

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL  
FACULDADE DE AGRONOMIA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA

CARACTERIZAÇÃO DE AMBIENTES PARA A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE  
TRIGO NO SUL DO BRASIL

Rodrigo Oliboni  
Mestre em Produção Vegetal/UNICENTRO

Tese apresentada como um dos requisitos  
à obtenção do Grau de Doutor em Fitotecnia  
Área de Concentração Biotecnologia, Genética e Melhoramento Vegetal

Porto Alegre (RS), Brasil  
Fevereiro de 2018

CIP - Catalogação na Publicação

Oliboni, Rodrigo  
CARACTERIZAÇÃO DE AMBIENTES PARA A SELEÇÃO DE  
GENÓTIPOS DE TRIGO NO SUL DO BRASIL / Rodrigo  
Oliboni. -- 2018.  
136 f.  
Orientador: Luiz Carlos Federizzi.

Tese (Doutorado) -- Universidade Federal do Rio  
Grande do Sul, Faculdade de Agronomia, Programa de  
Pós-Graduação em Fitotecnia, Porto Alegre, BR-RS, 2018.

1. Triticum aestivum L.. 2. Interação genótipo com  
ambiente. 3. Ensaios de VCU. 4. Rendimento de grãos.  
I. Federizzi, Luiz Carlos, orient. II. Título.

RODRIGO OLIBONI  
Engenheiro Agrônomo - UNICENTRO  
Mestre em Agronomia - UNICENTRO

## **TESE**

Submetida como parte dos requisitos  
para obtenção do Grau de

### **DOCTOR EM FITOTECNIA**

Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia  
Faculdade de Agronomia  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul  
Porto Alegre (RS), Brasil

Aprovado em: 27.02.2018  
Pela Banca Examinadora

Homologado em: 07/08/2018  
Por

LUIZ CARLOS FEDERIZZI  
Orientador - PPG Fitotecnia  
UFRGS

CHRISTIAN BREDEMEIER  
Coordenador do Programa de  
Pós-Graduação em Fitotecnia

MARCELO TEIXEIRA PACHECO  
PPG Fitotecnia/UFRGS

RICARDO LIMA DE CASTRO  
EMBRAPA Trigo -Passo Fundo/RS

ANA BEATRIZ LOCATELLI  
Du Pont Divisão Pioneer Sementes  
Coxilha/RS

CARLOS ALBERTO BISSANI  
Diretor da Faculdade  
de Agronomia

*Ao meu filho Jonas Emanuel Oliboni,  
pela compreensão da minha ausência nos abençoados momentos de sua infância.*

**DEDICO.**

## **AGRADECIMENTOS**

A coordenação do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia (PPG-Fitotecnia) da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, pela oportunidade da realização deste trabalho;

A OR Melhoria de Sementes Ltda., pela oportunidade e tempo cedido para que eu pudesse realizar o Curso.

Ao Prof. Orientador Dr. Luiz Carlos Federizzi pelos imensos ensinamentos, atenção, amizade, confiança e pelo exemplo de profissionalismo.

Ao Prof. Dr. Marcelo Teixeira Pacheco, pelo companheirismo, amizade e ensinamentos.

Aos demais Professores do PPG-Fitotecnia, pelas diversas contribuições de ensinamento.

Aos colegas que se tornaram amigos e companheiros ao longo desta jornada: Ernandes Manfroi, Cristiano Mathias Zimmer, Itacir De Pierri Ubert e Emilio Ghisleni.

A minha esposa Debora G. F. Oliboni por estar sempre ao meu lado, por enfrentar com grande coragem os momentos difíceis em minha ausência e por ter contribuído diretamente para que eu chegasse até aqui.

# CARACTERIZAÇÃO DE AMBIENTES PARA A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE TRIGO NO SUL DO BRASIL<sup>1</sup>

Autor: Rodrigo Oliboni

Orientado: Luiz Carlos Federizzi

## RESUMO

A avaliação de linhagens avançadas de trigo em diferentes ambientes e anos em ensaios de VCU é fundamental para a escolha das melhores para lançamento comercial como cultivares. Esta parte final do programa de melhoramento é uma das mais caras de todo o programa e a identificação dos melhores locais de teste aumenta a eficiência e permite a redução de custos. Assim, os objetivos do presente trabalho foram avaliar os efeitos da interação genótipo com ambiente (GE) no germoplasma elite do programa de melhoramento genético da OR Melhoramento de Sementes Ltda.; determinar o número de ambientes e quais são os mais adequados (essenciais) para a condução de ensaios de VCU para a região Sul do Brasil e, testar a metodologia GGE *Biplot* para a identificação dos melhores ambientes para teste. Para tanto foi avaliado os dados de rendimento de grãos (kg/ha) dos anos de 2011 a 2015, referentes aos ensaios de VCU dos ambientes localizados nos estados do Sul do Brasil. As análises foram realizadas por ano e separados em dois grupos: 1) os locais do estado do Paraná e 2) os locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Os genótipos apresentam grande variabilidade de adaptação aos diferentes ambientes de teste do Sul do Brasil. Apesar das variações nos ambientes subtropicais do Brasil foi possível identificar locais essenciais para a correta classificação dos genótipos com padrões similares ao longo dos diferentes anos, tanto para os ambientes do estado do Paraná como para os ambientes dos estados de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, ambientes estes que estão de acordo com a classificação proposta para condução de ensaios de VCU. Os resultados indicam que a empresa estava testando mais locais que os necessários para a correta identificação de genótipos superiores e estáveis e o modelo GGE *Biplot* mostrou-se adequado para a análise da importância dos diferentes locais de teste.

---

<sup>1</sup>Tese de Doutorado em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil. (136f.) Fevereiro, 2018.

# CHARACTERIZATION OF ENVIRONMENTS FOR THE SELECTION OF WHEAT GENOTYPES IN THE SOUTH OF BRAZIL<sup>1</sup>

Author: Rodrigo Olioni  
Adviser: Luiz Carlos Federizzi

## ABSTRACT

The evaluation of advanced wheat lines in different environments and years in VCU trials is fundamental for the choice of the best ones for commercial launching as cultivars. This final part of the breeding program is one of the most expensive of the entire program and identifying the best test sites increases efficiency and allows cost reduction. Thus, the objectives of the present work were to evaluate the effects of the interaction genotype with environment (GE) on the elite germplasm of the breeding program of the OR Melhoramento de Sementes Ltda.; to determine the number of environments and which are the most adequate (essential) for the conduction of VCU trials for the southern region of Brazil and to test the GPL *Biplot* methodology to identify the best environments for testing. For that, the grain yield data (kg/ha) from the years 2011 to 2015 were evaluated for the VCU assays of the environments located in the southern states of Brazil. The analyzes were carried out per year and separated into two groups: 1) Paraná state sites and 2) Santa Catarina and Rio Grande do Sul sites. The genotypes present great variability of adaptation to the different test environments of the South of Brazil. In spite of the variations in the subtropical environments of Brazil, it was possible to identify essential sites for the correct classification of genotypes with similar patterns throughout the years, both for the environments of the state of Paraná and for the environments of the states of Santa Catarina and Rio Grande do Sul, environments that are in accordance with the classification proposed for conducting VCU trials. The results indicate that the company was testing more sites than necessary for the correct identification of superior and stable genotypes and the GPL *Biplot* model was adequate for the analysis of the importance of the different test sites.

---

<sup>1</sup> Doctoral Thesis in Plant Science, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil. (136p.) February, 2018.

## SUMÁRIO

	Página
1 INTRODUÇÃO .....	1
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFIA .....	3
2.1 O trigo ( <i>Triticum aestivum</i> L.) .....	3
2.2 Cultivo do trigo .....	4
2.3 Regiões de adaptação para o cultivo do trigo no Brasil: ensaios de VCU .....	6
2.4 Interação genótipo com ambiente (GE) .....	11
2.5 Adaptabilidade e estabilidade .....	15
2.6 Método GGE <i>Biplot</i> .....	18
2.7 Análise de mega-ambientes com base em dados de vários anos .....	22
3 MATERIAL E MÉTODOS .....	26
3.1 Material vegetal .....	26
3.2 Condução dos ensaios .....	29
3.3 Análises estatísticas .....	30
3.3.1 Índice Ambiental .....	30
3.3.2 Análises de variância .....	31
3.3.3 Análise <i>Biplot</i> .....	32
3.3.4 Análises Mega-ambiente .....	34
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	36
4.1 Análise geral .....	36
4.1.1 Paraná .....	36
4.1.2 Santa Catarina e Rio Grande do Sul .....	66
4.2. Análise Mega-ambientes para Santa Catarina e Rio Grande do Sul .....	95
5 CONCLUSÕES .....	99
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	100



## RELAÇÃO DE TABELAS

	Página
1. Descrição dos locais de condução de ensaios de VCU, ano, local, estado e Região Homogênea de Adaptação (UFR), ambiente, região de teste (RT), localização geografia (longitude, latitude e altitude), número de genótipos (NG) e rendimento médio do ensaio (kg/ha). ....	27
2. Modelo de análise de variância considerando os genótipos e locais como aleatórios. ....	32
3. Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) da análise de variância para a característica rendimento de grãos (kg/ha) nos anos de 2011 a 2015 para os locais do Paraná. Porto Alegre, 2018. ....	37
4. Valores médios anuais (kg/ha) e média geral (kg/ha) dos locais avaliados no Paraná, nos anos de 2011 a 2015. Porto Alegre, 2018. ....	38
5. Classificação dos ambientes (CA) com seus respectivos valores de índice ambiental dos 5 anos e média de índice ambiental (MIA) das 3 regiões do Paraná. Porto Alegre, 2018. ....	39
6. Relação dos locais selecionados para teste de VCU durante os anos de 2011 a 2015 no Paraná. Porto Alegre, 2018. ....	64
7. Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) da análise de variância para a característica rendimento de grãos (kg/ha) nos anos de 2011 a 2015 para os locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018. ....	67
8. Valores médios anuais (kg/ha) e média geral (kg/ha) dos locais avaliados nos estados de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, nos anos de 2011 a 2015. Porto Alegre, 2018. ....	68
9. Classificação dos ambientes (CA) com seus respectivos valores de índice ambiental dos 5 anos e média de índice ambiental (MIA) das regiões de Santa Catarina e do Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018. ..	69
10. Relação dos locais selecionados para teste de VCU durante os anos de 2011 a 2015 em Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018. ....	93

## RELAÇÃO DE FIGURAS

	Página
1. Regiões Homogêneas de Adaptação de cultivares de trigo no Brasil (Cunha <i>et al.</i> , 2006; BRASIL, 2008). .....	9
2. Gráfico GGE <i>biplot</i> para o desempenho produtivo dos dados de ensaios de rendimento de aveia (Yan, 2014). .....	20
3. Gráfico GGE <i>biplot</i> da média <i>vs.</i> instabilidade dos dados de ensaios de rendimento de aveia (Yan, 2014). .....	21
4. GGE <i>biplot</i> da média <i>vs.</i> instabilidade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018. ....	40
5. GGE <i>biplot</i> para a habilidade de discriminação <i>vs.</i> representatividade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018. ....	41
6. GGE <i>biplot</i> da média <i>vs.</i> instabilidade dos genótipos avaliados no Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018. ....	42
7. GGE <i>biplot</i> de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 7 locais do Paraná, no ano de 2011 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018. ....	43
8. GGE <i>biplot</i> da média <i>vs.</i> instabilidade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018. ....	45
9. GGE <i>biplot</i> para a habilidade de discriminação <i>vs.</i> representatividade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018. ....	46
10. GGE <i>biplot</i> da média <i>vs.</i> instabilidade dos genótipos avaliados no Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018. ....	47
11. GGE <i>biplot</i> de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 9 locais do Paraná, no ano de 2012 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018. ....	48

	Página
12. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018. ....	50
13. GGE <i>biplot</i> para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018. ....	51
14. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados no Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018. ....	52
15. GGE <i>biplot</i> de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 9 locais do Paraná, no ano de 2013 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018. ....	53
16. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018. ....	55
17. GGE <i>biplot</i> para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais do Paraná, para rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018. ....	56
18. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados no Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018. ....	57
19. GGE <i>biplot</i> de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 8 locais do Paraná, no ano de 2014 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018. ....	58
20. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2015. Porto Alegre, 2018. ....	60
21. GGE <i>biplot</i> para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2015. Porto Alegre, 2018. ....	61
22. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados no Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2015. Porto Alegre, 2018. ....	62
23. GGE <i>biplot</i> de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 6 locais do Paraná, no ano de 2015 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018. ....	63
24. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018. ....	70

	Página
25. GGE <i>biplot</i> para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018. ....	72
26. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados em Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018. ....	72
27. GGE <i>biplot</i> de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 14 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2011 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018. ....	73
28. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018. ....	75
29. GGE <i>biplot</i> para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018. ....	76
30. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados em Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018. ....	77
31. GGE <i>biplot</i> de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 14 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2012 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018. ....	78
32. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018. ....	80
33. GGE <i>biplot</i> para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018. ....	81
34. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados em Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018. ....	82
35. GGE <i>biplot</i> de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 15 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2013 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018. ....	83
36. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018. ....	85

	Página
37. GGE <i>biplot</i> para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018. ....	86
38. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados em Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018.....	87
39. GGE <i>biplot</i> de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 12 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2014 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018. ....	88
40. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2015. Porto Alegre, 2018. ....	89
41. GGE <i>biplot</i> para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2015. Porto Alegre, 2018. ....	90
42. GGE <i>biplot</i> da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados em Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2015. Porto Alegre, 2018. ....	91
43. GGE <i>biplot</i> de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 9 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2015 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018. ....	92
44. Visualização dos mega-ambientes projetados sobre “quem-ganhou-onde” do polígono GGE <i>biplot</i> de 19 genótipos avaliados em 15 locais em cinco anos para a característica rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018. ....	97

## RELAÇÃO DE APÊNDICES

	Página
1. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais do Paraná. Porto Alegre, 2018. ....	108
2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018. ....	113

## 1 INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) faz parte de um importante grupo de *commodities* agrícolas que domina tanto a produção, quanto o comércio mundial de grãos, representando a principal espécie cultivada mundialmente. Produzir trigo no Brasil, de forma competitiva e sustentável, tem sido um dos principais desafios agrícolas, principalmente nos ambientes subtropicais, devido às grandes variações, apresentadas entre os locais e anos, conseqüentemente, refletindo em instabilidade nos desempenhos produtivos e na qualidade tecnológica indesejável para o consumo humano.

A fase final de avaliação das linhagens com o objetivo de sua aprovação como novas cultivares em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), exige tempo e recursos financeiros onerosos para o obtentor. Conforme a exigência estabelecida pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, para ser realizado o registro de uma nova cultivar, são necessárias avaliações de desempenho em um ambiente por região em cada estado (Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná e sul de São Paulo) durante três anos, ou dois ambientes por região em cada estado durante dois anos; três ambientes durante dois anos, ou dois ambientes durante três anos quando se tratar de regiões compreendidas pelo Cerrado, para os cultivos de sequeiro ou irrigado.

A avaliação de genótipos de trigo em diferentes anos e ambientes, para a maioria das características agronômicas, frequentemente evidencia interações significativas do genótipo com ambiente, decorrente da variação do desempenho particular de cada genótipo, nos vários ambientes e anos. Pois, o ideal é identificar, dentro de cada região

de adaptação, o menor número de ambientes possíveis, que possam discriminar os genótipos que apresentam adaptabilidade e estabilidade.

Para os ambientes subtropicais do Brasil para os programas de melhoramento trigo, é mais relevante o desenvolvimento de genótipos com ampla adaptabilidade do que adaptados a ambientes específicos. Neste sentido, é necessário que o germoplasma presente nos programas nacionais de melhoramento de trigo possua variabilidade genética favorável, para atender as diversas situações presentes em cada região de avaliação.

Com uma base de dados consolidada com o caráter rendimento de grãos de linhagens avançadas e testemunhas, cultivados em locais e anos diferentes, disponibilizada pelo Programa de Melhoramento Genético de Trigo da OR Melhoramento de Sementes Ltda., este trabalho teve como objetivos: (1) caracterizar os efeitos da interação genótipo com ambiente no germoplasma elite do programa de melhoramento genético da OR Melhoramento de Sementes Ltda.; (2) determinar o número de ambientes e quais são os mais adequados (essenciais) para a condução de ensaios de VCU para cada região homogênea de adaptação para trigo nas regiões subtropicais do Brasil; testar a metodologia GGE *Biplot* para a identificação dos melhores ambientes para teste.



## 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 O trigo (*Triticum aestivum* L.)

O trigo (*Triticum aestivum*) pertence à família Poaceae, tendo sido originado cerca de 10000 anos atrás, no Crescente Fértil, próximo aos rios Tigre e Eufrates (Lev-Yadum *et al.*, 2000), hoje, sudeste da Turquia e norte da Síria. Uma hibridação natural entre um trigo tetraplóide [(*Triticum turgidum*);  $2n = 28$ ] e uma gramínea silvestre (*Aegilops squarrosa*,  $2n = 14$ ) deu origem ao *Triticum aestivum* e outros trigos hexaplóides menos conhecidos. O primeiro trigo hexaploide primitivo tinha, provavelmente, um tipo de grão aderido a pálea, de difícil debulha, como *T. aestivum* var. *spelta*, *macha* ou *vavilovii* (Dvorak *et al.*, 1998).

O grupo mais importante de trigo hexaploide compreende *T. aestivum* (AABBDD) e suas várias subespécies, contendo 21 pares de cromossomos, com sete pares pertencentes a cada um dos genomas A, B e D (Gustafson *et al.*, 2009).

Cultivares de trigo modernos pertencem principalmente a duas espécies poliplóides: trigo hexaploide tipo pão (*Triticum aestivum*,  $2n = 6x = 42$  cromossomos) e trigo tetraplóide tipo duro ou *durum* (*T. Turgidum* L. (Thell),  $2n = 4x = 28$ ). O trigo é predominantemente uma espécie autógama, sendo representado atualmente, por inúmeras linhagens e cultivares, em vastas coleções nacionais e internacionais de germoplasma (Gustafson *et al.*, 2009).

## 2.2 Cultivo do trigo

O trigo é cultivado mundialmente por uma ampla área que se estende da latitude 67° norte até 45° sul representando a principal espécie cultivada mundialmente, sendo consumido diariamente por 2,5 bilhões de pessoas. Em países de baixa a média renda, é a segunda principal fonte de calorias, ficando atrás apenas do arroz. Atualmente, o trigo e seus derivados representam aproximadamente 50 bilhões de dólares anuais em negócios efetivados mundialmente (CIMMYT, 2014). No ano agrícola de 2015/16 a produção mundial foi de 734,1 milhões de toneladas. Destaque para a União Europeia, responsável por 21,8% da produção mundial, correspondendo a 166 milhões de toneladas produzidas, seguida pela China, com 130,2 milhões de toneladas (17,7%) e Índia com 86,5 milhões de toneladas (11,8%) (USDA, 2016). A produção brasileira em 2015/16 foi de 5,5 milhões de toneladas, em uma área cultivada de 2,45 milhões de ha, com produtividade média de 2,26 kg/ha (CONAB, 2016).

A União Europeia também é o principal exportador de trigo, com 33,5 milhões de toneladas, representando 20,9% das exportações mundiais. Por outro lado, o Egito ocupa a primeira colocação entre os países importadores de trigo, pois em 2015/16 importou 12,5 milhões de toneladas e o Brasil ocupou a 3ª colocação, com 6,3 milhões de toneladas, demonstrando dependência externa. Entretanto, neste mesmo ano o Brasil exportou 1,779 milhões de toneladas (USDA, 2015). Em 2015 a moagem efetiva brasileira foi de 8,08 milhões de toneladas. O consumo brasileiro de produtos derivados de trigo no ano de 2015 foi de 10,3 milhões de toneladas, sendo que 56% tem como finalidade a panificação, seguido pelo uso de massas (15%), biscoitos (10%), uso doméstico (10%) e outros usos (9%), segundo ABITRIGO (2016).

A região sulbrasileira concentra a maior produção de trigo, correspondendo a 4,998 milhões de toneladas, tendo o estado do Paraná como o principal estado produtor,

com 3,357 milhões de toneladas, sendo responsável por 63,1% da produção nacional, em 2015 (CONAB, 2016).

As regiões homogêneas de adaptação de cultivares de trigo no Brasil, hoje distribuídas entre os paralelos 12 e 32 (Guimarães, 2009), foram definidas pela necessidade de aperfeiçoar a rede de experimentação, para a execução de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Os ensaios de VCU integram os requisitos técnicos exigidos pelo Registro Nacional de Cultivares (RNC), em cumprimento à Lei nº 10711, de 5 de agosto de 2003, regulamentada pelo Decreto nº 5153, de julho de 2004 (BRASIL, 2004a) e tem como finalidade habilitar cultivares para a produção, beneficiamento e comercialização de sementes no País.

O Artigo 1º da Instrução Normativa Nº 58, de 19 de novembro de 2008 (BRASIL, 2008), define e caracteriza as regiões para realização de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de trigo como (Figura 1):

Região de VCU I: fria, úmida e alta - Rio Grande do Sul, Paraná e Santa Catarina;

Região de VCU II: moderadamente quente, úmida, baixa - Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná e São Paulo;

Região de VCU III: quente, moderadamente seca, baixa – Paraná, São Paulo e Mato Grosso do Sul;

Região de VCU IV: quente e seca – Cerrado: São Paulo, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Minas Gerais, Goiás, Distrito Federal e Bahia.

Enquanto que o Artigo 2º da Instrução Normativa Nº 58, de 19 de novembro de 2008 (BRASIL, 2008), estabelece o número mínimo de ambientes por região para a realização de ensaios de VCU de trigo, conforme:

I – Um ambiente por região em cada estado durante três anos, ou dois ambientes por região em cada estado durante dois anos, quando se tratar das Regiões VCU I, VCU II e VCU III;

II – Três ambientes durante dois anos, ou dois ambientes durante três anos quando se tratar da Região VCU IV, para os cultivos de sequeiro ou irrigado.

### **2.3 Regiões de adaptação para o cultivo do trigo no Brasil: ensaios de VCU**

Muitas das variações no desempenho do cultivo do trigo – especialmente rendimento e qualidade tecnológica – entre as regiões brasileiras são reflexos de diferenças associadas à disponibilidade de recursos do ambiente (clima e solo). Apesar da capacidade de adaptação do trigo aos mais diversos ambientes, tanto o rendimento quanto a qualidade tecnológica do produto colhido são influenciados pelas condições de clima. Esse aspecto é particularmente importante no Brasil, onde o cultivo de trigo se estende por uma ampla região, abrangendo zonas temperadas, subtropicais e tropicais (Cunha *et al.*, 2011).

O ciclo de desenvolvimento da cultura do trigo, embora seja um processo contínuo de sucessivas mudanças, pode ser dividido em três fases: vegetativa, reprodutiva e enchimento de grãos. A duração de cada subperíodo, em cada fase, é determinada pela interação do genótipo com o ambiente. Assim, a adaptabilidade do trigo decorre da sua habilidade de percepção das mudanças no ambiente (sinais do ambiente), acelerando ou retardando o seu desenvolvimento conforme a época do ano. Os principais sinais de ambiente são a temperatura e o fotoperíodo (Rodrigues *et al.*, 2011).

A temperatura afeta o desenvolvimento do trigo de duas maneiras distintas. Sendo a primeira, através da taxa de desenvolvimento, podendo promover o

encurtamento da duração da fase. Ou seja, a taxa de desenvolvimento é diretamente proporcional a temperatura na faixa entre 2°C e 26°C. A relação linear existente entre temperatura média e taxa de desenvolvimento, permite quantificar a duração de determinadas fases em unidades de tempo térmico (Rodrigues *et al.*, 2011). O desenvolvimento também pode ser afetado pela exposição da planta a um período de temperaturas do ar relativamente baixas (vernalização). A temperatura na qual o efeito da vernalização é mais efetivo varia entre 0°C e 18°C, havendo um efeito ótimo entre 0°C e 7°C e um efeito decrescente entre 7°C e 18°C (Rodrigues *et al.*, 2011).

O trigo é uma espécie de dias longos, e quanto mais rapidamente forem satisfeitas as necessidades fotoperiódicas menor será a duração do período vegetativo. Fotoperíodos menores atrasam o desenvolvimento. O estímulo fotoperiódico é percebido pelas folhas e um sinal é transmitido ao ápice de crescimento (Rodrigues *et al.*, 2011).

A variabilidade genética para sensibilidade a vernalização e fotoperíodo explica em grande parte a capacidade de adaptação do trigo (*Triticum aestivum* L.) para uma ampla gama de condições climáticas. Os principais genes que controlam a vernalização no trigo (*VRN1*, *VRN2* e *VRN3*) e sensibilidade ao fotoperíodo (*PPD1*) foram identificados sendo que o conhecimento de suas interações ao nível molecular estão se expandindo. No entanto, os efeitos quantitativos de temperatura e fotoperíodo sobre estes genes, continuam sendo mal compreendidos (Allard *et al.*, 2012).

Slafer e Whitechurch (2001) classificaram os trigos em três tipos, quanto a sua adaptação as diferentes regiões: tipos primaveris (forte sensibilidade ao fotoperíodo); tipos invernais (forte sensibilidade à vernalização) e tipos mediterrâneos (forte sensibilidade ao fotoperíodo e ligeiramente sensibilidade à vernalização).

Pascale e Mota (1966) usando curvas de índice heliotérmico de Geslin, calculada para o subperíodo emergência-espigamento, classificaram os trigos cultivados no Sul do Brasil em dois grupos: semiprecoce e semitardios. Posteriormente, Mota e Goedert (1969) reclassificaram os trigos sulbrasileiros em quatro grupos: superprecoces (trigos precoces, indiferentes à foto e termoperíodos); precoces (trigos precoces, indiferentes ao fotoperíodo, pequena sensibilidade à vernalização); intermediários (trigos de ciclo médio, sensíveis ao fotoperíodo e insensíveis à vernalização), e tardios (trigos de ciclo longo, sensíveis ao fotoperíodo e insensíveis à vernalização). Cunha *et al.* (2000) classificaram as cultivares de trigo desenvolvidas ou introduzidas para cultivo no Brasil em quatro grupos: superprecoce, precoce, semitardio e tardio, em função de resposta à vernalização e de característica de precocidade intrínseca, usando como referência a duração do subperíodo da emergência até o espigamento.

Para produção e comercialização de semente no Brasil, é necessário que a cultivar esteja inscrita no Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Os procedimentos para registro estão relacionados às informações da identidade, do desempenho prévio da cultivar quanto do seu Valor de Cultivo e Uso (VCU), avaliado pelo obtentor e comprovado a capacidade e qualidade da cultivar, por meio de formulários específicos fornecidos pelo Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Os requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso estão relacionados com o número de ambientes, épocas e anos de experimentos para determinar o desempenho da cultivar (BRASIL, 2004b).

A partir de características ecológicas regionais, foi proposta uma reordenação das regiões homogêneas de adaptação para cultivares de trigo no Brasil (Cunha *et al.*, 2006). O novo sistema, restrito aos limites do território brasileiro, seguiu o modelo dos

mega-ambientes definidos pelo CIMMYT para o trigo em escala global (Rajaram *et al.*, 1993; Mareid e Ward, 1999). Nesse tipo de regionalização, cada ambiente corresponde a uma área ampla, não necessariamente contínua podendo se estender por mais de um país.

Na demarcação dos limites das regiões homogêneas de adaptação para cultivares de trigo no Brasil (Figura 1), Cunha *et al.* (2006) consideraram as seguintes variáveis: precipitação pluvial na estação de crescimento de trigo, quantidade de frio invernal (temperatura média das mínimas do mês mais frio), excesso de calor na fase de enchimento de grãos (temperatura média das máximas), altitude e série histórica de estatísticas de rendimento de grãos (Cunha *et al.*, 2011).

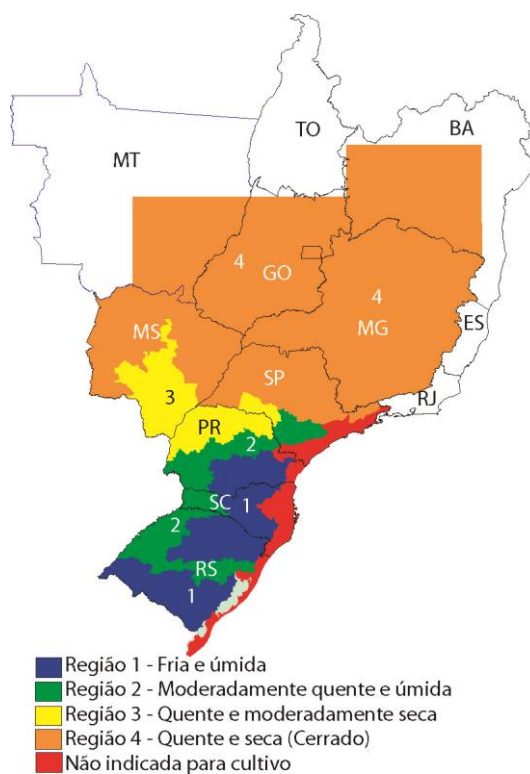


FIGURA 1. Regiões Homogêneas de Adaptação de cultivares de trigo no Brasil (Cunha *et al.*, 2006; BRASIL, 2008).

Para otimizar a avaliação de linhagens de trigo, o Brasil foi dividido em quatro regiões homogêneas de adaptação (Figura 1), denominadas regiões de Valor de Cultivo e Uso (BRASIL, 2008). Essas divisões foram estabelecidas de acordo com as exigências

edáficas e bioclimáticas da cultura do trigo (Cunha *et al.*, 2006). Erros de identificação da superioridade de um genótipo, em ensaios de VCU, decorrentes de um número insuficiente de ensaios de avaliação, podem repercutir na adaptabilidade e produtividade do trigo, pois os resultados desses ensaios são usados para o registro e recomendação de cultivares.

O regime hídrico durante a estação de crescimento de trigo nas diversas zonas de produção (desde o extremo sul do País até o planalto central) define duas regiões: uma úmida e outra seca. A região úmida, onde não há estação seca e o total de precipitação pluvial supera o consumo de água da cultura (evapotranspiração), vai do Rio Grande do Sul até o norte do Paraná. Nesta região, a principal limitação, para a adaptação de cultivares, é a convivência com estresses associados ao excesso de umidade. Nessa zona úmida, pelo menos duas grandes divisões são presentes, quando se considera a sobreposição com o regime térmico: uma região fria e outra quente. A região fria e úmida (Região VCU I) concentra-se nas áreas de maior altitude da região sul do País (faixa leste) e na metade sul do Rio Grande do Sul, em que, apesar da altitude baixa, há compensação pela maior latitude. A região moderadamente quente e úmida (Região VCU II, com menor quantidade de frio), por sua vez, limitada à porção oeste, em ambientes de menor altitude compreendendo a depressão central do Rio Grande do Sul até São Paulo (Cunha *et al.*, 2011).

Uma região quente e moderadamente seca (Região VCU III), onde ainda é possível de cultivo de trigo sob condições de sequeiro, pode ser identificada no norte do Paraná, sul de São Paulo e parte do território do Mato Grosso do Sul.

A quarta região (Região VCU IV), quente e seca, envolvendo parte do estado de São Paulo, além de Goiás, Distrito Federal, Minas Gerais, Mato Grosso e Bahia. Nela, tanto estresses térmicos, quanto hídricos, se fazem presentes. Nessa ampla região, o



trigo pode ser cultivado sob condição de sequeiro (restrita a algumas áreas de maior altitude do planalto central) e em sistema irrigado, numa época do ano mais favorável para o cultivo do trigo (Silva *et al.*, 1973).

Devido ao grande numero de experimentos e locais de teste a fase de avaliação final das linhagens é cara e exige bastante tempo dos obtentores, assim a escolha de locais ideias para teste são de grande importância para os programas. Na safra de 2017 o custo médio por unidade experimental variou de R\$ 43,3 a R\$ 191,6 significando um custo de aproximadamente 10% do custo total anual em um Programa de Melhoramento de Trigo (Informações pessoais). Ainda é muito comum quando são testados um grande número de genótipos em vários ambientes a presença marcante da interação genótipo com ambiente (GE). Devido a esta interação, as linhagens se comportam de forma diferente em diferentes ambientes e anos. Este é um fato conhecido para a maioria das culturas (Pulcinelli *et al.*, 2014; Pereira *et al.*, 2009; Bertoldo *et al.*, 2009; Terasawa JR, *et al.*, 2008).

Assim, é possível que dentro de cada região de VCU de trigo ocorram diferentes padrões de GE, demandando diferentes números de ensaios para que se consiga uma adequada precisão de avaliação (Benin *et al.*, 2014).

#### **2.4 Interação genótipo com ambiente (GE)**

A expressão do potencial de produtividade de grãos depende de fatores genéticos e ambientais, bem como da interação entre ambos, o que resulta em expressivas diferenças no desempenho dos genótipos, quando cultivados em diferentes condições ambientais (Yan e Holland, 2010; de Leon *et al.*, 2016). Em trigo, isso é bastante visível no Brasil, onde existem grandes diferenças climáticas entre as regiões tritícolas (Benin *et al.*, 2013). O termo ambiente (local de cultivo, época de semeadura, ano e práticas

culturais) pode ser definido como o resultado dos componentes biofísicos que influenciam o desenvolvimento das plantas.

Quando um dado genótipo é submetido a dois ambientes diferentes espera-se uma variação no valor fenotípico maior que aquela ocorrida ao nível do microambiente experimental. Neste caso, o valor genotípico deve ser estimado com base na média dos dois ambientes. O mesmo princípio vale quando se consideram vários ambientes. Quando vários genótipos são avaliados em vários ambientes, pode ocorrer do ambiente alterar diferentemente o mesmo caráter dos diferentes genótipos, ou seja, pode ocorrer uma interação entre fatores. Chaves (2001) definiu a GE como o efeito diferencial dos ambientes sobre os genótipos.

A interação só pode ser detectada ou estimada a partir de uma tabela de dupla entrada. Desta forma, é necessário que estejam envolvidos pelo menos duas cultivares em dois ambientes (Ramalho *et al.*, 2012; Yan, 2016).

A GE, de acordo com Browman (1972) pode ser definida como uma mudança no desempenho de uma característica de dois ou mais genótipos medidos em dois ou mais ambientes. Interações podem promover mudanças na ordem ou posicionamento dos genótipos. Para Comstock e Moll (1963) a GE é definida como sendo as alterações no comportamento relativo dos genótipos, em virtude de diferenças de ambiente, que reduzem a correlação entre o genótipo e o fenótipo. O sucesso dos programas de melhoramento depende muito da correta avaliação do genótipo com base no fenótipo. A magnitude da interação determinará a eficiência e o progresso na seleção de genótipos superiores (Falconer, 1981).

Conforme a resposta à variação dos ambientes, Allard e Bradshan (1964) definiram a GE em dois tipos: previsível e imprevisível. A primeira categoria inclui todos os fatores permanentes do ambiente, como as características gerais do clima e tipo

de solo, e também as características do ambiente que variam de uma maneira sistemática, como o comprimento do dia. A segunda categoria inclui variáveis de ambiente não previsível, tais como quantidade e distribuição de chuvas, temperatura e outros fatores climáticas não previsíveis.

A existência da GE é associada a dois fatores, sendo o primeiro denominado simples, que é proporcionado pela diferença dos genótipos entre os ambientes, e o segundo, denominado de complexo, sendo expresso pela ausência de correlação entre ambientes diferentes, com mudança de posicionamento entre os genótipos (Cruz *et al.*, 2004). A GE reduz a correlação entre o fenótipo e o genótipo. A correlação baixa indica que o genótipo foi superior em um ambiente, normalmente, não terá o mesmo desempenho em outro ambiente (Cargnin *et al.*, 2006).

Uma distinção importante deve ser feita entre o processo mais extremo de uma interação complexa (cruzada) e um efeito de interação simples, que pode ser observada dentro de uma gama de ambientes. Dado que a interação complexa implica na mudança da classificação dos genótipos, dependendo do ambiente, sendo considerada biologicamente mais relevante do que a interação simples (El-Soda, 2014).

Quando são avaliados um grande número de ambientes e de genótipos, a presença de interação complexa quase sempre indica a existência de genótipos adaptados a ambientes específicos, e outros com adaptação mais ampla, mas nem sempre com alto potencial produtivo, não permitindo a recomendação de cultivares de maneira generalizada (Ramalho *et al.*, 2012).

O registro de uma cultivar e o sucesso da mesma na comercialização de semente dependem do resultado da avaliação da GE, traduzida pela performance genotípica do rendimento de grãos. A escolha dos ambientes para as avaliações de adaptação e determinação de VCU, muitas vezes, são de caráter subjetivo ou de acordo com

facilidades logísticas ou de recursos financeiros, necessitando de estudos da avaliação de ambientes utilizados nos ensaios de competição de cultivares, por meio da estratificação ambiental (Scheeren *et al.*, 2011).

Assim, é economicamente vantajoso eliminar ou substituir ambientes similares por outros ainda não amostrados no conjunto de ambientes. Sendo necessário planejar cautelosamente essa rede de ensaios, para melhor representar a região de cultivo e evitar a avaliação genotípica em número excessivo ou insuficiente de ambientes (Branquinho *et al.*, 2014).

A instabilidade de rendimento de grãos associado à dificuldade de atingir a qualidade industrial adequada, principalmente da classe pão, ainda é considerado o maior problema encontrado na cultura do trigo cultivado nas regiões tradicionais de produção no Brasil. A grande diversidade entre as cultivares e entre os ambientes no sul do Brasil ressaltam a importância da GE, refletida na instabilidade de rendimento e instabilidade na qualidade tecnológica (Scheeren *et al.*, 2011).

Deste modo, o componente da GE está altamente atrelado com a cultura do trigo, cultivado em ambientes distintos ou com semeadura em épocas diferentes (Cargnin *et al.*, 2006). Sharma *et al.* (2014) avaliaram 422 linhagens elites de vários programas internacionais de trigo de inverno, em 39 ambientes, distribuídos em 17 países europeus, asiáticos e também nos Estados Unidos, durante 8 anos e identificaram ambientes de cultivo favoráveis e, linhagens superiores em rendimento de grãos com estabilidade.

Com frequência, a interação genótipo com ano é maior que genótipo com local, embora, entre as duas, a diferença em magnitude dependa dos efeitos que contribuem para a GE. Para algumas características, como dias para o espigamento, a importância das interações genótipo com ano (GA) em relação ao efeito genotípico é, em geral,

menor. Se a GA for significativa, há a necessidade de adotar critérios pelo melhorista para a interpretação dos dados, pois é especialmente importante saber se a interação resultou na alteração da ordem dos genótipos de um ambiente para outro, ou se houve uma simples alteração na magnitude das diferenças entre os genótipos (Lin *et al.*, 1986).

As análises e estimativas das GE têm o potencial de fornecer informações sobre as características dos genótipos, identificar os genótipos elite e condições ambientais adequadas, estabelecer objetivos para o programa de melhoramento e fazer recomendações para práticas de manejo das culturas (Elias *et al.*, 2016).

## **2.5 Adaptabilidade e estabilidade**

A região sul do Brasil possui grande amplitude quanto aos aspectos edafoclimáticos e diferentes riscos climáticos, conferindo grande diversidade no rendimento de trigo, principalmente no estado do Paraná (Gonçalves *et al.*, 1998) apresentando 3 regiões homogêneas de adaptação (BRASIL, 2008). Esse fato justifica estudos para identificar genótipos mais adequados às diferentes regiões de cultivo (Caierão *et al.*, 2006), de comportamento previsível, adaptados a ambientes desfavoráveis e que sejam responsivos à melhoria das condições de ambiente (Albrecht *et al.*, 2007). Dessa forma, a utilização da análise de adaptabilidade e estabilidade para proceder à recomendação regionalizada, tem sido uma alternativa eficiente e segura na cultura do trigo (Franceschi *et al.*, 2010; Felício *et al.*, 2001; Amorim *et al.*, 2006), entre outras espécies como feijão (Carbonell *et al.*, 2001; Oliveira *et al.*, 2006a), milho (Gonçalves *et al.*, 2006; Garbuglio *et al.*, 2007), soja (Silva e Duarte, 2006), amendoim (Oliveira *et al.*, 2006b) e algodão (Souza *et al.*, 2006).

A estabilidade pode ser interpretada como a capacidade dos genótipos apresentarem desempenho o mais constante possível, sob diferentes condições

ambientais, enquanto a adaptabilidade refere-se à capacidade dos genótipos responderem positivamente a melhoria do ambiente (Mariotti *et al.*, 1976).

Quando uma cultivar apresenta comportamento constante, independente das variações do ambiente, não apresentando qualquer desvio em relação ao seu desempenho, esta estabilidade é denominada de estabilidade estática ou biológica. Sendo desejável para características como resistência a doenças e resistência ao acamamento. Ao contrário, quando apresenta estabilidade dinâmica ou agronômica, uma cultivar responde a variações de ambiente de forma previsível, pois somente os desvios relacionados com a reação geral do genótipo contribuem para a instabilidade (Borém e Miranda, 2013).

A adaptabilidade e estabilidade de uma cultivar dependem da sua constituição genética. São características da cultivar e lhe permitem responder aos fatores limitantes do ambiente e usufruir dos fatores favoráveis. Pois uma cultivar deve apresentar, nos diferentes ambientes, alta produtividade e sua superioridade deve ser estável (Borém e Miranda, 2013).

O estrato ambiental pode ser definido como um grupo de ambientes, próximos ou não, pertencentes a uma mesma região de cultivo, dentro da qual a GE é pequena ou não significativa (Gauch Junior e Zobel, 1997).

A estratificação de ambientes é de grande importância quando se pretende verificar, entre os ambientes da rede experimental, se há padrões de similaridades de resposta entre os genótipos avaliados (Lavoranti *et al.*, 2002). Isso possibilita avaliar o grau de representatividade dos ensaios na faixa de adaptação da cultura, agrupar ambientes em que a GE seja não significativa, para o conjunto de genótipos avaliados, e assim decidir, seja por problemas técnicos ou por escassez de recursos, a redução de ambientes (Magari e Kang, 1997; Carneiro, 1998). Oliveira *et al.* (2010) através da

avaliação de estratificação ambiental em híbridos de milho, demonstraram a possibilidade de redução no número de ambientes nos estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Goiás, Mato Grosso do Sul, Bahia e Distrito Federal.

Cruz *et al.* (2004), com base no algoritmo de Lin (1982), descreveram uma metodologia de estratificação ambiental em função da discriminação genotípica, agrupando ambientes em que genótipos se comportam de forma semelhante e, conseqüentemente, apresentam interação não significativa. Assim, a estratificação também pode ser realizada mediante similaridades de respostas dos genótipos nos diferentes ambientes, mesmo que estes não sejam semelhantes entre si. Neste modelo, o grupo inicial é formado pelo par de ambientes que apresentam a menor soma de quadrados entre genótipos e pares de ambientes e, posteriormente, entre genótipos e grupos de três ambientes, testando-se a significância pelo teste F para a possibilidade de formação de um novo grupo. Esse teste usa o resíduo da análise de variância conjunta, uma vez que essa análise é feita pressupondo homogeneidade das variâncias do resíduo das análises individuais, além de ter maior número de graus de liberdade associado. Para a inclusão de um novo ambiente nesse grupo, calcula-se as somas de quadrado da interação considerando todas as possíveis combinações do grupo formado inicialmente (um par de ambientes), com cada um dos ambientes restantes (Souza, 2005). Aquele grupo, agora de três ambientes, que apresentar menor soma de quadrados, será formado, ou seja, o novo ambiente será incluído se, pelo teste F, a GE for não significativa. Procede-se do mesmo modo até que o novo grupo de ambientes formado apresente interação significativa, impossibilitando assim, a formação do referido grupo (Cruz *et al.*, 2004).

Assim, Pacheco (2004) identificou três estratificações ambientais através dos grupos de maturação em cultivares de soja, como precoce, médio e tardio, identificando

onze ambientes chave para a condução dos ensaios de VCU dos três grupos de maturação. Vale salientar, entretanto, o caráter dinâmico e provisório das estratificações ambientais obtidas nesta abordagem, devido ao processo de desenvolvimento e registro de cultivares resultar de forma contínua e periodicamente, na substituição de genótipos. Deste modo, são esperadas mudanças nos estratos ambientais, pois a estratificação de uma região depende da GE (Gauch Junior, 1992), predominando interações complexas (Negash *et al.*, 2013).

Análises de agrupamento são usadas em estudos de interações genótipo com ambiente para identificar diferentes grupos de genótipos ou ambientes homogêneos. Nestes estudos, o agrupamento é realizado sobre a base de ambos os efeitos principais do genótipo e GE (Mungomery *et al.*, 1974), ou apenas a GE (Lin, 1982), ou ainda pelo modelo AMMI, combinando análise de variância dos efeitos aditivos principais de genótipos e ambientes, com a análise multiplicativa no detalhamento dos efeitos da GE (Gauch e Zobel, 1997; Duarte e Vencovsky, 1999).

Existem vários métodos utilizados no melhoramento de plantas para se avaliar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica. As diferenças entre eles estão principalmente nos parâmetros biométricos empregados ou na informação e detalhamento de sua análise (Cruz *et al.*, 2004).

## **2.6 Método GGE *Biplot***

Para a escolha de genótipos mais adaptados e estáveis a determinados ambientes, é importante utilizar ferramentas estatísticas-biométricas que não subestimem ou superestimem o efeito do ambiente sobre a produtividade de grãos (Silva *et al.*, 2011). Entre as metodologias que tem explicado adequadamente os efeitos principais (genótipo e ambiente) e a sua interação destacam-se o modelo de efeitos principais aditivos e



interação multiplicativa (AMMI) e a análise dos efeitos principais do genótipo e da GE (GGE *biplot*). Essas metodologias baseadas em gráfico *biplot* são capazes de captar grande parte da variação do conjunto de dados referentes à importância relativa do genótipo e da GE (Roozeboom *et al.*, 2008).

O método AMMI, segundo Possatto Jr. *et al.* (2017) pode contribuir para programas de melhoramento, através de informações que ajudam a segregar com eficiência os ambientes dentro de uma região de cultivo e quais a representam. Assim, pode ser minimizado o número de ambientes de avaliação, conseqüentemente custos. Os ambientes estáveis podem ser utilizados para seleções de genótipos superiores nos ensaios de VCU, visto que tais ambientes representam a região.

O método *biplot* foi desenvolvido por Gabriel (1971) para representar graficamente resultados de análise de componentes principais (PC) ou de decomposição de valores singulares, no qual o valor de cada elemento de uma tabela de dupla entrada pode ser visualizado pelo produto de vetores e pelo cosseno do ângulo entre dois vetores (Yan e Kang, 2003). Na metodologia GGE (genótipo mais interação genótipo com ambiente), o cosseno do ângulo entre dois ambientes corresponde à correlação genética entre eles. Outros tipos de *biplots* não apresentam essa propriedade (Yan *et al.*, 2007), o que torna essa metodologia mais eficiente em relação a outras técnicas baseadas em *biplot*, pois considera o efeito principal de genótipo mais a GE.

Gauch (2006) critica o modelo GGE *biplot*, pois esse não separa o efeito do genótipo da GE, como a análise AMMI. Segundo Yan *et al.* (2007) os melhoristas têm interesse em selecionar plantas com base no genótipo e na GE, simultaneamente. Assim, o efeito principal do ambiente não tem importância quando se realizam testes de cultivares, pois este efeito é irrelevante na identificação de genótipos superiores (Yan e Kang, 2003). Conforme estes autores, embora o desempenho da cultivar seja o efeito

combinado do genótipo, ambiente e da GE, apenas genótipo e a GE são relevantes e devem ser considerados simultaneamente na avaliação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos.

O desempenho de um dado genótipo ou ambiente é observado em relação ao eixo  $x$ , com seta única, em que quanto mais à direita do centro do *biplot* ou da linha vertical, maior é o desempenho e, quanto mais à esquerda, menor o desempenho conforme os *biplots* de Yan (2014) gerado a partir da rede experimental de ensaios de aveia (*Avena sativa* L.) (Figura 2). Genótipos ou ambientes localizados à esquerda e à direita do centro do *biplot* apresentam desempenho inferior e superior à média geral, respectivamente. Já a estabilidade, segundo Yan e Kang (2003) é visualizada no eixo  $y$  com duas setas, em que, quanto mais distante da origem ou maior a projeção do centro do *biplot, menor é a estabilidade do(s) genótipo ou do(s) ambiente(s) (Figura 3).*

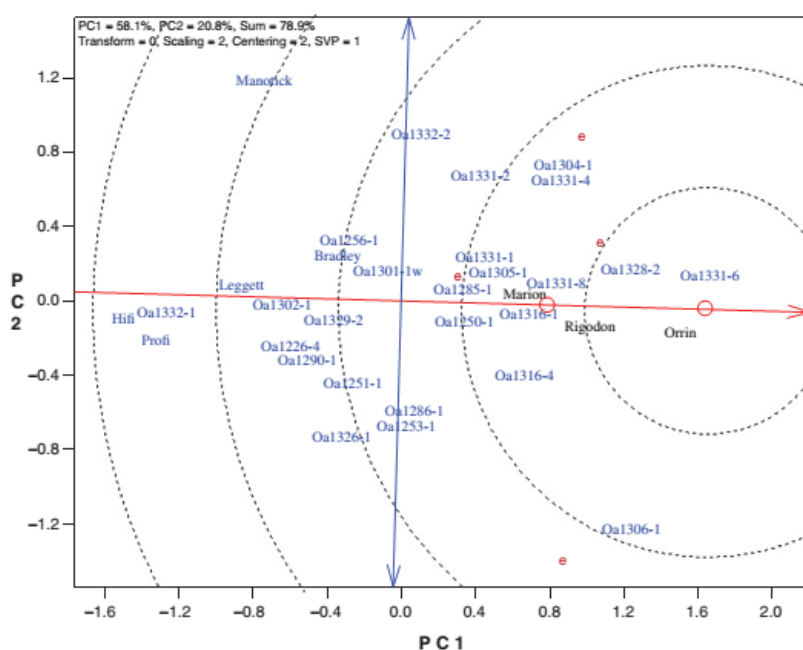


FIGURA 2. Gráfico GGE *biplot* para o desempenho produtivo dos dados de ensaios de rendimento de aveia (Yan, 2014).

Um genótipo é considerado adaptado a determinado ambiente quando está situado no mesmo quadrante do ambiente ou quando apresenta ângulo inferior a  $90^\circ$

com este ambiente no gráfico *biplot*. Os genótipos ou ambientes localizados a direita com vetores curtos e próximos ao círculo, representam os genótipos ou ambientes mais estáveis (Yan e Kang, 2003).

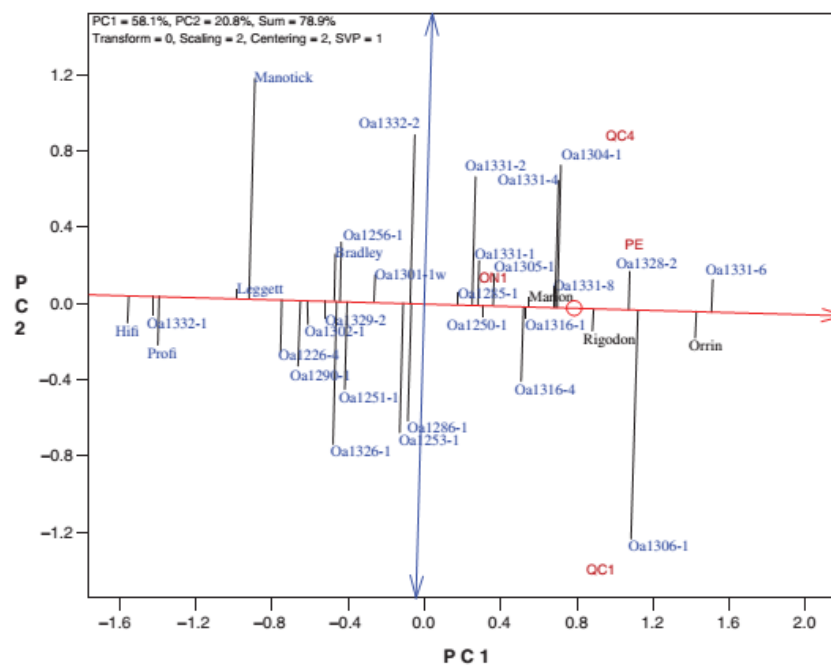


FIGURA 3. Gráfico GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos dados de ensaios de rendimento de aveia (Yan, 2014).

O modelo GGE *biplot* apresenta o efeito de genótipo como um efeito multiplicativo da GE. Em geral, o componente principal 1 (PC1) está correlacionado com o efeito do genótipo. É possível alta precisão na visualização gráfica do escore PC1 quanto ao efeito genotípico. Yan *et al.* (2000) acreditam que esta proporcionalidade da resposta de genótipos seja mais lógica e biologicamente plausível. Pois há correlação quase perfeita entre o rendimento de grãos e o PC1 (Neto-Fritsche *et al.*, 2010; Sinebo *et al.*, 2010).

Segundo Silva e Benin (2012) o modelo GGE *biplot* permite explorar com significativa precisão a GE, favorecendo a identificação de mega-ambientes e a seleção de genótipos estáveis e adaptados a ambientes específicos e a mega-ambientes. A utilização da metodologia GGE *biplot* constituiu-se em uma importante ferramenta

neste estudo, principalmente quando um grande número de genótipos é testado em diversas condições ambientais e quando o padrão da GE é de maior complexidade.

Através da metodologia GGE *biplot* proposta por Yan (2014), é possível analisar os ambientes, identificando os que são favoráveis e desfavoráveis e o número ideal de ambientes para condução de ensaios para cada Região de recomendação. O modelo GGE *biplot* demonstra ser o mais indicado para a identificação de mega-ambientes, seleção de ambientes representativos e discriminativos e indicação de cultivares mais adaptadas e estáveis a ambientes específicos (Yan *et al.*, 2007; Gauch *et al.*, 2008; Asfaw *et al.*, 2009; Yan, 2010).

### **2.7 Análise de mega-ambientes com base em dados de vários anos**

Um mega-ambiente é um grupo de ambientes ou sub-regiões em que um único genótipo ou um grupo de genótipos similares são especificamente adaptados (Gauch e Zobel, 1997). O objetivo da análise do mega-ambiente é tentar dividir uma região alvo em sub-regiões significativas, assim que a interação genótipo por ambiente possa ser explorada (Yan, 2000).

Um requisito essencial para subdividir a região alvo deve ser que a herdabilidade da região alvo divisível ser superior a herdabilidade da região alvo não divisível. Assim, a subdivisão da região alvo pode não ser justificada se a herdabilidade da região alvo não divisível já é alta ou se a variância para a interação genótipo com sub-região (GGS) é muito pequena, ou se a variância fenotípica total é muito influenciada devido à divisão de toda a região em muitas sub-regiões. Outro requisito para dividir a região alvo é que duas sub-regiões não devem estar estreitamente correlacionadas. A correlação genética entre duas sub-regiões indica que os genótipos para as duas sub-regiões podem ser compartilhados e que as sub-regiões podem ser mescladas numa única região (Yan,

2016).

A existência de um provável zoneamento para qualquer região, baseado em evidências biológicas ou fatores físicos, no entanto, pode não ser diretamente aplicável ao tipo de espécie agrícola de interesse (Yan, 2016). Compreender a constituição de mega-ambiente da região alvo para um determinado cultivo, segundo Yan (2014), é um pré-requisito para determinar estratégias adequadas de avaliação de genótipos e recomendação de cultivares.

Conforme a definição de herdabilidade, a divisão de sub-região para uma determinada espécie agrícola é o padrão da GE, ou mais precisamente, o padrão genótipo mais a GE, obtidos em ensaios de linhagens ou cultivares. A abordagem mais relevante para a análise de mega-ambiente com o uso de GGE-GGL *biplot* (GGL é o efeito principal do genótipo mais a interação genótipo pelo local) é através de um conjunto de dados de ensaios de vários ambientes e anos e que permite visualizar graficamente o padrão de genótipo mais a GE no conjunto de dados (Yan 2014; Yan, 2015). A análise de mega-ambiente tem impactos a longo prazo e deve ser baseada em ensaios com número relevante de locais e anos.

Quando a região alvo pode ser dividida em sub-regiões, a seleção e recomendação de genótipo(s) deve ser conduzida dentro do mega-ambiente para maximizar o rendimento da cultura em toda a região alvo (Yan, 2016).

Se um GGE *biplot* 2-D é considerado inadequado na exibição dos padrões GE, uma opção é construir um GGE *biplot* com base em um subconjunto dos dados removendo os genótipos que tiveram baixo rendimento em todos ou na maioria dos ambientes de teste. Isso é justificável do ponto de vista da seleção de cultivares, pois esses genótipos não serão selecionados como genótipos superiores. A exclusão de genótipos de baixo rendimento leva à redução da proporção da GE em relação aos

genótipos no novo *biplot* e, portanto, maior separação dos ambientes de teste (Yan, 2016).

Deve-se enfatizar que a organização do mega-ambiente deve basear-se nos dados de determinadas características em anos, porque a repetibilidade de um padrão GE é a chave para a tomada de decisões que têm impactos a longo prazo. A análise mega-ambiente apropriada deve classificar o ambiente alvo em um dos três tipos possíveis (Yan *et al.*, 2010). O Tipo 1 consiste em um único mega-ambiente com pouca GE. Teoricamente, um único ambiente de teste seria suficiente para identificar os melhores genótipos para esses mega-ambientes. O tipo 2 consiste em diferentes mega-ambientes, que podem e devem ser tratados individualmente, pelo que a GE reproduzível pode ser convertida em produtividade selecionando e empregando genótipos especificamente adaptados em cada mega-ambiente. Identificar e explorar tais oportunidades é um ponto chave em todas as análises relacionadas à GE. O tipo 3 consiste em um único mega-ambiente com GE grande, mas imprevisível, que não pode ser explorado e deve ser evitado selecionando genótipos amplamente adaptados, de alto rendimento e estável em vários anos e ambientes (Yan *et al.*, 2010).

Para a identificação de mega-ambientes pelo uso da metodologia GGE *biplot*, os dados de vários anos devem ser resumidos em um GGL *biplot* (*genotype main effects + genotype location interaction*) para destacar os padrões da GE. Dois aspectos da GGE *biplot* para o rendimento de grãos são úteis na análise de mega-ambiente: o ângulo entre o eixo médio que representa a média de todos os ambientes com os vetores que originam do centro das ordenadas até a posição de cada local de teste no *biplot* e a metodologia “quem-ganhou-onde”. Os mega-ambientes são muitas vezes definidos pelos padrões de “quem-ganhou-onde”, um termo proposto por Gauch e Zobel (1997), os principais defensores da metodologia da análise AMMI.

O método proposto por Yan (2014) mais a utilização do *software* desenvolvido para análise permite a identificação e classificação dos diferentes locais de teste quanto sua importância para a GE, especialmente quando são utilizados um grande número de genótipos e um grande número de locais.

Quanto ao desempenho dos genótipos nos locais avaliados, o genótipo que se encontra no vértice do polígono, dentro de um mega-ambiente, consequentemente obteve a maior produtividade em pelo menos um dos ambientes e esteve dentre os melhores genótipos nos locais restantes (Yan, 2001).

A avaliação de genótipos de trigo em diferentes locais e ambientes para o rendimento de grãos, geralmente demonstra interação significativa da GE, devido à variação do desempenho particular de cada genótipo. Erros de identificação da superioridade de um genótipo em ensaios de VCU, decorrentes de um número insuficiente de ensaios ou em locais inadequados de avaliação podem repercutir na adaptabilidade e produtividade de genótipos de trigo.

Na intenção de obter as melhores informações das características dos genótipos, análises de GE possuem capacidade de identificar os genótipos superiores e condições ambientais adequadas. Assim, a metodologia que tem explicado adequadamente os efeitos principais de genótipos e ambiente e sua interação, a análise dos efeitos principais do genótipo e da GE (GGE *biplot*) é capaz de captar grande parte da variação do conjunto de dados referentes à importância do genótipo e da GE. Portanto, o modelo GGE *biplot* permite explorar com precisão a GE, contribuindo na identificação de mega-ambiente(s), além da seleção de genótipos estáveis e adaptados a ambientes específicos e a mega-ambiente(s).

## 3 MATERIAL E MÉTODOS

### 3.1 Material vegetal

Neste trabalho foram utilizados os dados de rendimento de grãos de um grupo de experimentos de VCU da OR Melhoramento de Sementes Ltda., realizados nos anos de 2011 a 2015 em vários locais do Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná. Uma vez constituído o banco de dados, foi primeiro realizado uma análise de variância para cada experimento e aqueles que apresentaram coeficiente de variação acima de 20% foram eliminados. Posteriormente o banco de dados foi dividido em dois grupos distintos: 1) no Estado do Paraná foram mantidos somente os locais que tinham pelo menos 3 anos de teste; 2) nos Estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina foram mantidos somente os locais que tinham um mínimo de 3 anos de teste (Tabela 1). Esta separação foi necessária uma vez que os genótipos testados eram muito diferentes nos dois grupos de ambientes.

Da mesma forma foram utilizados somente os genótipos que participaram em pelo menos 4 locais no grupo 1 e pelo menos 5 locais no grupo 2 (Tabela 1).

Não foi utilizada a regionalização proposta por Cunha *et al.* (2006), para não limitar em apenas 3 ou 4 regiões, mas para ter um mapeamento mais fino dos locais dentro de cada estado com a ideia de fornecer subsídios para a tomada de decisão dos locais de teste realmente necessários para o programa de melhoramento de trigo.



TABELA 1. Descrição dos locais de condução de ensaios de VCU, ano, local, estado e Região Homogênea de Adaptação (UFR), ambiente, região de teste (RT), localização geografia (longitude, latitude e altitude), número de genótipos (NG) e rendimento médio do ensaio (kg/ha).

Ano	Local	UFR	Ambiente	RT	Lat.	Long.	Alt.	NG	kg/ha
2011	Apucarana	PR3	Apuc	1	23°30'S	51°33'O	707	47	3253
	Nova Fátima	PR3	Nfat	1	23°27'S	50°34'O	701	47	5934
	Palotina	PR3	Palo	1	24°21'S	53°45'O	373	47	3777
	Ventania	PR2	Vent	2	24°16'S	50°05'O	948	47	5285
	Cascavel	PR2	Casc	2	24°53'S	53°32'O	680	47	3435
	Guarapuava	PR1	Guar	3	25°32'S	51°29'O	1112	47	6553
	Ponta Grossa	PR1	Pgros	3	25°10'S	50°08'O	807	47	2934
	Campos Novos	SC1	Cnovo	4	27°22'S	51°10'O	955	58	5833
	Canoinhas	SC1	Cano	4	26°09'S	50°25'O	787	58	5244
	Chapecó	SC2	Chape	5	27°04'S	52°36'O	706	58	5621
	Abelardo Luz	SC2	Aluz	5	26°31'S	52°18'O	808	58	3656
	Coxilha	RS1	Coxi	6	28°05'S	52°24'O	670	58	5797
	Cruz Alta	RS1	Calta	6	28°36'S	53°40'O	430	58	5927
	Vacaria	RS1	Vaca	6	28°25'S	51°01'O	910	58	7692
	Ciríaco	RS1	Ciri	6	28°19'S	51°58'O	835	58	4937
	Condor	RS1	Condo	7	28°10'S	53°28'O	532	58	4956
	São L. Gonzaga	RS2	Sluiz	7	28°24'S	54°55'O	220	58	4994
	Santa Rosa	RS2	Srosa	7	27°54'S	54°27'O	310	58	5581
	Cachoeira do Sul	RS2	Cacho	7	29°59'S	52°55'O	128	58	6491
	São Borja	RS2	Sborja	7	28°38'S	55°59'O	86	58	3924
Independência	RS2	Inde	7	27°51'S	54°11'O	385	58	4677	
2012	Apucarana	PR3	Apuc	1	23°30'S	51°33'O	707	33	3978
	Rolândia	PR3	Rola	1	23°15'S	51°59'O	552	33	2956
	Nova Fátima	PR3	Nfat	1	23°27'S	50°34'O	701	33	5366
	Palotina	PR3	Palo	1	24°21'S	53°45'O	373	33	2656
	Ventania	PR2	Vent	2	24°16'S	50°05'O	948	33	4109
	Cascavel	PR2	Casc	2	24°53'S	53°32'O	680	33	3990
	Pato Branco	PR2	Pato	2	26°10'S	52°39'O	820	33	3686
	Guarapuava	PR1	Guar	3	25°32'S	51°29'O	1112	33	4931
	Ponta Grossa	PR1	Pgros	3	25°10'S	50°08'O	807	33	3871
	Campos Novos	SC1	Cnovo	4	27°22'S	51°10'O	955	58	2409
	Canoinhas	SC1	Cano	4	26°09'S	50°25'O	787	58	3153
	Chapecó	SC2	Chape	5	27°04'S	52°36'O	706	58	3409
	Abelardo Luz	SC2	Aluz	5	26°31'S	52°18'O	808	58	4175
	Coxilha	RS1	Coxi	6	28°05'S	52°24'O	670	58	3417
	Cruz Alta	RS1	Calta	6	28°36'S	53°40'O	430	58	4862
	Vacaria	RS1	Vaca	6	28°25'S	51°01'O	910	58	5950
Ciríaco	RS1	Ciri	6	28°19'S	51°58'O	835	58	5556	

Continuação TABELA 1. Descrição dos locais de condução de ensaios de VCU, ano, local, estado e Região Homogênea de Adaptação (UFR), ambiente, região de teste (RT), localização geografia (longitude, latitude e altitude), número de genótipos (NG) e rendimento médio do ensaio (kg/ha).

	Santa Rosa	RS2	Srosa	7	27°54'S	54°27'O	310	58	4310
	Cachoeira do Sul	RS2	Cacho	7	29°59'S	52°55'O	128	58	4359
	São L. Gonzaga	RS2	Sluiz	7	28°24'S	54°55'O	220	58	4147
	São Borja	RS2	Sborja	7	28°38'S	55°59'O	86	58	3830
	Independência	RS2	Inde	7	27°51'S	54°11'O	385	58	3750
	Eldorado do Sul	RS2	Eldo	7	30°07'S	51°40'O	82	58	2971
2013	Apucarana	PR3	Apuc	1	23°30'S	51°33'O	707	30	2165
	Rolândia	PR3	Rola	1	23°15'S	51°59'O	552	30	2837
	Nova Fátima	PR3	Nfat	1	23°27'S	50°34'O	701	30	5875
	Palotina	PR3	Palo	1	24°21'S	53°45'O	373	30	871
	Ventania	PR2	Vent	2	24°16'S	50°05'O	948	30	5428
	Cascavel	PR2	Casc	2	24°53'S	53°32'O	680	30	2707
	Pato Branco	PR2	Pato	2	26°10'S	52°39'O	820	30	5667
	Guarapuava	PR1	Guar	3	25°32'S	51°29'O	1112	30	7970
	Ponta Grossa	PR1	Pgros	3	25°10'S	50°08'O	807	30	5450
	Campos Novos	SC1	Cnovo	4	27°22'S	51°10'O	955	60	4183
	Canoinhas	SC1	Cano	4	26°09'S	50°25'O	787	60	4469
	Chapecó	SC2	Chape	5	27°04'S	52°36'O	706	60	5001
	Abelardo Luz	SC2	Aluz	5	26°31'S	52°18'O	808	60	5659
	Coxilha	RS1	Coxi	6	28°05'S	52°24'O	670	60	6462
	Cruz Alta	RS1	Calta	6	28°36'S	53°40'O	430	60	6793
	Vacaria	RS1	Vaca	6	28°25'S	51°01'O	910	60	5001
	Ciríaco	RS1	Ciri	6	28°19'S	51°58'O	835	60	4959
	Condor	RS2	Condo	7	28°10'S	53°28'O	532	60	4872
	Independência	RS2	Inde	7	27°51'S	54°11'O	385	60	5258
	Santa Rosa	RS2	Srosa	7	27°54'S	54°27'O	310	60	4888
	São L. Gonzaga	RS2	Sluiz	7	28°24'S	54°55'O	220	60	4511
	Cachoeira do Sul	RS2	Cacho	7	29°59'S	52°55'O	128	60	5099
	São Borja	RS2	Sborja	7	28°38'S	55°59'O	86	60	3794
	Eldorado do Sul	RS2	Eldo	7	30°07'S	51°40'O	82	60	5477
2014	Rolândia	PR3	Rola	1	23°15'S	51°59'O	552	30	3416
	Nova Fátima	PR3	Nfat	1	23°27'S	50°34'O	701	30	5431
	Palotina	PR3	Palo	1	24°21'S	53°45'O	373	30	2646
	Ventania	PR2	Vent	2	24°16'S	50°05'O	948	30	5960
	Cascavel	PR2	Casc	2	24°53'S	53°32'O	680	30	6039
	Pato Branco	PR2	Pato	2	26°10'S	52°39'O	820	30	4563
	Guarapuava	PR1	Guar	3	25°32'S	51°29'O	1112	30	5032
	Ponta Grossa	PR1	Pgros	3	25°10'S	50°08'O	807	30	3935
	Campos Novos	SC1	Cnovo	4	27°22'S	51°10'O	955	50	5245

Continuação TABELA 1. Descrição dos locais de condução de ensaios de VCU, ano, local, estado e Região Homogênea de Adaptação (UFR), ambiente, região de teste (RT), localização geografia (longitude, latitude e altitude), número de genótipos (NG) e rendimento médio do ensaio (kg/ha).

	Canoinhas	SC1	Cano	4	26°09'S	50°25'O	787	50	4694
	Chapecó	SC2	Chape	5	27°04'S	52°36'O	706	50	4763
	Abelardo Luz	SC2	Aluz	5	26°31'S	52°18'O	808	50	4641
	Coxilha	RS1	Coxi	6	28°04'S	52°18'O	700	50	4902
	Vacaria	RS1	Vaca	6	28°25'S	51°01'O	910	50	5318
	Cruz Alta	RS1	Calta	6	28°36'S	53°40'O	430	50	3474
	Ciríaco	RS1	Ciri	6	28°19'S	51°58'O	835	50	4460
	Condor	RS2	Condo	7	28°10'S	53°28'O	532	50	2506
	São L. Gonzaga	RS2	Sluiz	7	28°24'S	54°55'O	220	50	3508
	Cachoeira do Sul	RS2	Cacho	7	29°59'S	52°55'O	128	50	4730
	Eldorado do Sul	RS2	Eldo	7	30°07'S	51°40'O	82	50	2705
2015	Palotina	PR3	Palo	1	24°21'S	53°45'O	373	22	2055
	Nova Fátima	PR3	Nfat	1	23°27'S	50°34'O	702	22	4245
	Ventania	PR2	Vent	2	24°16'S	50°05'O	960	22	3606
	Pato Branco	PR2	Pato	2	26°08'S	52°23'O	833	22	2868
	Cascavel	PR2	Casc	2	24°53'S	53°32'O	680	22	4548
	Guarapuava	PR1	Guar	3	25°32'S	51°29'O	1113	22	5437
	Campos Novos	SC1	Cnovo	4	27°23'S	51°12'O	944	30	2131
	Canoinhas	SC1	Cano	4	26°22'S	50°16'O	790	30	1238
	Chapecó	SC2	Chape	5	27°05'S	52°38'O	650	30	2578
	Coxilha	RS1	Coxi	5	28°08'S	52°21'O	677	30	3882
	Cruz Alta	RS1	Calta	6	28°45'S	53°59'O	350	30	2110
	Vacaria	RS1	Vaca	6	28°25'S	52°01'O	910	30	3665
	Condor	RS2	Condo	7	28°10'S	53°29'O	508	30	2772
	S. L. Gonzaga	RS2	Sluiz	7	28°24'S	54°56'O	217	30	3675
	Cachoeira do Sul	RS2	Cacho	7	30°18'S	52°58'O	113	30	4681

### 3.2 Condução dos ensaios

O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados, com 3 a 4 repetições. A unidade experimental, no geral, foi composta por 7 linhas, espaçadas de 0,17 a 0,20 metros, com área útil colhida de 5m<sup>2</sup>. A densidade de semeadura variou conforme a indicação de cada região homogênea de adaptação, variando de 330 a 350 plantas aptas por metro quadrado. A adubação de base empregada em cada ensaio

seguiu as indicações conforme a análises de solo. Todo o manejo de cultivo (tratamento de sementes, densidade e profundidade de semeadura, adubação, tratamentos fitossanitários, inclusive época de semeadura) seguiram as informações técnicas para trigo, conforme Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale (2013).

As parcelas colhidas foram pesadas com correção de umidade para 13% e transformadas em rendimento de grãos para kg/ha.

### 3.3 Análises estatísticas

Foram realizadas uma serie de análises, de índice ambiental, análise da variância, e GGE *biplot* sempre por ano e para cada um dos grupos mencionados anteriormente.

#### 3.3.1 Índice Ambiental

O índice ambiental por ano e grupo de locais foi determinado conforme:

$$IA_l = \bar{Y}_l - \mu$$

Em que:  $IA_l$  representa o índice ambiental;  $\bar{Y}_l$  é a média do rendimento de grãos (kg/ha) do l-ésimo ambiente;  $\mu$  é a média geral rendimento médio do rendimento de grãos (kg/ha) de todos os locais e anos analisados para cada grupo de locais.

Os valores do índice ambiental de cada ambiente foram distribuídos nos cinco anos de teste e foram separados os ambientes em superiores (aqueles que o índice ambiental foi positivo em todos os anos), inferiores (aqueles que o índice ambiental foi negativo em todos os anos) e variáveis (aqueles que o índice ambiental em alguns anos foi positivo e em outros negativos).

### 3.3.2 Análises de variância

Foram realizadas análises de variâncias para cada ano e para os dois grupos de locais utilizando o programa GGE *biplot* conforme o modelo:

$$Y_{ijk} = m + g_i + l_k + gl_{ij} + r_{j/k} + e_{ijk}$$

Onde:

$Y_{ijk}$  é o valor observado no i-ésimo genótipo, j-ésima repetição, no k-ésimo local;

$m$  = é a media geral;

$g_i$  = é o efeito do i-ésimo genótipo;

$l_k$  = é o efeito do k-ésimo local;

$gl_{ik}$  = é o efeito da interação do i-ésimo genótipo com o k-ésimo local;

$r_{j/k}$  = é o efeito do j-ésima repetição dentro do k-ésimo local;

Tanto os genótipos como os locais foram assumidos como aleatórios.

Foram ainda estimados:

$H = V_g/V_p$ , onde

$H$  = herdabilidade,

$V_g$  = variância genética estimada pela equação (QMgenotipos – QMinteração gl)/rl

$V_p$  = Variância Fenotípica estimada ( $V_g + V_{gl}/n_l + V_e/n_{lr}$ ).

A relação G/GGE, onde:

$G$  = genótipo;

GGE = genótipo + interação genótipo com ambiente.

A relação  $V_{ge}/V_g$ , onde:

$V_{ge}$  = Variância da interação do genótipo com os ambientes (neste caso com locais);

TABELA 2. Modelo de análise de variância considerando os genótipos e locais como aleatórios.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Soma dos Quadrados	Quadrado Médio Esperado	F
Repetições(locais)	E(r-1)	SQ1	Ve + 1Ve	SQ1/SQ5
Genótipos (G)	g-1	SQ2	Ve + rVgl + r1Vg	SQ2/SQ4
Locais (E)	E-1	SQ3	Ve + rVgl + rgVl	SQ3/SQ4
Interação GE	(g-1)(l-1)	SQ4	Ve + rVgl	SQ4/SQ5
Erro	E(r-1) (g-1)	SQ5	Ve	
Total	Glr-1			

### 3.3.3 Análise *Biplot*

Adicionalmente a análise de variância convencional foi realizada a análise GGE *biplot* como sugerido por Yan *et al.* (2007) para uma melhor visualização da interação genótipo x ambiente e a inter-relação entre os ambientes de teste.

O modelo GGE *biplot* que considera o efeito principal de genótipo mais a GE, são baseadas em gráficos *biplot*, representa graficamente uma matriz de dados. Este *Biplot* é construído nos dois primeiros componentes principais de uma Análise de Componentes Principais (ACP) utilizando Modelos de Regressões Locais (SREG). A primeira componente, quando se encontra altamente correlacionada com o efeito principal do genótipo, representa a proporção do rendimento que se deve somente às características do genótipo. A segunda componente representa a parte do rendimento devida a  $G \times E$  (Yan e Holland, 2010; Yan, 2011).

O modelo *biplot* foi primeiro centralizado com relação a média do ambiente e depois dividido pelo respectivo desvio padrão (*SD scaled*) para que os ambientes tivessem o mesmo peso ou importância na avaliação dos genótipos. A utilização da análise *biplot* com escala pelo desvio padrão (*SD scaled*) foi escolhida porque o foco do trabalho é estudar a similaridade entre os ambientes de teste para a avaliação dos genótipos (Yan *et al.* 2010). Além disso, foi utilizado o ajuste da raiz quadrada da herdabilidade (h) dentro de cada local e foi utilizada a análise com o  $SVP = 2$  baseada na

partição dos valores singulares por local. As análises em gráfico *biplot* foram realizadas com o software estatístico GGE *biplot* (Yan, 2014).

Para facilitar o entendimento os gráficos *biplot* foram apresentados por região do Sul do Brasil de maneira a identificar a similaridade dos ambientes de teste dentro de cada região e cada ano.

Foram realizados para cada grupo de locais e anos uma série de gráficos utilizando o programa estatístico GGE *biplot* (Yan, 2014). Primeiro foi realizado a análise de média *vs.* estabilidade com base nos locais e com base nos genótipos, e após foram realizadas as análises de habilidade de discriminação *vs.* representatividade e finalmente a análise de “quem-ganhou-onde”. Estes conjuntos de análises estão descritos conforme sua utilidade e interpretação em Yan (2014).

Nos gráficos *biplot*, a linha de transição entre os estratos corresponder a um ambiente hipotético, em que genótipos de estratos vizinhos têm a mesma produtividade. Essa linha de transição intercepta a ordenada do sistema de eixos cartesianos correspondente ao marcador do referido ambiente. O desempenho de um dado genótipo ou ambiente é observado em relação ao eixo  $x$ , com seta única, em que quanto mais à direita do centro do *biplot* ou da linha vertical, maior é o desempenho e, quanto mais à esquerda, menor o desempenho (Yan, 2014).

Um genótipo é considerado adaptado a determinado ambiente quando está situado no mesmo quadrante do ambiente ou quando apresenta ângulo inferior à  $90^\circ$  com este ambiente no gráfico. Os genótipos ou ambientes localizados a direita com vetores curtos e próximos ao círculo, representam os genótipos ou ambientes mais estáveis.

Genótipos ou ambientes localizados à esquerda e à direita do centro do *biplot* apresentam desempenho inferior e superior à média geral, respectivamente. Já a

estabilidade, segundo Yan e Kang (2003) é visualizada no eixo *y* com duas setas, em que, quanto mais distante da origem ou maior a projeção do centro do *biplot*, menor é a estabilidade do(s) genótipo ou do(s) ambiente(s).

### 3.3.4 Análises Mega-ambiente

Como havia um conjunto menor de genótipos que participaram em pelo menos 3 anos e 4 ambientes foram então submetidos a análise de mega-ambientes como proposto por Yan, (2014) somente para o grupo 2 (estados de Santa Catarina e Rio Grande do Sul).

O *biplot* da interação genótipo mais genótipo por ambiente (GGL *biplot*) gerado através dos dados de rendimento de genótipos de trigo dos ensaios de VCU, foram baseados em dados centrados da localização (*Centering* = 2), no desvio padrão (*SD-scaled*) e herdabilidade ponderada (*h-weighted*, *Scaling* = 2). Isso explica a % da interação genótipo mais genótipo por ambiente total (GGL). O primeiro parâmetro observado a partir do *biplot* foi o forte padrão de agrupamento de localização, se os ambientes localizaram em grupos distintos, correlacionados positivos ou negativamente. Isto é devido a relação  $G/(G + GL)$  e a correlação genética entre os ambientes.

A visualização através da metodologia “quem-ganhou-onde” fornece informações adicionais do conjunto de dados, para análise mega-ambiente (Yan *et al.*, 2010). Os ambientes localizados nos setores delineados pelas linhas retas que irradiam da origem do *biplot* e perpendiculares aos lados do polígono. O setor delineado pelas linhas contém os ambientes, estes ambientes abrangidos apresentam semelhanças na resposta, não necessariamente apresentam as mesmas condições físicas de ambiente. O genótipo “vencedor” é localizado no vértice do polígono no ponto a direita mais



extremo, sugerindo ser o genótipo mais produtivo para este grupo de ambientes na média dos 5 anos.

Os dados de rendimento de grãos dos genótipos de trigo dos anos de 2011 a 2015 foram organizados em uma tabela de “quatro vias” (*4-way*). As primeiras quatro colunas da tabela são ano, ambiente, repetição e genótipo, seguido pela coluna kg/ha. Cada linha da tabela representava uma unidade experimental. Para este conjunto de dados o pacote estatístico ofereceu opções para gerar um GGL *biplot* para cada ano ou um GGE *biplot* ao longo de todos os anos, tratando cada combinação de localização de ano como ambiente. Esta análise foi realizada como intuito de comparar com a análise realizada a cada ano.

## **4 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **4.1 Análise geral**

Para facilitar a descrição dos resultados eles foram separados conformes os grupos 1 (Paraná) e grupo 2 (Santa Catarina e Rio Grande do Sul).

#### **4.1.1 Paraná**

Para o ano de 2011 os efeitos de repetição dentro de locais (Rep(E)), genótipo (G), locais (E) apresentaram variações altamente significativas a 1% de probabilidade pelo teste F. A interação genótipo com local (GE) também foi altamente significativa, demonstrando desempenho diferente dos genótipos dependente do local.

O coeficiente de variação foi de 12.27%, aferindo boa precisão aos experimentos e a média foi de 4429 kg/ha. A herdabilidade média estimada (H) foi de 0.45 e a relação G/GGE foi 0.38 indicando que a interação GE foi superior ao efeito do genótipo (G) (Tabela 3).

O maior valor de quadrado médio observado foi para a fonte de variação local (E), o que indica que a média de rendimento de grãos dos genótipos foi diferente entre os locais (Tabela 3). Em 2011, foi avaliado o desempenho dos genótipos nos locais Apucarana, Nova Fátima e Palotina que pertencem a região 1, os locais Ventania e Cascavel da região 2 e Guarapuava e Ponta Grossa na região 3.

Ponta Grossa foi o local com o menor rendimento de grãos com 2934 kg/ha (Tabela 4 e Figura 8) devido a problemas com excesso de água no solo, durante a fase

TABELA 3. Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) da análise de variância para a característica rendimento de grãos (kg/ha) nos anos de 2011 a 2015 para os locais do Paraná. Porto Alegre, 2018.

FV	Paraná									
	2011		2012		2013		2014		2015	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Rep(E)	17	1980626**	22	652953**	21	803232**	20	482866 <sup>ns</sup>	18	955375**
Genótipo (G)	46	1391327**	32	2023699**	29	2200042**	29	1812015**	21	3058206**
Locais (E)	6	16595175**	8	56506187**	8	187795942**	7	64624883**	5	60459822**
G x E	133	769859**	107	914694**	103	824222**	72	894341**	61	328807 <sup>ns</sup>
Erro	443	130823906	339	234028	320	217131	234	255994	244	239935
Total	645		508		481		362		349	
Média	4429		3830		3210		4494		3608	
CV (%)	12.27		12.63		14.52		11.24		13.57	
H	0.45		0.55		0.97		0.95		0.89	
LSD5%(GE aleatório)	1102.12		1111.10		762.66		826.77		725.69	
G/GGE(SS)	0.38		0.4		1		1		0.76	

\*\* significativo a 1% de probabilidade pelo Teste F; <sup>ns</sup> não significativo.

vegetativa. Enquanto que Guarapuava e Nova Fátima apresentaram as maiores médias de rendimento, com 6353 kg/ha e 5934 kg/ha, respectivamente (Tabela 4 e Figura 4), devido às condições dos locais favoráveis, como qualidade de solo em Nova Fátima e temperaturas noturnas amenas em Guarapuava.

TABELA 4. Valores médios anuais (kg/ha) e média geral (kg/ha) dos locais avaliados no Paraná, nos anos de 2011 a 2015. Porto Alegre, 2018.

Região	Local	2011	2012	2013	2014	2015	Média do local
1	Apucarana	3253	3978	2165	-	-	3132
	Nova Fátima	5934	5366	5875	5431	4245	5370
	Palotina	3777	2656	871	2645	2055	2401
	Rolândia	-	2956	2837	3416	-	3070
	Média	4321	3739	2937	3831	3150	3595
2	Ventania	5285	4109	5428	5960	3606	4877
	Cascavel	3435	3990	2707	6039	4547	4143
	Pato Branco	-	3686	5667	4563	2868	4366
	Média	4360	4050	4601	5521	3674	4441
3	Guarapuava	6353	4931	7970	5032	5437	5944
	Ponta Grossa	2934	3871	5450	3935	-	4047
	Média	4643	4401	6710	4484	5437	5135
Média Paraná		4441	4063	4749	4612	4087	4390

Os valores dos índices ambientais dos 5 anos estão na Tabela 5. Os índices ambientais verificados nas 3 regiões do Paraná variaram de +3580 em Guarapuava no ano de 2013 a -3519 em Palotina, também em 2013. Entre os 9 ambientes avaliados no Paraná durante os 5 anos, apenas Guarapuava é classificado como ambiente superior, tendo valores positivos de índice ambiental em todos os anos. Na média por região, a região 1 é classificada como região inferior, pois Apucarana, Palotina e Rolândia apresentaram valores negativos de índice ambiental em todos os anos que foram avaliados e Nova Fátima, como ambiente variável, embora tenha apresentado valores positivos em todos os anos com exceção de 2015 (Tabela 5).

As regiões 2 e 3 são classificadas como regiões variáveis, em que os ambientes Ventania, Cascavel, Pato Branco e Ponta Grossa tiveram valores de índice ambiental em

alguns anos positivos e em outros anos negativos, com grande amplitude dos valores (Tabela 5).

TABELA 5. Classificação dos ambientes (CA) com seus respectivos valores de índice ambiental dos 5 anos e média de índice ambiental (MIA) das 3 regiões do Paraná Porto Alegre, 2018.

Região	Ambientes	2011	2012	2013	2014	2015	MIA	CA
1	Apucarana	-1137	-412	-2225			-1258	Inferior
	Nova Fátima	1544	976	1485	1041	-145	980	Variável
	Palotina	-613	-1734	-3519	-1745	-2335	-1989	Inferior
	Rolândia		-1434	-1553	-974		-1320	Inferior
	<b>Média</b>	<b>-69</b>	<b>-651</b>	<b>-1453</b>	<b>-559</b>	<b>-1240</b>	<b>-794</b>	<b>Inferior</b>
2	Ventania	895	-281	1038	1570	-784	488	Variável
	Cascavel	-955	-400	-1683	1649	157	-246	Variável
	Pato Branco		-704	1277	173	-1522	-194	Variável
	<b>Média</b>	<b>-30</b>	<b>-340</b>	<b>211</b>	<b>1131</b>	<b>-716</b>	<b>51</b>	<b>Variável</b>
3	Guarapuava	1963	541	3580	642	1047	1555	Superior
	Ponta Grossa	-1456	-519	1060	-455		-343	Variável
	<b>Média</b>	<b>253</b>	<b>11</b>	<b>2320</b>	<b>94</b>	<b>1047</b>	<b>745</b>	<b>Variável</b>
<b>Média Paraná</b>		<b>51</b>	<b>-327</b>	<b>359</b>	<b>222</b>	<b>-303</b>	<b>0</b>	<b>Variável</b>

A análise da media vs. instabilidade para o Paraná em 2011 explicou 96.6% da variação total devido ao genótipo (G) e da interação genótipo com local (GE) conforme a Figura 4, e revela que a maioria dos locais foram estáveis, com exceção de Ventania e Ponta Grossa que foram instáveis.

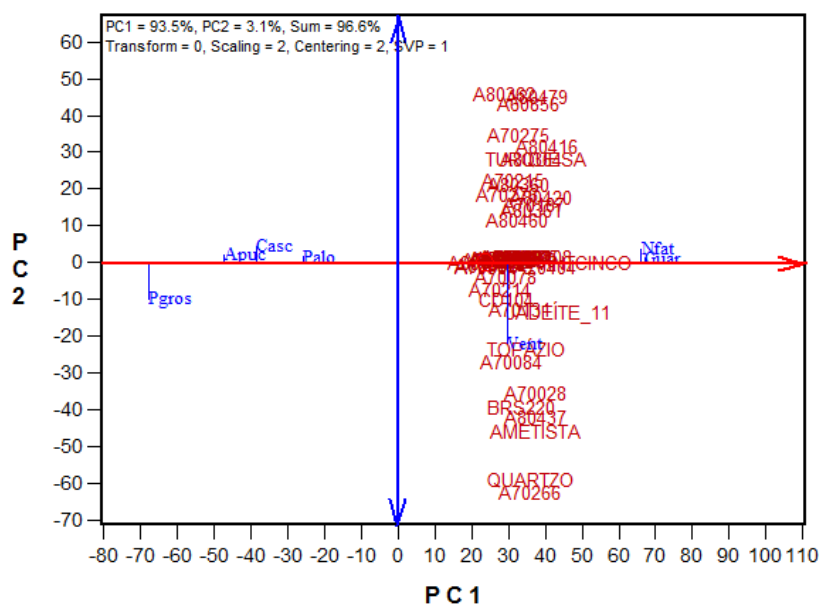


FIGURA 4. GGE *biplot* da média *vs.* instabilidade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018.

Quando analisado a habilidade de discriminação, todos os locais estão incluídos abaixo do eixo do componente PC2 e indicam que podem auxiliar na discriminação dos genótipos. Entretanto, é possível identificar a formação de dois grupos. O grupo 1 é formado pelos locais Cascavel, Palotina e Apucarana, o grupo 2 por Nova Fátima, Ventania e Ponta Grossa. Já Guarapuava ficou bem no centro de ambos os grupos (Figura 5). Os vetores ambientais mais curtos como os apresentados por Guarapuava e Nova Fátima, segundo Yan *et al.* (2007) indicam que estes locais específicos não estão fortemente correlacionados com os locais com vetores mais longos e que provavelmente não estão correlacionados entre si. Assim, esses locais de vetores curtos podem ser considerados como locais de teste independentes e com baixo poder de discriminação. É possível que Guarapuava, apesar de ter médias altas de rendimento, tenha ficado na posição média por ter um menor número de genótipos testados quando comparados com os demais locais. Nenhum dos locais tem vetor longo estão posicionados sobre ou próximo a linha média (em vermelho na Figura 5).

Ventania por ter o maior vetor foi caracterizado como o local mais discriminante, ou seja, com a maior habilidade em identificar os genótipos mais instáveis, enquanto que Nova Fátima, por ter o menor ângulo de sua posição com o eixo médio dos locais, é o local que apresenta a maior capacidade em identificar os genótipos superiores. Neste tipo de análise (GGE *biplot*) o tamanho do vetor de cada local representa a capacidade discriminante do mesmo que é proporcional a sua herdabilidade (Yan e Tinker, 2006). Neste sentido, os melhores locais para a condução de ensaios, com os resultados do ano de 2011 seriam Apucarana e Ventania, pertencentes às regiões 1 e 2, respectivamente (Figura 5). Por outro lado, Cascavel e Ponta Grossa poderiam ser dispensados uma vez que tiveram baixa correlação com os demais locais e se mostraram bastante instáveis (Figura 4 e 5).

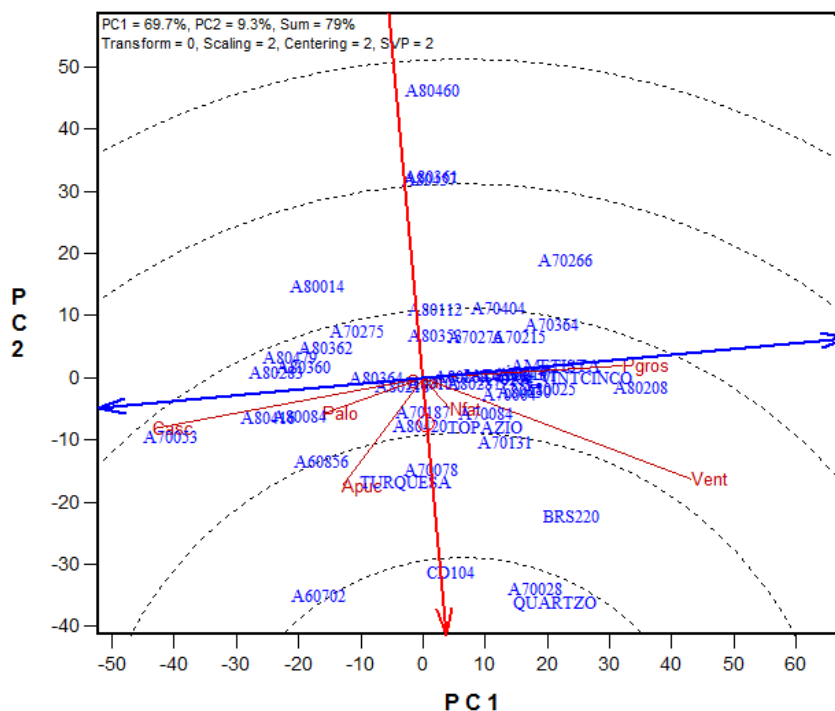


FIGURA 5. GGE *biplot* para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018.

Já na análise da média e instabilidade com foco nos genótipos (SVP=1) as

cultivares Quartzo e CD 104 mais a linhagem A70028 foram os genótipos com as maiores médias de rendimento de grãos e mais próximos da cultivar ideal para estes locais (Figura 6). A cultivar CD 104 contribuiu pouco para a GE por estar localizada no eixo médio dos locais e, portanto, foi estável, enquanto que os genótipos A70028 e Quartzo contribuíram mais para a GE, por estarem mais distantes do eixo médio dos locais e foram os mais instáveis (Figura 5 e 6). Os demais genótipos estão bastante concentrados na linha média e alguns genótipos apresentaram grande instabilidade como A70053 e A80208. A cultivar CD 104 foi desenvolvida no Paraná e demonstra sua adaptação a estes ambientes.

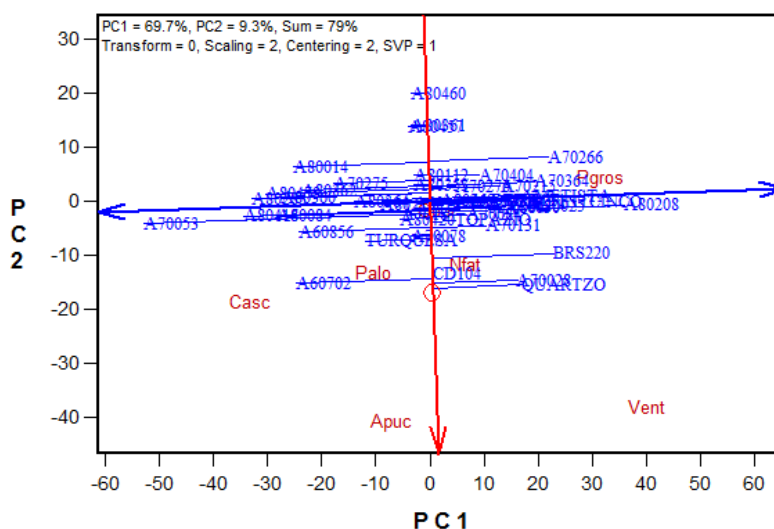


FIGURA 6. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados no Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018.

A análise de “quem-ganhou-onde” dos 7 locais do Paraná, originou um polígono dividido em 6 setores pelas linhas radiais formadas pelos genótipos A80208, A70266, A80460, A70053, A60702 e Quartzo. Assim, o genótipo A80208 localizado entre as linhas 1-2 ficou próximo a Ponta Grossa, indicando ser altamente adaptado a este local, além de apresentar a maior média de rendimento quando comparado aos demais



genótipos localizados entre as linhas 1-2. O genótipo A70053 está localizado próximo a Cascavel e apresenta a maior média de rendimento de grãos perante aos demais genótipos localizados entre as linhas 4-5. Os genótipos A60702 e Quartzo, localizados entre as linhas 5-6 e 6-1 tiveram as maiores médias de rendimento entre os demais genótipos localizados nos referidos setores. Nenhum local ficou localizado no setor do genótipo A80460 entre as linhas 3-4, significando que esse genótipo não foi vencedor em nenhum local, e é o genótipo de menor rendimento de grãos em alguns ou em todos os 7 locais do Paraná, no ano de 2011 (Figura 7). Isto mostra a grande variabilidade dos genótipos avaliados neste ano, e que teriam genótipos adaptados a todos os locais.

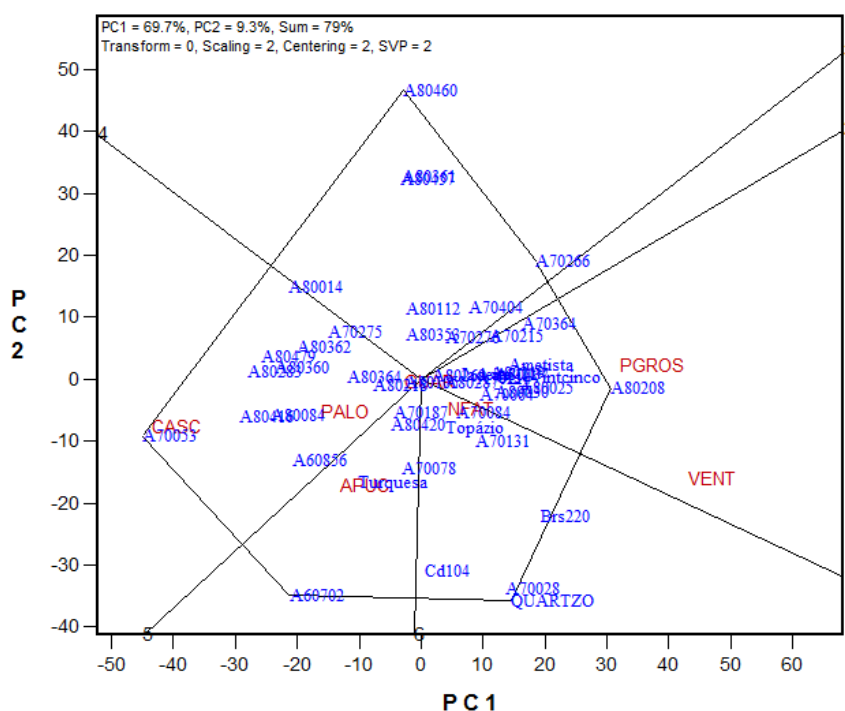


FIGURA 7. GGE *biplot* de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 7 locais do Paraná, no ano de 2011 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018.

Os locais Ventania e Ponta Grossa ficaram juntos no mesmo setor entre as linhas 1-2, o mesmo caso de Cascavel e Palotina, entre as linhas 4-5, já Guarapuava apesar de ter rendimentos altos ficou colocado próximo ao centro (Figura 7).

Em 2012 as regiões 1 e 2 do Paraná foram afetadas pela irregularidade das chuvas na fase vegetativa e principalmente no enchimento de grãos, combinado com a ocorrência de geadas no enchimento de grãos. Já a região 3 foi prejudicada por estiagem combinada com temperaturas acima da média após semeadura, contribuindo para o encurtamento do ciclo e redução na produção de biomassa aparente das plantas.

A análise de variância para o Paraná no ano 2012, para as fontes de variação repetição dentro de locais (Rep(E)), genótipo (G), locais (E) apresentaram variações altamente significativas a 1% de probabilidade pelo teste F. A interação genótipo com local (GE) também foi altamente significativa, demonstrando desempenho diferente dos genótipos dependente do local. O coeficiente de variação foi de 12.63%, aferindo boa precisão aos experimentos e a média foi de 3830 kg/ha. A herdabilidade média estimada (H) foi de 0.55 e a relação G/GGE foi 0.4 indicando que a interação GE foi superior ao efeito do genótipo (G).

O maior valor de quadrado médio observado foi para a fonte de variação local (E), o que indica que a média de rendimento de grãos dos genótipos foi diferente entre os locais (Tabela 3). Em 2012, foi avaliado o desempenho dos genótipos praticamente nos mesmos locais de 2011, Apucarana, Nova Fátima, Palotina e Rolândia que pertencem a região 1, os locais Ventania, Cascavel e Pato Branco da região 2 e Guarapuava e Ponta Grossa na região 3.

Palotina e Rolândia foram os locais com o menor rendimento de grãos com 2656 kg/ha e 2956 kg/ha (Tabela 4 e Figura 8), pois foram afetados pela estiagem na fase de enchimento de grãos ocorrida em 2012. Enquanto que Nova Fátima e Guarapuava apresentaram as maiores médias de rendimento, com 5366 kg/ha e 4931 kg/ha, respectivamente (Tabela 4 e Figura 8).

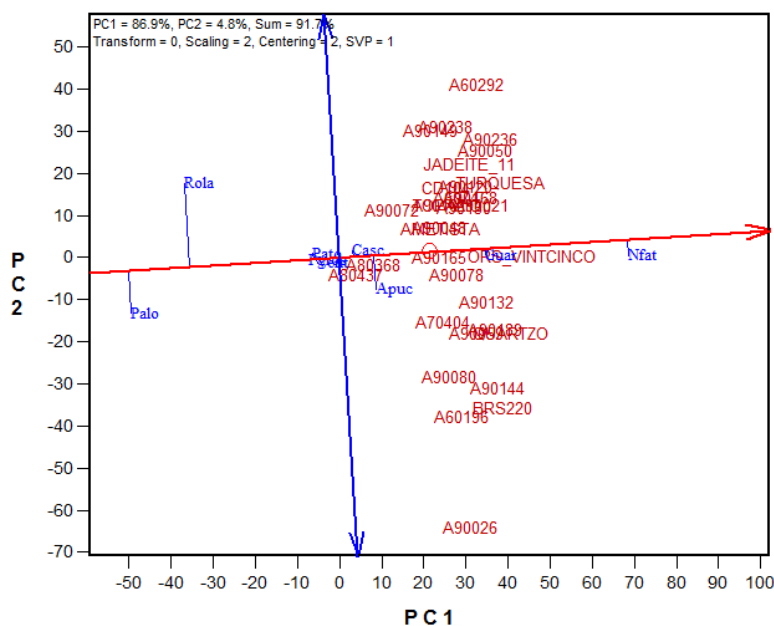


FIGURA 8. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018.

A análise da média vs. instabilidade para o Paraná em 2012 explicou 91.7% da variação total devido ao genótipo (G) e da interação genótipo com local (GE) conforme a Figura 8, e revela que a maioria dos locais foram estáveis, com exceção de Rolândia, Palotina e Apucarana que foram instáveis.

Quando analisado a habilidade de discriminação, todos os locais mostraram poder de discriminação, com exceção de Ponta Grossa, entretanto é possível identificar a formação de três grupos (Figura 9). O grupo 1 é formado pelos locais Nova Fátima e Apucarana, o grupo 2 por Cascavel, Pato Branco, Ventania e Rolândia e o grupo 3 apenas por Ponta Grossa, que poderia ser dispensado uma vez que teve baixa correlação com os demais locais, além de ser bastante instável (Figura 9 e 10).

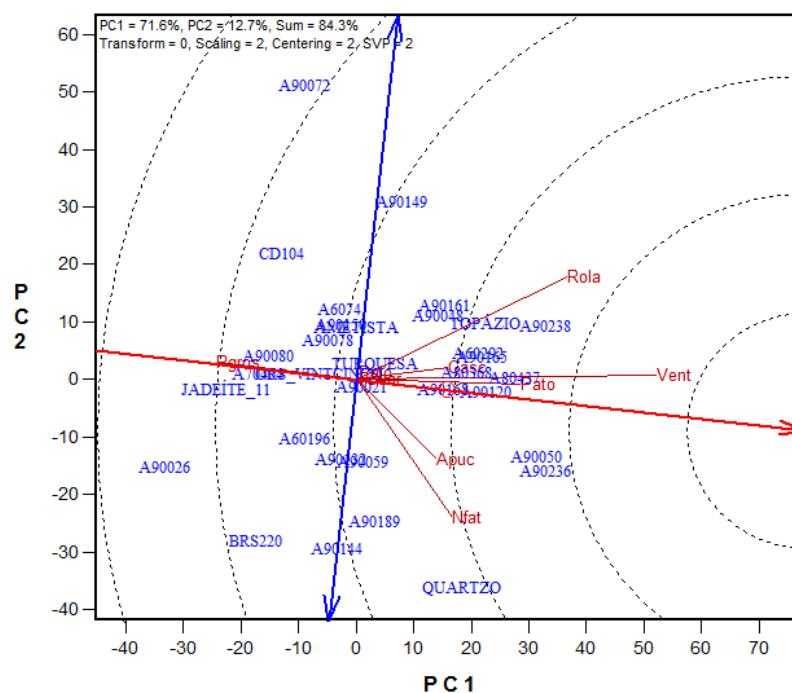


FIGURA 9. GGE *biplot* para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018.

Na escolha dos melhores locais para a condução de ensaios, no ano de 2012 do grupo 1 deveria ser escolhido Ventania da região 2 e do grupo 2 poderiam ser eleitos Apucarana ou Nova Fatima ambos da região 1 (Figura 9).

Na avaliação dos genótipos as linhagens A90256, A90050 e A90238 foram os genótipos com as maiores médias de rendimento de grãos para estes locais (Figura 10). As linhagens A90256 e A90050 contribuíram pouco para a GE e, portanto, foram estáveis, enquanto que o genótipo A90238 contribuiu mais para a GE e foi o mais instável (Figura 9 e 10). Os demais genótipos tiveram uma distribuição na linha média de rendimento, alguns como A90026 com rendimentos muito baixos e grande instabilidade (Figura 10).

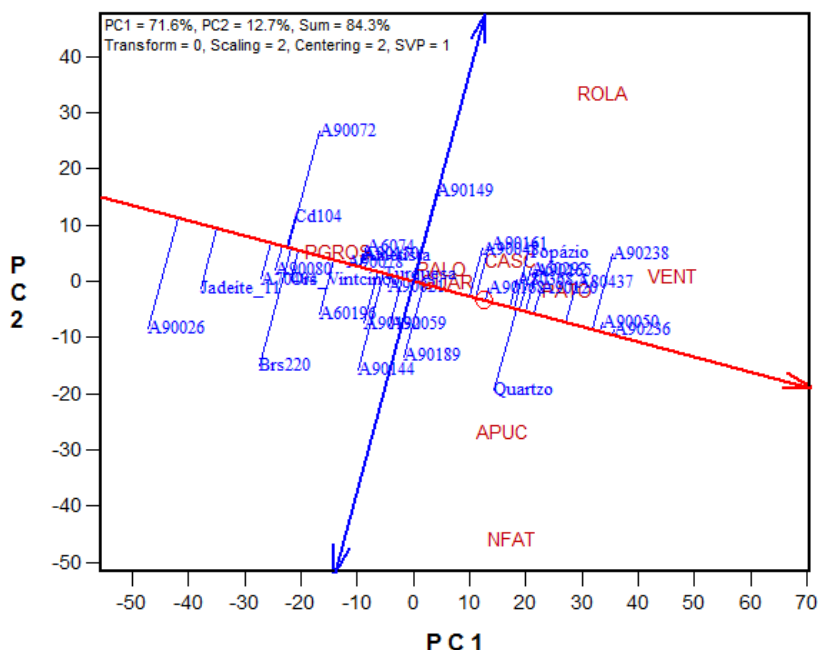


FIGURA 10. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados no Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018.

A análise de “quem-ganhou-onde” dos 9 locais do Paraná, originou um polígono dividido em 6 setores pelas linhas radiais formadas pelos genótipos A90236, A90238, A90072, A90026, BRS 220 e Quartzo. Assim, os genótipos A90236 e A90050 localizados entre as linhas 1-2 tiveram as maiores médias de rendimento e apresentam melhor adaptação ao local Pato Branco. Enquanto que o genótipo A90238 localizado entre as linhas 2-3 ficou próximo ao local Rolândia, indicando ser altamente adaptado a este local, além de apresentar a maior média de rendimento quando comparado aos demais genótipos localizados entre as linhas 2-3. A cultivar Quartzo localizado entre as linhas 6-1 teve a maior média de rendimento entre os demais genótipos localizados no setor onde estão localizados Nova Fátima e Apucarana. O genótipo A90026 que está localizado no setor onde está Ponta Grossa, apresentando a menor média de rendimento de grãos perante aos genótipos localizados entre as linhas 4-5 e também, a menor média

de rendimento quando comparado a todos os genótipos avaliados em 2012.

Nenhum local ficou localizado nos setores dos genótipos A90072 e BRS 220, entre as linhas 3-4 e 5-6, respectivamente, significando que esses genótipos não foram vencedores em nenhum local no ano de 2012 (Figura 11).

Os locais Pato Branco e Ventania ficaram no mesmo setor entre as linhas 1-2, o mesmo caso de Cascavel e Rolândia, entre as linhas 4-5 e Apucarana e Nova Fátima entre as linhas 6-1, mostrando que estes locais são redundantes, um deles pode representar muito bem o outro e seria desnecessário o teste dos genótipos em ambos os locais. Guarapuava e Palotina ficaram colocadas próximo ao centro e representam a média dos locais (Figura 11).

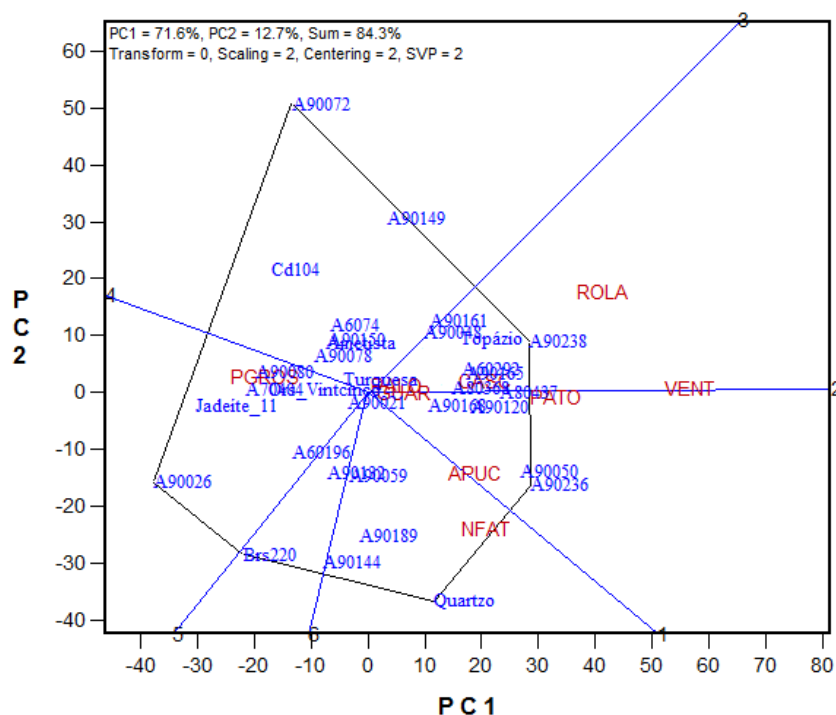


FIGURA 11. GGE *biplot* de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 9 locais do Paraná, no ano de 2012 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018.

O ano de 2013 foi marcado pelas baixas temperaturas que proporcionaram a ocorrência de geadas e neve na primeira quinzena do mês de julho na região 3, afetando negativamente as regiões 1 e 2, que estavam em pleno enchimento de grãos e florescimento. Ao contrário, a região 3 foi beneficiada pelas baixas temperaturas, pois as mesmas ocorreram após sementeira, aliado ao clima favorável durante o cultivo, como temperaturas noturnas amenas e horas de luz abundantes, o que contribuiu para elevadas médias do rendimento de grãos (Tabela 4).

Na análise de variância do ano 2013 para os efeitos de repetição dentro de locais (Rep(E)), genótipo (G), locais (E) apresentaram variações altamente significativas a 1% de probabilidade pelo teste F. A interação genótipo com local (GE) também foi altamente significativa, demonstrando desempenho diferente dos genótipos dependente do local. O coeficiente de variação foi de 14.52% e a média foi de 3210 kg/ha. A herdabilidade média estimada (H) foi de 0.97 e a relação G/GGE foi 1 indicando que a interação GE foi igual ao efeito do genótipo (G). O maior valor de quadrado médio observado foi para a fonte de variação local (E), o que indica que a média de rendimento de grãos dos genótipos foi diferente entre os locais (Tabela 3). Em 2013, os genótipos foram avaliados nos mesmos locais de 2012, os locais Apucarana, Rolândia, Nova Fátima e Palotina que pertencem a região 1, os locais Ventania, Cascavel e Pato Branco da região 2 e Guarapuava e Ponta Grossa na região 3.

Palotina foi o local com o menor rendimento de grãos com 871 kg/ha seguido por Apucarana com 2165 kg/ha (Tabela 4 e Figura 12) afetados pelas geadas ocorridas nas fases de enchimento de grãos e florescimento, respectivamente. Por outro lado, o local Guarapuava e Nova Fátima apresentaram as maiores médias de rendimento no ano de 2013, com 7970 kg/ha e 5875 kg/ha (Tabela 4 e Figura 12), devido às condições ambientais favoráveis, principalmente em Guarapuava, como temperaturas noturnas

baixas após semeadura associadas com adequada disponibilidade de luz durante toda a fase vegetativa e reprodutiva. Nova Fátima teve média elevada devido à qualidade de solo e disponibilidade hídrica satisfatória durante as fases vegetativa e reprodutiva.

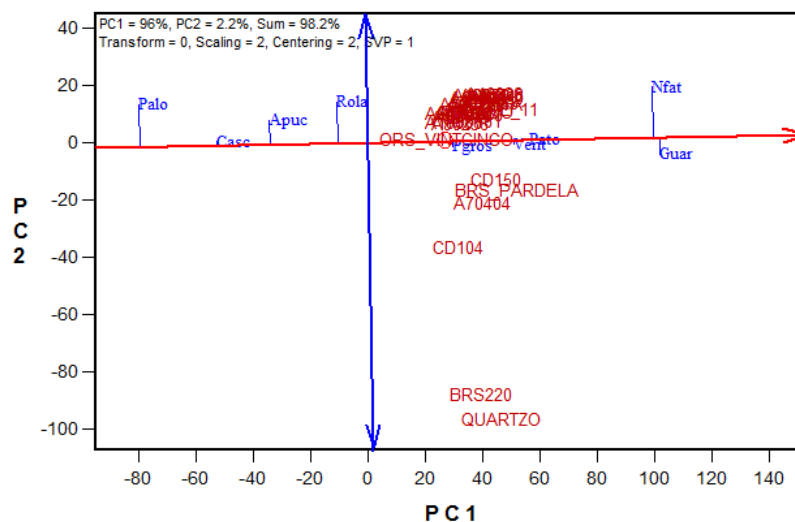


FIGURA 12. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018.

A análise da média vs. instabilidade para o Paraná em 2013 explicou 98.2% da variação total devido ao genótipo (G) e da interação genótipo com local (GE) conforme a Figura 12, e revela que a maioria dos locais foram estáveis, com exceção de Nova Fátima, Rolândia e Palotina que foram instáveis.

Ao analisar a habilidade de discriminação, os dois primeiros componentes principais explicaram 91% da variação, e é possível identificar a formação de três grupos. O grupo 1 é formado pelos locais Cascavel, Rolândia, Ventania e Palotina, o grupo 2 por Guarapuava, Pato Branco e Nova Fátima e o grupo 3 por apenas Apucarana. Dos locais do grupo 1, Cascavel mostrou o maior poder discriminante com base na contribuição dos genótipos para a interação genótipo -ambiente (GE) e Ventania como melhor teste para a seleção com base no efeito do genótipo(G) (Figura13). Do



grupo 2 Pato Branco ou Guarapuava são os melhores locais para selecionar com base no genótipo (G) e Nova Fatima com base na contribuição para a interação genótipo-ambiente (GE).

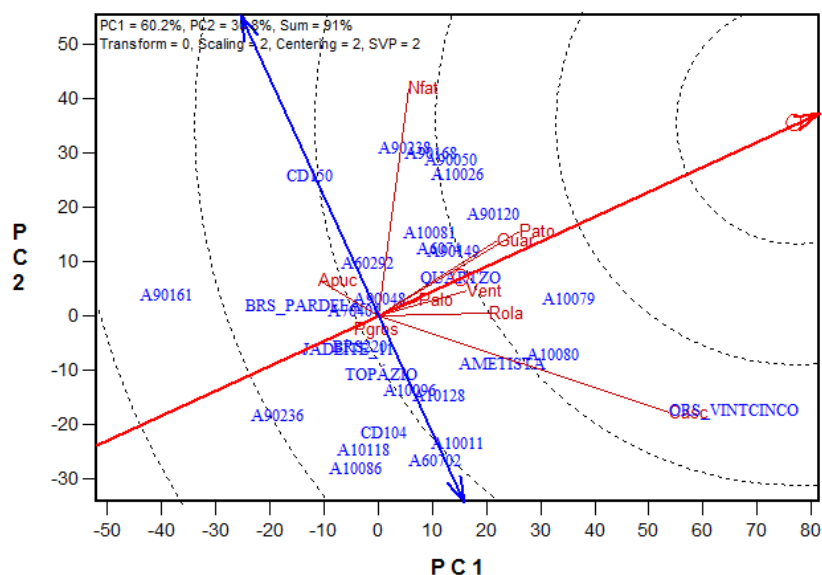


FIGURA 13. GGE *biplot* para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018.

Deste modo, os melhores locais para a condução de ensaios, conforme os resultados de 2013 seriam os locais Ventania e Guarapuava ou Pato Branco, pertencentes às regiões 2, 3 e 2, respectivamente (Figura 13) mais Nova Fátima e Cascavel pertencentes a região 1 e 2 respectivamente. Apucarana poderia ser dispensado uma vez que teve correlação negativa com os demais locais (Figura 13).

Na análise dos genótipos a cultivar ORS Vintecinco mais as linhagens A10079 e A90120 foram os genótipos com as maiores médias de rendimento de grãos (Figura 14). A linhagem A90120 contribuiu pouco para a GE e, portanto, foi estável, enquanto que a cultivar ORS Vintecinco e o genótipo A10079 contribuíram mais para a GE e foram os mais instáveis (Figura 13 e 14). Os demais genótipos ficaram distribuídos na linha

media de rendimento sendo que a linhagem A90161 apresentou o menor rendimento de grãos. Nestes locais a cultivar ORS Vintecinco apresentou a maior instabilidade, mas por outro lado mostrou boa adaptação ao local Cascavel (Figura 14).

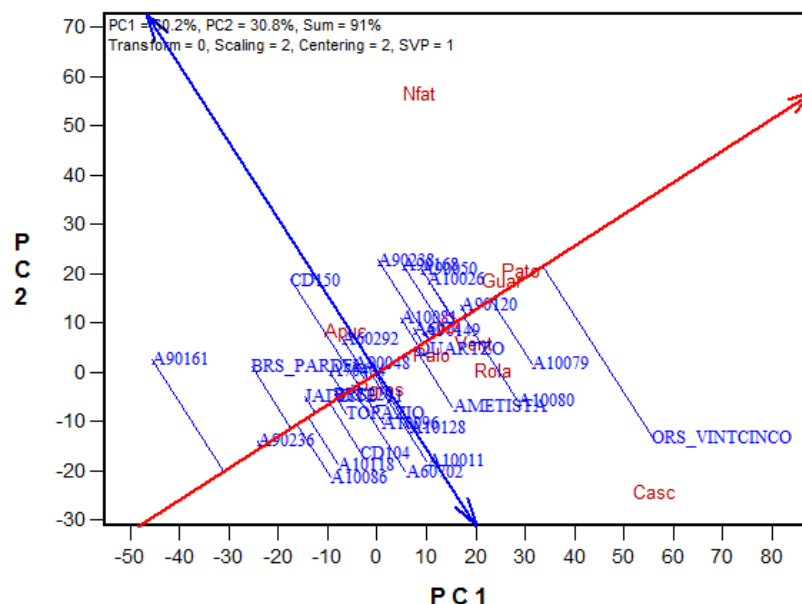


FIGURA 14. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados no Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018.

A análise de “quem-ganhou-onde” dos 8 locais do Paraná, originou um polígono dividido em 8 setores pelas linhas radiais formadas pelos genótipos A90120, A90050, A90238, CD 150, A90161, A90236, A10086, A60702 e ORS Vintecinco. Deste modo, o genótipo A90120 teve a maior média entre os genótipos localizados entre as linhas 1-2, seguido pelo genótipo A90050, mas nenhum local ficou localizado neste setor. Enquanto que o genótipo A90238 localizado entre as linhas 2-3 ficou próximo à Nova Fátima, indicando ser altamente adaptado a este local, além de apresentar a maior média de rendimento quando comparado aos demais genótipos localizados entre as linhas 2-3. O genótipo A90161 apresentou a menor média de rendimento de grãos perante aos genótipos localizados entre as linhas 4-5 e também, a menor média de rendimento

quando comparado a todos os genótipos avaliados em 2013. Neste setor ficaram os locais Apucarana e Ponta Grossa demonstrando que somente genótipos de baixo rendimento foram adaptados a estes ambientes (Figura 15).

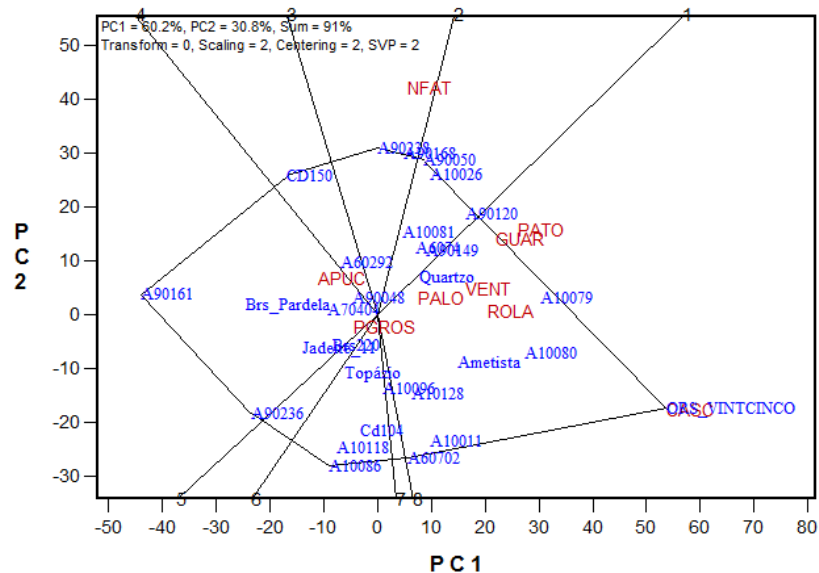


FIGURA 15. GGE *biplot* de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 9 locais do Paraná, no ano de 2013 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018.

A cultivar ORS Vintecincos localizado entre as linhas 8-1 teve a maior média de rendimento entre os demais genótipos situados neste setor e principalmente, quando comparado a todos os genótipos avaliados em 2013 demonstrando ser adaptada a Cascavel. Nenhum local ficou localizado nos setores dos genótipos CD 150, A10086 e A10096, entre as linhas 3-4, 5-6 e 7-8 respectivamente, significando que esses genótipos não foram vencedores em nenhum local no ano de 2013 (Figura 15).

O ano de 2014 foi caracterizado pela estiagem na fase reprodutiva na região 1 e excesso hídrico na fase de pré-colheita na região 3. A região 2 teve condições favoráveis durante as fases vegetativas e reprodutivas, como disponibilidade hídrica,

temperaturas diurnas e noturnas ideais e horas de luz satisfatórias, além de baixa umidade relativa do na fase de pré-colheita.

Na análise de variância do ano 2014 os efeitos de genótipo (G), locais (E) apresentaram variações altamente significativas a 1% de probabilidade pelo teste F. A interação genótipo com local (GE) também foi altamente significativa, demonstrando desempenho diferente dos genótipos dependente do local. O coeficiente de variação foi de 11.29%, aferindo boa precisão aos experimentos e a média foi de 4494 kg/ha. A herdabilidade média estimada (H) foi de 0.95 e a relação G/GGE foi 1 indicando que a interação GE foi igual ao efeito do genótipo (G). O maior valor de quadrado médio observado foi para a fonte de variação local (E), o que indica que a média de rendimento de grãos dos genótipos foi diferente entre os locais (Tabela 3). Em 2014, foi avaliado o desempenho dos genótipos nos locais Rolândia, Nova Fátima e Palotina que pertencem a região 1, os locais Ventania, Cascavel e Pato Branco da região 2 e Guarapuava e Ponta Grossa na região 3.

Palotina foi o local com o menor rendimento de grãos com 2645 kg/ha seguido por Rolândia com 3416 kg/ha (Tabela 4 e Figura 16) afetados pela estiagem na fase de enchimento de grãos. Por outro lado, os locais Cascavel e Ventania, ambos pertencentes à região 2 apresentaram as maiores médias de rendimento no ano de 2014, com 6039 kg/ha e 5960kg/ha (Tabela 4 e Figura 16), devido às condições ambientais favoráveis, como disponibilidade hídrica, temperatura e horas de luz satisfatória durante as fases vegetativa e reprodutiva.

A análise da media *vs.* instabilidade para o Paraná em 2014 explicou 93.9% da variação total devido ao genótipo (G) e da interação genótipo com local (GE) conforme a Figura 16, e revela que os locais Ventania, Guarapuava e Ponta Grossa foram os mais

estáveis, ao contrário de Nova Fátima, Cascavel, Rolândia e Palotina que foram instáveis.

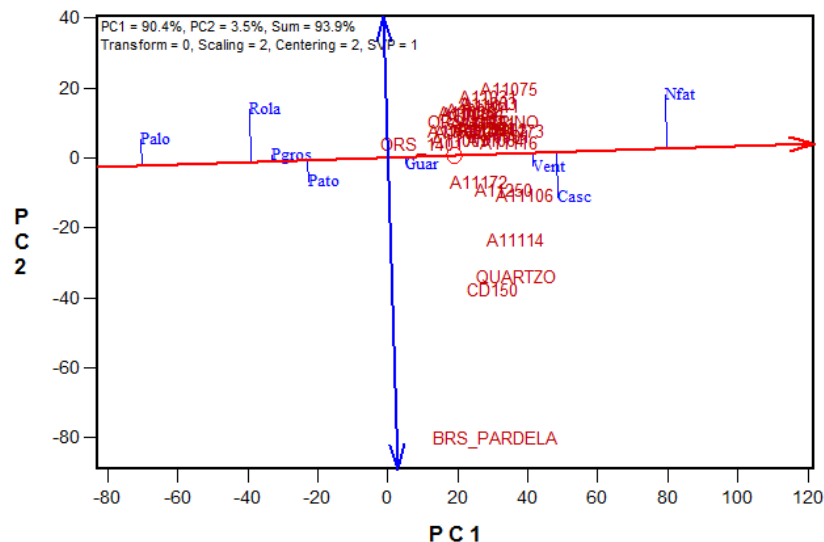


FIGURA 16. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018.

Na análise da habilidade de discriminação e representatividade é possível identificar a formação de três grupos. O grupo 1 é formado pelos locais Palotina, Cascavel e Nova Fátima, o grupo 2 por Pato Branco, Guarapuava, Ventania e Rolândia e o grupo 3 apenas por Ponta Grossa. Como local a ser considerado como o mais discriminante, Nova Fátima destaca-se por ser o local mais próximo do ideal, enquanto que Pato Branco junto com Guarapuava são os mais representativos. Com base nos resultados os melhores locais que deveriam ser escolhidos para a condução de ensaios, no ano de 2014 seriam Nova Fátima, Guarapuava ou Ventania, pertencentes às regiões 1, 3 e 2 (Figura 17). Ponta Grossa deveria ser dispensado, uma vez que teve correlação negativa com os demais locais (Figura 17).

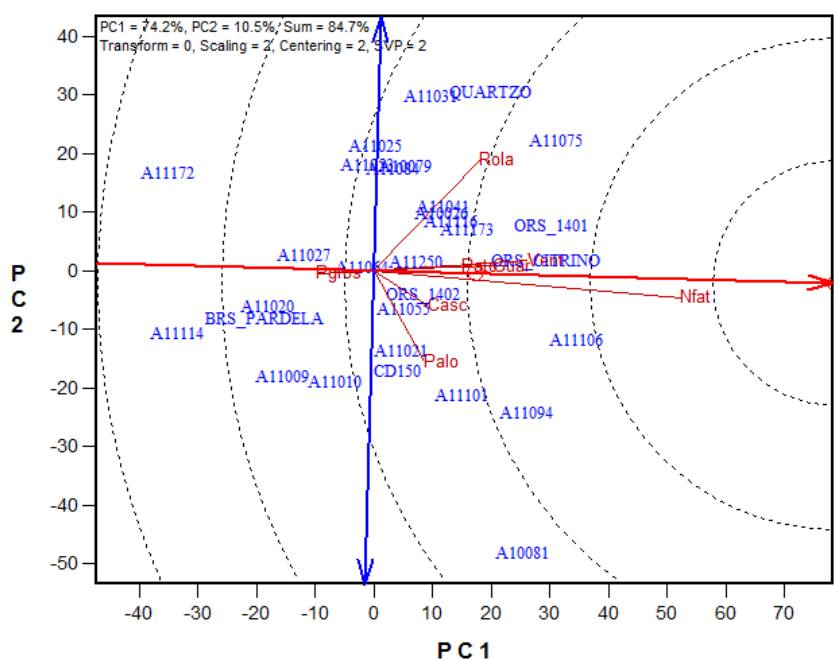


FIGURA 17. GGE *biplot* para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais do Paraná, para rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018.

Na análise dos genótipos as linhagens A11106 e A11075 mais a cultivar ORS 1401 foram os genótipos com as maiores médias de rendimento de grãos e mais próximos da cultivar ideal para estes locais (Figura 18). A linhagem A11106 contribuiu pouco para a GE e, portanto, foi estável, enquanto que a linhagem A11075 contribuiu mais para a GE e foi mais instável que ORS 1401 (Figura 17 e 18). Os demais genótipos tiveram rendimentos que se espalharam sobre toda a linha média e muitos com rendimentos bastante baixos como A11172 e A11114, enquanto A10081 foi o mais instável. (Figura18).

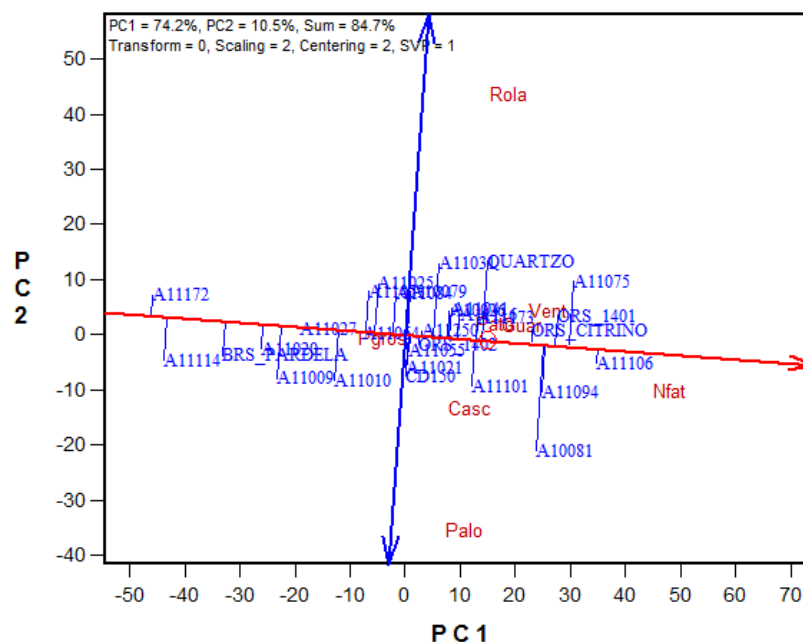


FIGURA 18. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados no Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018.

A análise de “quem-ganhou-onde” dos 8 locais do Paraná, originou um polígono dividido em 7 setores pelas linhas radiais formadas pelos genótipos A11106, A11075, Quartzo, A11031, A11172, A11114 e A10081. Os genótipos ORS Citrino e A11075 ficaram localizados muito próximos a Guarapuava e Rolândia entre as linhas 1-2 e 2-3, demonstrando adaptabilidade específica a esses locais. Nenhum local ficou localizado nos setores dos genótipos Quartzo, A11031, A11025 e A11172 entre as linhas 3-4, 4-5 e 5-6 respectivamente, significando que esses genótipos não foram vencedores em nenhum local no ano de 2014. O genótipo A11106 teve a maior média de rendimento perante todos os genótipos avaliados em 2013 e a maior média entre os genótipos localizados entre as linhas 7-1, seguido pelo genótipo A11094 localizado no setor de Cascavel e Palotina. Enquanto que o genótipo A11114 localizado entre as linhas 6-7 ficou no setor de Ponta Grossa, indicando ser adaptado a este local, além de apresentar a

maior média de rendimento quando comparado aos demais genótipos localizados entre as linhas 6-7 (Figura 19).

Os locais Pato Branco, Guarapuava, Ventania e Nova Fátima ficaram juntos no mesmo setor entre as linhas 1-2 (Figura 23) enquanto Rolândia e Ponta Grossa ficaram situados em setores diferentes, entre as linhas 2-3 e 5-6, já Cascavel e Palotina ficaram juntos entre as linhas 1 e 7. (Figura 16 e 19) indicando a variabilidade dos ambientes de 2014.

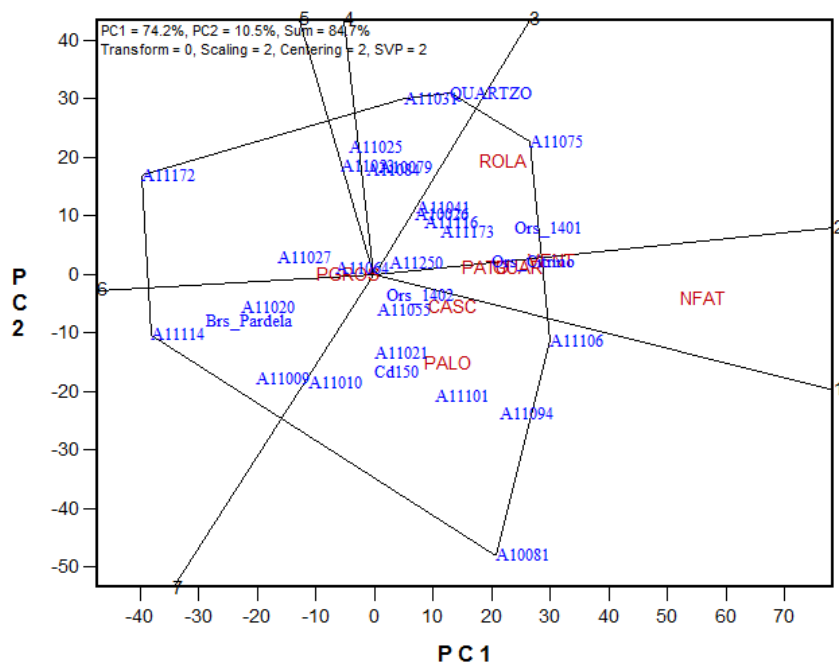


FIGURA 19. GGE *biplot* de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 8 locais do Paraná, no ano de 2014 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018.

No ano de 2015 a região 1 foi afetada por estiagem na fase reprodutiva, principalmente em Palotina. Ao contrário, os locais da região 2, altos volumes de precipitação afetaram a fase reprodutiva, desde a antese até a fase de colheita, o que contribuiu para a ocorrência de doenças foliares e de espiga aliadas ao acamamento das plantas, com conseqüente baixa média de rendimento. Guarapuava pertencente à região



3, também foi afetada pelo excesso de chuvas na fase reprodutiva, porém com menor ocorrência de acamamento.

A análise de variância de 2015 para o Paraná revelou que os efeitos de repetição dentro de locais, genótipo (G), locais (E) apresentaram variações altamente significativas a 1% de probabilidade pelo teste F. A interação genótipo com local (GE) não teve efeito significativo, demonstrando desempenho semelhante dos genótipos independente do local. O coeficiente de variação foi de 13.57% e a média foi de 3608 kg/ha. A herdabilidade média estimada (H) foi de 0.89 e a relação G/GGE foi 0.76 indicando que a interação GE foi superior ao efeito do genótipo (G). O maior valor de quadrado médio observado foi para a fonte de variação local (E), o que indica que a média de rendimento de grãos dos genótipos foi diferente entre os locais (Tabela 3). Em 2015, foi avaliado o desempenho dos genótipos nos locais Nova Fátima e Palotina que pertencem a região 1, os locais Ventania, Cascavel e Pato Branco da região 2 e Guarapuava na região 3.

Palotina e Pato Branco foram os locais com as menores médias de rendimento de grãos com 2055 kg/ha e 2868 kg/ha (Tabela 4 e Figura 24) sendo que em Palotina a baixa média foi proporcionado pela estiagem na fase de enchimento de grãos e em Pato Branco pelo excesso hídrico na fase de pré-colheita. Enquanto que Guarapuava e Cascavel apresentaram as maiores médias de rendimento, com 5437 kg/ha e 4547 kg/ha, respectivamente (Tabela 4 e Figura 20).

A análise da media vs. instabilidade para o Paraná em 2015 explicou 95.9% da variação total devido ao genótipo (G) e da interação genótipo com local (GE) conforme a Figura 20, e revela que a maioria dos locais foram instáveis, com exceção de Cascavel e Pato Branco que foram mais estáveis.

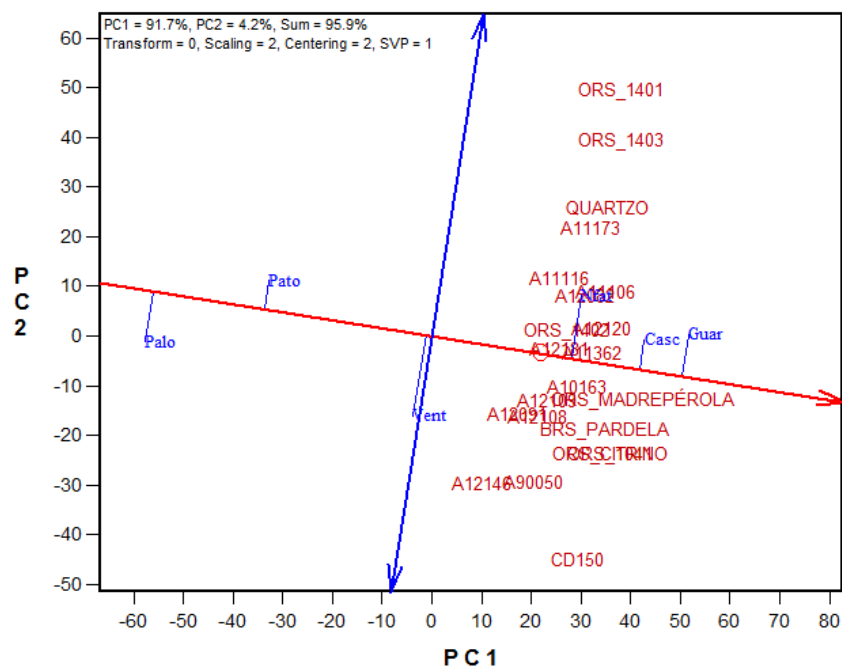


FIGURA 20. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2015. Porto Alegre, 2018.

A análise da habilidade de discriminação e representatividade é possível identificar a formação de dois grupos. O grupo 1 é formado pelos locais Ventania e Palotina e o grupo 2, por Guarapuava, Pato Branco, Nova Fátima e Cascavel. Já Guarapuava ficou bem no centro de ambos os grupos, enquanto que Nova Fátima, pelo seu vetor é o local mais discriminante e o mais próximo do local ideal de teste, Pato Branco, como nos anos de 2012, 2013 e 2014, em 2015 também é o local mais representativo. Segundo estes resultados, os melhores locais para condução de ensaios em 2015 seriam Pato Branco, Nova Fátima e Ventania, pertencentes as região 2 e 1, respectivamente (Figura 21).

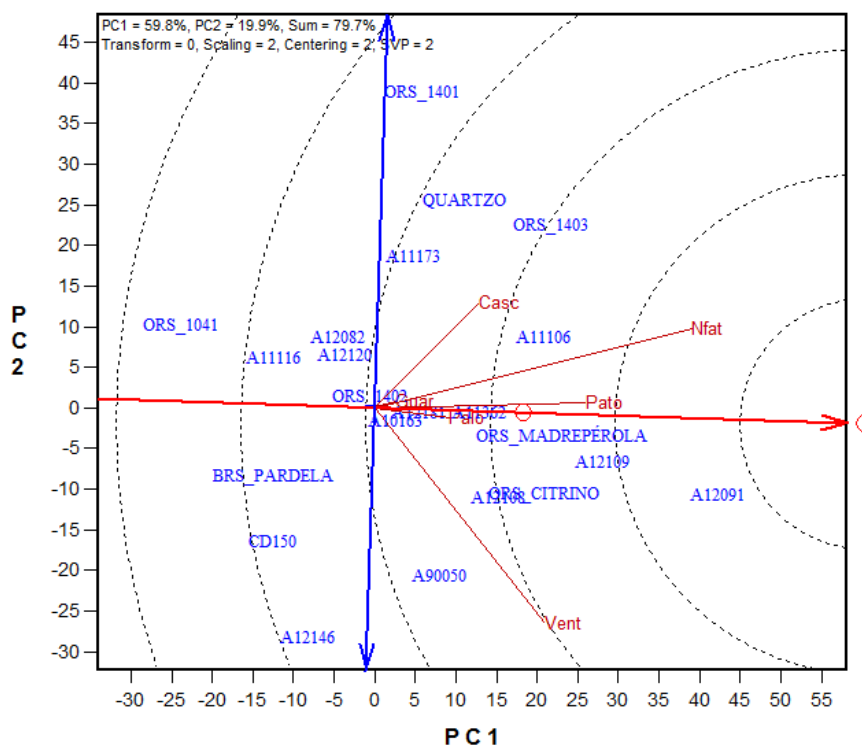


FIGURA 21. GGE *biplot* para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais do Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2015. Porto Alegre, 2018.

Na análise dos genótipos A12091, A12109 e A11106 foram os genótipos com as maiores médias de rendimento de grãos e mais próximos da cultivar ideal para estes locais (Figura 21). O genótipo A12109 contribuiu pouco para a GE e, portanto, foi estável, enquanto que os genótipos A12091 e A11106 contribuíram mais para a GE e foram mais instáveis (Figura 21 e 22).

A análise de “quem-ganhou-onde” dos 6 locais do Paraná, originou um polígono dividido em 5 setores pelas linhas radiais formadas pelos genótipos A12091, ORS 1403, ORS 1401, ORS 1041 e A12146. O genótipo A12091 localizado entre as linhas 5-1 ficou próximo ao local Pato Branco, indicando ser altamente adaptado a este local, além de apresentar a maior média de rendimento quando comparado aos demais genótipos localizados entre as linhas 5-1 e de todos os demais genótipos avaliados em 2015.

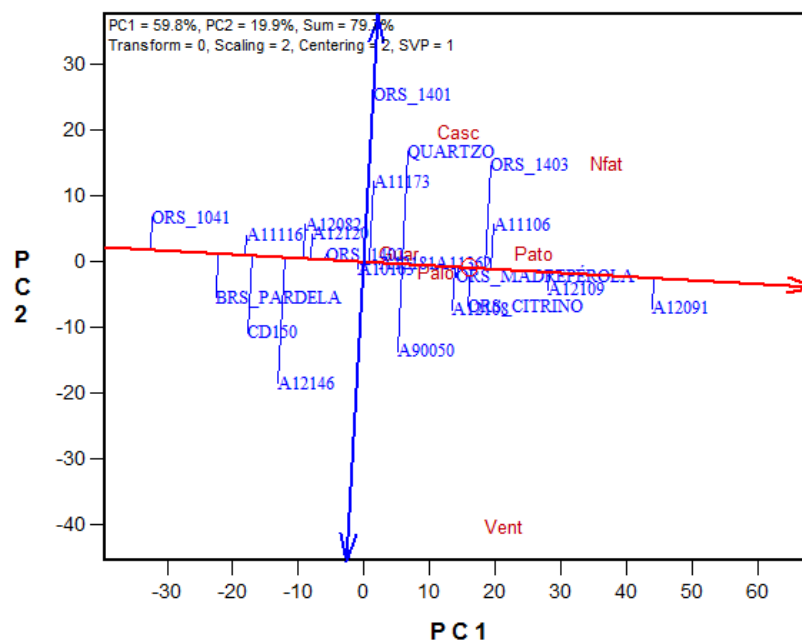


FIGURA 22. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados no Paraná, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2015. Porto Alegre, 2018.

A cultivar ORS 1403 está localizada no setor de Cascavel e apresenta a maior média de rendimento de grãos perante aos demais genótipos localizados entre as linhas 2-3. Nenhum ambiente ficou localizado nos setores dos genótipos ORS 1041 e A12146 entre as linhas 3-4 e 4-5, significando que esses genótipos não foram vencedores em nenhum local, além de ORS 1041 ser o genótipo de menor rendimento de grãos na média dos 6 locais do Paraná, no ano de 2015 (Figura 23).

Os locais Ventania, Palotina, Guarapuava, Pato Branco e Nova Fátima ficaram juntos no mesmo setor entre as linhas 5-1, ao contrário de Cascavel que ficou isolado, entre as linhas 2-3. Guarapuava apesar de ter rendimentos altos ficou colocado próximo à média (Figura 23).

Na análise geral dos resultados obtidos nos cinco anos, é possível destacar os locais que deveriam ser selecionados para teste a cada ano. Mesmo em ambientes

subtropicais e bastante variáveis, apresentando incidentes climáticos muito diferentes foi possível detectar um padrão bastante constante nos diferentes anos da interação dos genótipos com ambiente. Assim, conforme os resultados, Ponta Grossa poderia ser eliminado, por ter apresentado correlação negativa com os demais locais, conforme os resultados dos anos de 2012 a 2015 (Tabela 6).

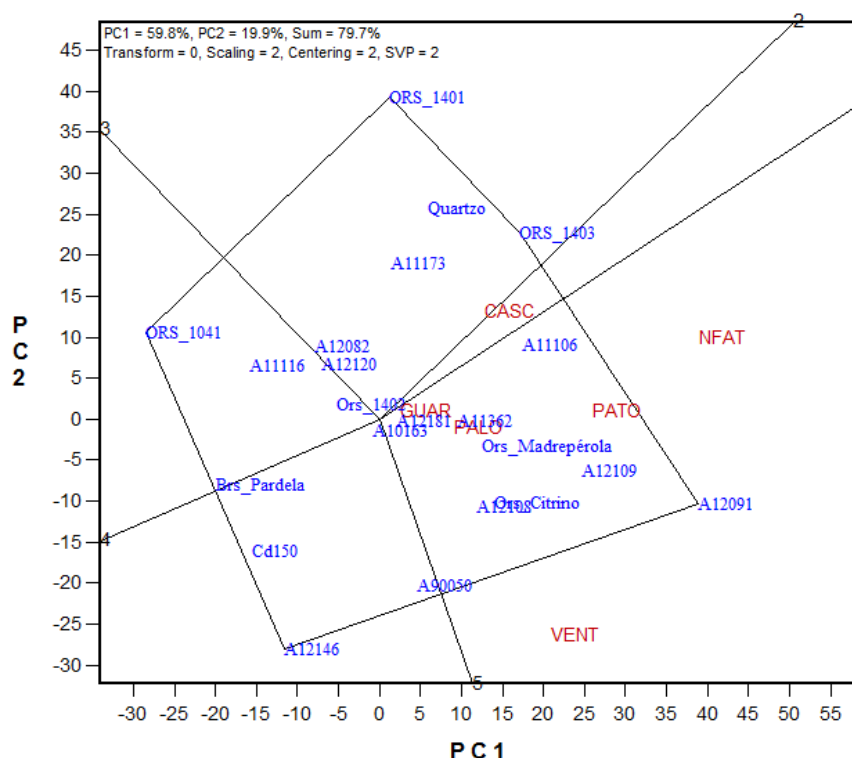


FIGURA 23. GGE *biplot* de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 6 locais do Paraná, no ano de 2015 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018.

Do mesmo modo, Apucarana, Rolândia e principalmente Palotina, demonstraram ser locais que apresentaram as menores médias de rendimento de grãos e especialmente os dois últimos não foram destaque em nenhum dos anos analisados.

Por outro lado, Pato Branco foi o local mais representativo, ou local que melhor representa a média dos ambientes entre os anos de 2012 a 2015, enquanto que Nova Fátima, na média dos anos foi o local mais discriminante.

TABELA 6. Relação dos locais selecionados para teste de VCU durante os anos de 2011 a 2015 no Paraná. Porto Alegre, 2018.

2011	2012	2013	2014	2015
Apucarana Ventania	Apucarana Ventania Nova Fátima	Ventania Nova Fátima Guarapuava Cascavel Pato Branco	Ventania Nova Fátima Guarapuava	Ventania Nova Fátima Pato Branco

Na análise de todos os anos, deveriam ser escolhidos como locais essenciais: Nova Fátima. Localizada na região 1, Ventania, localizado na região 2, considerando os anos de 2011, 2013 e 2014; Pato Branco, localizado na região 2 nos anos de 2012, 2013 e 2015; e Guarapuava localizado na região 3, em 2013, 2014 e 2015. Estes locais permitiriam a discriminação de genótipos com alto rendimento e com estabilidade. Conforme os resultados do Paraná obtidos neste trabalho seriam necessário pelo menos um local de teste para cada região o que esta de acordo com o presente zoneamento para VCU proposto por para o Paraná por Cunha *et al.* (2006) (sendo que as regiões do Paraná 1, 2 e 3 neste trabalho correspondem as regiões 3, 2 e 1 no trabalho de Cunha *et al.* (2006).

Mesmo em ambientes subtropicais altamente variáveis com condições de clima completamente diferente como o afirmado por Gonçalves *et al.* (1998), foi possível determinar um padrão da GE mais permanente. Ainda que no presente estudo os dados utilizados são oriundos de ensaios de VCU sendo balanceados dentro do local mas nem sempre balanceados entre locais e nem sempre os mesmos genótipos foram testados nos diferentes anos. Para ter mais representatividade de genótipos a análise foi realizada por ano. O enfoque deste trabalho foi na escolha de locais para teste e a análise proposta por Yan (2014) de utilizar a interação GGE (genótipo mais a interação genótipo com ambiente) se mostrou eficiente para determinar os melhores locais de teste.

Em cada ano diferentes genótipos tiveram destaques quanto ao desempenho produtivo e estabilidade, como também a adaptabilidade, devido às variações climáticas e ausência de genótipos conforme o ano e região de avaliação. Entre todos os genótipos avaliados durante os 5 anos nas 3 diferentes regiões do Paraná, foram registrados para cultivo junto ao Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) as cultivares ORS 1401, ORS 1402, ORS 1403, ORS Vintecinco, ORS Madrepérola e ORS Citrino. Sendo que ORS 1402 e ORS Vintecinco são indicados apenas para as regiões 1 e 2, dependentes de temperaturas noturnas amenas, enquanto que as demais cultivares são recomendadas para as regiões 1, 2 e 3 do Paraná, conforme Cunha *et al.* (2006). As cultivares ORS Madrepérola e ORS Citrino foram as únicas cultivares selecionadas em Ventania pertencente à região 2, mas ambas não apresentaram adaptabilidade específica para a região 2. Entre os demais genótipos avaliados, destacaram as linhagens A90050 (em 2012), A90120 (em 2013), A11106 (em 2014) e A12109 por terem tido as maiores médias de rendimento e estabilidade. Mas por não constituírem os valores desejáveis para as características qualitativas mínimas para panificação, não foram promovidas a cultivares.

Entretanto, quando poucos genótipos estão presentes em um local o mesmo tende a ser subestimado e ficar sempre próximo à média como aconteceu com Guarapuava nos anos 2011 e 2012, pelo método utilizar o ajuste dos valores para a análise. Embora o enfoque do presente trabalho não seja os genótipos, mas Yan *et al.* (2010) aconselham a exclusão dos genótipos que tiveram os menores rendimentos em praticamente todos os locais, para que as correlações genéticas entre os locais de teste mostrados sejam mais significativas. Conforme os mesmos autores, alguns pesquisadores preferem visualizar um GGE *biplot* que contenha apenas genótipos que estão entre os melhores em um ou mais locais de teste. Esta é provavelmente uma

abordagem extrema para excluir os genótipos que apresentam baixas médias de rendimento. Para Sabaghnia *et al.* (2012) o genótipo ideal é aquele que está localizado no centro dos círculos concêntricos do *biplot*, que possui alto rendimento médio e alta estabilidade, sendo assim, para o desempenho do genótipo é mais favorável se estiver mais próximo do genótipo ideal.

#### **4.1.2 Santa Catarina e Rio Grande do Sul**

Para os locais de teste nos Estados de Santa Catarina e Rio Grande do Sul foi realizada uma análise da variância por ano que esta na Tabela 7. Os resultados serão discutidos por ano a seguir.

A média de rendimento observados por local e ano estão na Tabela 8. Fica claro a grande variação nas médias por local dentro dos anos e também na media do mesmo local nos diferentes anos (Tabela 8). Na média de todos os locais os maiores rendimentos foram observados em 2011 (5381 kg) e 2013 (5095) e o menor rendimento em 2015 (2970 kg). Por outro lado as maiores médias foram observadas em Vacaria (5525 kg) e Cachoeira do Sul (5072 kg) e os menores Eldorado do Sul (3717 kg) e Canoinhas (3760 kg) (Tabela 8).

Nos 15 ambientes das regiões 4, 5, 6 e 7 de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, os valores de índice ambiental variaram de 3349 em Vacaria no ano de 2011 a -3105 em Canoinhas no ano de 2015, demonstrando a grande diversidade de ambientes entre os 5 anos avaliados. Apenas Ciríaco e Cachoeira do Sul tiveram valores de índice ambientais sempre positivos mostrando que independente do ano e dos genótipos tiveram rendimentos acima da média.



TABELA 7. Valores e significâncias dos quadrados médios (QM) da análise de variância para a característica rendimento de grãos (kg/ha) nos anos de 2011 a 2015 para os locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

FV	Santa Catarina e Rio Grande do Sul									
	2011		2012		2013		2014		2015	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Rep(E)	39	979863**	42	617701**	44	1718334**	36	1506028**	27	629965**
Genótipo (G)	57	5725506**	57	4116109**	59	6818849**	49	4977878**	29	2227374**
Locais (E)	13	194533779**	13	176210366**	14	127011279**	11	162157479**	8	137148688**
G x E	580	915339**	601	1121633**	668	907064**	438	573832**	226	639422**
Erro	1761	198032	1959	158454	2112	270467	1441	133785	765	131878**
Total	2450		2672		2897		1975		1055	
Média	5491		4175		5145		4141		2953	
CV (%)	8.10		9.53		10.11		8.83		12.30	
H	0.84		0.73		0.87		0.88		0.71	
LSD5%(GE aleatório)	870.67		895.56		929		699.82		720.98	
G/GGE(SS)	0.38		0.26		0.4		0.49		0.31	

\*\* significativo a 1% de probabilidade pelo Teste F; <sup>ns</sup> não significativo.

Ao contrário, São Borja é o único ambiente classificado como inferior entre os demais ambientes das regiões de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, apresentado valores de índice ambiental negativo em todos os anos avaliados (Tabela 9).

TABELA 8. Valores médios anuais (kg/ha) e média geral (kg/ha) dos locais avaliados nos estados de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, nos anos de 2011 a 2015. Porto Alegre, 2018.

Região	Local	2011	2012	2013	2014	2015	Média do local
4	Campos Novos	5833	2409	4183	5245	2131	3960
	Canoinhas	5244	3153	4469	4694	1238	3760
	Média	5539	2781	4326	4970	1685	3860
5	Chapecó	5621	3409	5001	4763	2578	4274
	A. Luz	3656	4175	5659	4641	-	4533
	Média	4639	3792	5330	4702	2578	4208
6	Coxilha	5797	3417	6462	4902	3882	4892
	Cruz Alta	5928	4862	6793	3474	2110	4633
	Vacaria	7692	5950	5001	5318	3665	5525
	Ciríaco	4937	5556	4959	4460	-	4978
	Média	6089	4946	5804	4539	3219	4919
7	Condor	4956	-	4872	2506	2772	3777
	São Luiz Gonzaga	4994	4147	4511	3508	3675	4167
	Cachoeira do Sul	6493	4359	5099	4730	4681	5072
	Santa Rosa	5581	4310	4888	-	-	4926
	São Borja	3924	3830	3794	-	-	3849
	Independência	4677	3750	5258	-	-	4562
	Eldorado do Sul	-	2971	5477	2705	-	3717
Média	5104	3895	4843	3362	3709	4183	
Média S. Catarina e R. G. do Sul		5381	4021	5095	4246	2970	4343

Quanto aos ambientes da região 4, tanto Campos Novos quanto Canoinhas podem representar a região, pois apresentam valores de índice ambiental semelhantes. Enquanto que na região 5, Abelardo Luz representa melhor a região e na região 6, Vacaria e Ciríaco ou Coxilha são os melhores ambientes, conforme os valores médios de índice ambiental. No mesmo sentido, Cachoeira do Sul e Santa Rosa são os ambientes que melhor representam a região 7.

Todas as 4 regiões de Santa Catarina e Rio Grande do Sul são classificadas como regiões variáveis, com anos com rendimentos acima da média e com outros anos com rendimentos abaixo da média, sendo que a região 6 destaca-se por ter apresentado valor médio negativo do índice ambiental somente em 2015 (Tabela 9).

TABELA 9. Classificação dos ambientes (CA) com seus respectivos valores de índice ambiental dos 5 anos e média de índice ambiental (MIA) das regiões de Santa Catarina e do Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

Região	Ambientes	2011	2012	2013	2014	2015	MIA	CA
4	Campos Novos	1490	-1934	-160	902	-2212	-382	Variável
	Canoinhas	901	-1190	126	351	-3105	-583	Variável
	<b>Média</b>	<b>1196</b>	<b>-1562</b>	<b>-17</b>	<b>627</b>	<b>-2658</b>	<b>-482</b>	<b>Variável</b>
5	Chapecó	1278	-934	658	420	-1765	-68	Variável
	A. Luz	-687	-168	1316	298		190	Variável
	<b>Média</b>	<b>296</b>	<b>-551</b>	<b>987</b>	<b>359</b>	<b>-1765</b>	<b>-134</b>	<b>Variável</b>
6	Coxilha	1454	-926	2119	559	-461	549	Variável
	Cruz Alta	1585	519	2450	-869	-2233	291	Variável
	Vacaria	3349	1607	658	975	-678	1183	Variável
	Ciríaco	594	1213	616	117		635	Superior
	<b>Média</b>	<b>1746</b>	<b>603</b>	<b>1461</b>	<b>196</b>	<b>-1124</b>	<b>577</b>	<b>Variável</b>
7	Condor	613		529	-1837	-1571	-566	Variável
	São Luiz Gonzaga	651	-196	168	-835	-668	-176	Variável
	Cachoeira do Sul	2150	16	756	387	338	730	Superior
	Santa Rosa	1238	-33	545			584	Variável
	São Borja	-419	-513	-549			-493	Inferior
	Independência	334	-593	915			219	Variável
	Eldorado do Sul		-1372	1134	-1638		-625	Variável
	<b>Média</b>	<b>761</b>	<b>-448</b>	<b>500</b>	<b>-981</b>	<b>-634</b>	<b>-160</b>	<b>Variável</b>
<b>Média SC + RS</b>		<b>1038</b>	<b>-321</b>	<b>752</b>	<b>-97</b>	<b>-1372</b>	<b>0</b>	<b>Variável</b>

No ano de 2011 não ocorreram anormalidades climáticas nas regiões 4, 5, 6 e 7, ou seja, tanto a média pluviométrica quanto as médias de temperaturas mínimas e máximas foram normais dentro do ciclo de cultivo.

Para o ano de 2011, os efeitos de repetição dentro de locais (Rep(E)), genótipo (G), locais (E) apresentaram variações altamente significativas a 1% de probabilidade pelo teste F. A interação genótipo com local (GE) também foi altamente significativa, demonstrando desempenho diferente dos genótipos dependente do local. O coeficiente de variação foi de 8.10%, aferindo boa precisão aos experimentos e a média foi de 5492 kg/ha. A herdabilidade média estimada (H) foi de 0.84 e a relação G/GGE foi 0.38 indicando que a interação GE foi superior ao efeito do genótipo (G). O maior valor de quadrado médio observado foi para a fonte de variação local (E), o que indica que a média de rendimento de grãos dos genótipos foi diferente entre os locais (Tabela 7). Em

2011, foi avaliado o desempenho dos genótipos nos locais Campos Novos e Canoinhas que pertencem a região 4, os locais Chapecó e Abelardo Luz na região 5, Coxilha, Cruz Alta, Ciríaco e Vacaria na região 6, Condor, São Luiz Gonzaga, São Borja, Cachoeira do Sul, Santa Rosa e Independência na região 7. Abelardo Luz e São Borja foram os locais com as menores médias de rendimento de grãos com 3656 kg/ha e 3924 kg/ha (Tabela 8 e Figura 24) devido a chuvas ocorridas na fase de pré-colheita. Enquanto que Vacaria e Cachoeira do Sul apresentaram as maiores médias de rendimento, com 7692 kg/ha e 6493 kg/ha, respectivamente (Tabela 8 e Figura 24).

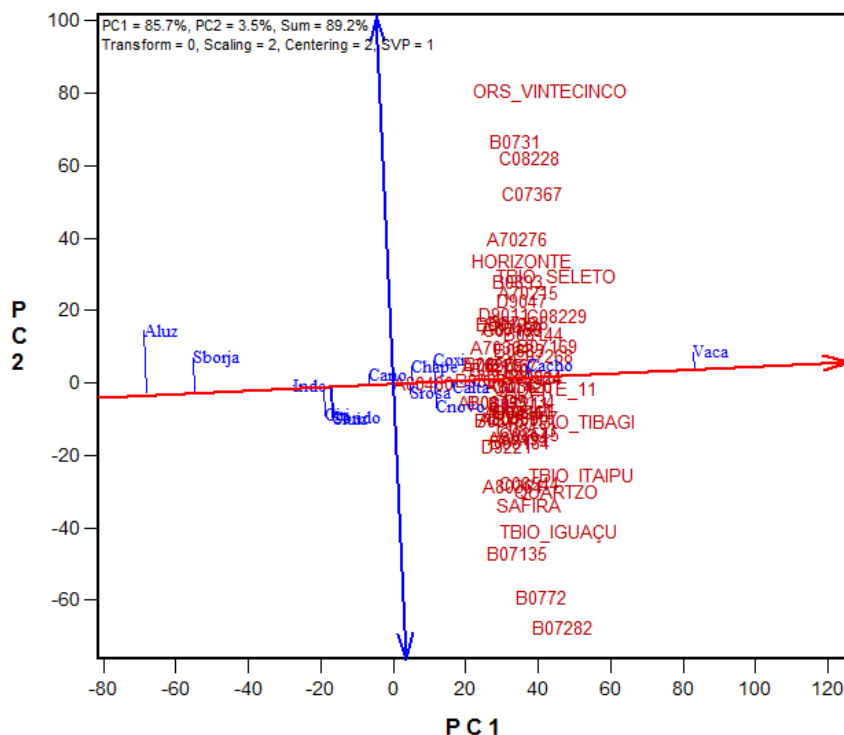


FIGURA 24. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018.

A análise da media vs. instabilidade para Santa Catarina e Rio Grande do Sul em 2011 explicou 89.2% da variação total devido ao genótipo (G) e da interação genótipo com local (GE) conforme a Figura 28, e revela que a maioria dos locais foi estáveis,

com exceção de Abelardo Luz, São Borja, São Luiz Gonzaga e Condor que foram instáveis.

Quando analisado a habilidade de discriminação vs. representatividade, todos os locais tiveram vetores médios, com exceção de Abelardo Luz, entretanto é possível identificar a formação de dois grupos. O grupo 1 é formado pelos locais Condor, Ciríaco, Vacaria, Canoinhas, Santa Rosa e Cruz Alta, já os locais Abelardo Luz, Chapecó, Independência, Cachoeira do Sul, São Luiz Gonzaga e Coxilha formam o grupo 2. Dos locais do grupo 1 Canoinhas e Vacaria estão mais próximos do local ideal para a discriminação dos genótipos e Cruz Alta apresenta o menor ângulo em relação a linha média, mas apresenta baixa herdabilidade (vetor curto). No grupo 2, Abelardo Luz é o local mais próximo do local ideal e Chapeco apresenta menor vetor mas apresenta ângulo menor em relação a linha media (Figura 25).

Em 2011 os melhores locais para a condução de ensaios seriam Canoinhas ou Vacaria, Chapecó e Abelardo Luz pertencentes às regiões 4, 6 e 5, respectivamente (Figura 25).

Quando da análise dos genótipos C08533, C08545 mais a cultivar ORS Vintecinco e C08544 foram os genótipos com as maiores médias de rendimento de grãos e mais próximos da cultivar ideal para estes locais (Figura 25). Os genótipos C08533 e C08545 contribuíram pouco para a GE e, portanto, foram estáveis, enquanto que a cultivar ORS Vintecinco e C08544 contribuíram mais para a GE e foram mais instáveis (Figura 25 e 26).

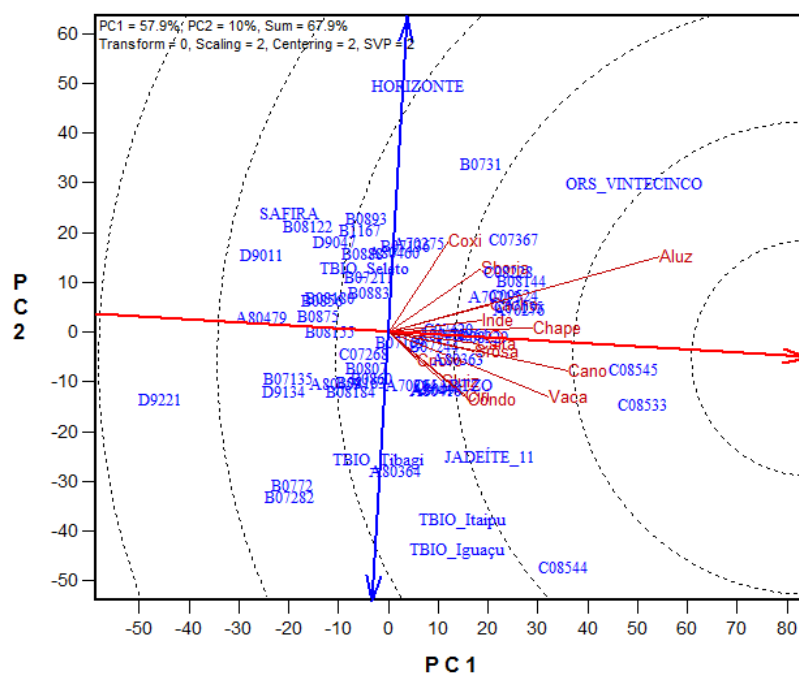


FIGURA 25. GGE *biplot* para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018.

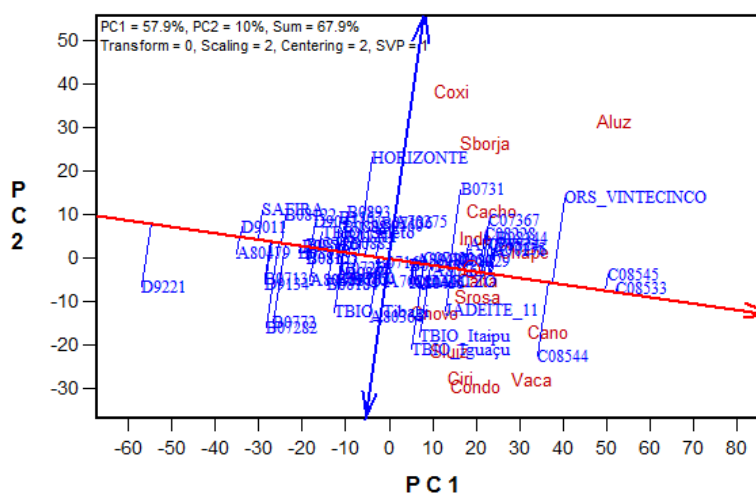


FIGURA 26. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados em Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2011. Porto Alegre, 2018.

A análise “quem-ganhou-onde” dos 14 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, originou um polígono dividido em 8 setores pelas linhas radiais formadas pelos genótipos C08533, ORS Vintecinco, Fundacep Horizonte, Safira, D9221, B07282, TBIO Iguaçu e C08544 (Figura 27). No setor entre as linhas 1-2 ficaram os locais Vacaria, Canoinhas, Santa Rosa, Cruz Alta, Chapeco e Independência e os genótipos mais adaptados a estes ambientes foram C08533 e C08545. Os locais Cachoeira do Sul, São Borja, Coxilha e Abelardo Luz, situados entre as linhas 2-3, têm a cultivar ORS Vintecinco como a de maior rendimento. Já os locais Campos Novos, São Luiz Gonzaga, Ciríaco e Condor localizados entre as linhas 8-1 tem o genótipo C08544 com a maior média perante os demais situados neste setor (Figura 27).

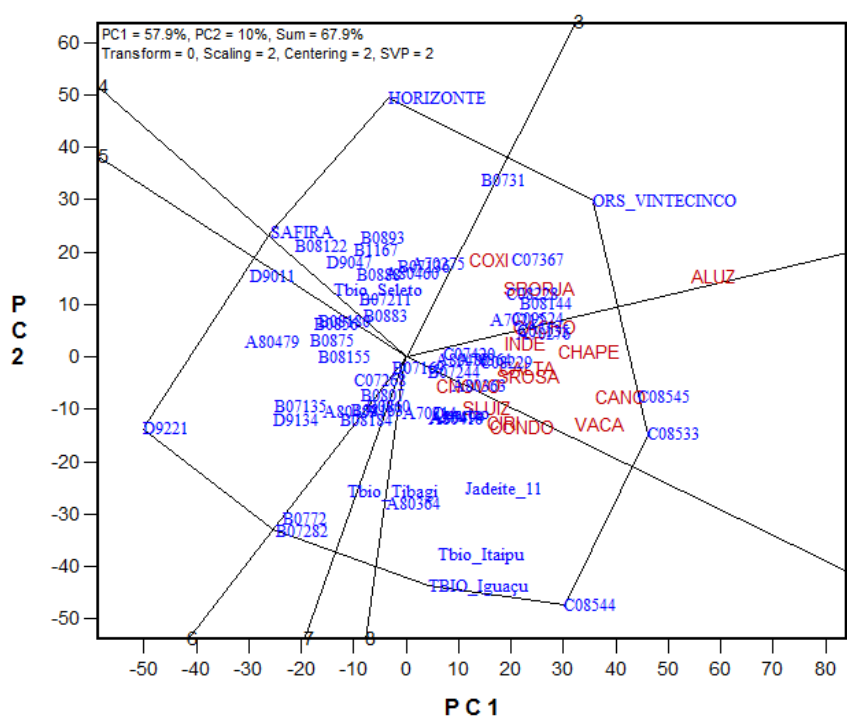


FIGURA 27. GGE *biplot* de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 14 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2011 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018.

Nenhum local ficou localizado no setor dos genótipos Fundacep Horizonte, Safira, D9221 e B07282 entre as linhas 3-4, 5-6 e 6-7 significando que esses genótipos

não foram vencedores em nenhum local. O genótipo D9221 é o genótipo com a menor média de rendimento de grãos nos 14 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2011 (Figura 27).

O ano de 2012 teve ocorrências de fenômenos climáticos atípicos quando comparado aos demais anos nas 4 Regiões pertencentes aos estados de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Assim, a partir da segunda quinzena do mês de julho até o fim do mês de agosto o perfilhamento foi afetado por uma forte estiagem, associada a elevadas temperaturas contribuindo para o florescimento precoce das plantas e baixa produção de biomassa aparente. Outro fenômeno climático ocorrido foi de geadas tardias no final do mês de setembro. De modo geral, o rendimento de grãos das 4 Regiões foi comprometido, com exceção de Vacaria, onde a semeadura ocorreu no final do mês de julho, e as geadas do final do mês de Setembro coincidiram com a fase vegetativa não afetando o rendimento de grãos.

A análise de variância no ano 2012, para as fontes de variação repetição dentro de locais (Rep(E)), genótipo (G), locais (E) apresentaram variações altamente significativas a 1% de probabilidade pelo teste F. A interação genótipo com local (GE) também foi altamente significativa, demonstrando desempenho diferente dos genótipos dependente do local. O coeficiente de variação foi de 9.53%, aferindo boa precisão aos experimentos e a média foi de 4175 kg/ha. A herdabilidade média estimada (H) foi de 0.73 e a relação G/GGE foi 0.26 indicando que a interação GE foi superior ao efeito do genótipo (G). O maior valor de quadrado médio observado foi para a fonte de variação local (E), o que indica que a média de rendimento de grãos dos genótipos foi diferente entre os locais (Tabela 7). Em 2012, foi avaliado o desempenho dos genótipos nos locais Campos Novos e Canoinhas da região 4, Chapecó, Abelardo da região 5, Coxilha,



Cruz Alta, Ciríaco e Vacaria da região 6, São Luiz Gonzaga, Cachoeira do Sul, Santa Rosa, Independência, São Borja e Eldorado do Sul pertencentes a região 7.

Campos Novos e Eldorado do Sul foram os locais com o menor rendimento de grãos com 2409 kg/ha e 2971 kg/ha (Tabela 8 e Figura 28), enquanto que Vacaria e Ciríaco apresentaram as maiores médias de rendimento, com 5950 kg/ha e 5556 kg/ha, respectivamente (Tabela 8 e Figura 28).

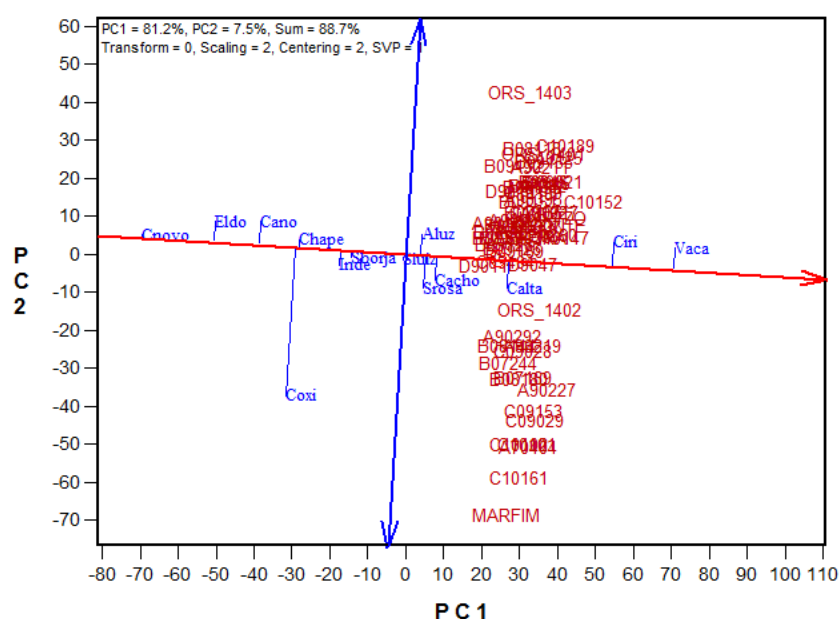


FIGURA 28. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018.

A análise da media vs. instabilidade em 2012 explicou 88.7% da variação total devido ao genótipo (G) e da interação genótipo com local (GE) conforme a Figura 28, e revela que a maioria dos locais foram estáveis, com exceção de Coxilha que foi o local mais instável.

Pela análise da habilidade de discriminação vs. representatividade é possível identificar a formação de dois grupos. O grupo 1 é formado pelos locais Coxilha, Cruz Alta, Santa Rosa, Cachoeira do Sul e São Borja, enquanto que o grupo 2 é composto

pelos locais São Luiz Gonzaga, Chapecó, Canoinhas, Vacaria, Eldorado do Sul, Abelardo Luz, Campos Novos e Ciriaco. Já Independência ficou bem no centro de ambos os grupos. Como local mais representativo, de todos os locais foi São Luiz Gonzaga, pela sua posição estar mais próxima ao eixo médio dos locais em relação aos demais locais e Coxilha por outro lado é o local que mais discrimina os genótipos instáveis pela sua contribuição a interação genótipo-ambiente (Figura 29).

Conforme os resultados, os melhores locais para a condução de ensaios, no ano de 2012 seriam Santa Rosa ou Cachoeira do Sul pertencentes à região 7 e Vacaria da região 6 (Figura 29). Por outro lado Coxilha poderia ser utilizado para eliminar os genótipos mais instáveis.

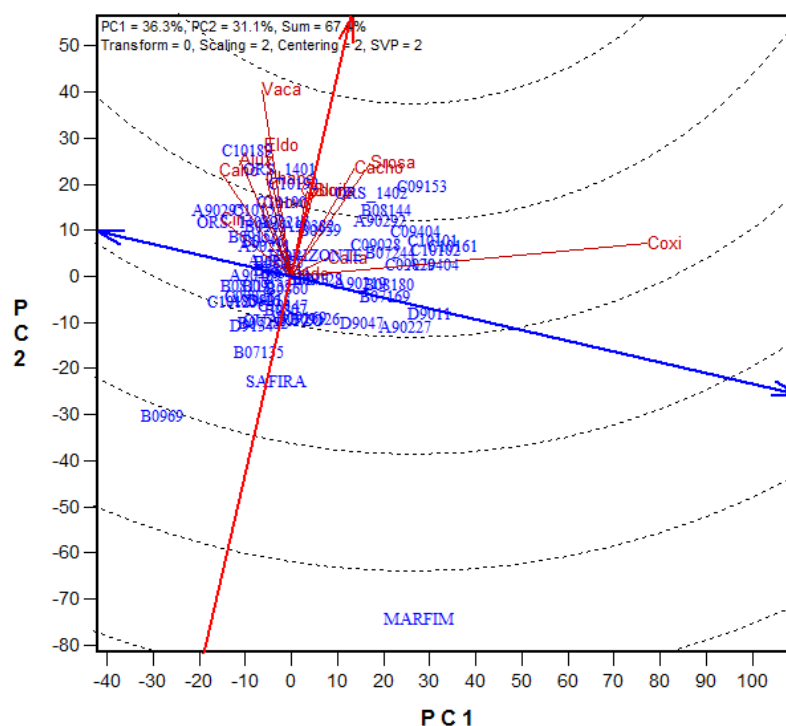


FIGURA 29. GGE *biplot* para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018.

Na análise dos genótipos C09153, C10189 e a cultivar ORS 1401 foram os genótipos com as maiores médias de rendimento de grãos e mais próximos da cultivar ideal para estes locais (Figura 30). A cultivar ORS 1401 contribuiu pouco para a GE comparada aos genótipos C09153 e C10189 e, portanto, foi estável, enquanto que C09153 e C10189 contribuíram mais para a GE e foram os mais instáveis (Figura 29 e 30). Os demais genótipos ficaram distribuídos pela linha media de rendimento, a cultivar Marfim teve baixo rendimento e alta instabilidade.

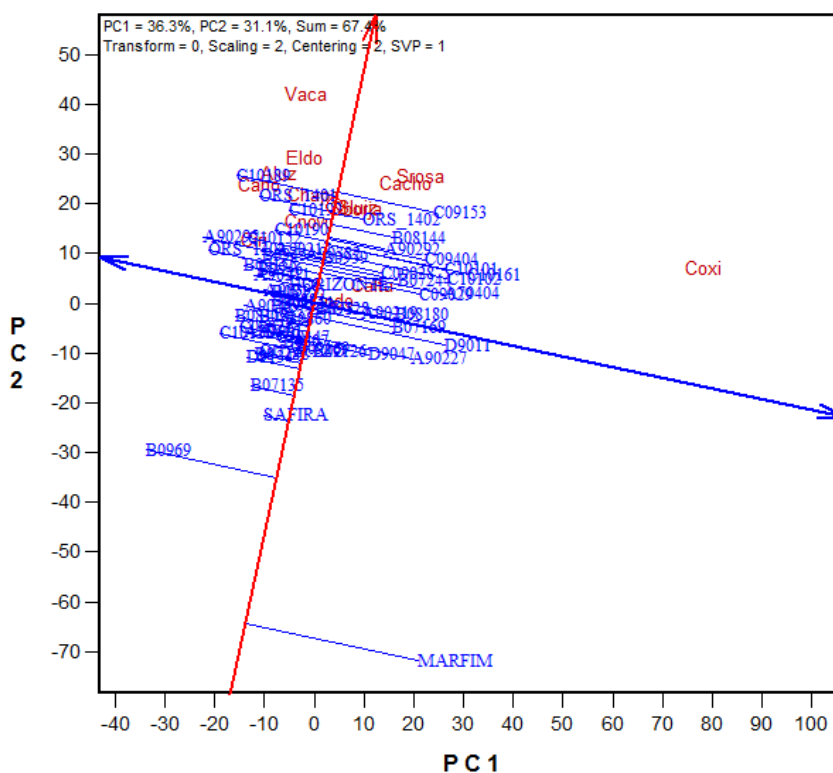


FIGURA 30. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados em Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2012. Porto Alegre, 2018.

A análise “quem-ganhou-onde” dos 14 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, originou um polígono dividido em 6 setores pelas linhas radiais formadas pelos genótipos C10161, C09153, C10189, A90295, B0969 e a cultivar Marfim. Neste ano de

2012 os locais ficaram distribuídos em 3 setores diferentes. Independência, Cruz Alta e Coxilha ficaram localizados entre as linhas 1 e 2 onde muitos genótipos tiveram rendimento semelhantes. Cachoeira do Sul, Santa Rosa e São Borja ficaram localizados entre as linhas 2-3 e o genótipo C09153 foi o de maior rendimento e mais adaptado. Os locais Vacaria, Eldorado do Sul, Abelardo Luz, Canoinhas, Chapecó, Campos Novos e Ciríaco ficaram entre as linhas 3 e 4 e o genótipo C10189 foi o mais adaptado a estes ambientes. Nenhum local ficou localizado no setor dos genótipos B0969 e Marfim localizados entre as linhas 5-6 e 6-1, respectivamente significando que esses genótipos não foram vencedores em nenhum local. A cultivar Marfim e a linhagem B0969 são os genótipos com as menores médias de rendimento de grãos em 14 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2012 (Figura 31).

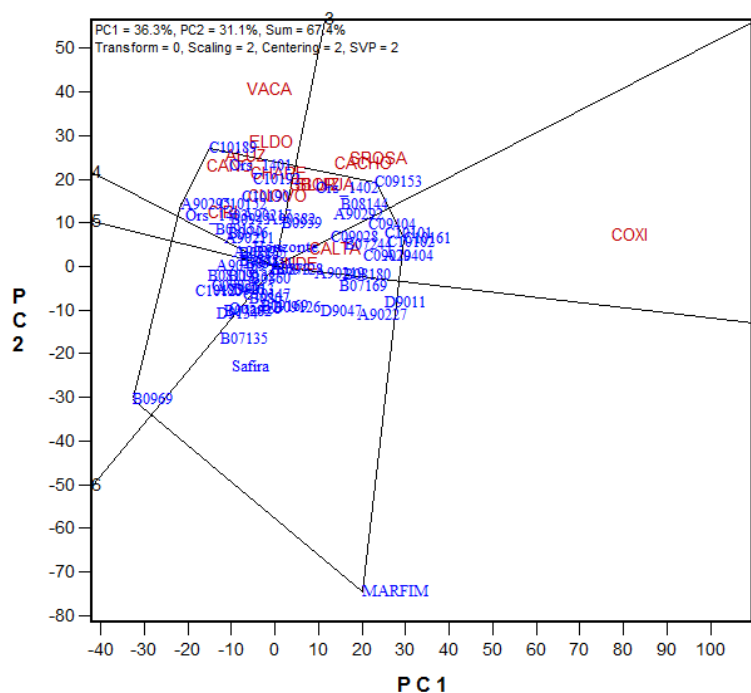


FIGURA 31. GGE *biplot* de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 14 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2012 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018.

O ano de 2013 foi destaque pelas excelentes condições climáticas consideradas ideais para o cultivo de trigo nas Regiões mais frias do Brasil. Pois a combinação de baixas temperaturas na fase vegetativa, alta incidência de luz diurna nas fases vegetativas e reprodutivas, baixa umidade do ar na fase de antese a pré-colheita, conciliando a sanidade foliar e de espiga, proporcionaram altos rendimentos.

Na análise de variância do ano 2013 para os efeitos de repetição dentro de locais (Rep(E)), genótipo (G), locais (E) apresentaram variações altamente significativas a 1% de probabilidade pelo teste F. A interação genótipo com local (GE) também foi altamente significativa, demonstrando desempenho diferente dos genótipos dependente do local. O coeficiente de variação foi de 10.11% e a média foi de 5145 kg/ha. A herdabilidade média estimada (H) foi de 0.87 e a relação G/GGE foi 0,4 indicando que a interação GE foi superior ao efeito do genótipo (G). O maior valor de quadrado médio observado foi para a fonte de variação local (E), o que indica que a média de rendimento de grãos dos genótipos foi diferente entre os locais (Tabela 7). Em 2013, foi avaliado o desempenho dos genótipos nos locais Campos Novos e Canoinhas pertencentes à região 4, Chapecó e Abelardo Luz na região 5, Coxilha, Cruz Alta, Ciríaco e Vacaria na região 6 e na região 7, os locais Condor, São Luiz Gonzaga, Cachoeira do Sul, São Borja, Santa Rosa, Independência e Eldorado do Sul.

São Borja foi o local com o menor rendimento de grãos com 3794 kg/ha (Tabela 8 e Figura 32). Ao contrário, Cruz Alta e Coxilha apresentaram as maiores médias de rendimento no ano de 2013, com 6793 kg/ha e 6462 kg/ha (Tabela 8 e Figura 32). As médias de rendimento das diferentes regiões foram: Regiões 6 com 5804 kg/ha, Região 5 com 5330 kg/ha e a Região 7 com 4843 kg/ha. e Região 4 com 4326 kg/ha (Tabela 8).

A análise da média vs. instabilidade para Santa Catarina e Rio Grande do Sul em 2013 explicou 84.9% da variação total devido ao genótipo (G) e da interação genótipo

com local (GE) conforme a Figura 32, e revela que a maioria dos locais foram instáveis, com exceção de Chapecó e Abelardo Luz que foram mais estáveis.

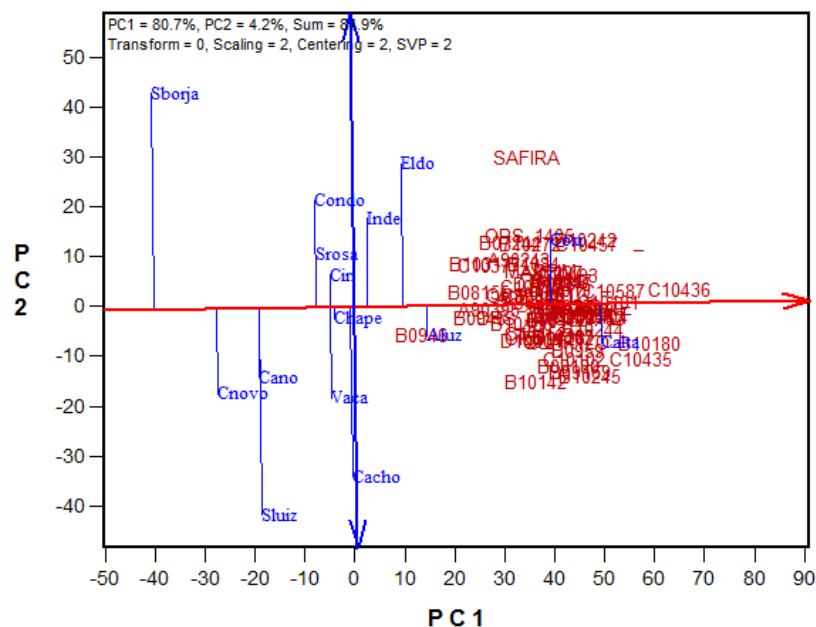


FIGURA 32. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018.

Na análise da habilidade de discriminação vs. representatividade todos os locais tem bom poder de discriminação, mas foi identificada a formação de dois grupos distintos. O grupo 1 é formado pelos locais Cruz Alta, Cachoeira do Sul, Coxilha, São Luiz Gonzaga, Campos Novos, Ciríaco, Vacaria, Canoinhas, Abelardo Luz e Chapecó. O grupo 2 é composto pelos locais Santa Rosa, Condor, Eldorado do Sul, Independência e São Borja. Os locais Ciríaco e Chapecó são os locais mais representativos e, enquanto que Abelardo Luz foi o mais discriminante. Neste ano fica evidente que um menor numero de locais poderia representar muito bem, todos os ambientes, assim, Abelardo Luz (região 5) por ser mais próximo do local ideal e mais Cruz Alta (região 6) do grupo

1, mais Chapeco (região 5) ou Santa Rosa (região 6) mais São Borja (região 7) do grupo 2 seria os preferidos (Figura 33).

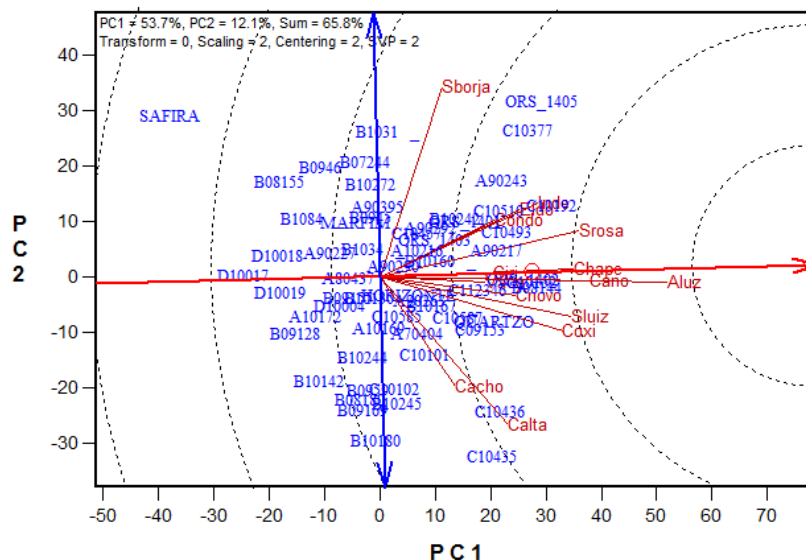


FIGURA 33. GGE *biplot* para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018.

As linhagens C10192 e C10377 mais cultivar ORS 1405 foram os genótipos com as maiores médias de rendimento de grãos e mais próximos da cultivar ideal para estes locais (Figura 37). O genótipo C10192 contribuiu pouco para a GE quando comparada aos genótipos ORS 1405 e C10377 e, portanto, foi estável, enquanto que ORS 1405 e C10377 contribuíram mais para a GE e foram os mais instáveis (Figura 38). Os demais genótipos ficaram distribuídos pela linha média de rendimento, sendo que a cultivar Safira foi a de menor rendimento e instável (Figura 34).

A análise de “quem-ganhou-onde” dos 15 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, originou um polígono dividido em 8 setores pelas linhas radiais formadas pelos

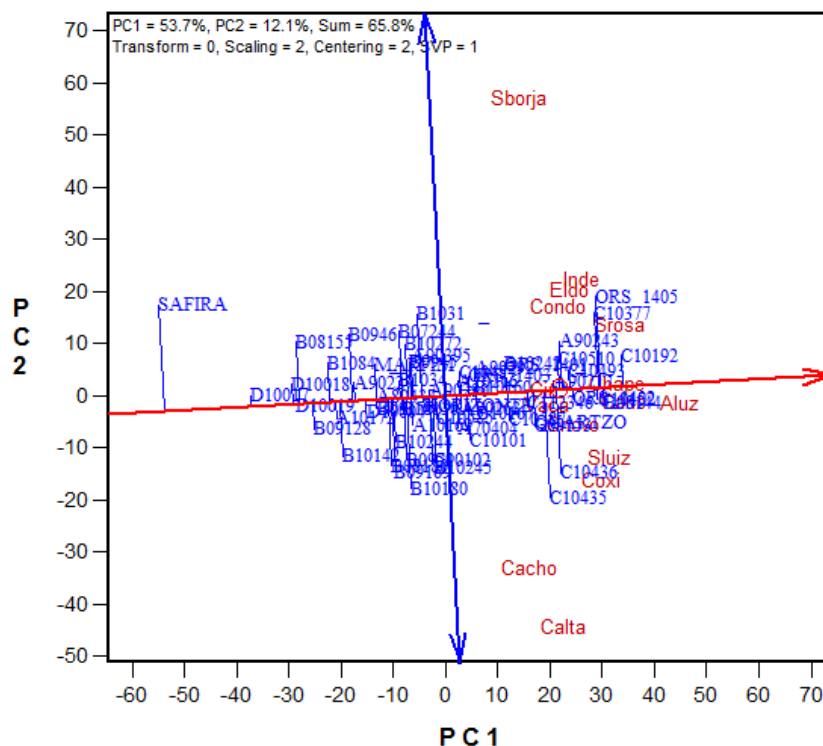


FIGURA 34. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados em Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2013. Porto Alegre, 2018.

genótipos C10192, ORS 1405, Safira, D10017, B10142, B10180 e B08144. No setor formado pelas linhas 1 e 2 não ficou localizado nenhum genótipo e somente o local São Luiz Gonzaga. Já no setor composto pelas linhas 2 e 3 ficaram os locais Vacaria, Ciríaco, Campos Novos, Chapecó, Canoinhas e Abelardo Luz e o genótipo C10192 e mais um conjunto de genótipos tiveram adaptação a estes ambientes. Os genótipos C10192, C10377 e ORS 1405 que tem as maiores médias de rendimento, quando comparados aos demais genótipos, ficaram localizados no mesmo setor, entre as linhas 3-4, que estão presentes os locais Santa Rosa, Condor, Eldorado do Sul, Independência e São Borja. O setor que estão localizados Cachoeira do Sul e Cruz Alta, entre as linhas 8-1, teve destaque o genótipo C10435.



Nos setores que estão presentes os genótipos Safira, D10017, B10142 e B10180, nenhum local ficou localizado nestes setores, indicando que esses genótipos não foram vencedores em nenhum local. A cultivar Safira e a linhagem D10017 são os genótipos com as menores médias de rendimento de grãos nos 15 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2013 (Figura 35).

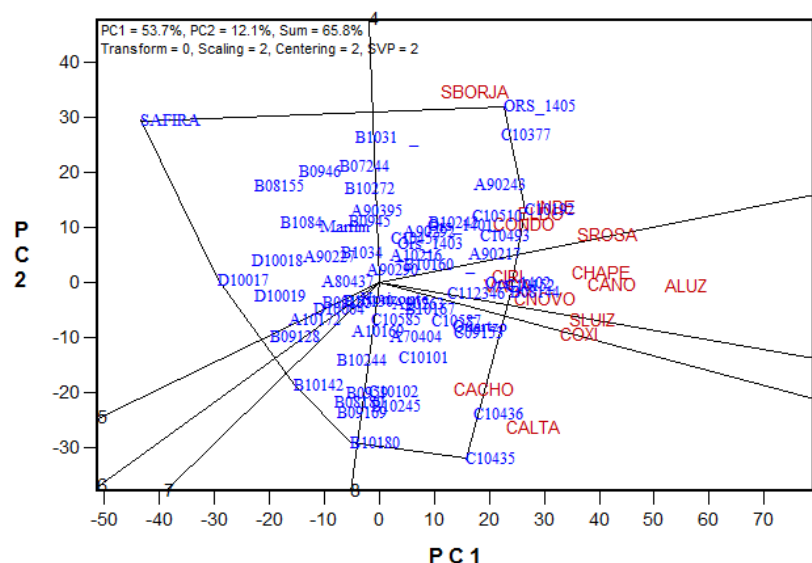


FIGURA 35. GGE *biplot* de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 15 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2013 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018.

No ano de 2014, problemas fitossanitários ocorreram principalmente nas Regiões 6 e 7, como o vírus do mosaico comum, devido a altas incidências de chuvas antes e após semeadura, associadas a baixas temperaturas. Também altas incidências de chuvas ocorreram nas fases reprodutivas e de pré-colheita, contribuindo para a incidência de doenças de espiga. Por isso as Regiões 6 e 7 foram comprometidas, e tiveram médias de 4538 kg/ha e 3362 kg/ha, enquanto que as Regiões 4 e 5 tiveram rendimentos superiores 4969 kg/ha e 4702 kg/ha, devido a não ocorrência do vírus do mosaico comum, pois as áreas de cultivo não apresentavam histórico de ocorrência

desta moléstia e a incidência de chuvas foi moderada na fase reprodutiva e de pré-colheita (Tabela 8).

A análise de variância de 2014 revelou que os efeitos de repetição dentro de locais (Rep(E)), genótipo (G), locais (E) apresentaram variações altamente significativas a 1% de probabilidade pelo teste F. A interação genótipo com local (GE) também foi altamente significativa, demonstrando desempenho diferente dos genótipos dependente do local. O coeficiente de variação foi de 8.83% e a média foi de 4141 kg/ha. A herdabilidade média estimada (H) foi de 0.88 e a relação G/GGE foi 0,49 indicando que a interação GE foi superior ao efeito do genótipo (G). O maior valor de quadrado médio observado foi para a fonte de variação local (E), o que indica que a média de rendimento de grãos dos genótipos foi diferente entre os locais (Tabela 7). Em 2014, foi avaliado o desempenho dos genótipos nos locais Campos Novos e Canoinhas pertencentes à região 4, Chapecó e Abelardo Luz na região 5, Coxilha, Cruz Alta, Ciríaco e Vacaria na região 6 e na região 7, os locais Condor, São Luiz Gonzaga, Cachoeira do Sul, e Eldorado do Sul.

Condor e Eldorado do Sul foram os locais com os menores rendimentos de grãos, com 2506 kg/ha e 2705 kg/ha (Tabela 8 e Figura 36). Ao contrário, Vacaria e Campos Novos apresentaram as maiores médias de rendimento no ano de 2014, com 5318 kg/ha e 5245 kg/ha (Tabela 8 e Figura 36).

A análise da media vs instabilidade para Santa Catarina e Rio Grande do Sul em 2014 explicou 90.4% da variação total devido ao genótipo (G) e da interação genótipo com local (GE) conforme a Figura 40, e revela que a maioria dos locais foram estáveis, com exceção de Eldorado do Sul e Condor que foram mais instáveis.

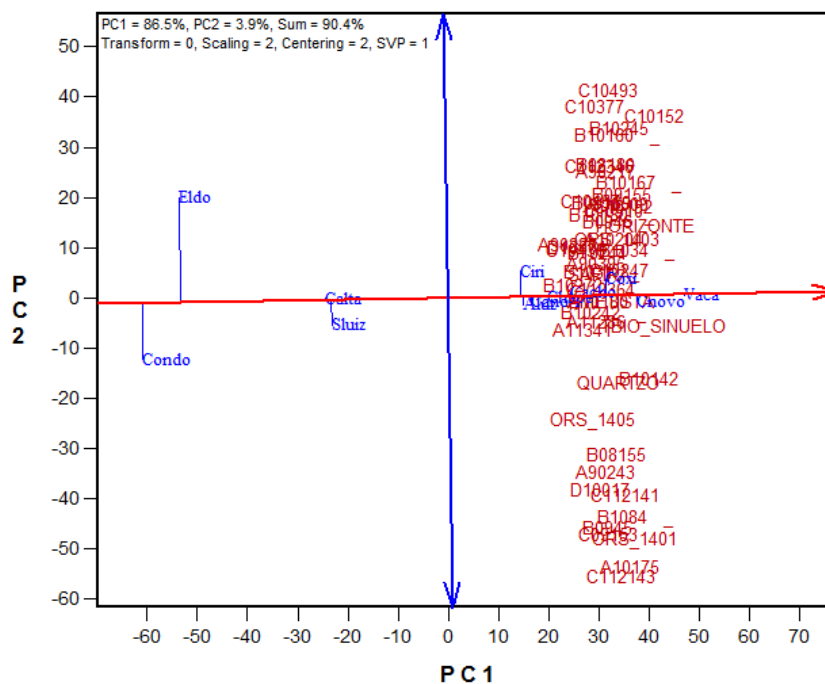


FIGURA 36. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018.

Na análise da habilidade de discriminação vs. representatividade todos os locais apresentaram poder de discriminação e foi identificada a formação de dois grupos. O grupo 1 é formado pelos locais Condor, São Luiz Gonzaga, Cruz Alta, Coxilha, Campos Novos, Canoinhas, Abelardo Luz e Chapecó, já o grupo 2 é composto pelos locais Vacaria, Cachoeira do Sul, Ciríaco e Eldorado do Sul. Vacaria destaca-se como sendo o local mais representativo e Condor o mais discriminante, comparados com os demais. Deste modo, os melhores locais para a condução de ensaios, conforme os resultados de 2014 seriam para o grupo 1 Condor (região 7) e para o grupo 2 os locais Vacaria (região 6) ou Cachoeira do Sul (região 7) e Eldorado do Sul (região 7) (Figura 37).

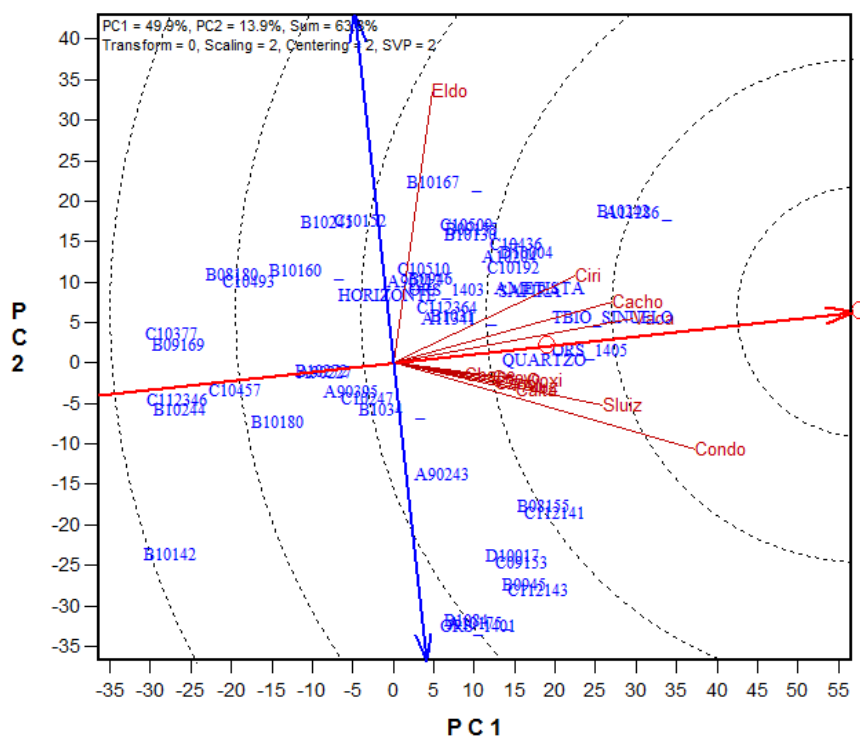


FIGURA 37. GGE *biplot* para a habilidade de discriminação vs. representatividade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018.

Os genótipos A11286, B10242, TBIO Sinuelo e ORS 1405 foram os genótipos com as maiores médias de rendimento de grãos e mais próximos da cultivar ideal para estes locais (Figura 38). As cultivares TBIO Sinuelo e ORS 1405 contribuíram pouco para a GE sendo mais estáveis quando comparada aos genótipos A11286 e B10242, que contribuíram mais para a GE e foram os mais instáveis (Figura 38).

A análise de “quem-ganhou-onde” dos 12 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, originou um polígono dividido em 8 setores pelas linhas radiais formadas pelos genótipos C12143, A11286, B10167, B10245, B08180, C10377, B10142, ORS 1401 e C112143. A análise do polígono demonstra claramente um grande grupo de locais situados no mesmo setor e locais mais contrastantes localizados distantes dos demais. No setor compreendido pelas linhas 1 e 2 ficou somente o local Condor. Os genótipos

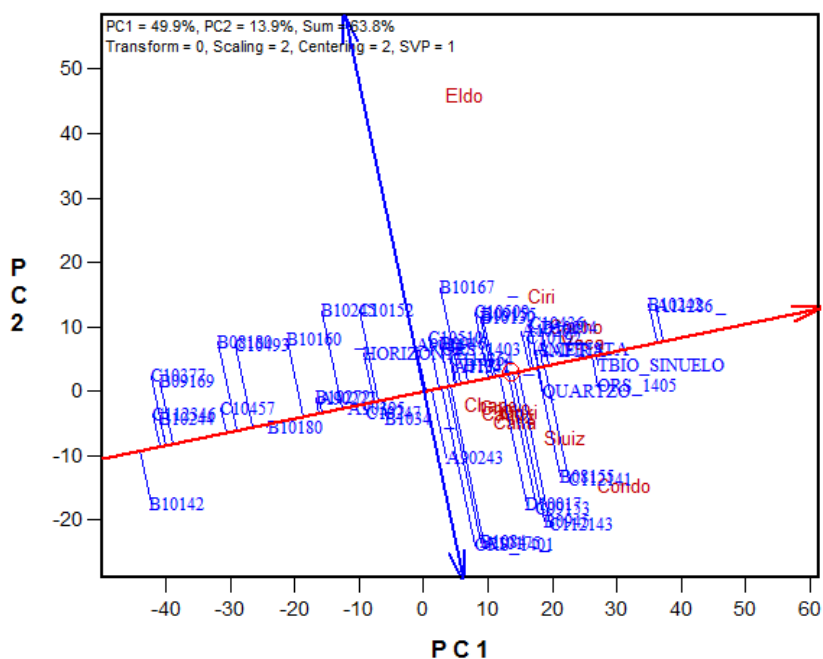


FIGURA 38. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos genótipos avaliados em Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2014. Porto Alegre, 2018.

A11286, B10242, TBIO Sinuelo e ORS 1405 que tiveram as maiores médias de rendimento, quando comparados aos demais genótipos, ficaram localizados no mesmo setor, entre as linhas 2-3, onde estão presentes os locais Campos Novos, Canoinhas, Chapecó, Abelardo Luz, Coxilha, Cruz Alta, Ciríaco, Vacaria, São Luiz Gonzaga e Cachoeira do Sul. Enquanto que o genótipo B10167 que foi o genótipo destaque entre as linhas 3-4, está localizado no mesmo setor que Eldorado do Sul.

Nos setores que estão presentes os genótipos B10245, B08180, C10377, B10142, ORS 1401 e C112143, nenhum local ficou localizado nestes setores, indicando que esses genótipos não foram vencedores em nenhum local. O genótipo B10142 teve a menor média de rendimento de grãos nos 12 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2014 (Figura 39).

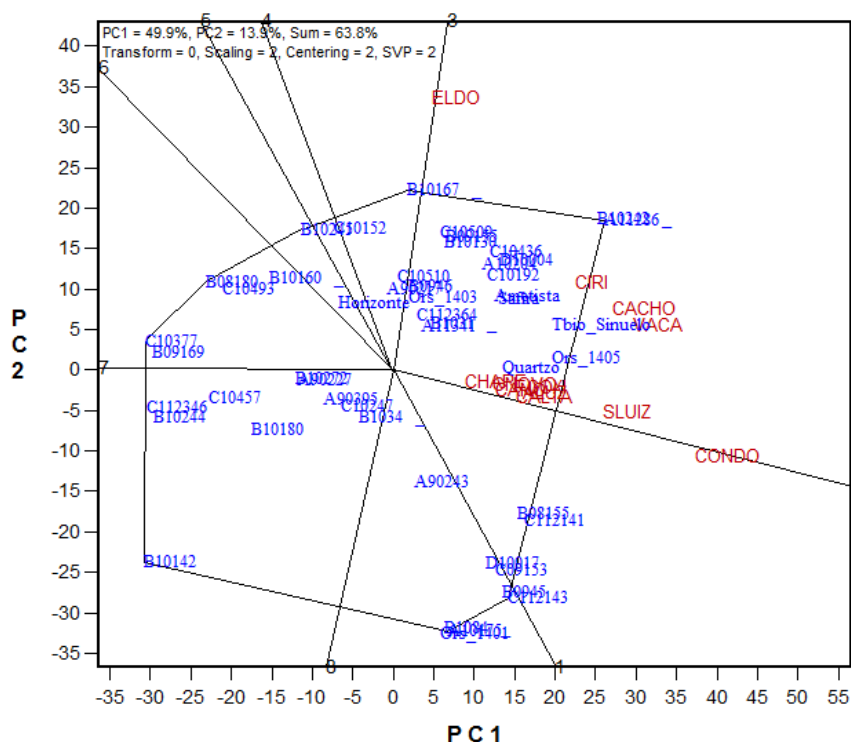


FIGURA 39. GGE *biplot* de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 12 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2014 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018.

No ano de 2015, as baixas médias de rendimento nas 4 Regiões são o resultado do efeito de geadas tardias que aconteceram no final do mês de setembro, época que os ensaio nas Regiões 4, 5 e 6 encontravam em pleno florescimento e a Região 7 no enchimento de grãos.

A análise de variância de 2015 revelou que os efeitos de repetição dentro de locais (Rep (E)), genótipo (G), locais (E) apresentaram variações altamente significativas a 1% de probabilidade pelo teste F. A interação genótipo com local (GE) também foi altamente significativa, demonstrando desempenho diferente dos genótipos dependente do local. O coeficiente de variação foi de 12.30% e a média foi de 2953 kg/ha. A herdabilidade média estimada (H) foi de 0.71 e a relação G/GGE foi 0,31 indicando que a interação GE foi superior ao efeito do genótipo (G). O maior valor de

quadrado médio observado foi para a fonte de variação local (E), o que indica que a média de rendimento de grãos dos genótipos foi diferente entre os locais (Tabela 7). Em 2015, foi avaliado o desempenho dos genótipos nos locais Campos Novos e Canoinhas pertencentes à região 4, Chapecó na região 5, Coxilha, Cruz Alta e Vacaria na região 6 e na região 7, os locais Condor, São Luiz Gonzaga e Cachoeira do Sul.

Canoinhas e Cruz Alta foram os locais com os menores rendimentos de grãos, com 1238 kg/ha e 2110 kg/ha (Tabela 8 e Figura 40). Ao contrário, Cachoeira do Sul e Coxilha apresentaram as maiores médias de rendimento no ano de 2015, com 4681 kg/ha e 3675 kg/ha (Tabela 8 e Figura 40).

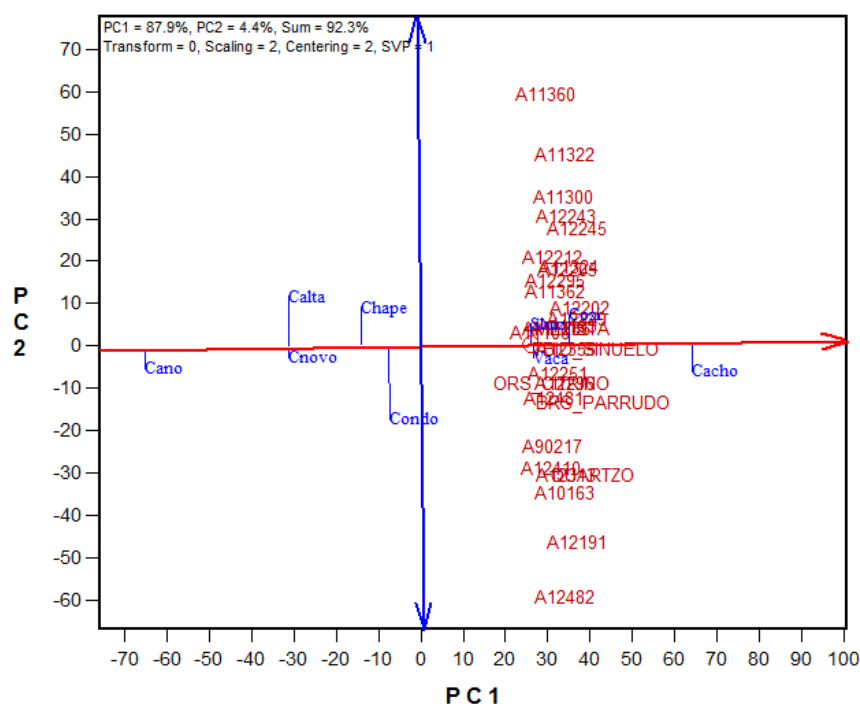


FIGURA 40. GGE *biplot* da média vs. instabilidade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2015. Porto Alegre, 2018.

A análise da media vs. instabilidade para Santa Catarina e Rio Grande do Sul em 2015 explicou 92.3% da variação total devido ao genótipo (G) e da interação genótipo

com local (GE) conforme a Figura 44, e revela que a maioria dos locais foram estáveis, com exceção de Condor, Cruz Alta e Chapecó que foram mais instáveis.

Na análise da habilidade de discriminação *vs.* representatividade nem todos os locais mostraram-se representativos e foi identificada a formação de 3 grupos pelos locais. O grupo 1 é formado pelos locais Coxilha, Vacaria, Chapecó e Cruz Alta, o grupo 2 é composto pelos locais Campos Novos, São Luiz Gonzaga e Cachoeira do Sul, enquanto que os grupos 3 formado pelos locais Condor e Canoinhas que apresentam correlação negativa com os demais. Cruz Alta foi o local mais discriminante entre os locais avaliados em 2015, enquanto que Campos Novos foi o local mais representativo de todos os locais testados (Figura 41).

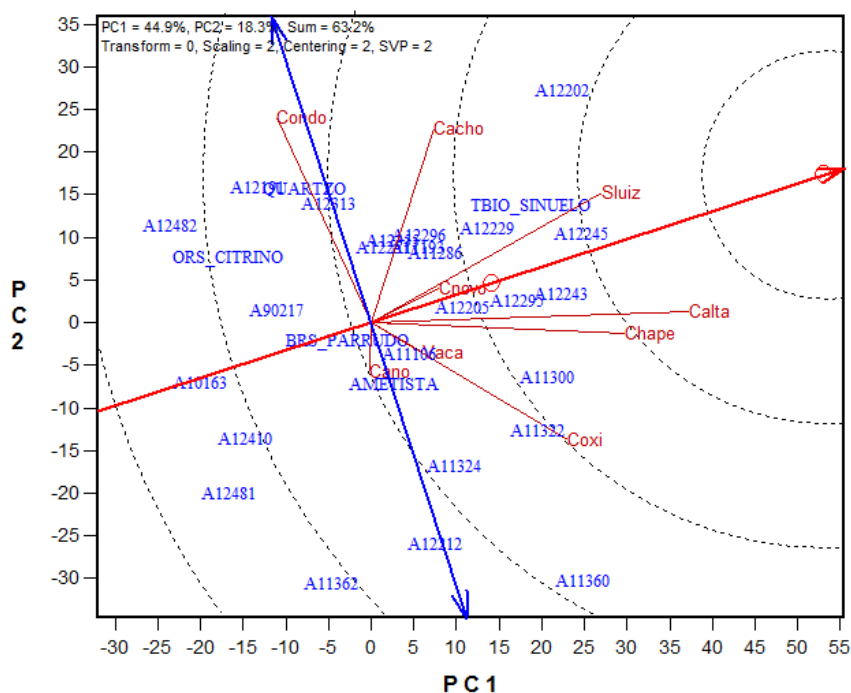


FIGURA 41. GGE *biplot* para a habilidade de discriminação *vs.* representatividade dos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, para o rendimento de grãos (kg/ha) no ano de 2015. Porto Alegre, 2018.

A escolha dos melhores locais para a condução de ensaios em 2015, seria do grupo 1 Cruz Alta e Coxilha, pertencentes a região 6 e do grupo 2 São Luiz Gonzaga e





43). Entre as linhas 1 e 2 ficou localizada Cruz Alta no setor que não teve nenhum genótipo destaque. Entre as linhas 2 e 3 ficaram localizados os locais Campos Novos, São Luiz Gonzaga e Cachoeira do Sul e os genótipos A12245 e A12202 que tiveram as maiores médias de rendimento, quando comparados aos demais genótipos. Enquanto que os genótipos A12191, A12482 e B10167 que foram destaques entre as linhas 4-5, estão localizados no mesmo setor de Condor, o genótipo A11362 localizado entre as linhas 7-8 no mesmo setor de Canoinhas e o genótipo A11360 localizado entre as linhas 8-1, onde estão localizados Coxilha, Vacaria e Chapecó. (Figura 43).

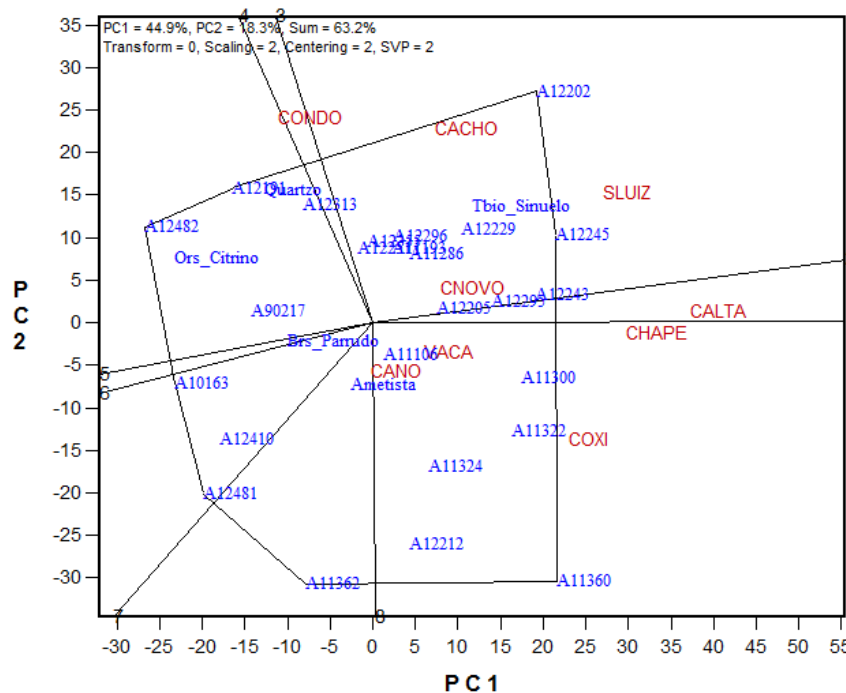


FIGURA 43. GGE *biplot* de “quem-ganhou-onde” dos genótipos avaliados nos 9 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2015 para o rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018.

Nos setores que estão presentes os genótipos A12481 e A10163, nenhum local ficou localizado nestes setores, indicando que esses genótipos não foram vencedores em nenhum local. Estes genótipos tiveram as menores médias de rendimento de grãos em alguns ou em todos os 9 locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, no ano de 2015

(Figura 43).

Destes, São Borja e Eldorado do Sul podem ser eliminados, por terem sido os locais que apresentaram as menores médias de rendimento de grãos. No mesmo sentido, Campos Novos e Canoinhas, ambos locais representantes da região 4, que também apresentaram baixas médias de rendimento de grãos. Além disso, Canoinhas e Condor apresentaram correlações negativas com os demais locais no ano de 2015 (Figura 41).

TABELA 10. Relação dos locais selecionados para teste de VCU durante os anos de 2011 a 2015 em Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

2011	2012	2013	2014	2015
Canoinhas				
Vacaria	Vacaria		Vacaria	
Chapecó		Chapecó		
Abelardo Luz		Abelardo Luz		
	Cachoeira do Sul		Cachoeira do Sul	Cachoeira do Sul
	Santa Rosa	Santa Rosa		
	Coxilha			Coxilha
		Cruz Alta		Cruz Alta
		São Borja		
			Eldorado do Sul	
			Condor	
				São L. Gonzaga

Por outro lado, os locais que apresentaram maior frequência na Tabela 10 foram Vacaria (região 6) considerando os anos de 2011, 2012 e 2014; Cachoeira do Sul (região 7) nos anos de 2012, 2014 e 2015; Seguidos de Abelardo Luz e Chapecó nos anos de 2011 e 2013 e como ambos estão na mesma região 5, um deles pode muito bem representar a região; Também, da região 6, Coxilha no ano de 2012 e 2015 e Cruz Alta nos anos de 2013 e 2015 foram superiores, com preferência para Coxilha por ser uma das sedes do programa, finalmente da região 7, dois locais foram escolhidos como preferenciais Santa Rosa nos anos de 2012 e 2013; e São Luiz Gonzaga, em 2015 um deles poderia ser escolhido, neste caso Santa Rosa por ter sido preferencial em dois

anos. Em resumo, da região 4 nenhum local se mostrou necessário, na região 5 um dos locais Abelardo Luz ou Chapeco deveria ser escolhido, da região 6 os preferencias seriam Vacaria e Coxilha, e para a região 7 Cachoeira do Sul e Santa Rosa comporiam os locais mais apropriados.

Como ocorreu com a análise do Paraná, mesmo tendo locais em dois estados (Santa Catarina e Rio Grande do Sul) e anos com diferentes episódios climáticos foi possível observar um padrão na GE. E com 5 locais de teste todos os ambientes de Santa Catarina e Rio Grande do Sul podem ser representados estando de acordo com a proposta de Cunha *et al.* (2006) e concordando com Silva e Benin (2012) que o modelo GGE permite explorar com significativa precisão a GE, favorecendo a identificação de mega-ambientes e a seleção de genótipos estáveis e adaptados a ambientes específicos e a mega-ambientes. Assim fica evidente que o programa de melhoramento de onde provieram os genótipos estava realizando experimentos em muitos locais desnecessários ou redundantes. Por outro lado, há que diferenciar os ensaios necessários para o VCU e identificação de genótipos promissores com os testes necessários para uma segura recomendação e lançamento comercial. Segundo Cooper *et al.* (2014) a correta avaliação nos ambientes favoráveis é a chave para o sucesso no melhoramento de plantas. Um local de teste "correto" em um mega-ambiente é aquele que é consistentemente representativo do mega-ambiente, ou seja, tem uma correlação genética positiva com o mega-ambiente (Yan, 2016).

Embora o enfoque deste trabalho foi no local de teste a análise com o método “quem-ganhou-aonde” permitiu identificar genótipos com adaptação específica aos diferentes locais, como destaque, ORS Vintecinco em 2011 demonstrou adaptabilidade específica em Coxilha, São Borja e Abelardo Luz (Figura 27), ORS 1401 no ano de 2012 em Chapecó, Campos Novos, Abelardo Luz, Canoinhas, Eldorado do Sul e

Ciríaco (Figura 31). No ano de 2013 a cultivar ORS 1405 teve adaptabilidade específica a São Borja, Independência e Condor (Figura 35), enquanto que no ano de 2014, ORS 1405 teve comportamento diferente do ano anterior, demonstrando adaptabilidade mais ampla (Figura 39). A linhagem A12245 foi o genótipo com a maior média de rendimento no ano de 2015 e demonstrou adaptabilidade específica para São Luiz Gonzaga, Cachoeira do Sul e Campos Novos. Por não apresentar os valores desejáveis para as características qualitativas mínimas para panificação, não foi promovida a cultivar.

As cultivares ORS Vintecinco, ORS 1401 e ORS 1405, através dos dados gerados entre 2011 a 2015, foram registradas no RNC e indicadas para cultivo nas regiões 4 e 5 de Santa Catarina e 6 e 7 do Rio Grande do Sul.

#### **4.2 Análise Mega-ambientes para Santa Catarina e Rio Grande do Sul**

Como um número limitado de genótipos participou em pelo menos 4 locais e 3 anos, foi possível realizar uma análise geral de mega-ambientes conforme (Yan *et al.*, 2010). Os resultados da análise mega-ambientes dos locais avaliados nos 5 anos de Santa Catarina e Rio Grande do Sul estão representados na Figura 44.

Através da Figura 44 de “quem-ganhou-onde” o polígono foi desenhado ligando os genótipos que estão mais afastados da origem, sendo eles: B08144, B09169, B0946, A90217 e C10152. Na análise, os vetores, com origem no centro do *biplot*, perpendiculares aos lados do polígono, dividiram o gráfico em cinco setores (Figura 44).

Os locais foram agrupados em dois mega-ambientes (Figura 44), o primeiro formado pelos locais São Borja, Ciríaco, Santa Rosa, São Luiz Gonzaga, Cachoeira do Sul, Condor, Independência, Vacaria, Eldorado do Sul, Coxilha, Cruz Alta e Abelardo

Luz e o segundo mega-ambiente formado por Campos Novos, Canoinhas e Chapecó. Parece ter havido uma separação por estado, com Santa Catarina no mega-ambiente 2 e os locais do Rio Grande do Sul no mega-ambiente 1 (com exceção de Abelardo Luz). Entretanto estes dados de forma geral ratificam as análises anuais realizadas, mostrando que Abelardo Luz é um local diferente de Santa Catarina estando mais próximo dos locais testados no Rio Grande do Sul. E mesmo os locais dentro do mega-ambiente do Rio Grande do Sul mostram redundância (Figura 44) e que é possível diminuir o número de locais sem perdas no poder de discriminação dos genótipos superiores. Estes resultados concordam plenamente que a análise de mega-ambientes permite identificar locais que representam a mesma região de adaptação e é possível dividir uma região de cultivo alvo em sub-regiões ou mega-ambientes significativos para que a interação genótipo com ambiente seja repetível entre os anos e que possa ser explorada (Yan *et al.*, 2010) para o lançamento comercial de novas cultivares. Da mesma forma nossos resultados concordam com os de Mattos (2012) que avaliou 22 genótipos de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) em 5 locais no Paraná, através da análise GGE *biplot*, e identificou a formação de 2 mega-ambientes. Também com Oliveira (2009) ao estudar a estabilidade, adaptabilidade e estratificação ambiental de 23 genótipos de milho (*Zea mays* L.) em 26 locais, obteve a formação de 2 mega-ambientes.

Por outro lado, os genótipos mostram grandes diferenças em rendimento e adaptação aos diferentes ambientes. Ainda as cultivares já lançadas comercialmente Quartzo, Horizonte e ORS 1401 mostraram adaptação ao mega-ambiente 1 enquanto que Safira não está adaptada a nenhum dos ambientes e nenhum das cultivares se mostrou melhor adaptada ao mega-ambiente 2. Estes dados tem grande implicação quanto a seleção realizada em um ou poucos ambientes ou na decisão do lançamento comercial das cultivares uma vez que linhagens apresentam adaptação ao mega-

ambiente 2 mas não as cultivares comerciais. Estes resultados confirmam a importância da delimitação do mega-ambiente, baseada em dados de vários anos, porque a repetibilidade de um padrão da interação genótipo com ambiente é a chave para a tomada de decisões que têm impactos a longo prazo (Yan *et al.*, 2010). Neste presente estudo foi constatado o tipo 2 de mega-ambiente, pois 2 diferentes mega-ambientes foram formados quando avaliados os 15 locais durante os anos de 2011 a 2015.

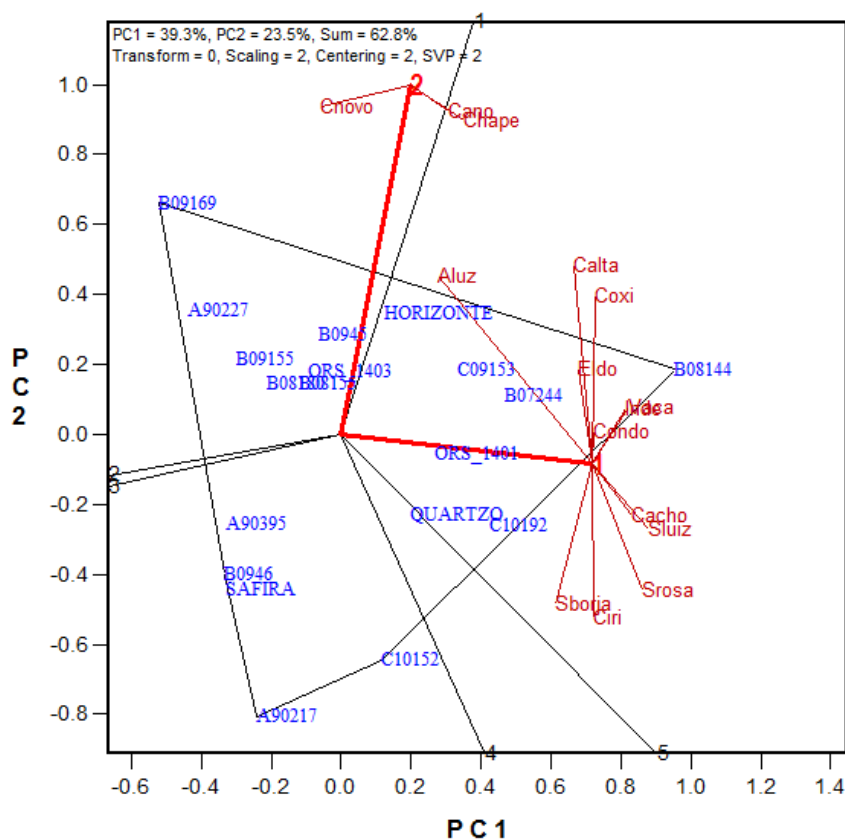


FIGURA 44. Visualização dos mega-ambientes projetados sobre “quem-ganhou-onde” do polígono GGE *biplot* de 19 genótipos avaliados em 15 locais em cinco anos para a característica rendimento de grãos (kg/ha). Porto Alegre, 2018.

Assim, o genótipo B08144 foi o melhor em Independência e Vacaria e teve bom desempenho nos demais locais do mega-ambiente 1. Os genótipos B09169, B0946, A90217 e C10152 não ficaram localizados próximos a nenhum local, indicando serem

os genótipos de menor potencial de rendimento de grãos (Figura 44).



## 5 CONCLUSÕES

1. Os genótipos do programa da empresa OR Sementes analisados neste trabalho apresentam grande variabilidade de adaptação aos diferentes ambientes de teste do Sul do Brasil.
2. Apesar das variações nos ambientes subtropicais do Brasil foi possível identificar locais essenciais para a correta classificação dos genótipos com padrões similares ao longo dos diferentes anos.
3. Os locais classificados como essenciais concordam com a classificação de ambientes de VCU para trigo proposta por Cunha *et al.* (2006).
4. Para fins de VCU a empresa estava testando mais locais que os necessários para a correta identificação de genótipos superiores e estáveis.
5. O modelo GGE *Biplot* mostrou-se adequado para a análise da importância dos diferentes locais de teste.

## 6 REFERÊNCIAS

ABITRIGO – Associação Brasileira da Indústria do Trigo. **Estatísticas**. São Paulo, 2016. Disponível em: <<http://www.abitrigo.com.br/estatisticas-trigo.php>>. Acesso em: 28 de janeiro de 2017.

ALBRECHT, J. C. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de trigo irrigado no Cerrado do Brasil Central. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 1727-1734, 2007.

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype – environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, p. 503-508, 1964.

ALLARD, V. et al. The quantitative response of wheat vernalization to environmental variables indicates that vernalization is not a response to cold temperature. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 63, n. 2, p. 847-857, 2012.

AMORIM, E. P. et al. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de trigo no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 65, p. 575-582, 2006.

ASFAW, A. et al. AMMI and GGE Biplot analysis for matching varieties onto soybean production environments in Ethiopia. **Scientific Research and Essay**, Nigeria, v. 4, n.11, p. 1322-1330, 2009.

BENIN, G. et al. Número ótimo de ensaios de competição de trigo em diferentes regiões de adaptação. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 2, p. 247-252, 2014.

BENIN, G. et al. Precisão experimental de ensaios de trigo em regiões homogêneas de adaptação. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 48, n. 4, p. 365-373, 2013.

BERTOLDO, J. G. et al. Stratification of the state of Santa Catarina in macro-environments for bean cultivation. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9 p. 335-343, 2009.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6<sup>st</sup> ed. Viçosa: Editora IFV, 2013. 523 p.

BRANQUINHO, R. G. et al. Estratificação ambiental e otimização de rede de ensaios de genótipos de soja no Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 10, p. 783-795, 2014.

BRASIL. Presidência da República. Decreto nº 5153, de 23 de julho de 2004. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, 2004a.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Legislação brasileira sobre sementes e mudas**. Brasília, DF, 2004b.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Instrução normativa nº 58, de 19 de novembro de 2008. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 2008. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/vegetal/registros-autorizacoes/registro/registro-nacional-cultivares/formularios-registro-cultivaresquisitos>>. Acesso em: 27 fev. 2015.

BROWMAN, J. C. Genotype x environment interactions. **Annales de Genetique et de Selection Animale**, Paris, v. 4, p. 117-123, 1972.

CAIERÃO, E. et al. Análise da adaptabilidade e da estabilidade de genótipos de trigo como ferramenta auxiliar na recomendação de novas cultivares. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, p. 1112-1117, 2006.

CARBONELL, S. A. M. et al. Adaptabilidade e estabilidade de produção de cultivares e linhagens de feijoeiro no Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 60, p. 69-77, 2001.

CARGNIN, A. et al. Interação entre genótipos e ambientes e implicações em ganhos com seleção em trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 41, n.6, p. 987-993, 2006.

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

CHAVES, L. J. Interação genótipos com ambientes. In: RECURSOS Genéticos e Melhoramento de Plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.

CIMMYT – International Maize and Wheat Improvement Center. **Wheat in the world**. Texcoco, México, 2014. Disponível em: <<http://wheat.org/wheat-in-the-world/>>. Acesso em: 27 fev. 2015.

COMSTOCK, R.E.; MOLL. R, H. Genotype-by-environment interactions. In: STATISTICAL genetics and plant breeding. Washington: National Academy of Sciences, National Research Council, 1963. (Publ. 982) p. 164-196.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grão**. Jan. 2016. Disponível em: <[http://www.cona.org.r/OlalaCMS/uploads/arquivos/16\\_01\\_12\\_09\\_00\\_46\\_oletim\\_graos\\_janeiros\\_2016.pdf](http://www.cona.org.r/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_01_12_09_00_46_oletim_graos_janeiros_2016.pdf)>. Acesso em: 26 jan. 2018.

COOPER, M. Predicting the future of plant breeding: Complementing empirical evaluation with genetic prediction. **Crop and Pasture Science**, Clayton, v. 65 p. 311-336, 2014.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: Ed. UFV, 2004. 480 p.

CUNHA, G. R. et al. **Regiões de adaptação para trigo no Brasil**. Passo Fundo: EMBRAPA Trigo, 2006. 10 p. (EMBRAPA Trigo. Circular técnica online, 20). Disponível em: <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/ci/p\\_ci20.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/ci/p_ci20.htm)>. Acesso em: 28 jan. 2015.

CUNHA, G. R. et al. Regiões para trigo no Brasil: ensaios de VCU, zoneamento agrícola e época de semeadura. In: TRIGO no Brasil: bases para produção competitiva e sustentável. Passo Fundo: EMBRAPA Trigo, 2011. p. 27-40.

CUNHA, G.R. et al. Caracterização bioclimática de trigos brasileiros. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2000. 12 p. (Embrapa Trigo. Boletim de Pesquisa Online, 5). Disponível: <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p\\_bo05.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_bo05.htm)>. Acesso em: 01 mar. 2018.

DE LEON, N. et al. Introduction to a Special Issue on Genotype by Environment Interaction. **Crop Science**, Madison, v. 56, p. 2081-2089, 2016.

DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipo x ambiente**: uma introdução à análise “AMMI”. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60p. (Série Monografias).

DVORÁK, J. et al. The structure of *Aegilops tauschii* genepool and the evolution of hexaploid wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, p. 657-670, 1998.

ELIAS, A.A. et al. Half a century of studying genotype by environment interactions in plant breeding experiments. **Crop Science**, Madison, v. 56, p. 2090-2105, 2016.

EL-SODA, M. et al. Genotype x environment interaction QTL mapping in plants: lessons from Arabidopsis. **Trends in Plant Science**, Cambridge, v. 19, n. 6, p. 390-398, 2014.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1981. 279p.

FELÍCIO, J. C. et al. Influência do ambiente no rendimento e na qualidade de grãos de genótipos de trigo com irrigação por aspersão no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 60, p. 111-120, 2001.

FRANCESCHI, L. et al. Métodos para análise de adaptabilidade e estabilidade em cultivares de trigo no estado do Paraná. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, p. 797-805, 2010.

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

GARBUGLIO, D. D. et al. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n.2, p. 183-191, 2007.

GAUCH, H. G. J.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science**, Madison, v. 48, n. 2, p. 866-889, 2008.

GAUCH JUNIOR, H.G. **Statistical analysis of regional yield trials**: AMMI analysis of factorial designs. New York: Elsevier, 1992. 278 p.

GAUCH JUNIOR, H. G.; ZOBEL, R. W. Identifying mega-environments and targeting genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 311-326, 1997.

GAUCH, H.G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, Madison, v. 46, n.4, p. 1488-1500, 2006.

GONÇALVES, F. M. A. et al. Importância das interações cultivares x ambientes e cultivares x anos na avaliação de milho na safrinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.7, p. 1175-1181, 2006.

GONÇALVES, S. L. et al. Regionalização para épocas de semeadura de trigo no Estado do Paraná. **Revista Brasileira de Agrometeorologia**, Brasília, v. 6, p. 239-248, 1998.

GUIMARÃES, F. S. **Sistemas de cultivo e espaçamentos em cultivares de trigo irrigado**. 2009. 45p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

GUSTAFSON, P. et al. Wheat evolution, domestication and improvement. In: **WHEAT Science and Trade**. Iowa, 2009. p. 5-30.

LAVORANTI, O. J.; DIAS, C. T. S.; VENCOVSKY, R. Estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica de progênies de *Eucalyptus grandis* via metodologia AMMI. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 44, p. 107-124, 2002.

LEV-YADUM, S.; GOPHER, A.; ABBO, S. The cradle of of agriculture. **Science**, Washington, v. 288, p. 1602-1603, 2000.

LIN, C.S.; BINNS, M.R.; LEFKOVICHTH, L.P. Stability analysis: Where do we stand? **Crop Science**, Madison, v. 26, n.5, p. 894-900, 1986.

LIN, C. S. Grouping genotypes by a clustering method directly related to genotype environment interaction mean square. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 62, p. 277-280, 1982.

MAGARI, R.; KANG, M. S. SAS Stable: stability analysis of balanced and unbalanced data. **Agronomy Journal**, Madison, v. 56, p.929-932, 1997.

MAREDIA, M. K.; WARD, R. Wheat breeding environments: a conceptual and empirical analysis. In: MAREDIA, M. K.; BYERLEE, D. **The global wheat improvement system**: prospects for enhancing efficiency in the presence of spillovers. Mexico: CIMMYT, p. 12-21, 1999.

MARIOTTI, J.A. et al. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de cana de azúcar. I. Interacciones dentro de un ambiente experimental. **Revista Agronómica del Noroeste Argentino**, San Miguel de Tucumán, v. 13, n.14, p. 105-127, 1976.

MATTOS, P. H. C. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no estado do Paraná pelos métodos AMMI e GGE Biplot**. 2012. 53p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2012.

MOTA, F.S.; GOEDERT, C. O. Características bioclimáticas dos trigos sul-brasileiros. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 4, p. 79-87, 1969.

MUNGOMERY, V. E.; SHORTER, R.; BYTH, D. E. Genotype x environment adaptation. I pattern analysis – application to soya bean population. **Australian Journal of Agricultural Research**, Victoria, Australia, v. 25, n. 1, p. 59-72, 1974.

NEGASH, A. W.; MWAMBI, H.; ZEWOTIR, T.; TAYE, G. Additive main effects and multiplicative interactions model (AMMI) and genotype main effect and genotype by environment interaction (GGE) biplot analysis of multi-environmental wheat variety trials. **African Journal of Agricultural Research**, Grahamstown, v. 8, p. 1033-1040, 2013.

NETO-FRITSCH, R. et al. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype x environment interaction stratification in maize. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n.5, p. 1043-1048, 2010.

OLIVEIRA, G. V. et al. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n.2, p. 257-265, 2006a.

OLIVEIRA, E. J. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de amendoim de porte rasteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, p. 1253-1260, 2006b.

OLIVEIRA, R. L. et al. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, p. 247-283, 2010.

OLIVEIRA, R. L. de. **Uso dos métodos AMMI e GE Biplot para Análise de adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho e estratificação ambiental**. 2009. 55p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

PACHECO, R. M. **Estratificação de ambientes em cerrados do Brasil Central para fins de seleção e recomendação de cultivares de soja**. 2004. 173p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2004.

PASCALE, A. J.; MOTA, F. S. Aspectos bioclimáticos da cultura do trigo no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 1, p. 123-140, 1966.

PEREIRA, H. S. et al. Stability and adaptability of carioca common bean genotypes in states of the central South region of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, p. 181-188, 2009.

POSSATTO JR., O. et al. Adaptability and stability of wheat genotypes on ten environments in the states of Paraná and São Paulo, Brazil. **Agrária - Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 12, n.2, p. 113-121, 2017.

PULCINELLI, C. E. et al. Experimental strategies in performing value of cultivation and use experiments for the tobacco crop II: dimension of the experimental network. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 13, p. 5541-5554, 2014.

RAJARAM, S.; VAN GINKEL, M.; FISCHER, R. A. CIMMYT's wheat breeding Mega-Environment (ME). In: INTERNATIONAL WHEAT GENETICS SYMPOSIUM, 8, 1993, Beijing. **Proceedings...** Beijing: China Agritech Publishing Press, 1993. v. 2, p. 1101-1106.

RAMALHO, M.A.P. et al. A interação genótipos por ambientes. In: APLICAÇÕES da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: Ed. UFLA, 2012. 522 p.

REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO E TRITICALE, 7., 2013, Londrina. **Informações técnicas para trigo e triticale – safra 2014**. Londrina: Fundação Meridional, 2013. 235 p.

RODRIGUES, O. et al. **Modelo para previsão de estádios de desenvolvimento em trigo**. Passo Fundo: EMBRAPA Trigo, 2011. 11p. (EMBRAPA Trigo. Circular técnica online, 5). Disponível em <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p\\_ci05.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_ci05.htm)>. Acesso em: 03 fev. 2015.

ROOZEBOOM, K.L. et al. Testing wheat in variable environments: genotype, environment, interaction effects, and grouping test locations. **Crop Science**, Madison, v. 48, p. 317-330, 2008.

SABAGHNIA, N.; KARIMIZADEH, R.; MOHAMMADI, M. Genotype by environment interaction and stability analysis for grain yield of lentil genotypes. **Žemdirbystė=Agriculture**, Kedainiai, v. 99, n. 3, p. 305-312, 2012.

SCHEEREN, P. L. et al. Melhoramento de trigo no Brasil. In: PIRES, J. L. F.; VARGAS, L.; CUNHA, G. R. **Trigo no Brasil: Bases para produção competitiva e sustentável**. Passo Fundo: EMBRAPA Trigo, 2011. p. 427-452.

SHARMA, R. C. et al. Winter Wheat Eastern European Regional Yield Trial: Identification of Superior Genotypes and Characterization of Environments. **Crop Science**, Madison, v. 54, p. 1-12, 2014.

SINEBO, W. LAKEW, B.; FEYISSA, A.. Biplot analysis of grain yield barley grown under differing management levels in years of contrasting season-end drought. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, Madison, v. 2, n. 6, p. 152-164, 2010.

SILVA, A. R.; PINTO, M. M.; AZEVEDO, D.C. **O clima do sul de Mato Grosso e a cultura do trigo**. Brasília, DF: Ministério da Agricultura – Departamento Nacional de Meteorologia, 1973. 24p. (Departamento nacional de Meteorologia. Pesquisa meteorologia, 1).

SILVA, G. O. et al. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 3, p. 494-501, 2011.

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

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

SLAFER, G. A., WHITECHURCH, E. M. Manipulating wheat development to improve adaptation. In: REYNOLDS, M. O.; ORTIZ-MONASTERIO, J. I. MCNAB, A. **Application of physiology in wheat breeding**. México, DF: CIMMYT, 2001. cap. 14, p. 160-170.

SOUZA, A. A. et al. Estabilidade e adaptabilidade do algodoeiro herbáceo no Cerrado do Mato Grosso e Mato Grosso do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, p. 1125-1131, 2006.

SOUZA, A. A. de. **Interação Genótipos x Ambientes na Cultura do Algodoeiro (*Gossypium hirsutum* L.r. *latifolium* Hutch) via Modelos de Estabilidade, Adaptabilidade e Estratificação Ambiental**. 2005. 126 p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Centro de Ciências Agrárias. Universidade Federal da Paraíba, João Pessoa, 2005.

TERASAWA JR, F.; VENCOSKY, R.; KOEHLER, H. Environment and genotype – environment interaction in maize breeding in Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, p. 17-22, 2008.

USDA – United States Department of Agriculture. **Economic Research Service**. ERC. 2016. Disponível em: <<https://www.ers.usda.gov/>>. Acesso em: 26 jan. 2018.

USDA – United States Department of Agriculture. **Wheat: Data and Analysis**. Washington, 2015. Disponível em:<<http://www.fas.usda.gov/commodities/wheat>>. Acesso em: 26 fev. 2015.

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

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

YAN, W. **Crop Variety Trials: Data Management and Analysis**. New York: John Wiley & Sons, 2014.

YAN W. GGE Biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. **Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics**, New Delhi, v.65, p. 181-193, 2011.



YAN, W. Optimal use of biplots in analysis of multi-location variety test data. **Acta Agronomica Sinica**, Pequim, v. 36, n.11, p.1805-1819, 2010.

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

YAN, W. et al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 569-605, 2000.

YAN W. et al. Identifying essential test locations for oat breeding in eastern Canada. **Crop Science**, Madison, v. 50, p. 504-515, 2010.

YAN, W.; HOLLAND, J. B. A. A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. **Euphytica**, Wageningen, v. 171, p. 355-369, 2010.

YAN, W. et al. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 643-653, 2007.

## 7 APÊNDICES

APÊNDICE 1. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais do Paraná. Porto Alegre, 2018.

<b>Ano</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Locais</b>						
2011	A60702	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A60856	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70004	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70028	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70053	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70078	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70084	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70131	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70187	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70214	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70215	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70266	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70275	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70276	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70364	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A70404	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80014	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80025	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80030	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80084	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80105	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80112	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80208	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80218	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80219	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80269	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80283	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80287	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80353	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80360	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros
	A80361	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros

Continuação APÊNDICE 1. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais do Paraná. Porto Alegre, 2018.

A80362	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
A80364	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
A80416	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
A80420	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
A80437	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
A80457	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
A80460	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
A80479	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
Ametista	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
BRS 220	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
CD 104	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
Jadeíte 11	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
ORS Vintecinco	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
Quartzo	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
Topázio	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
Turquesa	Apuc	Nfat	Palo	Vent	Casc	Guar	Pgros			
2012	A6074	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A60196	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A60292	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90021	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90026	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90048	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90050	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90059	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90072	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90078	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90080	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90120	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90132	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90144	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90149	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90150	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90161	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90165	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90168	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90189	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90236	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90238	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	Quartzo	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	CD 104	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	BRS 220	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	Topázio	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros

Continuação APÊNDICE 1. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais do Paraná. Porto Alegre, 2018.

	Turquesa	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	Ametista	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A70404	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	Jadeíte 11	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A80437	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A80368	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	ORS Vintecinco	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
2013	A6074	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A60292	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A60702	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A70404	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	Ametista	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	Topázio	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	Jadeíte 11	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90048	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90050	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90120	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90149	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90161	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90168	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90236	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A90238	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A10011	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A10026	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A10079	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A10080	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A10081	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A10086	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A10096	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A10118	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	A10128	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	Quartzo	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	CD 104	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	CD 150	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	BRS 220	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	BRS Pardela	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
	ORS Vintecinco	Apuc	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
2014	A10026	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros	
	A10079	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros	
	A10081	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros	
	A11009	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros	

Continuação APÊNDICE 1. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais do Paraná. Porto Alegre, 2018.

A11010	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11020	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11021	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11025	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11027	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11031	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11041	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11053	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11055	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11055	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11075	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11084	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11094	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11101	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
Quartzo	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
CD 150	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
BRS Pardela	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11106	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11114	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11116	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11173	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11250	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
ORS 1402	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
ORS 1401	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
ORS Citrino	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
A11064	Rola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	Pgros
2015	A11362	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	A10163	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	ORS 1401	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	ORS 1402	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	ORS 1403	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	ORS 1041	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	A11106	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	A11116	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	A11173	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	Quartzo	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	CD1 50	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	BRS Pardela	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	A90050	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	ORS Citrino	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	
	A12082	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar	

Continuação APÊNDICE 1. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais do Paraná. Porto Alegre, 2018.

A12091	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar
A12108	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar
A12109	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar
ORS Madrepérola	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar
A12120	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar
A12146	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar
A12181	Nfat	Palo	Vent	Casc	Pato	Guar

Apuc = Apucarana      Nfar = Nova Fátima      Rola = Rolândia      Palo = Palotina

Vent = Ventania      Casc = Cascavel      Pato = Pato Branco

Guar = Guarapuava

APÊNDICE 2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

<b>Ano</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Locais</b>													
2011	B1167	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	B0731	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	B07136	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	B07135	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	B0772	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	B07169	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	B07211	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	B07244	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	B07282	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	TBIO Seletor	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	C07268	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	C07367	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	C08228	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	TBIO Itaipu	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	TBIO Iguaçu	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	C07420	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	C07135	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	C08544	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	ORS Vintecinco	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	A70214	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	A70275	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	A70276	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	A70364	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	Jadeite 11	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde

Continuação APÊNDICE 2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

Quartzo	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
Safira	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
Horizonte	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
A70215	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
A80364	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
A80416	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
A80479	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
A80480	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
D9011	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
D9047	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
B0883	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
B0888	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
B0893	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
B08122	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
B08144	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
B08180	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
TBIO Tibagi	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
C08229	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
C09524	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
A80460	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
B0807	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
B0856	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
B0860	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
B0875	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde



Continuação APÊNDICE 2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

	B08155	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	B08163	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	B08184	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	C08533	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	C08545	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	A80363	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	A80459	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	A80494	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	D9134	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
	D9221	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde
2012	A70404	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90211	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90217	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90219	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90227	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90292	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90382	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90395	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B07135	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B07169	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B07244	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B07282	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B0807	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo

Continuação APÊNDICE 2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

B08118	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B08144	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B08155	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B08180	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B0860	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B09132	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B09151	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B09155	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B0945	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B0945	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B0945	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B0945	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B0946	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C09021	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C09028	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C09029	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C09153	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10101	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10102	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10125	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10147	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10152	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10161	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10189	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo

Continuação APÊNDICE 2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

C10190	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10192	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
D9013	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
D9134	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
Horizonte	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
Marfim	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
ORS 1401	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
ORS 1402	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
Quartzo	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
Safira	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
A80416	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
A90295	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
A90469	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B0873	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B0888	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B09126	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B09128	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B09169	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B0959	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B0969	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C09404	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
D9011	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
D9047	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo

Continuação APÊNDICE 2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

2013	A10169	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A10172	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A10216	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A70404	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A80437	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90217	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90227	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90243	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90263	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90290	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90292	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	A90395	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B07244	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B08144	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B08155	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B08180	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B09128	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B09155	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B09169	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B0945	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B0946	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B0959	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B10130	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	B10142	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo

Continuação APÊNDICE 2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

B10160	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B10167	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B10180	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B10242	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B10244	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B10245	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B10272	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B1031	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B1034	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
B1084	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C09153	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10101	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10102	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10152	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10192	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10377	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10435	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10436	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10457	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10493	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10510	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10585	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C10587	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
C112346	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo

Continuação APÊNDICE 2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

	D10004	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	D10017	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	D10018	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	D10019	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	Horizonte	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	Marfim	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	ORS 1401	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	ORS 1402	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	ORS 1403	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	ORS 1405	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	Quartzo	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
	Safira	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Sborja	Cacho	Srosa	Inde	Eldo
2014	C10436	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			
	C09153	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			
	C112141	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			
	C112143	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			
	C10510	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			
	C10509	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			
	C112364	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			
	C10247	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			
	ORS 1405	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			
	A90243	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			
	A10175	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			
	A10204	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo			

Continuação APÊNDICE 2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

A11286	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
Quartzo	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
TBIO Sinuelo	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
Ametista	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
Horizonte	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
D10004	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
D10017	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
B08155	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
B0945	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
B0946	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
B09155	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
B1031	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
B1034	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
B1084	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
B10130	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
B10160	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
B10167	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
B10242	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
C10192	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
C10152	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
C10493	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
C10377	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
C10457	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
C112346	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo

Continuação APÊNDICE 2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

	A90217	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
	A90227	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
	A90395	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
	ORS 1403	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
	ORS 1401	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
	Safira	Cnovo	Cano	Chape	Aluz	Coxi	Calta	Ciri	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho	Eldo
2015	A11193	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A11286	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A11300	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A11322	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A11324	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A11362	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A10163	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A12191	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A12229	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A12243	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A12245	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A12251	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A12295	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A12202	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A12205	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A12212	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A12296	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			
	A12355	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho			



Continuação APÊNDICE 2. Relação dos genótipos testados nos anos de 2011 a 2015 nos locais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2018.

A12410	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho
A12482	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho
A12313	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho
A12481	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho
A11360	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho
A90217	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho
A11106	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho
ORS Citrino	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho
Ametista	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho
Quartzo	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho
TBIO Sinuelo	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho
BRS Parrudo	Cnovo	Cano	Chape	Coxi	Calta	Vaca	Condo	Sluiz	Cacho

Cnovo = Campos Novos

Condo = Condor

Chape = Chapecó

Aluz = Abelardo Luz

Coxi = Coxilha

Calta = Cruz Alta

Vaca = Vacaria

Ciri = Ciríaco

Condo = Condor

Sluiz = São Luiz Gonzaga

Sborja = São Borja

Cacho = Cachoeira do Sul

Srosa = Santa Rosa

Inde = Independência

Eldo = Eldorado do Sul