E.E. Anhumas	OP
E8	2014/15	E.E. Anhumas	D
E9	2015/16	ESALQ-Sede	OP
E10	2015/16	ESALQ-Sede	D
E11	2015/16	E.E. Anhumas	OP
E12	2015/16	E.E. Anhumas	D

Notas:

*Ausência da ferrugem; **Presença da ferrugem

Tabela 3. Descrição dos experimentos. Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Experimento	Linhagens	Testemunhas	Ambiente
Exp.01	1 a 50	T09* e T12**	E1
Exp.02	51 a 100	T09 e T12	E1
Exp.03	1 a 50	T09 e T12	E2
Exp.04	51 a 100	T09 e T12	E2
Exp.05	1 a 50	T09 e T12	E3
Exp.06	51 a 100	T09 e T12	E3
Exp.07	1 a 50	T09 e T12	E4
Exp.08	51 a 100	T09 e T12	E4
Exp.09	1 a 50	T09 e T12	E5
Exp.10	51 a 100	T09 e T12	E5
Exp.11	1 a 50	T09 e T12	E6
Exp.12	51 a 100	T09 e T12	E6
Exp.13	1 a 50	T09 e T12	E7
Exp.14	51 a 100	T09 e T12	E7
Exp.15	1 a 50	T09 e T12	E8
Exp.16	51 a 100	T09 e T12	E8
Exp.17	1 a 50	T09 e T12	E9
Exp.18	51 a 100	T09 e T12	E9
Exp.19	1 a 50	T09 e T12	E10
Exp.20	51 a 100	T09 e T12	E10
Exp.21	1 a 50	T09 e T12	E11
Exp.22	51 a 100	T09 e T12	E11
Exp.23	1 a 50	T09 e T12	E12
Exp.24	51 a 100	T09 e T12	E12

Notas:

*M-Soy 7908 RR; **TMG 4001 RR

Tabela 4. *Outliers* e parcelas perdidas observadas nas análises individuais e conjuntas dos caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS), número de dias para maturidade (NDM) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises individuais e conjuntas dos ambientes, tecnologia RR e convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

		Tec. RR				Tec. Convencional			
		PG	PCS	NDM	AUC	PG	PCS	NDM	AUC
Outliers por ambiente (%)	E1	0	0,93	0		0	0	0	
	E2	0	0	0	0	1,85	0	1,85	0
	E3	0	0	0		0	0	0	
	E4	0,93	0,93	0,93	0,93	0	0	0	0
	E5	0	0	0		0	0	0	
	E6	0	0	0	0	0,93	0	0	0
	E7	0,93	0	0		0	0	0	
	E8	0	0	0	0	0	0	0	0
	E9	0	0	0		0	0	0	
	E10	0	0	0	0	0	0	0	0
	E11	0	0	0		0	0	0	
	E12	0	0	0	0	0	0	0	0
Parcelas perdidas por ambiente (%)	E1	1,85	0,93	1,85		0,93	0,93	0,93	
	E2	0	0	0	0	2,78	4,63	2,78	3,7
	E3	1,85	1,85	1,85		2,78	2,78	2,78	
	E4	1,85	1,85	1,85	1,85	2,78	2,78	2,78	2,78
	E5	0	0	0		2,78	0	0	
	E6	0	0	0	0	1,85	1,85	0	0
	E7	0,93	1,85	0		1,85	1,85	0	
	E8	0,93	0,93	0	0	0	0	0	0
	E9	0	0	0		0	0	0	
	E10	0,93	1,85	0	0	3,70	0	0	0
	E11	0	0	0		2,78	3,70	0	
	E12	1,85	1,85	0	0	1,85	1,85	0	0
Total de dados ausentes por ambiente (NA, %)	E1	1,85	1,85	1,85		0,93	0,93	0,93	
	E2	0	0	0	0	4,63	4,63	4,63	3,7
	E3	1,85	1,85	1,85		2,78	2,78	2,78	
	E4	2,78	2,78	2,78	2,78	2,78	2,78	2,78	2,78
	E5	0	0	0		2,78	0	0	
	E6	0	0	0	0	2,78	1,85	0	0
	E7	1,85	1,85	0		1,85	1,85	0	
	E8	0,93	0,93	0	0	0	0	0	0
	E9	0	0	0		0	0	0	
	E10	0,93	1,85	0	0	3,70	0	0	0
	E11	0	0	0		2,78	3,70	0	
	E12	1,85	1,85	0	0	1,85	1,85	0	0
Total de Outliers nas análises conjuntas (%)		0,15	0,15	0,08	0,15	0,23	0	0,15	0
Total de parcelas perdidas nas análises conjuntas (%)		0,85	0,93	0,46	0,31	2,01	1,70	0,77	1,08
Total de dados ausentes nas análises conjuntas (NA, %)		1,00	1,08	0,54	0,46	2,24	1,70	0,93	1,08
Total de parcelas avaliadas (análises conjuntas)		1283	1282	1289	645	1267	1274	1284	641

Tabela 5. Estimativas da variância genotípica (V_g), variância do resíduo experimental (V_e), variância fenotípica (V_f), herdabilidade no sentido restrito (h^2), coeficiente de determinação do resíduo (c_e^2), acurácia seletiva (r_{gg}), coeficiente de variação genotípico (CV_g), coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação relativo (CV_r), variância do erro da predição (PEV) e média geral ($\bar{x}$), calculadas para os caracteres produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹), peso de cem sementes (PCS, em g), número de dias para maturidade (NDM, em dias) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises individuais por ambiente, REML, tecnologia RR, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

(continua)

Componentes	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
PG	V_g	320130	428684	412102	196386	457289	139624	308326	499968	131277	285269	643622	380778
	V_e	189578	244742	274881	187978	824765	824432	678636	437302	555666	256436	467989	403157
	V_f	518393	666106	670517	388535	1318241	970829	989120	932598	708450	527417	1104602	790732
	h^2	0,62	0,64	0,61	0,51	0,35	0,14	0,31	0,54	0,19	0,54	0,58	0,48
	c_e^2	0,37	0,37	0,41	0,48	0,63	0,85	0,69	0,47	0,78	0,49	0,42	0,51
	r_{gg}	0,88	0,88	0,87	0,82	0,73	0,50	0,69	0,83	0,57	0,83	0,86	0,81
	CV_g	24,27	30,00	25,84	19,74	16,84	11,54	17,36	25,73	15,39	25,85	27,99	23,64
	CV_e	18,68	22,67	21,10	19,32	22,62	28,03	25,75	24,06	31,66	24,51	23,86	24,32
	CV_r	1,30	1,32	1,22	1,02	0,74	0,41	0,70	1,07	0,49	1,05	1,17	0,97
	PEV	73134	95197	103067	63567	216838	104297	161540	152123	89152	88459	171606	131804
$\bar{x}$	2331	2182	2485	2245	4014	3239	3199	2748	2354	2066	2867	2611	
PCS	V_g	4,45	3,10	2,25	2,13	2,69	1,78	3,90	2,60	2,26	1,70	3,00	1,80
	V_e	0,94	0,80	0,77	1,12	0,76	0,62	0,71	0,66	0,49	0,36	0,86	0,48
	V_f	5,34	4,02	3,11	3,35	3,40	2,45	4,41	3,26	2,70	2,00	3,80	2,23
	h^2	0,83	0,77	0,72	0,64	0,79	0,73	0,88	0,80	0,84	0,85	0,79	0,81
	c_e^2	0,18	0,20	0,25	0,34	0,22	0,25	0,16	0,20	0,18	0,23	0,22	0,22
	r_{gg}	0,95	0,94	0,92	0,89	0,94	0,92	0,96	0,94	0,95	0,95	0,93	0,94
	CV_g	14,41	12,06	9,94	10,37	10,71	9,56	12,34	11,38	11,96	11,39	12,03	10,51
	CV_e	6,62	6,14	5,82	7,54	5,70	5,66	5,27	5,73	5,55	5,22	6,46	5,45
	CV_r	2,18	1,97	1,71	1,38	1,88	1,69	2,34	1,99	2,16	2,18	1,86	1,93
	PEV	0,42	0,36	0,33	0,44	0,33	0,26	0,33	0,29	0,22	0,16	0,38	0,21
$\bar{x}$	14,65	14,61	15,08	14,07	15,31	13,93	16,00	14,17	12,57	11,44	14,39	12,78	
NDM	V_g	45,01	37,95	46,68	33,44	25,36	36,81	31,14	37,45	16,31	17,58	10,42	22,05
	V_e	7,04	4,35	2,26	3,71	3,54	1,53	3,03	1,82	6,92	4,98	1,60	4,01
	V_f	51,95	41,92	48,86	36,30	29,41	38,03	33,94	38,93	23,48	22,37	12,13	26,12
	h^2	0,87	0,91	0,96	0,92	0,86	0,97	0,92	0,96	0,69	0,79	0,86	0,84
	c_e^2	0,14	0,10	0,05	0,10	0,12	0,04	0,09	0,05	0,29	0,22	0,13	0,15
	r_{gg}	0,96	0,97	0,99	0,97	0,97	0,99	0,98	0,99	0,91	0,94	0,96	0,96
	CV_g	4,97	4,57	4,91	4,18	3,71	4,56	4,11	4,64	3,17	3,35	2,44	3,70
	CV_e	1,96	1,55	1,08	1,39	1,39	0,93	1,28	1,02	2,06	1,78	0,95	1,58
	CV_r	2,53	2,95	4,55	3,00	2,68	4,91	3,20	4,54	1,54	1,88	2,56	2,34
	PEV	3,27	2,06	1,10	1,76	1,65	0,75	1,45	0,89	2,85	2,18	0,74	1,84
$\bar{x}$	135,11	134,90	139,22	138,42	135,69	133,07	135,67	131,78	127,59	125,21	132,31	127,00	

Tabela 5. Estimativas da variância genotípica (V_g), variância do resíduo experimental (V_e), variância fenotípica (V_f), herdabilidade no sentido restrito (h^2), coeficiente de determinação do resíduo (c_e^2), acurácia seletiva (r_{gg}), coeficiente de variação genotípico (CV_g), coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação relativo (CV_r), variância do erro da predição (PEV) e média geral ($\bar{x}$), calculadas para os caracteres produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹), peso de cem sementes (PCS, em g), número de dias para maturidade (NDM, em dias) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises individuais por ambiente, REML, tecnologia RR, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

(conclusão)

Componentes	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12
V_g		0,24		0,13		0,62		0,41		0,61		1,23
V_e		1,80		1,49		1,76		1,11		1,64		1,47
V_f		2,16		1,61		2,38		1,77		2,27		2,76
h^2		0,11		0,08		0,26		0,23		0,27		0,45
c_e^2		0,83		0,92		0,74		0,63		0,72		0,53
AUC r_{gg}		0,46		0,39		0,64		0,65		0,65		0,79
CV_g		12,86		6,94		10,87		6,28		12,21		10,91
CV_e		35,36		23,21		18,31		10,35		19,98		11,93
CV_r		0,36		0,30		0,59		0,61		0,61		0,91
PEV		0,19		0,11		0,36		0,24		0,35		0,46
$\bar{x}$		20,12		36,93		85,64		217,31		62,69		224,24

Tabela 6. Estimativas da variância genotípica (V_g), variância do resíduo experimental (V_e), variância fenotípica (V_f), herdabilidade no sentido restrito (h^2), coeficiente de determinação do resíduo (c_e^2), acurácia seletiva (r_{gg}), coeficiente de variação genotípico (CV_g), coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação relativo (CV_r), variância do erro da predição (PEV) e média geral ($\bar{x}$), calculadas para os caracteres produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹), peso de cem sementes (PCS, em g), número de dias para maturidade (NDM, em dias) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises individuais por ambiente, REML, tecnologia Convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

(continua)

Componentes	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	
PG	V_g	304869	282308	360276	195519	776047	138990	514386	678415	92689	67652	35244	472881
	V_e	405568	406478	418586	412992	1102806	708737	452000	556280	286242	322711	1046576	135180
	V_f	714986	681059	820712	609492	1898838	841545	951127	1207651	376618	408610	1071525	594528
	h^2	0,43	0,41	0,44	0,32	0,41	0,17	0,54	0,56	0,25	0,17	0,03	0,80
	c_e^2	0,57	0,60	0,51	0,68	0,58	0,84	0,48	0,46	0,76	0,79	0,98	0,23
	r_{gg}	0,77	0,76	0,80	0,70	0,76	0,53	0,83	0,84	0,63	0,54	0,25	0,94
	CV_g	23,34	21,10	22,01	18,51	22,95	12,53	22,13	25,66	16,95	16,08	8,49	39,73
	CV_e	26,92	25,32	23,72	26,91	27,36	28,30	20,75	23,24	29,79	35,12	46,28	21,24
	CV_r	0,87	0,83	0,93	0,70	0,84	0,44	1,07	1,10	0,57	0,46	0,18	1,87
	PEV	121781	118168	132387	100429	322358	99834	157014	197265	56256	47667	33020	59137
	$\bar{x}$	2366	2518	2727	2388	3838	2975	3240	3210	1796	1618	2210	1731
PCS	V_g	1,76	1,77	1,48	1,42	1,79	1,57	2,26	1,97	2,17	0,84	2,13	0,55
	V_e	1,64	0,60	0,90	0,73	1,11	0,54	0,58	0,73	0,41	0,67	0,51	0,39
	V_f	3,52	2,54	2,58	2,21	3,02	2,13	2,81	2,63	2,51	1,50	2,69	0,93
	h^2	0,50	0,70	0,57	0,65	0,59	0,74	0,80	0,75	0,86	0,56	0,79	0,59
	c_e^2	0,47	0,24	0,35	0,33	0,37	0,26	0,21	0,28	0,16	0,45	0,19	0,42
	r_{gg}	0,83	0,92	0,88	0,89	0,87	0,92	0,94	0,92	0,96	0,85	0,95	0,86
	CV_g	8,85	8,35	7,92	8,07	8,44	8,68	10,00	10,05	12,12	8,78	11,11	6,53
	CV_e	8,56	4,86	6,17	5,76	6,63	5,10	5,06	6,13	5,24	7,82	5,43	5,48
	CV_r	1,03	1,72	1,28	1,40	1,27	1,70	1,97	1,64	2,31	1,12	2,05	1,19
	PEV	0,56	0,26	0,34	0,29	0,42	0,23	0,26	0,31	0,19	0,24	0,23	0,14
	$\bar{x}$	14,98	15,92	15,37	14,79	15,86	14,44	15,02	13,96	12,14	10,46	13,14	11,36
NDM	V_g	29,37	32,35	23,77	21,07	29,65	31,63	14,86	17,51	8,51	10,80	5,90	17,49
	V_e	5,10	5,83	3,45	2,30	2,94	2,59	1,02	0,82	4,77	4,55	1,08	3,18
	V_f	34,06	38,93	26,21	23,19	32,29	33,94	15,73	18,14	13,79	15,27	7,10	20,47
	h^2	0,86	0,83	0,91	0,91	0,92	0,93	0,94	0,97	0,62	0,71	0,83	0,85
	c_e^2	0,15	0,15	0,13	0,10	0,09	0,08	0,06	0,04	0,35	0,30	0,15	0,16
	r_{gg}	0,96	0,96	0,97	0,97	0,98	0,98	0,98	0,99	0,88	0,91	0,96	0,96
	CV_g	3,97	4,18	3,45	3,29	3,99	4,18	2,84	3,20	2,25	2,66	1,82	3,25
	CV_e	1,65	1,77	1,32	1,09	1,26	1,20	0,75	0,69	1,69	1,72	0,78	1,39
	CV_r	2,40	2,36	2,63	3,02	3,17	3,49	3,82	4,63	1,34	1,54	2,34	2,34
	PEV	2,35	2,67	1,61	1,09	1,40	1,25	0,49	0,40	1,86	1,88	0,49	1,46
	$\bar{x}$	136,60	136,07	141,21	139,61	136,61	134,44	135,61	130,62	129,52	123,72	133,57	128,51

Tabela 6. Estimativas da variância genotípica (V_g), variância do resíduo experimental (V_e), variância fenotípica (V_f), herdabilidade no sentido restrito (h^2), coeficiente de determinação do resíduo (c_e^2), acurácia seletiva (r_{gg}), coeficiente de variação genotípico (CV_g), coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação relativo (CV_r), variância do erro da predição (PEV) e média geral ($\bar{x}$), calculadas para os caracteres produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹), peso de cem sementes (PCS, em g), número de dias para maturidade (NDM, em dias) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises individuais por ambiente, REML, tecnologia Convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

(conclusão)

Componentes	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12
V_g		0,35		0,41		1,07		0,25		0,12		2,04
V_e		2,75		2,40		3,21		3,07		2,26		3,07
V_f		3,08		2,78		4,38		3,51		2,37		5,35
h^2		0,11		0,15		0,24		0,07		0,05		0,38
c_e^2		0,89		0,86		0,73		0,88		0,95		0,58
AUC r_{gg}		0,45		0,50		0,63		0,37		0,31		0,76
CV_g		15,63		10,52		11,14		4,03		4,26		11,38
CV_e		43,80		25,62		19,29		14,21		18,62		13,97
CV_r		0,36		0,41		0,58		0,28		0,23		0,81
PEV		0,28		0,30		0,64		0,21		0,11		0,88
$\bar{x}$		18,04		43,15		125,75		261,36		83,06		284,22

Tabela 7. Estimativas da variância fenotípica (V_f), variância genotípica (V_g), variância da interação genótipo x ambientes (V_{ga}), variância do resíduo experimental (V_e), coeficiente de determinação da interação (c_{ga}^2), coeficiente de determinação do resíduo (c_e^2), coeficiente de variação genotípico (CV_g), coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação relativo (CV_r), herdabilidade no sentido restrito (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}), variância do erro da predição (PEV) e média geral ($\bar{x}$), calculadas para os caracteres produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹), peso de cem sementes (PCS, em g), número de dias para maturidade (NDM, em dias) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises conjuntas de todos os ambientes, REML, tecnologia RR, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Parâmetros	PG	PCS	NDM	AUC
V_g	94702	1,30	25,83	0,33
V_{ga}	248757	1,32	4,17	0,24
V_e	451416	0,72	3,73	1,53
V_f	1085412	4,79	51,43	7,78
c_{ga}^2	0,23	0,28	0,08	0,03
c_e^2	0,42	0,15	0,07	0,20
CV_g (%)	11,41	8,11	3,82	7,94
CV_e (%)	24,91	6,02	1,45	17,21
CV_r	0,46	1,35	2,63	0,46
h^2	0,09	0,27	0,50	0,04
r_{gg}	0,54	0,89	0,97	0,55
PEV	66712	0,28	1,74	0,23
$\bar{x}$	2707	14,08	133	106,91

Tabela 8. Estimativas da variância fenotípica (V_f), variância genotípica (V_g), variância da interação genótipo x ambientes (V_{ga}), variância do resíduo experimental (V_e), coeficiente de determinação da interação (c_{ga}^2), coeficiente de determinação do resíduo (c_e^2), coeficiente de variação genotípico (CV_g), coeficiente de variação experimental (CV_e), coeficiente de variação relativo (CV_r), herdabilidade no sentido restrito (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}), variância do erro da predição (PEV) e média geral ($\bar{x}$), calculadas para os caracteres produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹), peso de cem sementes (PCS, em g), número de dias para maturidade (NDM, em dias) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises conjuntas de todos os ambientes, REML, tecnologia convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Parâmetros	PG	PCS	NDM	AUC
V_g	73986	0,75	13,55	0,34
V_{ga}	246305	0,88	6,69	0,25
V_e	523026	0,74	3,12	2,91
V_f	1263674	5,37	45,58	13,48
c_{ga}^2	0,19	0,16	0,15	0,02
c_e^2	0,41	0,14	0,07	0,22
CV_g (%)	10,66	6,20	2,75	6,68
CV_e (%)	28,34	6,16	1,32	19,54
CV_r	0,38	1,01	2,09	0,34
h^2	0,06	0,14	0,30	0,03
r_{gg}	0,47	0,82	0,95	0,44
PEV	57670	0,25	1,40	0,28
$\bar{x}$	2571	13,96	133	135,11

Tabela 9. Análise de deviance (ANADEV) conjunta de todos os ambientes para os caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS), número de dias para maturidade (NDM) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises conjuntas de todos os ambientes, REML, tecnologia RR, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

	Efeito	Deviance	LRT(Qui-quadrado)	Comp. Variância
PG	Genótipos	20905	49,10**	94702
	Genótipos (G) x Ambientes (E)	20945	88,45**	248757
	Resíduo			451416
	Modelo completo	20855		
	Ambientes		F=35,91**	
	Blocos/ambientes		F=3,14**	
PCS	Genótipos	4517	231,31**	1,304
	Genótipos (G) x Ambientes (E)	4626	339,12**	1,3226
	Resíduo			0,7179
	Modelo completo	4281		
	Ambientes		F=38,32**	
	Blocos/ambientes		F=3,36**	
NDM	Genótipos	7101	867,34**	28,171
	Genótipos (G) x Ambientes (E)	6447	226,65**	4,187
	Resíduo			3,434
	Modelo completo	6216		
	Ambientes		F=137,23**	
	Blocos/ambientes		F=5,29**	
AUC	Genótipos	2269	32,02**	0,3251
	Genótipos (G) x Ambientes (E)	2242	6,38*	0,238
	Resíduo			1,5297
	Modelo completo	2236		
	Ambientes		F=195,87**	
	Blocos/ambientes		F=5,95**	

Nota:

*, ** : Significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, para teste LRT ou teste F.

Tabela 10. Análise de deviance (ANADEV) conjunta de todos os ambientes para os caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS), número de dias para maturidade (NDM) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises conjuntas de todos os ambientes, REML, tecnologia convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

	Efeito	Deviance	LRT(Qui-quadrado)	Comp. Variância
PG	Genótipos	20756	32,67**	73986
	Genótipos (G) x Ambientes (E)	20788	63,76**	246305
	Resíduo			523026
	Modelo completo	20723		
	Ambientes		F=27,27**	
	Blocos/ambientes		F=2,38**	
PCS	Genótipos	4263	179,64**	0,7473
	Genótipos (G) x Ambientes (E)	4317	232,72**	0,884
	Resíduo			0,7381
	Modelo completo	4080		
	Ambientes		F=98,34**	
	Blocos/ambientes		F=4,95**	
NDM	Genótipos	6782	531,56**	17,376
	Genótipos (G) x Ambientes (E)	6681	433,20**	6,761
	Resíduo			2,871
	Modelo completo	6240		
	Ambientes		F=123,36**	
	Blocos/ambientes		F=6,55**	
AUC	Genótipos	2600	17,13**	0,3395
	Genótipos (G) x Ambientes (E)	2585	2,03 ^{ns}	0,2497
	Resíduo			2,9056
	Modelo completo	2583		
	Ambientes		F=172,60**	
	Blocos/ambientes		F=3,62**	

Nota:

*, **: Significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, para teste LRT ou teste F.

Tabela 11. Valores fenotípicos médios ($\bar{x}$), efeitos genéticos (g) e valores genotípicos ($\mu+g$) dos genótipos RR e convencionais considerando o caráter produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹), bem como ordenamento (*Rank*) dos genótipos por esses critérios. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Tecnologia RR					Genótipos	Tecnologia Convencional				
	$\bar{x}$	g	$\mu + g$	Rank fenotípico	Rank genotípico		$\bar{x}$	g	$\mu + g$	Rank fenotípico	Rank genotípico
1	2496	-147,42	2560	27	27	51	2258	-196,20	2374	86	86
2	2466	-168,53	2539	15	21	52	2331	-146,24	2424	76	76
3	2674	-21,95	2685	21	38	53	2167	-253,90	2317	77	69
4	2892	131,99	2839	38	15	54	2672	60,54	2631	69	77
5	2812	68,94	2776	39	39	55	2243	-205,39	2365	96	96
6	2258	-323,37	2384	32	32	56	2848	173,85	2745	60	60
7	2763	40,74	2748	42	42	57	2001	-359,24	2211	80	80
8	2661	-30,84	2677	46	46	58	2352	-136,19	2434	88	88
9	2584	-76,02	2631	40	40	59	2322	-155,38	2415	61	61
10	3010	214,89	2922	34	34	60	2981	263,93	2835	67	67
11	2631	-52,23	2655	10	10	61	2884	202,33	2773	98	85
12	2906	141,91	2849	31	31	62	2696	83,01	2654	85	94
13	2922	150,53	2858	48	48	63	2749	139,45	2710	56	56
14	2841	96,13	2804	26	26	64	2660	59,70	2630	94	98
15	3288	385,14	3093	37	37	65	2713	93,79	2664	63	63
16	2712	4,67	2712	47	47	66	2293	-173,42	2397	65	65
17	2034	-473,17	2234	13	13	67	2874	196,11	2767	78	78
18	2301	-285,31	2422	12	12	68	2567	0,46	2571	62	62
19	2287	-307,85	2400	28	28	69	3084	337,40	2908	90	75
20	2630	-53,22	2654	4	4	70	2471	-60,51	2510	54	54
21	3277	403,72	3111	30	30	71	2268	-201,39	2369	75	100
22	1933	-544,62	2163	14	14	72	2390	-112,22	2458	100	64
23	2072	-446,78	2261	29	29	73	2548	-10,97	2560	64	90
24	2433	-192,22	2515	5	5	74	2061	-321,47	2249	79	79
25	2559	-102,84	2605	7	7	75	2664	62,50	2633	89	89
26	2966	183,86	2891	16	49	76	3200	403,16	2974	68	68
27	3343	450,02	3157	49	16	77	3130	318,34	2889	92	92
28	2894	133,39	2841	3	3	78	2709	93,63	2664	93	73
29	2822	82,46	2790	8	8	79	2653	55,07	2626	73	99
30	2889	129,88	2837	41	41	80	2944	219,27	2790	99	93
31	2991	201,41	2909	11	11	81	2462	-66,34	2504	97	84
32	3173	329,66	3037	50	50	82	2336	-146,03	2425	84	70
33	2011	-489,46	2218	20	20	83	2334	-147,41	2423	70	97
34	3022	223,83	2931	9	9	84	2479	-54,28	2516	91	81
35	2257	-339,74	2368	25	25	85	2866	188,96	2760	81	91
36	2433	-191,81	2516	43	43	86	3354	501,43	3072	72	72
37	2959	179,14	2887	T09	T09	87	2163	-256,56	2314	58	58
38	3270	396,29	3104	1	1	88	2896	209,90	2781	82	82
39	3184	337,67	3045	2	2	89	2652	54,99	2626	83	52
40	3096	276,02	2983	36	36	90	2681	59,47	2630	52	83
41	2657	-34,06	2673	24	24	91	2464	-84,61	2486	59	59
42	3155	316,99	3024	44	44	92	2564	-1,25	2569	66	66
43	2542	-115,03	2592	18	18	93	2555	-35,77	2535	71	51
44	2317	-273,82	2434	19	19	94	2811	186,60	2757	51	71
45	2185	-366,70	2341	6	6	95	1841	-450,76	2120	55	55
46	3132	301,27	3009	T12	T12	96	3024	291,25	2862	T09	T09
47	2940	165,63	2873	35	35	97	2498	-63,50	2507	53	53
48	2987	198,57	2906	45	45	98	2872	156,80	2727	87	87
49	2697	17,67	2725	23	23	99	2525	-26,02	2545	74	74
50	2630	-52,89	2655	17	17	100	2661	60,54	2631	57	57
T09	2528	-134,19	2573	33	33	T09	2242	-227,64	2343	95	95
T12	2257	-338,37	2369	22	22	T12	1662	-579,81	1991	T12	T12
μ (geral)	2707						2571				

Tabela 12. Valores fenotípicos médios ($\bar{x}$), efeitos genéticos (g) e valores genotípicos ($\mu+g$) dos genótipos RR e convencionais considerando o caráter peso de cem sementes (PCS, em g), bem como ordenamento (*Rank*) dos genótipos por esses critérios. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Tecnologia RR					Tecnologia Convencional					
	$\bar{x}$	g	$\mu + g$	Rank	Rank	Genótipos	$\bar{x}$	g	$\mu + g$	Rank	Rank
				fenotípico	genotípico					fenotípico	genotípico
1	13,88	-0,19	13,89	17	17	51	14,67	0,61	14,57	88	88
2	14,07	-0,01	14,07	41	41	52	14,85	0,74	14,70	69	69
3	13,89	-0,17	13,91	24	24	53	13,95	-0,01	13,95	61	61
4	12,59	-1,35	12,73	13	13	54	13,10	-0,74	13,22	91	91
5	14,15	0,06	14,14	15	15	55	13,56	-0,36	13,60	71	71
6	15,11	0,80	14,88	7	7	56	14,38	0,29	14,25	86	86
7	15,57	1,34	15,42	28	28	57	13,63	-0,30	13,66	52	89
8	14,71	0,56	14,64	T09	T09	58	13,90	-0,06	13,90	89	52
9	13,96	-0,03	14,05	26	26	59	14,05	0,05	14,01	T09	T09
10	14,16	0,07	14,15	34	34	60	13,02	-0,83	13,13	51	95
11	14,01	-0,07	14,01	6	39	61	15,51	1,35	15,31	92	51
12	13,89	-0,18	13,90	39	42	62	12,99	-0,86	13,10	95	63
13	16,20	2,02	16,10	42	6	63	14,56	0,56	14,52	74	92
14	13,95	-0,12	13,96	32	32	64	14,56	0,52	14,48	70	74
15	16,15	1,74	15,82	8	8	65	13,25	-0,63	13,33	63	70
16	13,63	-0,41	13,67	44	44	66	14,47	0,44	14,40	64	64
17	16,67	2,34	16,42	43	43	67	14,09	0,10	14,06	87	87
18	13,53	-0,50	13,58	30	30	68	14,15	0,16	14,12	66	94
19	13,45	-0,57	13,51	36	36	69	15,70	1,55	15,51	94	66
20	13,39	-0,63	13,45	10	10	70	14,57	0,53	14,49	56	56
21	12,35	-1,57	12,51	5	5	71	14,87	0,79	14,75	96	96
22	11,28	-2,47	11,61	27	27	72	13,12	-0,74	13,22	68	68
23	13,26	-0,65	13,43	2	2	73	14,10	0,10	14,06	73	85
24	16,33	2,03	16,11	31	9	74	14,59	0,54	14,50	93	93
25	13,96	-0,11	13,97	11	31	75	13,64	-0,29	13,67	67	73
26	15,15	0,96	15,04	33	11	76	13,07	-0,78	13,18	81	67
27	14,10	0,01	14,09	46	33	77	12,81	-1,01	12,95	97	81
28	15,51	1,29	15,37	9	46	78	13,29	-0,58	13,38	59	97
29	13,04	-0,95	13,13	25	25	79	13,27	-0,61	13,35	85	59
30	14,36	0,25	14,33	14	14	80	13,32	-0,62	13,34	100	100
31	14,03	-0,05	14,03	3	3	81	14,07	0,09	14,05	53	84
32	14,86	0,70	14,78	12	12	82	12,03	-1,70	12,26	58	53
33	14,01	-0,07	14,01	47	47	83	12,28	-1,48	12,48	84	58
34	15,12	0,94	15,02	1	1	84	13,88	0,01	13,97	75	75
35	13,40	-0,73	13,35	48	48	85	14,04	0,13	14,09	57	57
36	14,36	0,25	14,33	16	16	86	14,87	0,79	14,75	55	55
37	12,90	-1,07	13,01	18	18	87	14,56	0,52	14,48	98	98
38	12,10	-1,71	12,37	19	19	88	16,00	1,78	15,74	80	78
39	15,07	0,89	14,97	35	20	89	14,83	0,76	14,72	78	79
40	13,27	-0,73	13,35	20	23	90	11,61	-2,05	11,91	79	80
41	16,55	2,22	16,30	40	35	91	15,28	1,20	15,16	65	65
42	15,03	0,85	14,93	23	40	92	14,60	0,55	14,51	72	72
43	14,44	0,32	14,40	29	29	93	14,10	0,12	14,08	99	54
44	14,47	0,35	14,43	37	37	94	14,45	0,50	14,46	54	99
45	12,30	-1,62	12,46	T12	4	95	14,60	0,65	14,61	76	76
46	14,01	-0,07	14,01	4	T12	96	14,22	0,22	14,18	60	60
47	13,89	-0,18	13,90	50	50	97	14,07	0,09	14,05	62	62
48	13,87	-0,20	13,88	21	21	98	13,48	-0,43	13,53	77	77
49	11,96	-1,83	12,25	45	45	99	13,11	-0,75	13,21	83	83
50	12,37	-1,55	12,53	38	38	100	13,99	0,02	13,98	T12	T12
T09	15,36	1,17	15,25	49	49	T09	14,71	0,67	14,63	82	82
T12	12,62	-1,38	12,70	22	22	T12	12,18	-1,61	12,35	90	90
μ (geral)	14,08						13,96				

Tabela 13. Valores fenotípicos médios ($\bar{x}$), efeitos genéticos (g) e valores genotípicos ($\mu+g$) dos genótipos RR e convencionais considerando o caráter número de dias para a maturidade (NDM, em dias), bem como ordenamento (*Rank*) dos genótipos por esses critérios. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Tecnologia RR					Genótipos	Tecnologia Convencional				
	$\bar{x}$	g	$\mu + g$	<i>Rank</i> fenotípico	<i>Rank</i> genotípico		$\bar{x}$	g	$\mu + g$	<i>Rank</i> fenotípico	<i>Rank</i> genotípico
1	127	-5,74	127	T12	T12	51	133	-0,69	133	T12	T12
2	141	7,68	140	17	17	52	139	5,13	139	95	95
3	140	7,19	140	13	13	53	133	-0,04	133	90	90
4	128	-4,99	128	24	24	54	140	6,67	140	62	62
5	140	7,74	140	1	1	55	138	4,42	138	91	97
6	142	8,83	142	36	36	56	133	-0,55	133	97	98
7	137	4,53	137	41	41	57	132	-1,83	132	98	91
8	139	6,25	139	4	4	58	142	7,86	141	100	100
9	138	5,56	138	34	34	59	140	6,56	140	96	96
10	132	-0,96	132	29	29	60	135	1,85	135	93	93
11	139	6,42	139	40	40	61	139	5,60	139	T09	T09
12	139	5,68	138	27	27	62	128	-4,84	129	88	88
13	124	-8,90	124	39	39	63	132	-1,61	132	92	92
14	139	6,17	139	30	30	64	136	2,22	136	86	86
15	142	8,91	142	22	45	65	139	5,49	139	72	72
16	134	1,09	134	45	22	66	133	-0,20	133	89	89
17	121	-11,67	121	32	32	67	138	3,97	137	57	57
18	132	-0,42	132	43	43	68	138	4,73	138	69	63
19	138	5,83	139	26	26	69	132	-1,52	132	63	69
20	137	4,20	137	28	28	70	138	4,24	138	74	74
21	135	1,83	135	48	48	71	132	-1,28	132	80	80
22	130	-2,48	130	T09	T09	72	131	-2,17	131	71	71
23	131	-1,27	131	23	23	73	135	1,00	134	79	79
24	125	-7,24	125	46	46	74	132	-1,42	132	99	99
25	133	0,15	133	47	47	75	135	1,17	135	51	51
26	130	-2,27	130	37	37	76	135	1,26	135	56	56
27	129	-3,82	129	10	10	77	133	-0,41	133	77	77
28	131	-2,10	131	49	49	78	137	3,45	137	66	66
29	128	-4,89	128	50	50	79	132	-1,17	132	53	53
30	129	-3,49	129	18	18	80	132	-1,29	132	73	73
31	136	3,34	136	25	25	81	135	1,15	135	81	81
32	130	-2,36	130	16	16	82	137	3,00	136	75	75
33	135	2,24	135	21	21	83	137	3,04	136	76	76
34	128	-4,93	128	38	38	84	137	2,96	136	85	60
35	141	8,09	141	33	33	85	135	1,99	135	60	85
36	127	-5,58	127	31	31	86	131	-2,58	131	64	64
37	132	-1,04	132	44	44	87	137	3,00	136	84	84
38	135	1,92	135	20	20	88	130	-3,25	130	82	82
39	129	-3,58	129	7	7	89	131	-2,05	131	87	87
40	128	-4,52	128	42	42	90	128	-5,33	128	83	83
41	127	-5,54	127	9	9	91	129	-4,33	129	78	78
42	138	4,86	138	19	12	92	130	-2,90	131	67	67
43	130	-2,29	130	12	19	93	130	-3,54	130	94	70
44	137	3,96	137	14	14	94	138	4,32	138	70	94
45	130	-2,59	130	8	8	95	126	-6,70	127	55	55
46	132	-1,16	132	11	11	96	129	-4,09	129	68	68
47	132	-1,04	132	3	3	97	129	-4,54	129	52	52
48	131	-1,73	131	5	2	98	129	-4,51	129	65	65
49	132	-0,96	132	2	5	99	133	-0,77	133	61	61
50	132	-0,71	132	35	35	100	129	-4,28	129	54	59
T09	131	-1,61	131	6	6	T09	130	-3,41	130	59	54
T12	120	-12,61	120	15	15	T12	119	-13,75	120	58	58
μ (geral)	133						133				

Tabela 14. Valores fenotípicos médios ($\bar{x}$) e ordenamento (*Rank*) dos genótipos RR e convencionais pelos critérios dos próprios efeitos fenotípicos e genotípicos preditos ($\mu+g$) considerando o caráter área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Tecnologia RR			Genótipos	Tecnologia Convencional		
	$\bar{x}$	<i>Rank</i> fenotípico	<i>Rank</i> genotípico		$\bar{x}$	<i>Rank</i> fenotípico	<i>Rank</i> genotípico
1	100,45	35	11	51	84,00	59	59
2	88,90	11	35	52	85,52	51	67
3	92,05	20	20	53	173,63	58	51
4	79,98	31	7	54	139,20	52	52
5	83,36	42	10	55	99,11	82	58
6	89,83	47	47	56	114,83	67	82
7	86,80	4	14	57	127,90	64	76
8	87,21	14	6	58	84,88	55	69
9	101,50	12	19	59	73,00	76	61
10	81,96	10	2	60	123,26	83	64
11	63,88	5	42	61	105,61	61	56
12	81,14	7	8	62	193,14	80	70
13	158,55	8	12	63	172,23	100	83
14	80,03	19	5	64	94,33	77	100
15	93,04	37	15	65	132,80	84	85
16	89,72	2	31	66	133,44	56	77
17	198,86	38	38	67	90,42	92	55
18	92,05	16	3	68	137,11	69	84
19	88,58	22	16	69	119,93	60	80
20	67,61	6	18	70	134,98	78	73
21	139,94	3	33	71	157,95	74	68
22	89,78	18	4	72	170,95	73	74
23	103,73	33	23	73	126,09	79	54
24	156,33	15	40	74	125,13	57	57
25	117,19	34	37	75	202,36	99	98
26	134,81	1	32	76	101,94	85	66
27	110,13	44	22	77	111,71	65	92
28	104,36	9	34	78	124,63	66	79
29	129,68	32	1	79	127,40	81	65
30	156,33	43	9	80	105,82	70	60
31	70,88	23	44	81	133,73	68	97
32	102,14	40	48	82	85,98	98	81
33	92,93	28	25	83	104,85	54	94
34	94,79	27	43	84	113,53	94	78
35	61,66	T09	T09	85	129,82	97	99
36	124,60	48	46	86	187,69	89	71
37	88,78	25	27	87	156,25	88	88
38	88,90	46	49	88	149,54	96	87
39	136,62	36	28	89	146,39	87	96
40	104,30	29	41	90	203,20	71	89
41	135,04	49	39	91	182,13	95	72
42	73,03	26	50	92	117,72	72	95
43	103,37	41	36	93	171,47	93	53
44	100,98	39	26	94	142,74	63	T09
45	160,65	21	30	95	161,67	53	93
46	120,28	50	21	96	152,16	T09	75
47	77,53	24	29	97	144,96	91	63
48	115,50	30	45	98	137,26	86	91
49	132,53	13	24	99	129,38	62	62
50	149,74	45	T12	100	111,24	75	86
T09	111,36	T12	13	T09	175,54	90	90
T12	165,80	17	17	T12	214,92	T12	T12
μ (geral)					106,91	135,11	

Tabela 15. Valores fenotípicos médios ($\bar{x}$) dos ambientes e dos desdobramentos em efeitos de anos e locais para os caracteres produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹), peso de cem sementes (PCS, em g), número de dias para maturidade (NDM, em dias) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologia RR, soja, Piraicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Ambiente	Ano agrícola	Local	PG	PCS	NDM	AUC
E1	2013/14	ESALQ-Sede	2331	14,65	135	
E2	2013/14	ESALQ-Sede	2182	14,61	134	20,13
E3	2013/14	E.E. Areão	2485	15,08	138	
E4	2013/14	E.E. Areão	2245	14,07	138	36,93
E5	2014/15	ESALQ-Sede	4014	15,31	135	
E6	2014/15	ESALQ-Sede	3239	13,93	133	85,65
E7	2014/15	E.E. Anhumas	3199	16,00	135	
E8	2014/15	E.E. Anhumas	2748	14,17	131	217,31
E9	2015/16	ESALQ-Sede	2354	12,57	127	
E10	2015/16	ESALQ-Sede	2066	11,44	125	62,70
E11	2015/16	E.E. Anhumas	2867	14,39	132	
E12	2015/16	E.E. Anhumas	2611	12,78	126	224,24
Médias gerais de anos						
	2013/14		2311 c	14,60 b	136 c	28,53 a
	2014/15		3300 a	14,85 a	134 b	151,48 c
	2015/16		2474 b	12,79 c	128 a	143,47 b
Médias gerais de locais						
		ESALQ-Sede	2698 b	13,75 c	132 b	56,16 b
		E.E. Areão	2365 c	14,57 a	138 c	36,93 a
		E.E. Anhumas	2856 a	14,33 b	131 a	220,78 c

Nota:

Letras iguais nas colunas não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Tabela 16. Valores fenotípicos médios ($\bar{x}$) dos ambientes e dos desdobramentos em efeitos de anos e locais para os caracteres produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹), peso de cem sementes (PCS, em g), número de dias para maturidade (NDM, em dias) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologia convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Ambiente	Ano agrícola	Local	PG	PCS	NDM	AUC
E1	2013/14	ESALQ-Sede	2366	14,98	136	
E2	2013/14	ESALQ-Sede	2518	15,92	135	18,00
E3	2013/14	E.E. Areão	2727	15,37	140	
E4	2013/14	E.E. Areão	2388	14,79	139	43,15
E5	2014/15	ESALQ-Sede	3838	15,86	136	
E6	2014/15	ESALQ-Sede	2975	14,44	134	125,75
E7	2014/15	E.E. Anhumas	3240	15,02	135	
E8	2014/15	E.E. Anhumas	3210	13,96	130	261,37
E9	2015/16	ESALQ-Sede	1796	12,14	129	
E10	2015/16	ESALQ-Sede	1618	10,46	123	83,06
E11	2015/16	E.E. Anhumas	2210	13,14	133	
E12	2015/16	E.E. Anhumas	1731	11,36	128	284,22
Médias gerais de anos						
	2013/14		2500 b	15,26 a	138 c	30,58 a
	2014/15		3316 a	14,82 b	134 b	193,56 c
	2015/16		1839 c	11,78 c	128 a	183,64 b
Médias gerais de locais						
		ESALQ-Sede	2518 a	13,97 b	132 b	75,61 b
		E.E. Areão	2558 a	15,08 a	139 c	43,15 a
		E.E. Anhumas	2598 a	13,37 c	131 a	272,79 c

Nota:

Letras iguais nas colunas não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Tabela 17. Estimativas do efeito ferrugem médio (EF) dos genótipos RR e convencionais para os caracteres produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹), peso de cem sementes (PCS, em g) e número de dias para maturidade (NDM, em dias), e respectivas médias gerais dos caracteres na situação de ausência da ferrugem (manejo OP) e na presença da ferrugem (manejo D). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

(continua)

Genótipos	Tecnologia RR			Genótipos	Tecnologia Convencional		
	EF (PG)	EF (PCS)	EF (NDM)		EF (PG)	EF (PCS)	EF (NDM)
1	89 ns	0,35 ns	2,03 ns	51	384 *	0,50 ns	2,34 **
2	674 **	1,79 **	3,08 **	52	627 ns	0,99 *	4,41 **
3	240 ns	0,82 *	1,42 *	53	547 *	0,74 ns	4,65 **
4	120 ns	0,81 *	3,39 **	54	1012 *	1,31 **	2,15 **
5	431 ns	1,75 **	1,77 **	55	121 ns	1,15 **	5,55 **
6	908 **	1,42 **	1,25 ns	56	73 ns	0,28 ns	3,79 **
7	-26 ns	0,88 *	2,83 **	57	252 ns	1,11 *	4,30 **
8	499 **	0,96 **	3,17 **	58	922 *	1,19 **	2,66 **
9	965 **	1,54 **	1,58 ns	59	752 *	1,03 **	2,25 **
10	110 ns	0,58 **	1,67 *	60	372 ns	0,81 **	3,79 *
11	119 ns	0,11 ns	1,00 *	61	281 ns	0,89 **	3,42 **
12	556 **	1,30 **	0,83 ns	62	400 ns	0,73 ns	2,40 ns
13	1099 **	1,89 *	1,00 ns	63	414 ns	0,73 ns	3,58 **
14	-54 ns	1,33 **	2,51 **	64	970 **	1,59 **	3,06 **
15	429 ns	1,64 **	2,25 **	65	271 ns	0,62 *	2,18 **
16	992 **	1,30 **	2,67 **	66	540 *	0,29 ns	4,52 **
17	159 ns	1,27 *	1,74 ns	67	412 ns	1,28 *	1,35 ns
18	188 ns	1,16 *	0,92 ns	68	347 ns	0,35 ns	2,10 ns
19	515 **	0,93 **	1,56 ns	69	-174 ns	0,04 ns	2,01 *
20	102 ns	0,80 ns	0,83 ns	70	-18 ns	1,18 *	1,76 ns
21	565 ns	1,31 *	3,17 **	71	871 **	1,03 ns	4,67 **
22	232 ns	0,61 **	1,82 ns	72	317 ns	0,52 ns	3,92 **
23	517 ns	1,35 ns	-0,39 ns	73	1239 **	0,77 ns	2,66 ns
24	502 ns	1,80 **	3,05 **	74	295 ns	1,64 ns	1,49 ns
25	459 ns	0,56 *	1,42 ns	75	275 ns	1,43 *	2,86 *

Tabela 17. Estimativas do efeito ferrugem médio (EF) dos genótipos RR e convencionais para os caracteres produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹), peso de cem sementes (PCS, em g) e número de dias para maturidade (NDM, em dias), e respectivas médias gerais dos caracteres na situação de ausência da ferrugem (manejo OP) e na presença da ferrugem (manejo D). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

(conclusão)

Genótipos	Tecnologia RR			Genótipos	Tecnologia Convencional		
	EF (PG)	EF (PCS)	EF (NDM)		EF (PG)	EF (PCS)	EF (NDM)
26	-233 ns	1,80 **	4,67 **	76	236 ns	0,13 ns	2,71 *
27	374 ns	1,30 **	3,00 **	77	249 ns	1,00 **	2,58 ns
28	684 ns	1,75 **	3,83 **	78	328 ns	0,57 ns	2,43 ns
29	280 ns	0,86 *	2,33 *	79	284 ns	0,19 ns	4,68 **
30	247 ns	0,49 ns	4,17 **	80	334 ns	0,66 ns	3,75 **
31	260 ns	1,23 **	3,75 **	81	152 ns	1,13 **	2,50 **
32	-172 ns	0,71 **	4,15 **	82	371 ns	0,58 ns	1,83 ns
33	257 ns	1,76 **	3,67 **	83	196 ns	0,73 **	3,08 **
34	730 **	1,06 *	2,92 **	84	-987 *	0,97 **	4,05 **
35	266 ns	1,57 **	1,08 ns	85	195 ns	1,84 **	4,35 **
36	256 ns	0,83 *	3,08 *	86	625 ns	1,32 **	4,92 **
37	1032 **	1,37 **	2,50 ns	87	58 ns	1,35 **	3,33 *
38	1131 **	1,68 **	3,14 **	88	554 ns	2,10 **	3,67 *
39	331 ns	2,94 **	3,00 *	89	651 ns	0,88 ns	2,67 *
40	282 ns	0,93 **	3,42 **	90	-351 ns	1,29 *	3,41 *
41	166 ns	1,75 **	3,66 **	91	-408 ns	0,77 ns	4,41 **
42	-84 ns	1,25 **	1,50 *	92	416 *	2,25 **	3,25 *
43	100 ns	0,76 *	2,37 *	93	220 ns	1,04 ns	4,58 **
44	701 **	0,95 **	5,34 **	94	686 ns	1,33 *	3,60 **
45	-9 ns	0,57 ns	4,00 *	95	-441 *	0,12 ns	3,43 **
46	538 *	0,78 ns	1,75 *	96	452 *	0,79 ns	3,78 **
47	520 *	0,38 ns	0,82 *	97	-426 *	1,37 *	3,67 **
48	350 ns	1,23 **	3,42 **	98	515 **	0,97 ns	4,07 **
49	-8 ns	1,31 **	4,33 **	99	342 ns	1,19 *	3,67 **
50	427 ns	1,04 **	3,83 **	100	-94 ns	1,36 *	5,21 **
T09	192 ns	1,28 **	2,65 **	T09	71 ns	1,02 *	3,46 *
T12	398 ns	0,97 **	2,16 **	T12	62 ns	0,57 ns	2,56 ns
Média OP	2877 a	14,66 a	134 b		2692 a	14,42 a	135 b
Média D	2516 b	13,50 b	131 a		2410 b	13,47 b	131 a

Tabela 18. Valores individuais e acumulados dos seis primeiros componentes principais (PC, em %) obtidos pela decomposição de valores singulares (DVS) da análise GGE-biplot para os caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS) e número de dias para maturidade (NDM) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC) considerando as médias fenotípicas dos genótipos nos ambientes. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE fenotípico, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

	Comp. Princ.	Tec. RR		Tec. Convencional	
		individual	acumulado	individual	acumulado
PG	PC1	29,98	29,98	25,00	25,00
	PC2	24,50	54,48	20,34	45,34
	PC3	10,25	64,73	15,14	60,48
	PC4	7,13	71,86	8,38	68,86
	PC5	6,60	78,46	6,92	75,78
	PC6	4,78	83,24	5,88	81,66
PCS	PC1	49,52	49,52	43,29	43,29
	PC2	28,82	78,34	23,55	66,84
	PC3	5,61	83,95	10,10	76,94
	PC4	3,38	87,33	5,22	82,16
	PC5	2,89	90,22	4,30	86,46
	PC6	2,62	92,84	3,20	89,66
NDM	PC1	87,21	87,21	75,93	75,93
	PC2	3,67	90,88	9,96	85,89
	PC3	2,44	93,32	3,72	89,61
	PC4	1,49	94,81	2,54	92,15
	PC5	1,27	96,08	1,91	94,06
	PC6	0,98	97,06	1,67	95,73
AUC	PC1	69,47	69,47	64,55	64,55
	PC2	13,89	83,36	21,73	86,28
	PC3	7,54	90,90	8,26	94,54
	PC4	6,14	97,04	3,25	97,79
	PC5	1,78	98,82	1,77	99,56
	PC6	1,19	100,01	0,44	100,00

Tabela 19. Valores individuais e acumulados dos seis primeiros componentes principais (PC, em %) obtidos pela decomposição de valores singulares (DVS) da análise GGE-biplot para os caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS) e número de dias para maturidade (NDM) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC) considerando os valores genotípicos dos genótipos nos ambientes. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Comp. Princ.		Tec. RR		Tec. Convencional	
		individual	acumulado	individual	acumulado
PG	PC1	47,09	47,09	43,74	43,74
	PC2	20,07	67,16	16,21	59,95
	PC3	7,38	74,54	11,03	70,98
	PC4	5,16	79,70	6,25	77,23
	PC5	4,70	84,40	5,12	82,35
	PC6	3,57	87,97	4,27	86,62
PCS	PC1	60,14	60,14	58,74	58,74
	PC2	22,94	83,08	17,36	76,10
	PC3	4,39	87,47	7,23	83,33
	PC4	2,69	90,16	3,86	87,19
	PC5	2,22	92,38	3,16	90,35
	PC6	2,00	94,38	2,27	92,62
NDM	PC1	92,92	92,92	81,60	81,60
	PC2	2,06	94,98	7,67	89,27
	PC3	1,34	96,32	2,85	92,12
	PC4	0,82	97,14	1,95	94,07
	PC5	0,70	97,84	1,45	95,52
	PC6	0,53	98,37	1,26	96,78
AUC	PC1	86,21	86,21	89,91	89,91
	PC2	3,83	90,04	3,17	93,08
	PC3	3,37	93,41	2,27	95,35
	PC4	2,75	96,16	2,14	97,49
	PC5	2,16	98,32	1,44	98,93
	PC6	1,68	100,00	1,07	100,00

Tabela 20. Estimativas da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e da MHPRVG na unidade do caráter (MHPRVG*MG, multiplicada pela média geral, em kg.ha⁻¹) dos genótipos RR e convencionais bem como ordenamento (*Rank*) pela média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), pelo valor da performance relativa dos valores genotípicos em relação à média de cada local (PRVG) e por MHPRVG para o caráter produtividade de grãos (PG). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, performance dos valores genotípicos, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Tecnologia RR					Genótipos	Tecnologia Convencional				
	MHPRVG	MHPRVG*MG	Rank MHVG	Rank PRVG	Rank MHPRVG		MHPRVG	MHPRVG*MG	Rank MHVG	Rank PRVG	Rank MHPRVG
1	0,92	2500	27	27	27	51	0,87	2238	86	86	86
2	0,92	2479	21	21	21	52	0,89	2298	69	76	76
3	0,97	2629	38	38	38	53	0,82	2110	96	69	69
4	1,03	2801	32	15	32	54	0,96	2478	77	77	77
5	1,02	2752	15	39	42	55	0,84	2157	76	96	96
6	0,84	2284	42	32	15	56	1,06	2736	60	60	60
7	1,02	2761	39	42	39	57	0,80	2046	85	80	67
8	0,98	2646	46	46	46	58	0,85	2174	67	88	85
9	0,96	2591	48	40	40	59	0,84	2161	61	61	61
10	1,10	2972	40	34	10	60	1,10	2839	56	67	88
11	0,93	2526	10	10	48	61	1,08	2767	88	85	80
12	1,03	2794	26	31	34	62	1,00	2572	80	94	56
13	1,06	2857	34	48	31	63	1,04	2670	63	56	94
14	1,03	2788	31	26	26	64	0,99	2551	78	98	98
15	1,14	3097	30	37	37	65	0,99	2538	98	63	63
16	0,99	2693	47	47	47	66	0,83	2142	94	65	78
17	0,77	2093	37	13	30	67	1,08	2776	100	78	100
18	0,87	2360	13	12	13	68	0,96	2475	90	62	90
19	0,85	2311	28	28	28	69	1,13	2916	89	75	62
20	0,96	2595	14	4	4	70	0,94	2423	62	54	89
21	1,18	3200	4	30	12	71	0,85	2180	64	100	64
22	0,75	2026	7	14	14	72	0,91	2347	65	64	65
23	0,78	2119	12	29	29	73	0,96	2456	92	90	75
24	0,90	2429	5	5	7	74	0,81	2071	70	79	92
25	0,95	2584	29	7	5	75	0,98	2525	75	89	79
26	1,08	2936	49	49	49	76	1,14	2943	68	68	54
27	1,22	3295	16	16	16	77	1,13	2899	81	92	68
28	1,05	2829	8	3	8	78	1,03	2642	73	73	73
29	1,02	2762	41	8	41	79	0,97	2491	79	99	93
30	1,07	2890	20	41	3	80	1,07	2739	91	93	70
31	1,09	2940	50	11	50	81	0,94	2413	97	84	97
32	1,15	3111	3	50	20	82	0,87	2242	54	70	81
33	0,78	2113	25	20	9	83	0,91	2334	93	97	99
34	1,09	2954	9	9	25	84	0,88	2263	83	81	91
35	0,82	2233	43	25	43	85	1,08	2776	99	91	72
36	0,91	2468	T09	43	T09	86	1,21	3119	72	72	83
37	1,07	2904	11	T09	11	87	0,83	2138	52	58	52
38	1,18	3190	1	1	1	88	1,07	2753	51	82	84
39	1,14	3090	2	2	2	89	1,00	2565	82	52	82
40	1,11	3002	36	36	36	90	1,01	2594	T09	83	51
41	0,98	2644	24	24	24	91	0,93	2389	84	59	T09
42	1,14	3098	18	44	44	92	0,97	2496	71	66	71
43	0,94	2551	44	18	18	93	0,94	2425	55	51	58
44	0,87	2363	45	19	19	94	1,05	2709	87	71	59
45	0,85	2297	19	6	45	95	0,75	1933	58	55	55
46	1,12	3023	6	T12	6	96	1,13	2898	57	T09	66
47	1,07	2897	T12	35	T12	97	0,94	2414	59	53	87
48	1,10	2967	35	45	35	98	1,04	2681	66	87	53
49	1,00	2707	33	23	23	99	0,93	2397	74	74	74
50	0,97	2612	23	17	33	100	1,02	2612	53	57	57
T09	0,94	2533	17	33	17	T09	0,86	2205	95	95	95
T12	0,84	2262	22	22	22	T12	0,67	1725	T12	T12	T12

Tabela 21. Estimativas da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e da MHPRVG na unidade do caráter (MHPRVG*MG, multiplicada pela média geral, em g) dos genótipos RR e convencionais bem como ordenamento (*Rank*) pela média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), pelo valor da performance relativa dos valores genotípicos em relação à média de cada local (PRVG) e por MHPRVG para o caráter peso de cem sementes (PCS). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, performance dos valores genotípicos, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Tecnologia RR					Tecnologia Convencional				
	MHPRVG	MHPRVG*MG	Rank MHVG	Rank PRVG	Rank MHPRVG	MHPRVG	MHPRVG*MG	Rank MHVG	Rank PRVG	Rank MHPRVG
1	0,99	13,88	17	17	17	51	1,04	14,51	88	88
2	0,99	13,96	41	41	41	52	1,05	14,68	69	69
3	0,98	13,80	13	24	13	53	0,99	13,86	91	61
4	0,90	12,61	24	13	24	54	0,93	13,05	61	91
5	1,00	14,08	15	15	15	55	0,96	13,44	86	71
6	1,06	14,91	7	7	7	56	1,02	14,22	71	86
7	1,10	15,53	28	28	28	57	0,97	13,55	89	89
8	1,04	14,64	T09	T09	T09	58	0,98	13,67	95	52
9	1,00	14,03	34	26	26	59	1,00	13,91	52	T09
10	1,01	14,21	26	34	34	60	0,93	12,95	T09	95
11	0,98	13,81	42	39	42	61	1,10	15,29	70	51
12	0,98	13,80	39	42	39	62	0,92	12,90	92	63
13	1,15	16,26	32	6	6	63	1,04	14,47	51	92
14	0,99	13,91	6	32	32	64	1,04	14,45	94	74
15	1,13	15,90	8	8	8	65	0,94	13,17	87	70
16	0,97	13,64	43	44	44	66	1,02	14,22	63	64
17	1,18	16,60	44	43	43	67	1,00	14,02	64	87
18	0,96	13,58	30	36	36	68	1,00	13,93	74	94
19	0,96	13,48	36	30	30	69	1,12	15,61	56	66
20	0,96	13,46	10	10	10	70	1,04	14,51	96	56
21	0,88	12,39	27	5	27	71	1,06	14,73	66	96
22	0,81	11,42	5	27	5	72	0,94	13,08	97	68
23	0,95	13,35	46	2	46	73	1,00	13,95	93	85
24	1,15	16,23	31	9	31	74	1,03	14,44	67	93
25	0,99	13,99	33	31	9	75	0,97	13,50	100	67
26	1,08	15,14	9	46	33	76	0,93	12,94	81	73
27	1,00	14,11	25	33	25	77	0,92	12,80	73	81
28	1,10	15,48	2	11	2	78	0,95	13,24	85	97
29	0,93	13,09	47	25	47	79	0,94	13,18	59	59
30	1,02	14,39	1	14	14	80	0,94	13,14	68	100
31	1,00	14,05	14	3	48	81	1,00	13,98	53	84
32	1,06	14,87	48	12	1	82	0,85	11,92	84	53
33	1,00	14,01	11	47	11	83	0,88	12,24	58	58
34	1,07	15,11	12	1	12	84	0,99	13,83	57	75
35	0,94	13,30	3	48	3	85	1,00	13,97	98	57
36	1,02	14,40	16	16	16	86	1,06	14,77	75	55
37	0,92	12,92	18	18	18	87	1,04	14,46	55	98
38	0,87	12,22	19	19	19	88	1,14	15,87	78	78
39	1,06	14,97	20	20	20	89	1,05	14,72	79	79
40	0,95	13,31	40	23	23	90	0,83	11,61	65	80
41	1,17	16,51	23	35	40	91	1,09	15,24	80	65
42	1,07	15,07	35	40	35	92	1,04	14,51	72	54
43	1,03	14,49	29	29	29	93	1,01	14,04	54	72
44	1,03	14,50	37	37	37	94	1,03	14,44	99	99
45	0,88	12,36	T12	4	4	95	1,05	14,60	60	76
46	1,00	14,05	4	T12	T12	96	1,01	14,16	76	60
47	0,99	13,92	50	50	50	97	1,00	14,02	77	62
48	0,99	13,90	45	21	21	98	0,96	13,44	62	77
49	0,86	12,08	21	45	45	99	0,93	13,02	T12	83
50	0,88	12,43	38	38	38	100	1,00	13,93	83	T12
T09	1,09	15,34	49	49	49	T09	1,05	14,60	82	82
T12	0,90	12,61	22	22	22	T12	0,87	12,14	90	90

Tabela 22. Estimativas da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e da MHPRVG na unidade do caráter (MHPRVG*MG, multiplicada pela média geral, em dias) dos genótipos RR e convencionais bem como ordenamento (*Rank*) pela média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), pelo valor da performance relativa dos valores genotípicos em relação à média de cada local (PRVG) e por MHPRVG para o caráter número de dias para a maturidade (NDM). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, performance dos valores genotípicos, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Genótipos	Tecnologia RR					Genótipos	Tecnologia Convencional				
	MHPRVG	MHPRVG*MG	Rank MHVG	Rank PRVG	Rank MHPRVG		MHPRVG	MHPRVG*MG	Rank MHVG	Rank PRVG	Rank MHPRVG
1	0,96	126,75	T12	T12	T12	51	0,99	132,64	T12	T12	T12
2	1,06	140,31	17	17	17	52	1,04	138,58	95	95	95
3	1,05	139,79	13	13	13	53	1,00	133,25	90	90	90
4	0,96	127,49	24	24	24	54	1,05	140,21	62	62	62
5	1,06	140,34	1	1	1	55	1,03	137,84	97	97	97
6	1,07	141,43	36	36	36	56	0,99	132,76	98	98	98
7	1,03	137,11	41	41	41	57	0,98	131,43	91	91	91
8	1,05	138,85	4	4	4	58	1,06	141,40	100	100	100
9	1,04	138,16	29	34	34	59	1,05	140,07	96	96	96
10	0,99	131,55	34	29	29	60	1,01	135,20	93	93	93
11	1,05	139,03	40	40	40	61	1,04	139,09	T09	T09	T09
12	1,04	138,27	27	27	27	62	0,96	128,32	88	88	88
13	0,93	123,54	39	39	39	63	0,99	131,62	92	92	92
14	1,05	138,80	30	30	30	64	1,02	135,59	86	86	86
15	1,07	141,54	45	45	45	65	1,04	138,95	72	72	72
16	1,01	133,65	22	22	22	66	1,00	133,12	89	89	89
17	0,91	120,72	32	32	32	67	1,03	137,34	57	57	57
18	1,00	132,13	43	43	43	68	1,04	138,16	63	63	63
19	1,04	138,45	26	26	26	69	0,99	131,79	69	69	69
20	1,03	136,81	28	28	28	70	1,03	137,61	74	74	74
21	1,01	134,38	48	48	48	71	0,99	132,02	80	80	80
22	0,98	130,04	T09	T09	T09	72	0,98	131,07	71	71	71
23	0,99	131,24	23	23	23	73	1,01	134,31	79	79	79
24	0,94	125,20	46	46	46	74	0,99	131,86	99	99	99
25	1,00	132,69	47	47	47	75	1,01	134,31	51	51	51
26	0,98	130,26	37	37	37	76	1,01	134,58	56	56	56
27	0,97	128,66	10	10	10	77	1,00	132,92	77	77	77
28	0,98	130,40	49	49	49	78	1,02	136,77	66	66	66
29	0,96	127,60	50	50	50	79	0,99	132,10	53	53	53
30	0,97	129,03	18	18	18	80	0,99	132,00	75	73	75
31	1,02	135,92	25	25	25	81	1,01	134,54	73	81	73
32	0,98	130,14	16	16	16	82	1,02	136,36	76	75	81
33	1,02	134,76	21	21	21	83	1,02	136,47	81	76	76
34	0,96	127,58	38	38	38	84	1,02	136,37	60	60	60
35	1,06	140,72	33	33	33	85	1,01	135,36	85	85	85
36	0,96	126,88	31	31	31	86	0,98	130,68	64	64	64
37	0,99	131,50	44	44	44	87	1,02	136,38	82	84	82
38	1,01	134,46	20	20	20	88	0,97	129,94	87	87	84
39	0,97	128,90	7	7	7	89	0,98	131,23	84	82	87
40	0,96	127,98	42	42	42	90	0,96	127,83	83	83	83
41	0,96	126,93	9	9	9	91	0,97	128,83	78	78	78
42	1,04	137,48	12	12	12	92	0,98	130,33	67	67	67
43	0,98	130,25	19	19	19	93	0,97	129,67	70	70	70
44	1,03	136,53	14	14	14	94	1,03	137,78	94	94	94
45	0,98	129,89	8	8	8	95	0,95	126,43	55	55	55
46	0,99	131,38	11	11	11	96	0,97	129,12	68	68	68
47	0,99	131,49	3	3	3	97	0,96	128,64	52	52	52
48	0,99	130,78	2	2	2	98	0,96	128,69	65	65	65
49	0,99	131,57	5	5	5	99	0,99	132,54	61	61	61
50	0,99	131,81	35	35	35	100	0,97	128,90	59	59	59
T09	0,99	130,92	6	6	6	T09	0,97	129,82	54	54	54
T12	0,90	119,79	15	15	15	T12	0,89	119,16	58	58	58

Tabela 23. Ordenamento (*Rank*) dos genótipos RR e convencionais pela média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), pelo valor da performance relativa dos valores genotípicos em relação à média de cada local (PRVG) e pela média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) para o caráter área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, performance dos valores genotípicos, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Tecnologia RR			Tecnologia Convencional		
<i>Rank</i> MHVG	<i>Rank</i> PRVG	<i>Rank</i> MHPRVG	<i>Rank</i> MHVG	<i>Rank</i> PRVG	<i>Rank</i> MHPRVG
11	11	11	59	59	59
7	35	7	67	67	67
14	20	14	51	51	51
6	7	35	69	52	52
47	10	10	52	58	58
19	14	20	58	82	69
10	47	47	76	76	82
35	6	6	82	69	76
20	19	19	61	61	61
2	2	2	56	64	56
8	42	8	70	56	64
15	8	15	64	70	70
12	12	42	68	83	68
5	5	12	100	100	85
42	15	5	85	85	100
38	31	38	80	77	83
16	38	31	54	84	77
18	3	16	83	55	73
40	16	18	57	73	80
3	18	3	98	68	84
33	33	33	73	80	54
31	4	40	77	54	57
32	23	23	74	74	55
4	40	4	84	57	98
23	37	32	55	98	74
22	32	22	66	66	66
48	22	37	65	65	65
46	34	1	60	79	79
37	1	48	79	92	60
44	9	44	97	60	97
1	44	34	71	97	92
25	48	25	94	81	94
9	25	9	78	94	81
34	43	46	81	78	78
T09	T09	T09	92	99	71
43	46	43	88	71	99
49	27	49	99	88	88
27	49	27	87	87	87
41	28	41	T09	96	96
50	41	50	96	89	T09
28	39	28	53	72	72
26	50	39	72	95	89
39	36	26	93	T09	53
30	26	30	62	53	93
36	30	36	89	93	95
21	21	21	75	75	75
45	29	45	95	63	62
T12	45	T12	63	91	63
13	24	29	91	62	91
24	T12	24	86	86	86
29	13	13	90	90	90
17	17	17	T12	T12	T12

ANEXO B - Figuras

Bloco 1 50 linhagens (RR ou Convencionais)		Bloco 2 mesmas 50 linhagens do bloco 1 (RR ou Convencionais)	
Conjunto 1	Conjunto 2	Conjunto 1	Conjunto 2
25 linhagens aleatorizadas (das 50 totais do bloco) + 2 testemunhas comuns	25 linhagens restantes aleatorizadas + 2 testemunhas comuns	25 linhagens aleatorizadas (das 50 totais do bloco) + 2 testemunhas comuns	25 linhagens restantes aleatorizadas + 2 testemunhas comuns

Figura 1. Delineamento experimental. Análises individuais por ambientes, tecnologias RR e convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 2. *Interaction plots* das análises conjuntas dos caracteres produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹) avaliado na (a) tecnologia RR e (b) convencional, peso de cem sementes (PCS, em g) avaliado na (c) tecnologia RR e (d) convencional, número de dias para a maturidade (NDM, em dias) avaliado na (e) tecnologia RR e (f) convencional e área abaixo da curva de progresso da doença (AUC) avaliada na (g) tecnologia RR e (h) convencional. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 3. Dados meteorológicos dos anos agrícolas (a) 2013/14, (b) 2014/15 e (c) 2015/16. Soja, dados do posto meteorológico da ESALQ/USP, Piracicaba/SP.

Figura 4. Estimativas resistência (AUC) *versus* tolerância à ferrugem (ICT) calculada para produtividade de grãos (PG) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Os melhores genótipos encontram-se no quadrante Q2. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 5. Estimativas resistência (AUC) *versus* tolerância à ferrugem (ICT) calculada para o peso de cem sementes (PCS) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Os melhores genótipos encontram-se no quadrante Q2. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 6. Estimativas resistência (AUC) *versus* tolerância à ferrugem (ICT) calculada para o número de dias para a maturidade (NDM) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Os melhores genótipos encontram-se no quadrante Q2. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 7. *Heatmap* contendo os valores de correlação de Pearson entre os caracteres, efeito ferrugem sobre a produtividade de grãos (EFPG), efeito ferrugem sobre o peso de cem sementes (EFPCS), efeito ferrugem sobre o número de dias para a maturidade (EFNDM), índice ICT para produtividade de grãos (ICTPG), índice ICT para peso de cem sementes (ICTPCS), índice ICT para número de dias para maturidade (ICTNDM), valor genotípico para produtividade de grãos (VGPG), valor genotípico para peso de cem sementes (VGPCS), valor genotípico para número de dias para a maturidade (VGNDM) e valor genotípico para área abaixo da curva de progresso da doença (VGAUC). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 8. Biplots do tipo *Wich-won-where* obtidos com base nos valores genotípicos da produtividade de grãos (PG, em $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 9. Biplots do tipo *Wich-won-where* obtidos com base nos valores genotípicos do peso de cem sementes (PCS, em g) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 10. Biplots do tipo “Relação entre os ambientes” obtidos com base nos valores genotípicos da produtividade de grãos (PG, em $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 11. Biplots do tipo “Relação entre os ambientes” obtidos com base nos valores genotípicos do peso de cem sementes (PCS, em g) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 12. Biplots do tipo “Média *versus* estabilidade” obtidos com base nos valores genotípicos da produtividade de grãos (PG, em kg.ha⁻¹) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 13. Biplots do tipo “Média *versus* estabilidade” obtidos com base nos valores genotípicos do peso de cem sementes (PCS, em g) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 14. Biplots do tipo “Média *versus* estabilidade” obtidos com base nos valores genotípicos do número de dias para a maturidade (NDM, em dias) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 15. Biplots do tipo “Média *versus* estabilidade” obtidos com base nos valores genotípicos da área abaixo da curva de progresso da doença (AUC) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 16. Biplots do tipo “Rank para o genótipo ideal” obtidos com base nos valores genotípicos da produtividade de grãos (PG, em $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 17. Biplots do tipo “Discriminação e representatividade dos ambientes” obtidos com base nos valores genotípicos da produtividade de grãos (PG, em $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 18. Biplots do tipo “Discriminação e representatividade dos ambientes” obtidos com base nos valores genotípicos do peso de cem sementes (PCS, em g) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 19. Biplots do tipo “Discriminação e representatividade dos ambientes” obtidos com base nos valores genotípicos do número de dias para a maturidade (NDM, em dias) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 20. Biplots do tipo “Discriminação e representatividade dos ambientes” obtidos com base nos valores genotípicos da área abaixo da curva de progresso da doença (AUC) de 52 genótipos avaliados na (a) tecnologia RR, em vermelho, e 52 genótipos avaliados na (b) tecnologia convencional, em azul. Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, GGE genotípico, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 21. *Heatmap* contendo os valores de correlação de postos de Spearman entre as estimativas de média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), performance relativa dos valores genotípicos em relação à média de cada local (PRVG), média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e valores genotípicos preditos (VGPG), levando em consideração o caráter produtividade de grãos (PG). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 22. *Heatmap* contendo os valores de correlação de postos de Spearman entre as estimativas de média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), performance relativa dos valores genotípicos em relação à média de cada local (PRVG), média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e valores genotípicos preditos (VGPCS), levando em consideração o caráter peso de cem sementes (PCS). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 23. *Heatmap* contendo os valores de correlação de postos de Spearman entre as estimativas de média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), performance relativa dos valores genotípicos em relação à média de cada local (PRVG), média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e valores genotípicos preditos (VGNDM), levando em consideração o caráter número de dias para a maturidade (NDM). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.

Figura 24. *Heatmap* contendo os valores de correlação de postos de Spearman entre as estimativas de média harmônica dos valores genotípicos para produtividade de grãos (MHVG), performance relativa dos valores genotípicos em relação à média de cada local (PRVG), média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e valores genotípicos preditos (VGAUC), levando em consideração o caráter área abaixo da curva de progresso da doença (AUC). Análises conjuntas de todos os ambientes, tecnologias RR e convencional, Soja, Piracicaba/SP, 2013/14, 2014/15 e 2015/16.