

***Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Soja
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento***

DOCUMENTOS 446

XVII Jornada Acadêmica da Embrapa Soja Resumos expandidos

*Regina Maria Villas Bôas de Campos Leite
Larissa Alexandra Cardoso Moraes
Kelly Catharin
Editoras Técnicas*

***Embrapa Soja
Londrina, PR
2022***

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Soja
Rod. Carlos João Strass, s/n
Acesso Orlando Amaral, Distrito da Warta
CEP 86065-981
Caixa Postal 4006
Londrina, PR
Fone: (43) 3371 6000
www.embrapa.br/soja
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

**Comitê Local de Publicações
da Embrapa Soja**

Presidente
Alvadi Antonio Balbinot Junior

Secretária-Executiva
Regina Maria Villas Bôas de Campos Leite

Membros
*Claudine Dinali Santos Seixas, Edson Hirose,
Ivani de Oliveira Negrão Lopes, José de Barros
França Neto, Liliane Márcia Mertz-Henning,
Marco Antonio Nogueira, Mônica Juliani
Zavaglia Pereira, Norman Neumaier*

Supervisão editorial
Vanessa Fuzinatto Dall'Agnol

Normalização bibliográfica
Valéria de Fátima Cardoso

Projeto gráfico da coleção
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Editoração eletrônica e capa
Marisa Yuri Horikawa

1ª edição
PDF digitalizado (2022).

Todos os direitos reservados.

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Soja

Jornada Acadêmica da Embrapa Soja (17. : 2022: Londrina, PR).
Resumos expandidos [da] XVII Jornada Acadêmica da Embrapa Soja / Regina
Maria Villas Boas de Campos Leite... [et al.] editoras técnicas – Londrina:
Embrapa Soja, 2022.
155 p. (Documentos / Embrapa Soja, ISSN 2176-2937 ; n. 446).

1. Soja. 2. Pesquisa agrícola. I. Leite, Regina Maria Villas Bôas de Campos. II.
Moraes, Larissa Alexandra Cardoso. III. Catharin, Kelly. IV. Série.

CDD: 630.2515 (21. ed.)

Valéria de Fátima Cardoso (CRB 9/1188)

© Embrapa, 2022

Estratificação ambiental em ensaios de competição de híbridos de girassol na safra brasileira

OLIVEIRA, K. F. de¹; CARVALHO, C. G. P. de²; CARAFFA, M.³; FOLLMANN, D. N.⁴; GUERRA, E. P.⁵; RAMOS, N. P.⁶; AMABILE, R. F.⁷; ROSA, G. M. da⁸

¹UNOPAR, Bolsista PIBIC/CNPq, Londrina, PR, kawoliver23@gmail.com; ²Pesquisador, Embrapa Soja; ³Professor, Sociedade Educacional Três de Maio; ⁴Professor, Universidade Federal de Santa Maria; ⁵Professor, Universidade Estadual do Centro-Oeste; ⁶Pesquisadora, Embrapa Meio Ambiente; ⁷Pesquisador, Embrapa Cerrados; ⁸Professor, Universidade Federal de Santa Maria.

Introdução

A escolha adequada de uma cultivar é um dos principais componentes dos sistemas de produção. Essa escolha é dificultada quando há interação genótipos x ambientes do tipo complexa. Nesse caso, as melhores cultivares em um ambiente não necessariamente serão em outro, fazendo-se necessária a avaliação das mesmas em diferentes condições edafo-climáticas das regiões produtoras, de modo a melhor avaliar o comportamento agrônomo dessas cultivares (Dalchiavon et al., 2020; Santos et al., 2020). Por outro lado, quando não há interação genótipos x ambientes ou ela é do tipo simples, não ocorre inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental (Cruz; Carneiro, 2006) e, por consequência, não há a necessidade de realizar avaliação em vários locais.

No Brasil, a avaliação e seleção de cultivares de girassol é realizada por meio da Rede de Ensaios de Avaliação de Genótipos de Girassol, coordenada pela Embrapa e que conta com a participação de inúmeras empresas públicas e privadas (Carvalho et al., 2019; Carvalho et al., 2020). Essa rede avalia híbridos desenvolvidos por programas de melhoramento genético de várias empresas e requer tempo e elevados recursos econômicos, físicos e humanos. A identificação de padrões de similaridade de respostas de genótipos entre os ambientes disponíveis é fundamental para possibilitar o descarte de um desses ambientes e reduzir o custeio da rede, quando existe problemas técnicos ou escassez de recursos (Cruz; Carneiro, 2006).

O objetivo desse trabalho foi identificar ambientes de cultivo com padrões de similaridades de respostas de genótipos, por meio da estratificação ambiental em ensaios de competição de híbridos de girassol avaliados em diferentes locais na safra brasileira.

Material e Métodos

Foram avaliados dados de rendimento de grãos obtidos em ensaios pertencentes à Rede de Avaliação de Genótipos de girassol, coordenada pela Embrapa Soja. Os ensaios foram conduzidos na safra 2019/2020 no Espírito Santo do Pinhal (SP) (Ambiente 1), Frederico Westphalen (RS) (Ambiente 2), Guarapuava (Ambiente 3) (PR), Londrina (PR) (Ambiente 4) e Três de Maio (RS) (Ambiente 5) e na safra 2020/2021, em Guarapuava (PR) (Ambiente 6), Januária (MG) (Ambiente 7), Londrina (PR) (Ambiente 8), Santa Maria (RS) (Ambiente 9) e Três de Maio (RS) (Ambiente 10). Os híbridos avaliados foram BRS G62, BRS G63, BRS G64, BRS G65, BRS G66, BRS G67, BRS G68, BRS G69, BRS G70, BRS G71, BRS G72, BRS 323, AGUARÁ 06 e HELIO 250. Os três últimos foram avaliados como testemunhas dos ensaios.

O delineamento experimental foi o de blocos completos casualizados, com quatro repetições, sendo cada parcela constituída de quatro linhas de 6,0 m de comprimento, espaçadas de 0,7 m. As duas linhas externas e 0,5 m de cada extremidade das linhas centrais de cada parcela foram descartadas na colheita como bordaduras, obtendo-se uma área útil de 7,0 m². As semeaduras dos ensaios foram realizadas de modo manual com o auxílio de matracas, semeando 3 sementes por cova. O desbaste foi realizado 10 dias após a emergência, deixando-se uma planta por cova. Todos os tratos culturais recomendados foram realizados para possibilitar o melhor desenvolvimento das plantas, conforme Castro e Leite (2018).

As análises de variância foram realizadas para rendimentos de grãos mensurados em cada local e safra agrícola. Como nem sempre os locais de teste foram os mesmos nas duas safras agrícolas, uma análise conjunta de ambientes (local e safra agrícola específicos) foi realizada em esquema fatorial, a 1% e 5% de probabilidade. Para isto, verificou-se a existência de homogeneidade das variâncias residuais obtidas nas análises individuais de ambientes sempre que a razão entre o maior e o menor quadrado médio residual foi inferior

a sete (Pimentel-Gomes, 2009). Além disso, os ensaios que apresentaram coeficientes de variação (C.V.) superiores a 20% não foram considerados na análise conjunta (Carvalho et al., 2003; Pimentel-Gomes, 2009).

Para realizar a estratificação ambiental foi utilizado o método de agrupamento de ambientes com base no algoritmo de Lin (1982), que consistiu em estimar a soma de quadrados da interação entre híbridos e pares de locais, obtidas em nível de média de parcelas, e agrupar aqueles ambientes cuja interação foi não significativa a 1%, pelo teste F. A soma de quadrados entre genótipos (g ambientes) e n ambientes foi calculada por meio da expressão:

$$\theta(j^1 j^2 \dots j^n) = \frac{2}{n} (\theta^1 j^2 + \theta^1 j^2 + \dots + \theta^{n-1} j^n)$$

onde:

$\theta^1 j^2$ é a soma de quadrados entre genótipos e os ambientes j^1 e j^2 , calculada como $\theta^1 j^2 = \frac{1}{2} \left[d_{j^1 j^2}^2 - \frac{1}{g} (y_{\cdot j^1} - y_{\cdot j^2})^2 \right]$ e $d_{j^1 j^2}^2 = \sum (y_{j^1} - y_{j^2})$

Adicionalmente, a inclusão de novos locais a esse grupo foi realizada, quando a interação genótipos x locais foi significativa, mas do tipo simples, conforme Cruz e Castoldi (1991). Para isto, foi feita a decomposição do quadrado médio da interação em partes simples e complexa, sendo a parte complexa (C) expressa em percentagem pela seguinte fórmula:

$$C = \frac{100 \sqrt{(1-r) QMH_j QMH_{j'}}}{QMH \times L_j}$$

em que r é a correlação entre médias de um mesmo híbrido nos locais j e j' , QMH_j e $QMH_{j'}$ são os quadrados médios entre híbridos nos locais j e j' e $QMH \times L_j$ é o quadrado médio da interação entre híbridos e os locais j e j' . Incluiu-se um novo local no grupo de locais, cuja interação foi não significativa, quando a interação entre híbridos x pares de ambientes (novo ambiente e cada membro desse grupo) foi predominantemente de natureza simples, mesmo que a interação híbridos x ambientes tenha sido significativa nesse novo agrupamento.

Resultados e Discussão

Diferenças significativas ($p < 0,01$) entre genótipos e na interação genótipos x ambientes foram observadas na análise de variância conjunta para rendimento de grãos (Tabela 1), justificando a realização do estudo de estratificação ambiental para identificar possíveis ambientes de cultivo com padrões de similaridades de respostas de genótipos.

Tabela 1. Análise de variância de rendimento de grãos de híbridos de girassol avaliados em diferentes locais do Brasil, nas safras 2019/2020 e 2020/2021.

Fonte de variação	g.l.	Quadrado médio
Blocos/Ambientes	30	140.700,4
Genótipos	13	744.047,8**
Ambientes	9	1.8837.789,4**
Genótipos x Ambientes	117	367.965,4 **
Resíduo	390	83.571,2
C.V.		13,5
Média		2.140,4

Dentre as menores somas de quadrados entre genótipos e pares de locais foi a estimada para os ambientes 1 (Espírito Santo do Pinhal, SP - safra 2019/2020) e 7 (Januária, MG - safra 2020/2021) (Tabela 2), sendo constatada interação não-significativa pelo teste F ($p < 0,05$). Como houve interação não significativa entre genótipos x ambientes para esse par de locais, a avaliação em um deles já seria suficiente para o processo de seleção de híbridos na safra brasileira. Não foi possível inserir nenhum outro local neste grupo, que mantivesse a interação não significativa.

Tabela 2. Estimativas das somas de quadrados, obtidas em nível de média de parcelas, entre híbridos e pares de ambientes.

Locais ¹	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	2.155.045	739.553	1.156.144	783.221	973.622	418.086	306.173	1.131.428	1.025.657
2		2.138.807	2.123.702	3.708.699	2.121.503	2.208.491	2.118.207	2.759.670	2.389.442
3			1.566.073	722.832	1.219.036	160.471	867.184	633.502	819.067
4				2.308.525	585.723	1.093.248	843.682	862.486	589.847
5					1.799.051	579.222	813.324	1.249.025	1.602.071
6						658.960	938.549	1.049.223	675.302
7							533.974	547.720	521.728
8								704.862	981.848
9									630.934

¹ Ambiente: (1) Espírito Santo do Pinhal (SP) - safra 2019/2020, (2) Frederico Westphalen (RS) - safra 2019/2020, (3) Guarapuava (PR) - safra 2019/2020, (4) Londrina (PR) - safra 2019/2020, (5) Três de Maio (RS) - safra 2020/2021, (6) Guarapuava (PR) - safra 2020/2021, (7) Januária (MG) - safra 2020/2021, (8) Londrina (PR) - safra 2020/2021, (9) Santa Maria (RS) - safra 2020/2021 e (10) Três de Maio (RS) - safra 2020/2021.

Outro par de ambientes cuja interação entre genótipos x ambientes foi não significativa foi o que incluiu os ambientes 1 (Espírito Santo do Pinhal, SP - safra 2019/2020) e 8 (Londrina, PR - safra 2020/2021). Contudo, houve interação significativa o ambiente 1 e Londrina (PR), na safra 2019/2020 (Ambiente 4). Assim, não se pode descartar um desses locais na análise, pois houve mudança no comportamento dos genótipos frente a mudanças ambientais ocorridas entre safras agrícolas. O mesmo ocorreu entre Januária (MG) (Ambiente 7) e Guarapuava (Ambientes 3 e 6).

Foi verificado ainda a possibilidade de incluir outros locais nos grupos formados, cuja interação foi não significativa (ambientes 1 e 7, ambientes 1 e 8 e ambientes 3 e 7), quando a interação entre híbridos x pares de ambientes (novo ambiente e cada membro desse grupo) foi predominantemente de natureza simples, mesmo que a interação híbridos x ambientes tenha sido significativa nesse novo agrupamento. A Tabela 3 mostra a porcentagem da parte complexa em relação ao total da interação genótipos x pares de ambientes, estimada pela decomposição do seu quadrado médio (Cruz; Castoldi, 1991). Valores acima de 100% ocorreram nos casos em que a correlação das médias dos genótipos em dois ambientes foi negativa, conforme Cruz e Carneiro (2006).

Considerando o agrupamento dos ambientes 1 e 7, somente o ambiente 2 (Frederico Westphalen, RS - safra 2019/2020) apresentou interação simples com o ambiente 7 (32% de parte complexa), mas o ambiente 2 apresentou interação predominantemente complexa (55,5%) com o ambiente 5. Assim, o ambiente 2 não pode ser incluído no agrupamento dos ambientes 1 e 7. Considerando o agrupamento 1 e 8, todos os ambientes apresentaram interação predominantemente complexa (valores acima de 50%) com o ambiente 1 ou 8, não sendo possível serem inseridos nesse agrupamento. O mesmo ocorreu com o agrupamento com os ambientes 3 e 7).

Tabela 3. Valores percentuais da parte complexa resultantes da decomposição da interação entre híbridos e pares de ambientes.

Ambientes ¹	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	55,8	104,1	78,4	89,1	97,5	73,2	61,1	105,8	113,7
2		53,4	70,9	102,0	64,0	32,0	58,2	81,0	66,7
3			97,1	85,6	111,4	21,6	105,9	76,2	103,1
4				119,0	53,7	52,4	64,1	68,1	48,0
5					124,1	55,6	89,1	103,4	126,2
6						60,2	93,7	93,3	78,8
7							74,1	44,6	73,1
8								80,5	106,4
9									76,0

¹ Ambiente: (1) Espírito Santo do Pinhal (SP) - safra 2019/2020, (2) Frederico Westphalen (RS) - safra 2019/2020, (3) Guarapuava (PR) - safra 2019/2020, (4) Londrina (PR) - safra 2019/2020, (5) Três de Maio (RS) - safra 2020/2021, (6) Guarapuava (PR) - safra 2020/2021, (7) Januária (MG) - safra 2020/2021, (8) Londrina (PR) - safra 2020/2021, (9) Santa Maria (RS) - safra 2020/2021 e Três de Maio (RS) - safra 2020/2021.

Exceto para Espírito Santo do Pinhal (SP) (Ambiente 1) e Januária (MG) (Ambiente 7), a estratificação ambiental indicou que os híbridos avaliados nas safras 2019/2020 e 2020/2021 na Rede de Ensaios de Genótipos de Girassol, coordenada pela Embrapa Soja, mostraram comportamentos diferenciados nos locais de teste. Mesmo assim, para reduzir os custos da Rede, a avaliação no Espírito Santo do Pinhal (SP) ou em Januária (MG) pode ser suficiente na análise do desempenho produtivo de híbridos cultivados na safra brasileira.

Conclusão

A estratificação ambiental pode identificar locais com padrões de similaridades de respostas de genótipos, quando avaliados na safra brasileira.

Referências

- CARVALHO, C. G. P. de; OLIVEIRA, K. F. de; AMABILE, R. F.; GODINHO, V. de P. C.; OLIVEIRA, A. C. B. de; RAMOS, N. P.; CARVALHO, H. W. L. de; CARVALHO, L. M. de; BRIGHENTI, A. M. **Informes da avaliação de genótipos de girassol 2019/2020 e 2020**. Londrina: Embrapa Soja, 2020. 62 p. (Embrapa Soja, Documentos, 434).
- CARVALHO, C. G. P. de; OLIVEIRA, M. F. de; ARIAS, C. A. A.; CASTIGLIONI, V. B. R.; VIEIRA, O. V. V.; TOLEDO, J. F. F. de. Categorizing coefficients of variation in sunflower trials. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 3, p. 69-76, 2003.
- CARVALHO, C. G. P. de; VILAS BOAS, C.; AMABILE, R. F.; GODINHO, V. de P. C.; OLIVEIRA, A. C. B. de; RAMOS, N. P.; CARVALHO, H. W. L. de; CARVALHO, L. M. de; BRIGHENTI, A. M. (ed.). **Informes da avaliação de genótipos de girassol 2018/2019 e 2019**. Londrina: Embrapa Soja, 2019. 87 p. (Embrapa Soja, Documentos, 421).
- CASTRO, C. de; LEITE, R. M. V. B. de C. Main aspects of sunflower production in Brazil. **Oilseeds & fats Crops and Lipids (OCL)**, v. 25, p. 2-11, 2018.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585 p.
- CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipo x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v. 38, p. 422-430, 1991.
- DALCHIAVON, F. C.; SILVA, W. J. C. da; HIOLANDA, R.; VICARI, F. R.; CARVALHO, C. G. P. de. Agronomic performance of sunflower hybrids in the mid-northern region of Mato Grosso, Brazil. **Journal of Agricultural Science**, v. 12, p. 182-188, 2020.
- LIN, C. S. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean-square. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 62, p. 277-280, 1982.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: Fealq, 2009. 451 p.

SANTOS, I. G. dos; CARNEIRO, V. Q.; SANT'ANNA, I. de C.; CRUZ, C. D.; CARVALHO, C. G. P. de; BORBA FILHO, A. B.; ALVES, A. D. Factor analysis and GGE biplot for environmental and genotypic evaluation in sunflower trials. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 1, p. 29-40, 2020.