

# MELHORAMENTO DE PRECISÃO

*Aplicações e perspectivas  
na genética de plantas*

**RAFAEL TASSINARI RESENDE  
CLAUDIO BRONDANI**

Editores Técnicos



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Embrapa Arroz e Feijão  
Ministério da Agricultura e Pecuária*

## **Melhoramento de Precisão**

Aplicações e perspectivas na genética de plantas

Rafael Tassinari Resende  
Claudio Brondani

**Editores Técnicos**

*Embrapa  
Brasília, DF  
2023*

Germano Martins Ferreira Costa-Neto, Rafael Tassinari Resende, Roberto Fritsche-Neto, Alexandre Bryan Heinemann

## Introdução

A tipagem de ambientes, ou simplesmente *ambientipagem*, consiste na ciência de dados que abrange a coleta, o processamento e a interpretação de informações ambientais, assim como a quantificação de seu efeito em processos biológicos de um dado organismo ou de múltiplos organismos, ou ainda, na interação entre eles (Costa-Neto et al., 2021a; Costa-Neto; Fritsche-Neto, 2021; Resende et al., 2021). O termo *ambientipagem* consiste numa tradução direta da palavra “*envirotyping*” (Cooper et al., 2014; Xu, 2016), do inglês *environment* (ambiente) e de seu sufixo *typing* (tipificação, tipagem). Pode ser aplicado em diversos níveis do Dogma Central da Biologia (DNA → RNA → Proteína → Fenótipo), cobrindo também diversas dimensões físicas, tais como o ambiente nuclear e intracelular, passando pelo nível de tecido e órgão vegetal (por exemplo, raiz, caule ou folhas), até atingir o nível de organismo (planta). Tais níveis contemplam a fisiologia do organismo e como ele interage com o ambiente, em termos de expressão gênica, epigenética e os campos vinculados a produção de metabólitos, hormônios e possíveis interações com outros organismos (como por exemplo, a microbiota do solo).

Apesar de válidas, tais tipificações adentram outros campos de estudo, sobretudo na ótica das “multiômicas”, as quais serão contempladas em outros capítulos deste livro. Neste capítulo, o foco será na identificação e análise dos componentes ambientais que afetam o conjunto de plantas em que são realizados experimentos agrícolas ou observações em populações naturais, tais como florestas e lavouras. Na prática, o manejo da terra e das condições do solo, assim como o rendimento da colheita e outros fatores relacionados à produção agrícola são amplamente estudados no campo da Agricultura de Precisão. Isso envolve o uso de mapas de solo e de dados históricos

## ■ Melhoramento de precisão: aplicações e perspectivas na genética...

de cultivo para entender a variabilidade espacial dentro de determinada região ou lavoura. No contexto da ambientômica, o endereçamento geográfico também está presente nas inferências, sendo um dos principais objetivos o mapeamento dos melhores materiais genéticos para cada local (ou pixel), levando em consideração toda gama de características ambientais que influenciam na expressão fenotípica das culturas.

No melhoramento de plantas, a caracterização dos padrões ambientais em redes de ensaios experimentais tem sido o maior gargalo – mas também o campo com maiores avanços. Nesse contexto, pesquisadores buscam utilizar a ciência de dados ambientais para estabelecer relações entre os resultados de seus experimentos, assim como sua inter-relação com as possíveis populações de ambientes-alvo de um programa de melhoramento. É importante destacar que realizar técnicas ambientômicas com poucos locais é o mesmo que realizar análise de genômica amostrando-se poucos materiais genéticos (Resende et al., 2022). Para se capturar boa parte da variação ambiental incidente sob os genótipos, é importante se lançar mão de uma boa gama de locais com diferentes gradientes ambientais e suas interações, proporcionando melhor compreensão das interações Genótipos-Ambientes ( $G \times A$ ) e, conseqüentemente, maior precisão na seleção de materiais genéticos com desempenho superior em cada ambiente-alvo. Além disso, a inclusão de mais locais e gradientes ambientais também pode revelar a existência de respostas adaptativas específicas a cada ambiente, o que pode ser explorado pelos programas de melhoramento para aumentar a eficiência e efetividade da seleção de genótipos superiores (Costa-Neto et al. 2021b). A tipagem ambiental não deve ser vista como uma etapa isolada, mas sim como uma parte integrante desde a fase inicial de planejamento até a etapa final de lançamento das novas cultivares.

A ambientômica é uma ferramenta interessante para entender a interação entre organismos e seu ambiente em diferentes níveis. Embora as tipificações de ambiente sejam importantes, elas estão se tornando cada vez mais complexas, com a crescente demanda por estudos multiômicos (Sarzaeim et al., 2023). Neste capítulo, o foco será na tipagem e análise de condições ambientais em populações de plantas e em estudos de agricultura de precisão e redes de ensaios experimentais. Pesquisadores estão usando ciência de dados ambientais para estabelecer relações entre os resultados dos experimentos e as possíveis populações de ambientes-alvo de um programa de melhoramento. Com o desenvolvimento contínuo da tecnologia e das técnicas de análise de dados, a ambientômica continuará sendo

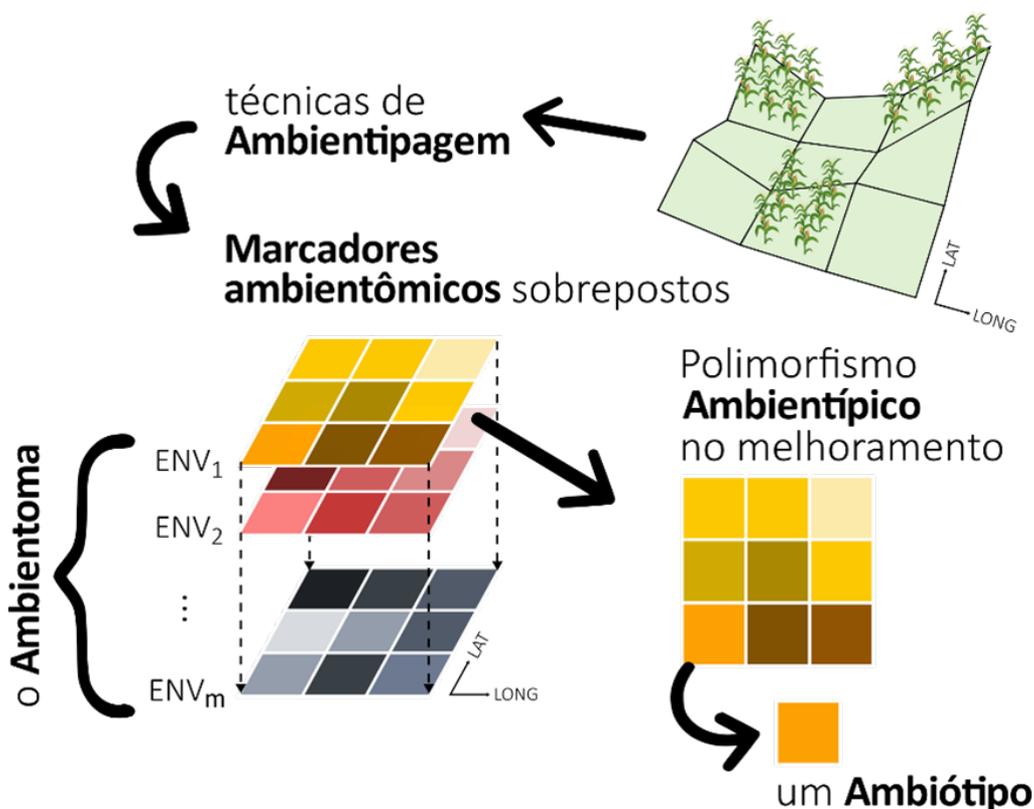
uma ferramenta essencial para entender a interação entre materiais genético e ambientes.

## Termos da “Ambientômica”

Para um melhoramento genético de plantas eficaz, é fundamental entender a interação entre fatores genéticos e ambientais. O ambiente fornece as condições necessárias para a expressão adequada dos genes de uma planta, assim como a genética é responsável por sua constituição. Fazendo uma analogia, a ambientômica é o estudo de toda gama de fatores ambientais que afetam o crescimento e o desenvolvimento das plantas, enquanto a genômica se concentra no conjunto completo de genes de uma planta. A ambientipagem busca identificar os fatores ambientais mais importantes para o desenvolvimento da planta, enquanto a genotipagem identifica seus genes. Assim, o ambientoma se refere ao conjunto completo de fatores ambientais que influenciam uma planta, assim como o genoma é o conjunto completo dos genes responsivos pelo seu desenvolvimento.

Na Figura 1 é mostrada uma visualização compreensiva dos conceitos de Ambientômica, em que o ambiótipo é a constituição ambiental do local de desenvolvimento da planta, enquanto a combinação de múltiplos ambiótipos no contexto da interação Genótipos por Ambientes ( $G \times A$ ) irá formar um “polimorfismo” ambientípico influente na plasticidade fenotípica dos materiais genéticos plantados. A ambientômica e a ambientipagem são ferramentas essenciais para o estudo e a melhoria das condições ambientais de crescimento das plantas, enquanto a genotipagem e o genoma permitem o manejo dos genes importantes para o melhoramento genético.

Pode-se, então, definir o conceito de *Ambientômica* (do inglês *Enviromics*), primeiramente introduzido no melhoramento genético por Resende et al. (2019), no preambular *preprint* postado na bioRxiv, mais tarde publicado na *Theoretical and Applied Genetics* – Resende et al. (2021), como a análise da ambientipagem em larga escala (de alto desempenho), uma ciência também pioneiramente trabalhada por Costa-Neto et al. (2021a) em abordagens inéditas de ambientômica + genômica. Pode também ser vista como a ciência que estuda o *ambientoma* (conjunto de fatores ambientais) e, sob a ótica de pertencer a uma “ômica”, expande-se as perspectivas, a fim de desempenhar uma caracterização ambiental visando estabelecer uma associação global entre o ambiente atual, presente e o futuro, considerando múltiplas localidades, manejos, épocas de plantio, cenários ambientais e genótipos.



**Figura 1.** Termos de Ambientômica ancorados em um ambiente de geoprocessamento (nesta figura, é mostrada uma área terrestre com nove pixels ilustrativos). Marcadores ambientômicos podem amplamente ser obtidos por meio de modernas técnicas de ambientipagem (por exemplo, tendência temporal do clima, características físico-químicas do solo, variações da paisagem ou tratamentos fitotécnicos) e, posteriormente, gerados por meio de geoinformática. Um conjunto exaustivo desses marcadores compõe o ambientoma. Um possível valor que um marcador ambientômico pode assumir é chamado de ambiótipo, e tais ambiótipos combinados compõem a variação polimórfica ambientípica do marcador ambientômico.

Fonte: Adaptado de Resende et al. (2021).

No entanto, apesar de ser baseada em um conjunto de ciências aplicadas, tais como sensoriamento (*in situ* ou remoto), sistemas de informação geográfica (SIG) e modelagem estatístico-computacional, a ambientômica é um campo cujo desenvolvimento teórico ainda se faz necessário, baseando-se em aspectos interdisciplinares que englobam os campos da (eco)fisiologia vegetal, ciência de solos, agrometeorologia, agronomia e fitopatologia, entre outros (Costa-Neto et al., 2021a; Costa-Neto; Fritsche-Neto, 2021; Crossa et al., 2021).

## O Que é “Ambiente”?

Na seção anterior abordou-se os conceitos gerais que caracterizam o campo da Ambientômica, mas, no entanto, não se especificou um dos conceitos mais importantes: *o que é ambiente?* Sob o ponto de vista da (eco)fisiologia vegetal, sabe-se que todos os processos de crescimento, desenvolvimento e reprodução vegetal são direcionados pelo ambiente (Bilings, 1952). No entanto, de forma genérica, o conceito de ambiente pode ser detalhado como o *conjunto de fatores* nos quais o indivíduo (ser vivo) está inserido. Esses fatores (biofísicos) definem as *circunstâncias* nas quais está sujeito um dado organismo. Tais circunstâncias podem ser descritas como um *saldo do balanço entre a demanda e a disponibilidade de recursos* para execução dos processos biológicos, assim como seu consumo para a constituição dos componentes celulares e ativação de diversas funções moleculares, como controle da expressão gênica (Shelford, 1931; Taylor, 1934). Por serem *organismo-específico*, são, portanto, dependentes de fatores do próprio indivíduo (sua genética e epigenética), dos quais sua regulação ao longo de seu ciclo de vida varia em magnitude entre os diversos estágios de desenvolvimento.

Em termos práticos (e experimentais), o termo “ambiente” também tem sido usado para designar uma combinação de um certo local (geográfico), época de plantio (ano, dia, mês) e manejo cultural (por exemplo, nível de fertilizante, irrigação). Tal definição, embora simplista, resume o conjunto de fatores ambientais numa única “variável” categórica, não discriminando possíveis variações temporais ao longo do ciclo de crescimento. Maiores detalhes sobre esse tópico serão dados nas próximas seções.

No campo de estudo da genética e evolução, é possível apontar que o estudo da influência do ambiente sobre o fenótipo tem sido reconhecido desde o trabalho de Jean-Baptiste Lamarck (1744-1829). Inicialmente, acreditou-se que as variações ambientais forçariam os organismos a expressarem características que lhes confeririam adaptação e sobrevivência. Atualmente, no advento da epigenética, ecofisiologia e ambientômica, sabe-se que tais afirmações não estão longe da realidade. Outra reinterpretação de conceitos sob a ótica da ambientômica pode ser obtida olhando os trabalhos de Charles Darwin (1809-1882), que demonstrou que as modificações fenotípicas que diferenciam espécies são consequências do processo de evolução e adaptação em nível populacional. Em outras palavras: pressões ambientais implicariam em diferenciação (que mais tarde seria reconhecida como genética), priorizando a sobrevivência dos indivíduos portadores de genes com maior adaptação a tais pressões ambientais – processo denominado de “seleção natural”. Esse processo atua em conjunto com a “seleção artificial” conduzida pelos seres humanos

## ■ Melhoria de precisão: aplicações e perspectivas na genética...

desde os primórdios da domesticação das espécies. Por exemplo, as “assinaturas de seleção natural” são evidentes em espécies como milho (*Zea Mays* L), cujo processo de adaptação e modificação de características estruturais do genoma (e.g., número de cromossomos, presença de elementos transponíveis, mudanças nos números de cópias de dado alelo) foram claramente moldadas por variações ambientais, tais como altitude e temperatura do ar (Romero Navarro et al., 2017; Barnes et al., 2022).

## Genética e Diversidade Ambiental

Para melhor compreender as fontes de variação ambiental, pode-se assumir que a *qualidade de um dado ambiente* é definida por um balanço de fatores ambientais. Consequentemente, a relevância dos diversos fatores ambientais (por exemplo, temperatura do ar, umidade disponível no solo, déficit de pressão de vapor), residirá em *como*, *quando* e *quanto* esses fatores podem limitar a expressão do potencial genético. Nesse contexto, a relevância de um único fator para restringir a expressão fenotípica pode ser contemplada pelo enunciado da “Lei do Mínimo”, baseada no trabalho de nutrição mineral em plantas, de Justus Von Liebig (1803-1873): sob multiplicidade de fatores, aquele mais próximo do limite da tolerância será o fator limitante (Taylor, 1934). De forma mais ampla, Shelford (1931) relaciona esse conceito à capacidade adaptativa das espécies vegetais, sobretudo a nível populacional – isto é, a variação ambiental pode ditar diversas zonas de adaptação populacional. Portanto, sob essa ótica, a *adaptação* é contemplada como limites genéticos de tolerância frente aos diversos gradientes de qualidade ambiental (Costa-Neto; Fritsche-Neto, 2021).

Dentro dos limites da tolerância, o genótipo possui determinada *flexibilidade fenotípica* (Nicotra et al., 2010; Nicoglou, 2015). Essa flexibilidade permite a sobrevivência do indivíduo quando os fatores do ambiente forem limitantes, tais como drásticas mudanças no *status* hídrico ou térmico. A relação entre fatores ambientais e limites genéticos das espécies vegetais integram os preceitos da “Lei da Tolerância”. Dentro de determinado nível de variação ambiental, os indivíduos são capazes de ‘ajustar’ ou ‘aclimatizar’ suas respostas fenotípicas. Tal comportamento foi denominado por Nilsson-Ehle, em 1914, como plasticidade (Nicotra et al., 2010).

Os determinantes genéticos desse fenômeno são associados a efeitos de pleiotropia, dada a sensibilidade diferencial entre as interações de alelos e fatores ambientais limitantes. Assim, essas respostas diferenciais entre propriedades hereditárias sob certas condições ambientais condicionam a expressão de ampla gama de fenótipos.

Isso constitui os fenômenos biológicos denominados como “norma de reação” (do alemão, *reaktionsnorm* = curva de padrão de resposta) por Richard Woltereck, em 1909, cuja variação é descrita pelo componente interação “Genótipos × Ambientes” (G × A), resultando, portanto, na plasticidade fenotípica (Bradshaw, 1965).

A plasticidade fenotípica é contemplada pela expressão de estruturas morfológicas (e.g., mudanças permanentes nos órgãos vegetativos) e fisiológicas (e.g., alterações metabólicas reversíveis) (Bradshaw, 1965; Sánchez Alvarado; Yamanaka, 2014). Nesse sentido, surgem também interações epistáticas (e.g., alocação de biomassa entre órgãos de armazenamento e componentes de rendimento). Em termos de adaptação fenotípica, isso contempla o fenômeno denominado plasticidade de desenvolvimento (Nicoglou, 2015).

A importância dessas propriedades genético-adaptativas sobre a diferenciação fenotípica foi avaliada cultivando clones de uma planta da espécie *Achillea* sp. em três ambientes distintos, na Califórnia-EUA (Clausen; Hiesey, 1958). Entre outros fatores ambientais ocorrentes nos ambientes, tais como tipo de solo ou temperatura, o mais diferencial era a altitude – estando esse último diretamente vinculado com as variações nas condições edafoclimáticas. O primeiro ambiente era localizado ao nível do mar (0 m de altitude), o segundo a 1.400 m e o terceiro a 3.000 m. Em cada local, diferentes fenótipos foram expressos, demonstrando que o mesmo genótipo reage de formas diferentes conforme a mudança ambiental.

Por esse motivo, pode-se começar a afirmar que as relações ambiente-fenótipo podem ser compreendidas quando o ambiente é detalhado em *fatores ambientais*. Tisdale et al. (1993) descrevem o ambiente sob a ótica do sistema solo-planta-atmosfera, considerando a capacidade fisiológica, particular de cada genótipo, em responder a atuação dos fatores do meio. Para esses autores, três grupos principais de fatores podem ser elucidados: climáticos (por exemplo, precipitação, temperatura do ar, umidade relativa e ventos), edáficos (e.g., material de origem, estrutura, textura, profundidade, temperatura, potencial hidrogeniônico) e biológicos (e.g., constituição gênica dos materiais, eficiência no uso de recursos ambientais e a competição da cultura com insetos-pragas, patógenos e plantas daninhas).

Para o melhoramento genético de plantas, os fatores ambientais podem ser classificados conforme sua previsibilidade de ocorrência no meio. Os fatores ambientais *previsíveis* (fixos ou repetíveis) são aqueles de natureza determinística, tais como o tipo de solo e a posição geográfica. Já os *imprevisíveis* (aleatórios ou não repetíveis) constituem as variações sazonais, em intensidade e frequência, dos fatores de propriedade estocástica (Allard; Bradshaw, 1964). Tais definições são

fundamentais para desenvolver um diagnóstico mais acurado sobre a adaptação fenotípica de genótipos avaliados em ampla gama de ambientes, indicando possíveis causas ambientais relacionadas à sua instabilidade (Heinemann et al., 2019).

## Ambientômica e as Multi-Interações Genótipos × Ambientes

Conforme descrito na seção anterior, as condições ambientais exercem papel-chave, embora discreto e quase “invisível”, tanto na seleção natural como naquela conduzida artificialmente, conforme os interesses dos seres humanos. Em melhoramento genético de plantas é possível o estabelecimento dos chamados “ensaios multiambientais” (MET, do inglês *Multi-Environment Trials*), concebidos visando quantificar aspectos agronômicos, tais como a estabilidade e a adaptabilidade dos genótipos candidatos sob múltiplas condições de clima, solo, manejo varietal e pressão de doenças. Tais ensaios objetivam orientar esforços na difusão de tecnologia agropecuária, sobretudo na recomendação das melhores cultivares e/ou práticas de manejo (por exemplo, a época de plantio) para uma dada região-alvo (Costa-Neto et al., 2020a). Quando dois ou mais fatores estão envolvidos nessas avaliações, as respostas diferenciais de cada genótipo frente às variações ambientais podem ser compreendidas como um efeito não aditivo denominado interação Genótipos × Ambientes ( $G \times A$ ). Esse efeito gera implicações logísticas sobre a avaliação de genótipos, podendo inflacionar ou minimizar estimativas de valor fenotípico e genético, limitar ganhos de seleção e dificultar a recomendação de cultivares (Marcatti et al., 2017). Contudo, também denota a oportunidade de selecionar genótipos adaptados e produtivos para condições ambientais específicas. Diante dessas incertezas, estatísticas são utilizadas para diagnosticar a interação  $G \times A$ , visando identificar padrões agronômicos úteis para capitalizar esforços e orientar a tomada de decisão.

A interação  $G \times A$  é um fenômeno universal entre os seres vivos, pois todo fenótipo possui influência ambiental (em menor ou maior escala). Isso decorre da interação multifatorial e não aditiva entre o genótipo (conjunto de genes, mas também epigenética) e o meio no qual se encontra (conjunto de fatores ambientais). Em biometria, pode ser mensurada como a diferença entre os valores fenotípicos (conjunto de respostas observadas), ambientais e genotípicos. Por esse motivo, constitui um fenômeno estatístico-biológico de grande importância no processo de melhoramento genético de plantas, pois desde a seleção de linhagens até a estimação do valor de cultivo

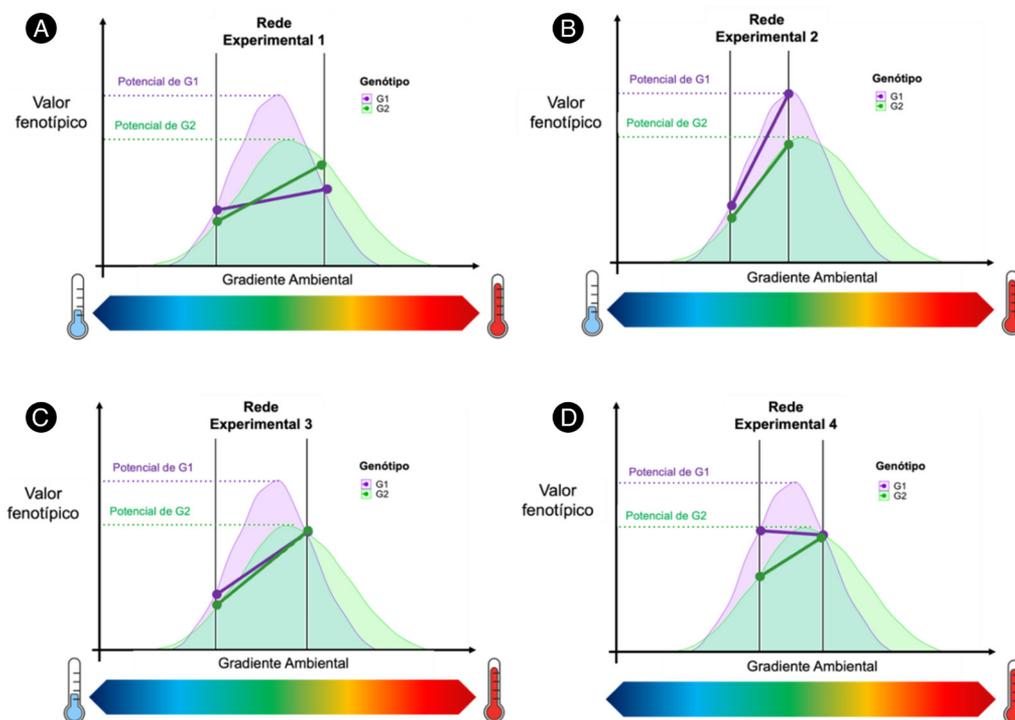
e uso (VCU), para fins de recomendação de cultivares, a interação  $G \times A$  dificulta a interpretação do fenótipo observado e subseqüentes inferências sobre o valor genético (Duarte; Vencovsky, 1999).

Para melhor compreender a relação entre diversidade ambiental e interação  $G \times A$ , é preciso primeiro entender três conceitos principais: (i) plasticidade fenotípica; (ii) norma-reação; (iii) inter-relação entre população-alvo de ambientes (TPE, do inglês *Target Population of Environments*) e ensaios multiambientais. Na Figura 2 é ilustrado que a interação  $G \times A$  não é um fenômeno *per se*, mas sim uma propriedade emergente da diversidade ambiental *observada dentro dos limites* de uma rede experimental. A rede experimental é, por sua vez, uma amostra aleatória das possíveis condições ambientais de uma TPE e, por esse motivo, se mal dimensionada, pode falhar em cobrir a diversidade ambiental da TPE. Considerando genótipos distintos (G1 e G2), eles terão potencial variação fenotípica ao longo de um gradiente ambiental teórico (por exemplo, do frio ao calor). Essa curva segue a Lei de Shelford (Figura 2), ou seja, existem zonas nas quais os genótipos apresentam máxima adaptação (máximo valor fenotípico) e zonas nas quais o aumento/decréscimo do recurso ambiental (neste caso, ilustrado por temperatura) irá propiciar um decaimento do valor fenotípico, que em prática é um indicativo de uma zona de “estresse ambiental”. Uma outra forma de expor esse conceito é a de que o excesso ou deficit de insumos ambientais é um fator estressante que limita o potencial de expressão dos genótipos, sendo esse nível de estresse também definido por fatores genéticos. Ainda na Figura 2, as linhas sólidas verticais indicam o intervalo das condições da rede experimental: o nível de entrada máximo e mínimo que os genótipos experimentaram em cada condição MET. De acordo com esses limites ambientais, cada genótipo expressa uma diferente *norma de reação*, ou seja, sua resposta linear ao gradiente *observado*. Portanto, a norma de reação é uma reta que interpola os limites ambientais, sendo uma simplificação da não linearidade inerente a plasticidade fenotípica.

O conceito de norma de reação é uma ideia antiga, mas reflete sensibilidades específicas de genótipos particulares para fatores ambientais chave – o que define a adaptabilidade dos genótipos para a condição vigente na rede experimental. Finalmente, ainda na Figura 2, nas linhas sólidas (verde e roxa) é possível visualizar as diferentes normas de reação para os mesmos genótipos, na mesma condição ambiental. Essa diferença é traduzida, em termos práticos, no que se chama de interação  $G \times A$  observada. Portanto, para cada gradiente ambiental particular de cada rede experimental, é possível visualizar também um padrão particular de interação  $G \times A$ , ainda que para os mesmos genótipos. Por exemplo, na rede experimental

## ■ Melhoria de precisão: aplicações e perspectivas na genética...

1, o padrão é o cruzado (complexo), ou seja, há mudança na classificação dos genótipos entre os ambientes – também conhecida como mudança qualitativa. Por outro lado, se as condições de crescimento do intervalo diferirem, o padrão pode ser *non-crossover* (ou simples), como observado na rede experimental 2, 3 e 4 – mudanças quantitativas na expressão fenotípica entre os ambientes sem mudanças na classificação dos genótipos. Assim, considerando esta ilustração para um cenário de programa real de melhoramento, é impossível inferir como diferentes caracteres, em diferentes redes experimentais, irão se comportar para cada germoplasma. Por isso, os melhoristas devem definir os limites ambientais da TPE para realizar ensaios de campo que representem uma amostra dessas condições – e depois explorar o  $G \times A$  para selecionar as cultivares mais adaptadas. O processo de identificar TPE e relacioná-la com as condições MET só pode ser feito usando um conjunto diversificado de ferramentas analíticas de ambientômica.



**Figura 2.** A inter-relação entre plasticidade fenotípica (curvas) e norma de reação (retas entre pontos) em função da diversidade ambiental de cada rede experimental e seu restrito gradiente ambiental (linhas verticais pretas).

Fonte: Adaptado de Costa-Neto et al. (2021b).

## Desenvolvimento de uma Rotina de Ambientômica

Nesta seção serão abordados alguns pontos essenciais para o desenvolvimento e a implementação de uma rotina de ambientômica em ciência de dados. Em síntese, existem três passos gerais a serem seguidos.

### Passo 1: Coleta de dados ambientais

A primeira etapa consiste na coleta de dados ambientais, sendo um dos pontos-chave para o sucesso na implementação de qualquer rotina de análise de dados em ambientômica. Em analogia à fenotipagem (caracterização de fenótipos), em que é possível mensurar os fenótipos com base em medidas (de peso, altura, comprimento, entre outros), na ambientômica são mensuradas características biofísicas de uma determinada *unidade de análise* (planta, parcela, pixel, área experimental, lavoura, fazenda, município, etc.), sob uma determinada *escala temporal* (e.g., minuto, hora, dia, mês, ano, época de plantio, estágio fenológico). Tais medidas biofísicas são, então, assumidas como *descritores ambientais* (Costa-Neto et al., 2021b), também denominados de *marcadores ambientômicos*. Contudo, ao contrário das características fenotípicas, tais marcadores descrevem diferentes atributos vinculados às condições atmosféricas, fertilidade e umidade dos solos e microbiota do solo.

Conforme a natureza de cada atributo ambiental, diferentes sensores (em campo ou remotos) podem ser utilizados, assim como medidas tomadas no campo, como amostras de solo ou mensuração da penetrância dos solos (por meio dos chamados penetrômetros). Além disso, fenótipos secundários das próprias plantas, como a ocorrência de doenças, e anotações vinculadas ao histórico das práticas culturais empregadas, como culturas que antecederam o plantio e tipo de manejo da cobertura do solo, também podem ser considerados. Nesse sentido, a coleta de dados pode ser resumida em pelo menos quatro tecnologias: (1) coleta por sensores instalados no campo, como estações meteorológicas, sensores de umidade no solo ou amostragem de campo; (2) dados de sensoriamento remoto, ou seja, obtidos de plataformas remotas, como satélites, aviões e drones; (3) bancos de dados globais, que reúnem informações previamente coletadas e interpoladas das categorias 1 e 2, sendo totalmente virtuais; e (4) anotações realizadas em campo, como práticas de manejo cultural. Nesta seção, será dado ênfase às categorias (2) e (3), por serem inovações tecnológicas gratuitas, de fácil acesso e implementação. As categorias (1) e (4) são, de certo modo, intuitivas e se sobrepõem conceitualmente.

## ■ Melhoria de precisão: aplicações e perspectivas na genética...

Vários tipos de imagens de satélite podem ser usados para caracterizar ambientes, podem-se citar:

- *Imagens de visível e infravermelho*: consistem em imagens capturadas em diferentes comprimentos de onda dentro da faixa do espectro eletromagnético. Em geral, são usadas para classificar diferentes tipos de cobertura do solo, como florestas, áreas agrícolas, pastagens, entre outros.
- *Imagens de radar (ondas de rádio)*: consistem em imagens do uso de ondas de rádio e são úteis para caracterizar a presença de nuvens. Também utilizadas para identificar diferentes tipos de topografia, como montanhas e vales. Desde os anos 2000, a NASA (Agência Espacial Norte-Americana) tem utilizado radares no projeto SRTM (*Shuttle Radar Topography Mission*) para mapear a topografia do planeta. Tais dados podem ser utilizados, por exemplo, para definir a altitude exata de uma dada localidade.
- *Imagens termográficas*: assim como as imagens do grupo I, as imagens termográficas capturam diferentes comprimentos de onda dentro da faixa do espectro eletromagnético. Porém, capturam a faixa vinculada as ondas de infravermelho, a qual possibilita mensurar a emissão/absorção de temperatura dos corpos. Por esse motivo, são empregadas na caracterização de áreas de calor, como incêndios florestais, erupções vulcânicas, fontes geotérmicas, entre outros.
- *Imagens multiespectrais*: tais imagens combinam informações de diferentes bandas espectrais para produzir uma representação mais completa da superfície dos corpos. São amplamente utilizadas na identificação de áreas de cultivo, florestas, áreas urbanas, entre outros.

Tais imagens podem ser obtidas gratuitamente em diversas agências governamentais, tais como a NASA (<https://www.earthdata.nasa.gov/>), NOAA (<https://www.noaa.gov/>) e o INPE (<http://www.dgi.inpe.br/CDSR/>), além de empresas privadas que cobram por esse serviço, tais como DigitalGlobe (<https://evwhs.digitalglobe.com/myDigitalGlobe/>) e Maxar Technologies (<https://www.maxar.com/>), entre outras. Após o download dessas imagens, diversas práticas de geoprocessamento (processamento de imagens geográficas) são empregadas, como o uso de máscaras (*shapefiles*) para “cortar” a imagem de acordo com a unidade de análise de interesse, ou técnicas para computação de índices combinando diferentes camadas (*layers*) de imagens. Interessante notar que tais conceitos também são aplicados ao uso de drones para coleta de imagens em parcelas ou áreas agrícolas. Na seção de perspectiva será

discutido como a fenômica e a ambientômica podem trabalhar em conjunto para caracterização de parcelas experimentais em melhoramento de precisão. Quanto as técnicas de geoprocessamento das imagens, recomenda-se a leitura de materiais bibliográficos da área de geoprocessamento e sensoriamento remoto.

Talvez um usuário mais leigo no campo do geoprocessamento faça melhor uso dos bancos de dados. Tais bancos de dados muitas vezes são baseados no processamento das imagens de satélite (categoria 2), em extensas mensurações de estações meteorológicas (categoria 1), ou em extensas e acuradas interpolações globais que combinam tais imagens com mensurações das categorias 1 e 2. No Brasil, Xavier et al. (2016) disponibilizaram um banco de dados climáticos que pode ser acessado de maneira simplificada em <https://www.cnpaf.embrapa.br/infoclima/>. Já nos EUA e Canadá existe atualmente a plataforma CLIM4OMICS (Sarzaeim et al., 2023). Contudo, atualmente existem outras opções que operam em nível global e que são facilmente implementadas em softwares de código-aberto, como o R.

A primeira opção é o *WorldClim* (<https://www.worldclim.org/>), que possui dados em formato de *raster* (arquivo digital que armazena informações espaciais em formato de pixel), com diferentes resoluções (dimensão do pixel), envolvendo normais climatológicas de diversos fatores ambientais (isto é, média das condições meteorológicas observadas durante um longo período de referência, geralmente de 30 a 50 anos), assim como projeções de cenários futuros de mudanças climáticas. A FAO (*Food and Agriculture Organization*), o órgão das Organização Nações Unidas (ONU) voltado para agricultura e segurança alimentar, oferta um banco de dados climáticos, zoneamento agrícola e predições de rendimento dos mais variados cultivos. Esse banco é chamado de GAEZ (*Global Agro-Ecological Zones*, <https://gaez.fao.org/pages/data-viewer>), disponível gratuitamente também em formato *raster*. O banco de dados de solos SoilGrids (<https://soilgrids.org/>) é também uma opção de alta resolução espacial e que oferece ampla variabilidade de atributos do solo (e.g., carbono orgânico, densidade do solo, teor de argila). Baseado no banco mundial de solos, estimativas das características físico-químicas podem ser facilmente obtidas para qualquer posição geográfica no planeta por meio do pacote em R SoilType (<https://github.com/rfn-qt/SoilType>) (Fritsche-Neto, 2023). Mas não menos importante, existe a iniciativa NASA POWER (<https://power.larc.nasa.gov/>), assim como seu API (Interface de Programação de Aplicações, em português (<https://cran.r-project.org/web/packages/nasapower>) que pode ser acessado de dentro do ambiente computacional em linguagem R (popular e mais acessível). Algumas dessas plataformas, incluindo o NASAPOWER, podem ser encontradas dentro de uma mesma plataforma de ambientipagem implementada no pacote EnvRtype (<https://github.com/allogamous/EnvRtype>). Nesse software é

possível fazer o download de informações climáticas em escala diária, correspondendo a um período compreendido entre 01 de janeiro de 1981 até os dias atuais (na ocasião da redação deste capítulo, trata-se do dia 04 de fevereiro de 2023).

## Passo 2: Controle de Qualidade

Em ciência de dados, a etapa de controle de qualidade é um processo essencial para garantir a integridade, consistência, precisão e a confiabilidade dos dados coletados. Em termos gerais, consiste no conjunto de técnicas que visam verificar e corrigir possíveis erros ou inconsistências nos dados antes de serem utilizados para análise ou tomada de decisão. O uso de estatísticas gráficas, tais como box-plot e análises da distribuição dos dados, pode auxiliar na verificação de consistência interna, como valores incorretos ou inválidos (exemplos: -999, -99, NA, NaN, Inf, etc.), percentual de dados ausentes e a detecção de valores extremos (*ouliers*). É fundamental para garantir a qualidade dos resultados e a confiabilidade das conclusões baseadas em dados. Em ambientômica, outros aspectos devem ser considerados, tais como a padronização dos dados coletados de diferentes fontes, o que inclui a checagem da resolução temporal (e.g., horária, diária, semanal, mensal) e espacial (por exemplo, a área coberta pelo sensor).

A resolução de um modelo ambientômico dependerá, principalmente, do tamanho da unidade de amostra disponível (pixel). Por exemplo, ao usar informações geográficas, o tamanho do pixel delimitará o nível de refinamento da avaliação genotípica (Marcatti et al., 2017). Informações ambientais com alta resolução espacial, especialmente adequadas para contemplar áreas florestais, plantações agrícolas e fazendas de criação, devem ser preferidas para melhorar a precisão dos modelos.

Segundo Resende et al. (2021), assim como as métricas de “*Call Rate*” e Frequência do Alelo Menor (MAF, do inglês: “*Minor Allele Frequency*”) ao usar dados de marcadores de DNA, as variáveis ambientais também requerem medidas de controle de qualidade. O número de valores ausentes descritos pelo parâmetro *Call Rate* pode ser resolvido por meio da adoção de duas estratégias. A primeira seria aumentar o tamanho de todos os pixels na área e utilizar as informações médias disponíveis no entorno. Embora isso aumente a área de manipulação, diminuindo assim a precisão da recomendação ou predição, ainda pode ser uma alternativa adequada. A segunda estratégia, provavelmente a mais viável, seria imputar os valores dos pixels ausentes por meio de *krigagem* (do inglês *kriging*) ou, ainda, por meio de técnicas de inteligência artificial, como o *Random Forest*, na qual tanto os valores do entorno quanto os valores de outros marcadores ambientômicos podem ser usados. Por exemplo, valores de

temperatura semelhantes entre localizações próximas são mais prováveis do que entre aquelas distantes e, em escala local, a temperatura se correlaciona bem com a elevação do terreno ou com a latitude global. Assim como a MAF para um marcador genético, um marcador ambientômico com pequena variância teria uma baixa Escala de Variação Ambiental (SEV, do inglês: *Scale of Environmental Variation*), de modo que as covariáveis ambientais teriam uma baixa variância nos pixels subamostrados em comparação com todos os pixels na área. Nesse caso, marcadores ambientômicos com baixo SEV, ou seja, baixo conteúdo de informação, podem ser descartados. Estudos adicionais de acompanhamento podem ser realizados para definir os limiares ótimos para as métricas de controle de qualidade dos marcadores ambientômicos.

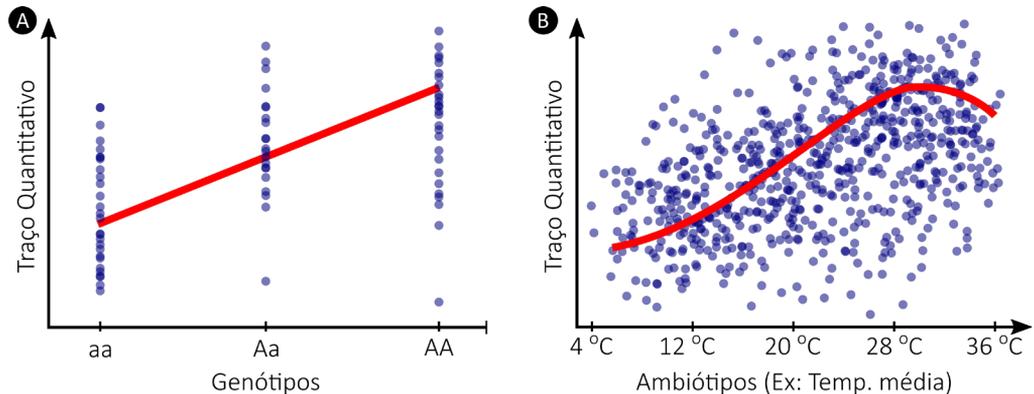
### Passo 3: Transformando dados em informação

Conforme mencionado anteriormente, os dados coletados e processados são assumidos como *marcadores ambientômicos* (descritores ambientais). Analogamente, tratando-se de marcadores genômicos, pode-se facilmente modelá-los com efeitos lineares com relação ao caráter fenotípico, tanto para efeitos de aditividade como para efeitos de dominância (Figura 3-A). No entanto, para os marcadores ambientômicos, essa relação pode nem sempre ser diretamente compreendida como linear (Figura 3-B). Uma estratégia é linearizar as covariáveis ambientais (que poderão ter diferentes relações não lineares com os valores fenotípicos) em marcadores ambientômicos, sendo que, esses sim, terão relações lineares com os caracteres fenotípicos quantitativos. Pode-se realizar essa linearização a partir da decomposição dos efeitos não lineares em diversos parâmetros lineares, como por exemplo no clássico modelo sigmoide logístico  $f(x) = c/(1 + \alpha x e^{-bx})$ , que contém três parâmetros ( $a$ ,  $b$ ,  $c$ ). Nesse caso, pode-se converter essa variável ambiental, que tem relação não linear logística com o caráter fenotípico, em três marcadores ambientômicos, com relação linear com o caráter fenotípico. Outras estratégias contemplam técnicas de Inteligência Artificial e aprendizado de máquina para realizar essa decomposição linear (Resende et al., 2021). Essa abordagem pode também incluir uma análise das matrizes de relacionamento ambiental, obtidas por correlações fenotípicas entre ambientes (Costa-Neto et al., 2023).

Os descritores são utilizados para caracterizar os ambientes, ou seja, descrever as condições que circundam a *unidade de análise*. Em termos práticos, a caracterização ambiental é resultante do estudo dos padrões presentes numa matriz contendo os descritores ambientais (cada coluna), para cada unidade de análise (cada linha da matriz). O estudo dos padrões de similaridade/redundância entre as unidades de

## ■ Melhoramento de precisão: aplicações e perspectivas na genética...

análise, além de quantificar o impacto dos fatores ambientais na variação de uma dada característica em estudo (e.g., produção de grãos, altura de plantas, expressão gênica, ocorrência de uma dada espécie, refletância da folha, entre outros). Nesse sentido, pode-se dividir em duas categorias: (1) estudo dos padrões ambientais analisando apenas os marcadores ambientômicos e (2) uso de modelos estatísticos e de aprendizado de máquina para modelar a associação entre os marcadores ambientômicos e a variação fenotípica observada no campo. Na próxima seção se discutirá mais sobre esses tópicos.



**Figura 3.** Comparação entre um marcador genômico, com um dado ambiental. Na parte “A”, vê-se três genótipos possíveis (aa, Aa e AA) e suas possíveis relações com diferentes fenótipos (caráter quantitativo). Na parte “B”, vê-se inúmeros ambiótipos, distribuídos quantitativamente, e suas possíveis relações com os fenótipos (caráter quantitativo).

Uma forma comum de transformação dos dados em informações ambientômicas é a computação de *frequências de eventos*, muito útil para variáveis que apresentam sazonalidade climática (Costa-Neto et al., 2021b). Por exemplo, os dados de temperatura média do ar, em escala diária, podem ser convertidos em frequências de temperaturas baixas (estresse por frio), frequências de temperaturas ótimas e frequências de temperaturas excessivas (estresse por calor). Contudo, nesse cenário, é preciso definir o que são temperaturas baixas e o que são temperaturas altas. Curiosamente, esses conceitos seguem a Lei de Shelford e podem ser úteis para descrever a plasticidade fenotípica esperada para uma dada cultura, frente a um gradiente de variação ambiental. Esse gradiente de variação ambiental também pode ser “categorizado”, isto é, dividido em classes de categorias. Em seguida, são contadas as frequências de cada evento (classe). Os diversos ambientes são analisados com base nas similaridades/diferenças entre as classes predominantes. Tal abordagem é

comum para computar a frequência de eventos de seca (Heinemann et al., 2019), calor (Carcedo et al., 2022), frio (Zheng et al., 2015), entre outros. Tais aplicações podem ser implementadas no pacote EnvRtype (Costa-Neto et al., 2021a).

Outra forma de transformar dados em informação é por meio do emprego de modelos de simulação do crescimento, desenvolvimento e produtividade de uma determinada cultura, denominado aqui como modelos de simulação de culturas (MSC). MSC vem sendo desenvolvido desde os anos 1970, tendo sua origem nos modelos agrometeorológicos clássicos. Em termos práticos, o MSC consiste em uma ferramenta de aprendizado de máquina supervisionado, pois são concebidos com funções que descrevem processos biológicos e respostas ambientais, de forma não linear, e respeitando as diferentes fases de desenvolvimento vegetal. Um exemplo interessante é o uso de MSC para simular o ambiente de múltiplos genótipos (Heinemann et al., 2015, 2016, 2019) ou para entender o comportamento dos cultivos em cenários futuros, podendo ser útil para o desenho de ideótipos para condições ambientais de interesse específico do melhorista de plantas (Heinemann et al., 2017; Tao et al., 2017; Ramirez-Villegas et al., 2018). A utilização de MSC possibilita a obtenção de dados de produtividades simulados para uma determinada cultura, abrangendo toda a região de produção. Já, a utilização de ensaios multiambientais dificilmente permite essa abrangência, devido aos custos elevados da realização de ensaios de campo. MSC conseguem capturar algumas interações ( $G \times A \times M$ , genótipo  $\times$  ambiente  $\times$  manejo) fenotípicas com robustez e, dentre elas, destacam-se o ciclo da cultura, o florescimento e estresses hídricos e de temperatura.

## Exemplos de Aplicação

Apesar das enormes perspectivas de aplicação de ambientômica em melhoramento de plantas, ela tem se restringido à: (1) caracterização ambiental, que pode envolver a compreensão dos fatores ambientais determinantes da interação Genótipo  $\times$  Ambiente  $\times$  Manejo ( $G \times A \times M$ ), como também a descrição das similaridades ambientais; (2) formatação de zonas de melhoramento, ou macroambientes que minimizem a  $G \times A$  dentro delas; (3) estudo da Norma de Reação de genótipos, isto é, da sua responsividade a diversos fatores ambientais; (4) predição de fenótipos, podendo integrar modelos estatísticos e de aprendizado de máquina visando a predição de fenótipos sob os mais variados contextos, seja em nível de propriedade rural ou área experimental (e.g., ensaios de melhoramento); e (5) cálculo de parâmetros de melhoramento como ganhos de seleção, herdabilidades, acurácias preditivas, representatividade da predição pixel-a-pixel na(s) área(s) de estudo.

## Caracterização Ambiental

A interação Genótipo x Ambiente x Manejo ( $G \times A \times M$ ) dificulta o entendimento de combinações desejáveis ( $G \times M$ ) para determinada cultura. Além disso, a interação pode também desacelerar o progresso no melhoramento de plantas para a adaptação ampla (largamente utilizado no Brasil) e/ou para adaptação a condições específicas dentro de uma região. A identificação dos fatores causais da interação  $G \times A \times M$  e a quantificação sobre a variação residual não explicada pelos efeitos principais são elementos-chave para o entendimento da adaptação fenotípica e para maximizar a produção em circunstâncias ambientais específicas (Costa-Neto et al., 2020a). A análise da interação  $G \times A \times M$  permite melhor compreensão do(s) fator(es) que estão por trás das diferenças regionais nas diferenças de produtividade, ou seja; identificar o(s) fator(es) limitante(s) que estão penalizando a produtividade. Essa análise, também denominada como “Caracterização Ambiental”, pode ser realizada de duas maneiras: a) utilizando modelos estatísticos, por meio de dados observados, proveniente dos ensaios multiambientais realizados por um programa de melhoramento de plantas e relacionando esses dados a covariáveis ambientais (dados climáticos, de solo, etc.); ou b) análise *in silico*, por meio de modelos de simulação de culturas.

### Caracterização ambiental utilizando modelos estatísticos

Os modelos estatísticos que consideram informações ambientais podem ser modelos de regressão linear simples (regressão fatorial, FR, por exemplo (Van Eeuwijk et al., 1996), quadrados parciais mínimos – PLS (Porker et al., 2020; Costa-Neto et al., 2023) entre outros, integrando métodos não lineares e sistemas de informação geográfica (Costa-Neto et al., 2020b; Bustos-Korts et al., 2022; Heinemann et al., 2022). Ainda, tais estudos permitem identificar os padrões de interação dentro da população do ambiente-alvo do programa de melhoramento genético (Comstock, 1977).

Como exemplo, citam-se dois trabalhos recentes envolvendo as culturas do arroz e do feijão. Por meio do modelo FR-GIS foi possível observar que apenas variáveis geográficas (latitude, longitude e altitude) são capazes de prever até 59% dos padrões da interação  $G \times A$  em arroz de terras altas, no Brasil (Costa-Neto et al., 2020b). Por meio do mapeamento da adaptação fenotípica foi possível detectar zonas em que o programa de melhoramento ainda é carente na alocação de genótipos com maior adaptação, ou seja, nas quais há maior dificuldade em desenvolver novas cultivares. Já Heinemann et al. (2022) identificaram, para as regiões de produção do feijoeiro,

variáveis climáticas significativas e seus respectivos valores ótimos. Além disso, foi identificado os “limites climáticos” para as fases de desenvolvimento da cultura para as respectivas regiões e épocas de semeadura. Isso permite aos melhoristas desenvolverem ideótipos, o que por sua vez dará suporte ao processo de seleção de novas variedades. As limitações desse método são: a) número, localização e épocas de semeadura dos METs, o que restringe o alcance temporal e espacial das análises  $G \times A \times M$  (muitas vezes os METs também não são representativos da região de produção) e b) a dificuldade em parametrizar modelos estatísticos complexos.

### Caracterização ambiental *in silico*

A análise *in silico* (no computador), realizada por meio de modelos de simulação de culturas baseados em processo, supera a limitação dos problemas espaciais e temporais, pois havendo disponibilidade de dados de entrada (clima, solo e características genotípicas) pode-se definir a escala desejável (Antolin et al., 2021; Hajjarpoor et al., 2022). No Brasil, alguns exemplos de caracterização ambiental por meio de MSC incluem a determinação dos padrões de deficiência hídrica para o arroz de terras altas (Heinemann et al., 2015), para o feijoeiro (Heinemann et al., 2016), para a soja (Battisti; Sentelhas, 2019), e projeções de mudanças climáticas para o arroz (Ramirez-Villegas et al., 2018) e para o feijoeiro (Antolin et al., 2021). Como exemplo de aplicação, na análise do arroz de terras altas para a região central do Brasil (Rondônia, Mato Grosso, Goiás e Tocantins), sugeriu-se que a região de produção pode ser dividida em três grupos ambientais homogêneos de acordo com a deficiência hídrica: altamente favorável (AF, 19% da área), favorável (F, 44%) e pouco favorável (PF, 37%). Também foram determinados os principais padrões de deficiência hídrica para o arroz de terras altas e suas respectivas probabilidades. Para o feijoeiro no estado de Goiás, ambas as épocas de semeadura, águas e seca, podem ser divididas em dois grupos ambientais, denominados altamente favorável (AF) e favorável (F). Para essas épocas de semeadura, o ambiente altamente favorável representa 44 e 58% da região de produção, respectivamente. Para ambas as épocas de semeadura há ocorrência da deficiência hídrica terminal e/ou reprodutiva na região de estudo (Goiás), sendo que a deficiência hídrica é mais limitante na época da seca. Já a região de produção da soja no Brasil pode ser dividida em dez ambientes homogêneos. As maiores produtividades ( $> 2800 \text{ kg ha}^{-1}$ ) ocorreram na região Centro-Oeste, cobrindo a maior parte das áreas de cultivo de soja no Brasil. As menores produtividades foram observadas no Extremo Sul ( $< 1170 \text{ kg ha}^{-1}$ ). Esse método restringe as interações que os MSC conseguem capturar.

## Estudos das Normas de Reação

A identificação dos fatores causais da interação  $G \times A$  e a sua quantificação sobre a variação residual não explicada pelos efeitos principais são elementos-chave para o entendimento da adaptação fenotípica (Charmet et al., 1993; Costa-Neto et al., 2020b). A interpretação desse fenômeno pode ser realizada sob as perspectivas empírica, a partir do valor fenotípico observado *in situ*, e/ou analítica, fundamentada em informações adicionais, tais como variáveis ambientais ou efeito de caracteres secundários (Richards, 1982). Historicamente, a perspectiva empírica tem sido priorizada pelos pesquisadores devido às limitações, como o processamento computacional, a dificuldade de obtenção de informações ambientais e os paradigmas relacionados à compreensão do que seja “ambiente” (Xu, 2016). Contudo, essas dificuldades já não mais justificam o desuso de métodos analíticos, uma vez que as plataformas de ambientômica se tornaram democráticas e acessíveis. Mais recentemente, os métodos de norma de reação ganharam força ao serem acoplados aos modelos modernos de Ambientômica (Resende et al., 2021).

Métodos analíticos possibilitam ampla gama de inferências úteis à tomada de decisão em programas de melhoria, tais como: *i*) identificação de fatores ambientais e genotípicos determinantes da interação  $G \times A$  (Heinemann et al., 2019; Porker et al., 2020); *ii*) aumento da acurácia na predição dos valores genéticos (ou genômicos) sob múltiplos ambientes (Heslot et al., 2014; Jarquín et al., 2014; Messina et al., 2018; Morais Junior et al., 2018; Millet et al., 2019); *iii*) adaptabilidade e estabilidade contempladas em função de fatores climáticos, edáficos, bióticos, localização geográfica e manejo cultural (Marcatti et al., 2017); *iv*) perspectiva de avaliação genotípica integrada a sistemas de informação geográfica (SIG), otimizando o processo de recomendação por meio de interface simplificada e dinâmica, baseada em mapas (Costa-Neto, 2017; Marcatti et al., 2017; Costa-Neto et al., 2020b); *v*) identificação indireta de cultivares passíveis de utilização como genitores em programas de melhoria para estresses bióticos e abióticos (Ortiz et al., 2007); *vi*) cálculo de parâmetros genéticos em gradiente ambiental (Resende et al., 2018); entre outras aplicações, como o estudo da interação entre QTL (*quantitative trait loci*) e ambientes (Van Eeuwijk et al., 2007).

O início do uso de regressões analíticas (RA) para avaliação genotípica pode ser atribuído aos trabalhos de Freeman; Perkins (1971), Hardwick; Wood (1972) e Perkins (1972). Esses autores fundamentaram suas propostas em discussões anteriores (Finlay; Wilkinson, 1963; Eberhart; Russell, 1966; Perkins; Jinks, 1968) visando elaborar índices ambientais independentes da média fenotípica e biologicamente informativos. Contudo, avanços consideráveis no desenvolvimento desses métodos

foram feitos (Denis, 1988), com a consolidação da regressão fatorial e da regressão por quadrados mínimos parciais, respectivamente. Deste então, é notória a contribuição da abordagem RA em diversas culturas agrícolas como: milho (Romay et al., 2010), soja (Cardoso Júnior, 2013), eucalipto (Resende et al., 2018), trigo (Heslot et al., 2014), cana-de-açúcar (Oliveira, 2013) e espécies olerícolas (Ortiz et al., 2007; Nunes et al., 2011).

Recentemente, Costa-Neto et al. (2023) definiram o conceito de “associação ambiental ampla”, consistindo no uso do maior número possível de marcadores ambientômicos para descrever, simultaneamente, os padrões de norma de reação dos genótipos e as assinaturas ambientais em uma dada localidade através dos anos. Tal abordagem permite que os melhoristas computem dois tipos de fenômenos vinculados a  $G \times A$ . O primeiro fenômeno é uma expansão da modelagem analítica previamente descrita, focada na compreensão da norma de reação. Contudo, agora os coeficientes de norma de reação para os mais variados fatores ambientais são assumidos como “marcadores fenotípicos-ambientípicos” e usados nos mais variados propósitos, como associação genômica (Mu et al., 2022) e modelagem de matrizes de relacionamento genético capazes de descrever as interações  $G \times A$  (Costa-Neto et al., 2023). Com essa última, é possível verificar o grau de “similaridade entre as normas de reação” de indivíduos avaliados no passado, enquanto a primeira possibilita a modelagem das interações entre o ambiente e regiões específicas do genoma que controlam uma dada característica.

O segundo fenômeno vinculado a  $G \times A$  é a modelagem das similaridades ambientais. Por meio da associação ambiental ampla, é possível computar matrizes de relacionamento ambiental, corrigindo a variação climática/edáfica esperada com a correlação fenotípica observada entre diferentes ensaios de campo. Em síntese, é possível computar um “peso” (ou fator de correção) para cada fator com base em seu impacto histórico na variação fenotípica em uma dada localidade. Nesse sentido, o real efeito ambiental sobre as correlações fenotípicas é representado por: *Efeito ambiental* = *Fator Ambiental* × *Peso* (impacto no fenótipo), em que em uma dada localidade onde não há registros de avaliações fenotípicas para se poder computar esse peso, ele é, portanto, assumido como *Peso* = 1, logo, o *Efeito Ambiental* = *Fator Ambiental*. Além de corrigir as estruturas de relacionamento ambiental, tais pesos ambientais podem também serem usados como covariáveis em algoritmos de agrupamento (análise de componentes principais, *K-means*, *Autoencoders*, dentre outros), assim como em outras abordagens de aprendizado de máquina, tais como algoritmos genéticos visando assim identificar o número mínimo de localidades capaz de representar a diversidade ambiental de uma rede experimental (Gevartosky et

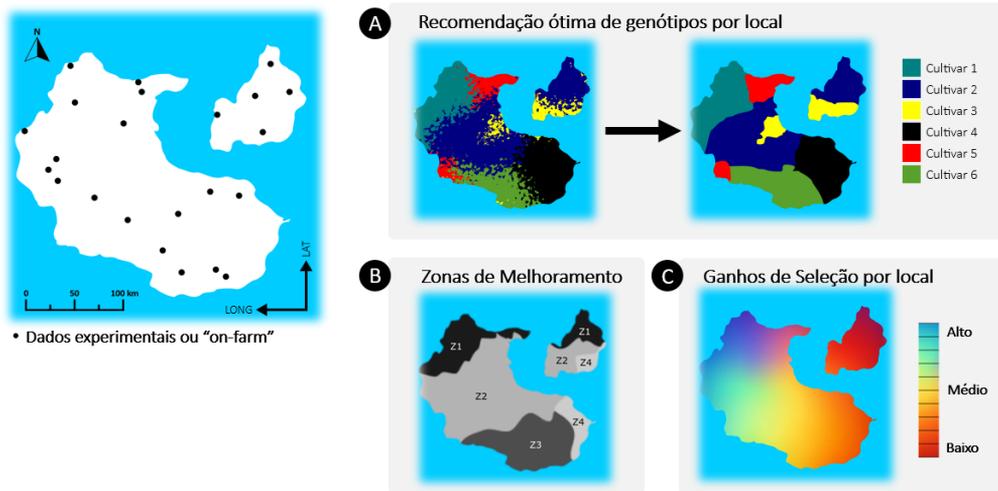
al., 2023). Em associação ambiental ampla, tanto a abordagem 1 como a 2 podem também ser utilizadas para melhorar os modelos de predição de fenótipos, auxiliando na triagem de indivíduos sob condições ambientais conhecidas ou desconhecidas (e.g., próximo ano de cultivo).

## Recomendação de cultivares em ambientes de geoprocessamento

A integração de Sistemas de Informação Geográfica (SIG) e genética/genômica quantitativa pode proporcionar resultados acurados ao nível de pixel (tal como nas fotografias digitais). Na Figura 4 são retratados os resultados potenciais que podem ser obtidos mediante a aplicação de técnicas de análise ambientômica em uma área georreferenciada. A representação mostra pontos de coleta de dados fenotípicos marcados por “•”, que podem ser experimentos de melhoramento genético ou simplesmente dados coletados por intermédio da colaboração de produtores locais (*on-farm data*), onde é necessário registrar informações sobre os materiais genéticos utilizados, como cultivares comerciais, variedades, híbridos, clones, linhagens, entre outros (Schmidt et al., 2018). Nesse contexto, é de suma importância trabalhar-se com dados desbalanceados, isto é, nem todos os locais de coleta de dados fenotípicos têm todos os materiais genéticos. Resende et al. (2021) demonstraram que é muito mais prejudicial para captura da interação  $G \times A$  a utilização de poucos locais, mesmo que todos eles tenham todos os genótipos (dados balanceados), do que utilizar muitos locais, tendo eles números diferentes de genótipos (dados desbalanceados). Portanto, trabalhar com dados desbalanceados é uma maneira eficiente de otimizar a captura do máximo de informação ao nível “ômico-ambiental” da área.

A seção da Figura 4 identificada como “A” exibe a recomendação dos melhores materiais genéticos de forma detalhada, considerando cada pixel da área georreferenciada. Além disso, na figura também é apresentada uma representação da aplicação desses resultados, destacando a operacionalização para melhor aplicação prática, suavizando-se o efeito difuso do primeiro resultado de recomendação. Na seção “B” da Figura 4, são delimitadas quatro zonas de melhoramento, também chamadas de mega-ambientes (González-Barríos et al., 2019). Essas zonas visam minimizar a interação entre genótipo e ambiente ( $G \times A$ ). A interação  $G \times A$  ocorre quando o desempenho de um determinado genótipo varia em diferentes ambientes, ou seja, um mesmo material genético pode apresentar resultados diferentes em diferentes regiões. As zonas de melhoramento auxiliam na identificação de áreas onde os materiais genéticos exibem maior estabilidade e consistência de desempenho, facilitando a seleção e recomendação de cultivares adaptadas a cada mega-ambiente.

Na seção “C” da figura são evidenciadas regiões que maximizam o ganho de seleção. O ganho de seleção refere-se ao aumento no desempenho dos materiais genéticos selecionados em comparação com a geração anterior. Essas regiões destacadas indicam áreas onde a escolha de materiais genéticos resulta em maior ganho de produtividade ou outras características desejáveis, portanto maximizando-se assim a prática do melhoramento genético nesses locais.



**Figura 4.** Resultados possíveis a partir da aplicação das técnicas de Ambientômica em uma área georreferenciada qualquer. Nesta área são mostrados pontos de coleta de dados fenotípicos (\*), que devem ter a anotação dos materiais genéticos (que podem ser cultivares comerciais, variedades, híbridos, clones, linhagens, entre outros). Na parte “A” é mostrada a recomendação dos melhores materiais genéticos pixel-a-pixel, e uma respectiva operacionalização desses resultados. Na parte “B”, observam-se quatro zonas de melhoramento (ou mega-ambientes), que são delimitações que minimizam a interação  $G \times A$ . Na parte “C”, vê-se regiões que maximizam o ganho de seleção.

Tanto a identificação das zonas de melhoramento como a atribuição de ganhos de seleção potenciais por pixel irão auxiliar na alocação de novos experimentos ou pontos de coleta de dados fenotípicos nos próximos ciclos de melhoramento. Ademais, pode-se realizar a exclusão de experimentos que não são representativos ou são “redundantes” para a finalidade de aplicação de Ambientômica. Por exemplo, pela Figura 4-B observa-se que a zona de melhoramento “Z4” poderia ter mais pontos de coleta de dados fenotípicos, enquanto que nas demais zonas pode-se pensar na

## ■ Melhoria de precisão: aplicações e perspectivas na genética...

redução do quantitativo de experimentos. Ademais, observa-se que a região noroeste do mapa tende a apresentar ganhos de seleção mais elevados, possibilitando que se diferencie os melhores materiais genéticos dos menos desejáveis.

## Perspectivas

Os programas de melhoramento de plantas enfrentam um enorme desafio: continuar a desenvolver variedades que se adequem aos sistemas agrícolas/florestais, os quais sejam capazes de atender as demandas de uma crescente população global, enquanto lida com cenários nada otimistas de mudanças climáticas. Além disso, há necessidade de melhor gerir os insumos e reduzir impacto nas áreas de cultivo, reduzindo assim os efeitos da degradação ambiental. Em termos gerais, buscam-se variedades produtivas, resilientes a fatores bióticos e abióticos, e que sejam eficientes no uso dos recursos ambientais. Para atender a essas expectativas, o campo da ambientômica pode fornecer um olhar que conecta o passado, presente e futuro (Figura 5). Nesta seção serão abordadas duas perspectivas promissoras para auxiliar o melhoramento genético de precisão.



**Figura 5.** Ambientômica como uma ponte entre o passado e o futuro, auxiliando na tomada de decisões em melhoramento de plantas.

### Perspectiva 1. Conectando dados do ambiente celular às informações de satélite

Talvez não seja ousado afirmar que, com o avanço da ciência de dados, os melhoristas de plantas atualmente conseguem minerar informações variando desde

o nível celular (proteínas, transcritos) até o nível de satélite (imagens de satélite usadas para caracterizar regiões de cultivo ou áreas experimentais). Nesse contexto, a ambientômica assume um papel-chave, conectando as áreas de conhecimento da bioquímica, ecofisiologia, fenotipagem e genética/genômica quantitativa. Os modelos multimodais (múltiplas fontes de dados) envolvendo ambientômica poderão ser cada vez mais presentes na realidade do melhorista de plantas, auxiliando no desenvolvimento (e teste) de hipóteses que contemplem os diversos níveis do Dogma Central da Biologia de forma mais ampla e mecanista, inclusive entre diversas espécies com algum grau de parentesco filogenético. Nesse sentido, espécies cujos recursos genômicos ainda são escassos (por exemplo, ausência de sequenciamento genômico) poderão usufruir de dados de outras espécies. Atualmente diversos grupos de pesquisa trabalham nesse tópico, o que faz dessa perspectiva algo tangível nos próximos anos.

## **Perspectiva 2. Desenho de ideótipos combinando genômica e ambientômica**

Em melhoramento de plantas, um “ideótipo” refere-se a um ideal (ou modelo) de planta a ser buscado, por meio da seleção de características desejáveis, para uma dada condição de cultivo. Em verdade, o melhoramento de plantas é fundamentado em ideótipos, pois cada programa de melhoramento busca uma planta ideal para atender as necessidades da sociedade. Por exemplo, nos primórdios da Revolução Verde (anos 1960), os melhoristas passaram a perseguir um ideótipo de plantas adequado para condições de menores espaçamentos (maior densidade de plantio), maior responsividade à aplicação de insumos (fertilizantes e defensivos) e menor ciclo de cultivo (em especial em cultivos de cereais e leguminosas). Tais plantas-modelo são concebidas de forma subjetiva, embora considerando necessidades objetivas dos atuais sistemas de cultivo. Frente a um cenário de mudanças climáticas e as atuais necessidades de estabelecer sistemas agrícolas e florestais mais sustentáveis, a ambientômica pode auxiliar no desenho de ideótipos orientado por dados. Tal abordagem, de certo modo, já é utilizada com modelos de simulação de culturas (Tao et al., 2017) e genômica (Barnes et al., 2022). Essa última abordagem tem sido cada vez mais usada, sendo útil para revelar os aspectos ambientais vinculados à adaptação do genoma das espécies, isto é, as assinaturas ambientais que a seleção natural deixou nas populações naturais e/ou variedades locais (Romero Navarro et al., 2017; De La Torre et al., 2019; López-Hernández; Cortés, 2019). Por meio dessas ferramentas, é possível identificar alelos responsivos ao ambiente, o que combinado

## ■ Melhoria de precisão: aplicações e perspectivas na genética...

com robustas ferramentas estatístico-computacionais de aprendizado de máquina possibilitará prever as melhores combinações genômicas para uma dada condição ambiental. Ainda é possível considerar a fenômica, usada como ferramenta auxiliar na mensuração do maior número possível de características, a fim de auxiliar na compreensão da plasticidade fenotípica sob múltiplas condições ambientais.

## Considerações Finais

A ambientômica é um dos campos mais promissores da ciência de dados em melhoria de precisão. O profissional interessado nesse campo poderá se especializar nas mais diversas aplicações, navegando em outras ciências como estatística, fisiologia, física e fertilidade dos solos, irrigação, agrometeorologia, fitopatologia, geoprocessamento, sensoriamento remoto, agricultura de precisão e, até mesmo, nas áreas de ecologia, filogenia e evolução genética. Por esse motivo, possivelmente todo grupo científico e empresa de pesquisa terá um ou mais profissionais dessa área atuando de forma conjunta para mineração de dados úteis ao melhoramento. Para os desenvolvedores interessados nesse campo, ainda há muitos aspectos a serem aprimorados, como o desenvolvimento de rotinas com maior resolução temporal (dados climáticos em escala horária, previsões climáticas para dados futuros ou de um passado geológico distante) e espacial (diferentes profundidades do solo, pixels com dimensões cada vez menores a nível de planta ou parcela experimental), além dos novos modos de processar, interpolar e interpretar os dados dos marcadores ambientômicos. Portanto, espera-se que este capítulo sirva de inspiração para que futuros trabalhos sejam executados.

## Referências

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v. 4, n. 5, p. 503-508, Sept./Oct. 1964. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1964.0011183X000400050021x>.
- ANTOLIN, L. A. S.; HEINEMANN, A. B.; MARIN, F. R. Impact assessment of common bean availability in Brazil under climate change scenarios. **Agricultural Systems**, v. 191, 103174, June 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2021.103174>.
- BARNES, A. C.; RODRÍGUEZ-ZAPATA, F.; JUARÉZ-NÚÑEZ, K. A.; RELLÁN-ÁLVAREZ, R. An adaptive teosinte *mexicana* introgression modulates phosphatidylcholine levels and is associated with maize flowering time. **PNAS**, v. 119, e2100036119, June 2022. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.2100036119>.
- BATTISTI, R.; SENTELHAS, P. C. Characterizing Brazilian soybean-growing regions by water deficit patterns. **Field Crops Research**, V. 240, p. 95–105, July 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2019.06.007>.

- BILINGS, W. D. The environmental complex in relation to plant growth and distribution. **The Quarterly Review of Biology**, v. 27, n. 3, p. 251–265, Sept. 1952. DOI: <https://doi.org/10.1086/399022>.
- BRADSHAW, A. D. Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants. **Advances in Genetics**, v. 13, p. 115-155, 1965. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0065-2660\(08\)60048-6](https://doi.org/10.1016/S0065-2660(08)60048-6).
- BUSTOS-KORTS, D.; BOER, M. P.; LAYTON, J.; GEHRINGER, A.; TANG, T.; WEHRENS, R.; MESSINA, C.; DE LA VEGA, A.; VAN EEUWIJK, F. Identification of environment types and adaptation zones with self-organizing maps; applications to sunflower multi-environment data in Europe. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 135, n. 6, p. 2059-2082, June 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-022-04098-9>.
- CARCEDO, A. J. P.; MAYOR, L.; DEMARCO, P.; MORRIS, G. P.; LINGENFELSER, J.; MESSINA, C. D.; CIAMPITTI, I. A. Environment characterization in sorghum (*Sorghum bicolor* L.) by modeling water-deficit and heat patterns in the Great Plains Region, United States. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, 768610, Mar. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.768610>.
- CARDOSO JÚNIOR, L. A. **Uso de ferramentas de geoprocessamento para obtenção de mapas de recomendação de cultivares para a macrorregião sojícola 3 do Brasil**. 2013. 101 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia.
- CHARMET, G.; BALFOURIER, F.; DENIS, J.-B. Genotype x environment interactions in a core collection of French perennial ryegrass populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 86, n. 6, p. 731–736, July 1993. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00222663>.
- CLAUSEN, J.; HIESEY, W. M. **Experimental studies on the nature of species**. IV. Genetic structure of ecological races. Washington: Carnegie Institution of Washington, 1958. 312 p. (Publication, 615).
- COMSTOCK, R. E. Quantitative genetics and the design of breeding programs. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 1976, Ames, Iowa. **Proceedings**. Ames: Iowa State University, 1977. p. 705–718.
- COOPER, M.; MESSINA, C. D.; PODLICH, D.; TOTIR, D.; BAUMGARTEN, A.; HAUSMANN, N. J.; WRIGHT, D.; GRAHAM, G. Predicting the future of plant breeding: Complementing empirical evaluation with genetic prediction. **Crop and Pasture Science**, v. 65, n. 4, p. 311-336, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1071/CP14007>.
- COSTA-NETO, G. M. F. **Integrando covariáveis ambientais e mapas temáticos na análise da interação “genótipo x ambiente” em arroz de terras altas**. 2017. 125 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia.
- COSTA-NETO, G.; FRITSCHÉ-NETO, R. Enviromics: bridging different sources of data, building one framework. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, e393521S12, Aug. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332021v21Sa25>.
- COSTA-NETO, G.; CRESPO-HERRERA, L.; FRADGLEY, N.; GARDNER, K.; BENTLEY, A. R.; DREISIGACKER, S.; FRITSCHÉ-NETO, R.; MONTESINOS-LÓPEZ, O. A.; CROSSA, J. Envirome-wide associations enhance multi-year genome-based prediction of historical wheat breeding data. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, v. 13, jkac313, Feb. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkac313>.
- COSTA-NETO, G. M. F.; DUARTE, J. B.; CASTRO, A. P.; HEINEMANN, A. B. **Uso de informações ambientais na modelagem e interpretação da interação genótipo x ambiente: revisão bibliográfica**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2020a. 46 p. (Embrapa Arroz e Feijão. Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 56). <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1124389>.
- COSTA-NETO, G. M. F.; MORAIS JÚNIOR, O. P.; HEINEMANN, A. B.; CASTRO, A. P.; DUARTE, J. B. A novel GIS-based tool to reveal spatial trends in reaction norm: upland rice case study. **Euphytica**, v. 216, 37, Feb. 2020b. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-020-2573-4>.

## ■ Melhoria de precisão: aplicações e perspectivas na genética...

COSTA-NETO, G.; GALLI, G.; CARVALHO, H. F.; CROSSA, J.; FRITSCHÉ-NETO, R. EnvRtype: a software to interplay enviromics and quantitative genomics in agriculture. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, v. 11, jkab040, Apr. 2021a. DOI: <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab040>.

COSTA-NETO, G.; CROSSA, J.; FRITSCHÉ-NETO, R. Enviromic assembly increases accuracy and reduces costs of the genomic prediction for yield plasticity in maize. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, 717552, Oct. 2021b. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.717552>.

CROSSA, J.; FRITSCHÉ-NETO, R.; MONTESINOS-LOPEZ, O. A.; COSTA-NETO, G.; DREISIGACKER, S.; MONTESINOS-LOPEZ, A.; BENTLEY, A. R. The modern plant breeding triangle: optimizing the use of genomics, phenomics, and enviromics data. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, 651480, Apr. 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.651480>.

DE LA TORRE, A. R.; WILHITE, B.; NEALE, D. B. Environmental genome-wide association reveals climate adaptation is shaped by subtle to moderate allele frequency shifts in loblolly pine. **Genome Biology and Evolution**, v. 11, n. 10, p. 2976–2989, Oct. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1093/gbe/evz220>.

DENIS, J. B. Two way analysis using covarites. **Statistics**, v. 19, n. 1, p. 123–132, 1988. DOI: <https://doi.org/10.1080/02331888808802080>.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**: uma introdução à análise “AMMI”. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p. (Monografias, n. 9).

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, n. 1, p. 36–40, Jan./Feb. 1966. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 14, n. 6, p. 742–754, 1963. DOI: <https://doi.org/10.1071/AR9630742>.

FREEMAN, G. H.; PERKINS, J. M. Environmental and genotype-environment components of variability: VIII. Relations between genotypes grown in different environments and measures of these environments. **Heredity**, v. 27, p. 15–23, Aug. 1971. DOI: <https://doi.org/10.1038/hdy.1971.67>.

FRITSCHÉ-NETO, R. SoilType: an R package to interplay soil characterization in plant science. **Agronomy Journal**, May 2023. DOI: <https://doi.org/10.1002/ajj2.21383>.

GEVARTOSKY, R.; CARVALHO, H. F.; COSTA-NETO, G.; MONTESINOS-LÓPEZ, O. A.; CROSSA, J.; FRITSCHÉ-NETO, R. Enviromic-based kernels may optimize resource allocation with multi-trait multi-environment genomic prediction for tropical Maize. **BMC Plant Biology**, v. 23, 10, Jan. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03975-1>.

GONZÁLEZ-BARRIOS, P.; DÍAZ-GARCÍA, L.; GUTIÉRREZ, L. Mega-environmental design: Using genotype × environment interaction to optimize resources for cultivar testing. **Crop Science**, v. 59, n. 5, p. 1899-1915, Sep./Oct. 2019. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.11.0692>.

HAJJARPOOR, A.; NELSON, W. C. D.; VADEZ, V. How process-based modeling can help plant breeding deal with G x E x M interactions. **Field Crops Research**, v. 283, 108554, July 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2022.108554>.

HARDWICK, R. C.; WOOD, J. T. Regression methods for studying genotype-environment interactions. **Heredity**, v. 28, p. 209–222, Apr. 1972. DOI: <https://doi.org/10.1038/hdy.1972.26>.

HEINEMANN, A. B.; BARRIOS-PEREZ, C.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; ARANGO-LONDOÑO, D.; BONILLA-FINDJI, O.; MEDEIROS, J. C.; JARVIS, A. Variation and impact of drought-stress patterns across upland rice target population of environments in Brazil. **Journal of Experimental Botany**, v. 66, n. 12, p. 3625-3638, June 2015. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/erv126>.

HEINEMANN, A. B.; COSTA-NETO, G.; FRITSCHÉ-NETO, R.; MATTA, D. H.; FERNANDES, I. K. Enviromic prediction is useful to define the limits of climate adaptation: a case study of common bean in Brazil. **Field Crops Research**, v. 286, 108628, Oct. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2022.108628>.

- HEINEMANN, A. B.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; SOUZA, T. L. P. O.; DIDONET, A. D.; DI STEFANO, J. G.; BOOTE, K. J.; JARVIS, A. Drought impact on rainfed common bean production areas in Brazil. **Agricultural and Forest Meteorology**, v. 225, p. 57-74, Sept. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2016.05.010>.
- HEINEMANN, A. B.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; STONE, L. F.; DIDONET, A. D. Climate change determined drought stress profiles in rainfed common bean production systems in Brazil. **Agricultural and Forest Meteorology**, v. 246, p. 64-77, Nov. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2017.06.005>.
- HEINEMANN, A. B.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; REBOLLEDO, M. C.; COSTA NETO, G. M. F.; CASTRO, A. P. Upland rice breeding led to increased drought sensitivity in Brazil. **Field Crops Research**, v. 231, p. 57-67, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2018.11.009>.
- HESLOT, N.; AKDEMIR, D.; SORRELLS, M. E. JANNINK, J.-L. Integrating environmental covariates and crop modeling into the genomic selection framework to predict genotype by environment interactions. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 127, n. 2, p. 463-480, Feb. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2231-5>.
- JARQUÍN, D.; CROSSA, J.; LACAZE, X.; CHEYRON, P. D.; DAUCOURT, J.; LORGEOU, J.; PIRAUX, F.; GUERREIRO, L.; PÉREZ, P.; CALUS, M.; BURGUEÑO, J.; DE LOS CAMPOS, G. A reaction norm model for genomic selection using high-dimensional genomic and environmental data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 127, n. 3, p. 595-607, Mar. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2243-1>.
- LÓPEZ-HERNÁNDEZ, F.; CORTÉS, A. J. Last-generation genome-environment associations reveal the genetic basis of heat tolerance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Frontiers in Genetics**, v. 10, 954, Nov. 2019. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00954>.
- MARCATTI, G. E.; RESENDE, R. T.; RESENDE, M. D. V.; RIBEIRO, C. A. A. S.; SANTOS, A. R.; CRUZ, J. P.; LEITE, H. G. GIS-based approach applied to optimizing recommendations of Eucalyptus genotypes. **Forest Ecology and Management**, v. 392, p. 144-153, May 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2017.03.006>.
- MESSINA, C. D.; TECHNOW, F.; TANG, T.; TOTIR, R.; GHO, C.; COOPER, M. Leveraging biological insight and environmental variation to improve phenotypic prediction: Integrating crop growth models (CGM) with whole genome prediction (WGP). **European Journal of Agronomy**, v. 100, p. 151-162, Oct. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.eja.2018.01.007>.
- MILLET, E. J.; KRUIJER, W.; COUPEL-LEDRU, A.; PRADO, S. A.; CABRERA-BOSQUET, L.; LACUBE, S.; CHARCOSSET, A.; WELCKER, C.; VAN EEUWIJK, F.; TARDIEU, F. Genomic prediction of maize yield across European environmental conditions. **Nature Genetics**, v. 51, p. 952-956, June 2019. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41588-019-0414-y>.
- MORAIS JÚNIOR, O. P.; DUARTE, J. B.; BRESEGHELLO, F.; COELHO, A. S. G.; MORAIS, O. P.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. Single-step reaction norm models for genomic prediction in multi-environment recurrent selection trials. **Crop Science**, v. 58, n. 2, p. 592-607, Mar./Apr. 2018. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2017.06.0366>.
- MU, Q.; GUO, T.; LI, X.; YU, J. Phenotypic plasticity in plant height shaped by interaction between genetic loci and diurnal temperature range. **New Phytologist**, v. 233, n. 4, p. 1768-1779, Feb. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/nph.17904>.
- NICOGLU, A. The evolution of phenotypic plasticity: genealogy of a debate in genetics. **Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences**, v. 50, p. 67-76, Apr. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.shpsc.2015.01.003>.
- NICOTRA, A. B.; ATKIN, O. K.; BONSER, S. P.; DAVIDSON, A. M.; FINNEGAN, E. J.; MATHESIU, U.; PURUGGANAN, M. D.; RICHARDS, C. L.; VALLADARES, F.; VAN KEUNEN, M. Plant phenotypic plasticity in a changing climate. **Trends in Plant Science**, v. 15, n. 12, p. 684-692, Dec. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2010.09.008>.

## ■ Melhoria de precisão: aplicações e perspectivas na genética...

NUNES, G. H. S.; ANDRADE NETO, R. C.; COSTA FILHO, J. H.; MELO, S. B. Influência de variáveis ambientais sobre a interação genótipos x ambientes em meloeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 4, p. 1194–1199, dez. 2011. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-29452011000400018>.

OLIVEIRA, R. S. **Fatores edafoclimáticos determinantes da interação de genótipos com ambientes em cana-de-açúcar**. 2013. 75 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

ORTIZ, R.; CROSSA, J.; VARGAS, M.; IZQUIERDO, J. Studying the effect of environmental variables on the genotype x environment interaction of tomato. **Euphytica**, v. 153, n. 1, p. 119–134, Jan. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-006-9248-7>.

PERKINS, J. M. The principal component analysis of genotype-environmental interactions and physical measures of the environment. **Heredity**, v. 29, p. 59–70, Aug. 1972. DOI: <https://doi.org/10.1038/hdy.1972.64>.

PERKINS, J. M.; JINKS, J. L. Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. **Heredity**, v. 23, p. 339–356, Aug. 1968. DOI: <https://doi.org/10.1038/hdy.1968.48>.

PORKER, K.; COVENTRY, S.; FETTELL, N. A.; COZZOLINO, D.; EGLINTON, J. Using a novel PLS approach for envirotyping of barley phenology and adaptation. **Field Crops Research**, v. 246, 107697, Feb. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2019.107697>.

RAMIREZ-VILLEGAS, J.; HEINEMANN, A. B.; CASTRO, A. P.; BRESEGHELLO, F.; NAVARRO-RACINES, C.; LI, T.; REBOLLEDO, M. C.; CHALLINOR, A. J. Breeding implications of drought stress under future climate for upland rice in Brazil. **Global Change Biology**, v. 24, n. 5, p. 2035-2050, May 2018. DOI: <https://doi.org/10.1111/gcb.14071>.

RAMIREZ-VILLEGAS, J.; MOLERO MILAN, A.; ALEXANDROV, N.; ASSENG, S.; CHALLINOR, A. J.; CROSSA, J.; VAN EEUWIJK, F.; GHANEM, M. E.; GRENIER, C.; HEINEMANN, A. B.; WANG, J.; JULIANA, P.; KEHEL, Z.; KHOLOVA, J.; KOO, J.; PEQUENO, D.; QUIROZ, R.; REBOLLEDO, M. C.; SUKUMARAN, S.; VADEZ, V.; WHITE, J. W.; REYNOLDS, M. CGIAR modeling approaches for resource-constrained scenarios: I. Accelerating crop breeding for a changing climate. **Crop Science**, v. 60, n. 2, p. 547-567, Mar./Apr. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.20048>.

RESENDE, R. T.; CHENU, K.; RASMUSSEN, S. K.; HEINEMANN, A. B.; FRITSCHÉ-NETO, R. Editorial: Enviromics in plant breeding. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, 935380, June 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.935380>.

RESENDE, R. T.; PIEPHO, H.-P.; ROSA, G. J. M.; SILVA JUNIOR, O. B.; SILVA, F. F.; RESENDE, M. D. V.; GRATTAPAGLIA, D. Enviromics in breeding: applications and perspectives on envirotypic-assisted selection. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 134, n. 1, p. 95-112, Jan. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03684-z>.

RESENDE, R. T.; PIEPHO, H.-P.; SILVA JUNIOR, O. B.; SILVA, F. F.; RESENDE, M. D. V.; GRATTAPAGLIA, D. *Enviromics* in breeding: applications and perspectives on envirotypic-assisted selection. **bioRxiv**, Aug. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1101/726513>.

RESENDE, R. T.; SOARES, A. A. V.; FORRESTER, D. I.; MARCATTI, G. E.; SANTOS, A. R.; TAKAHASHI, E. K.; SILVA, F. F.; GRATTAPAGLIA, D.; RESENDE, M. D. V.; LEITE, H. G. Environmental uniformity, site quality and tree competition interact to determine stand productivity of clonal Eucalyptus. **Forest Ecology and Management**, v. 410, p. 76-83, Feb. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2017.12.038>.

RICHARDS, R. A. Breeding and selecting for drought resistance in wheat. In: DROUGHT resistance in crops with emphasis on rice. Los Baños: International Rice Research Institute, 1982. p. 303–316.

- ROMAY, M. C.; MALVAR, R. A.; CAMPO, L.; ALVAREZ, A.; MORENO-GONZÁLEZ, J.; ORDÁS, A.; PRECIADO, P. Climatic and genotypic effects for grain yield in maize under stress conditions. **Crop Science**, v. 50, n. 1, p. 51–58, Jan. 2010. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2008.12.0695>.
- ROMERO NAVARRO, J. A.; WILLCOX, M.; BURGUEÑO, J.; ROMAY, C.; SWARTS, K.; TRACHSEL, S.; PRECIADO, E.; TERRON, A.; DELGADO, H. V.; VIDAL, V.; ORTEGA, A.; BANDA, A. E.; MONTIEL, N. O. G.; ORTIZ-MONASTERIO, I.; SAN VICENTE, F.; ESPINOZA, A. G.; ATLIN, G.; WENZL, P.; HEARNE, S.; BUCKLER, E. S. A study of allelic diversity underlying flowering-time adaptation in maize landraces. **Nature Genetics**, v. 49, p. 476–480, Mar. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.3784>.
- SÁNCHEZ ALVARADO, A.; YAMANAKA, S. Rethinking differentiation: Stem cells, regeneration, and plasticity. **Cell**, v. 157, n. 1, p. 110–119, Mar. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2014.02.041>.
- SARZAEIM, P.; MUNOZ-ARRIOLA, F.; JARQUIN, D.; ASLAM, H.; GATTI, N. L. **CLIM4OMICS**: a geospatially comprehensive climate and multi-OMICS database for Maize phenotype predictability in the U.S. and Canada. *Earth System Science Data Discussions*, Feb. 2023. DOI: <https://doi.org/10.5194/essd-2023-11>.
- SCHMIDT, P.; MÖHRING, J.; KOCH, R. J.; PIEPHO, H.-P. More, larger, simpler: How comparable are on-farm and on-station trials for cultivar evaluation? **Crop Science**, v. 58, n. 4, p. 1508-1518, July/Aug. 2018. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2017.09.0555>.
- SHELFORD, V. E. Some concepts of bioecology. **Ecology**, v. 12, n. 3, p. 455–467, July 1931. DOI: <https://doi.org/10.2307/1928991>.
- TAO, F.; RÖTTER, R. P.; PALOSUO, T.; DÍAZ-AMBRONA, C. G. H.; MÍNGUEZ, M. I.; SEMENOV, M. A.; KERSEBAUM, K. C.; NENDEL, C.; CAMMARANO, D.; HOFFMANN, H.; EWERT, F.; DAMBREVILLE, A.; MARTRE, P.; RODRÍGUEZ, L.; RUIZ-RAMOS, M.; GAISER, T.; HÖHN, J. G.; SALO, T.; FERRISE, R.; BINDI, M.; SCHULMAN, A. H. Designing future barley ideotypes using a crop model ensemble. **European Journal of Agronomy**, v. 82, p. 144–162, Jan. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.eja.2016.10.012>.
- TAYLOR, W. P. Significance of extreme or intermittent conditions in distribution of species and management of natural resources, with a restatement of Liebig's Law of Minimum. **Ecology**, v. 15, n. 4, p. 374–379, Oct. 1934. DOI: <https://doi.org/10.2307/1932352>.
- TISDALE, S. L.; NELSON, W. L.; BEATON, J. D.; HAVLIN, J. L. **Soil fertility and fertilizers**. 5<sup>th</sup> ed. London: Macmillan, 1993. 648 p.
- VAN EEUWIJK, F. A.; DENIS, J.-B.; KANG, M. S. Incorporating additional information on genotypes and environments in models for two-way genotype by environment tables. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (ed.). **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p. 15-49.
- VAN EEUWIJK, F. A.; MALOSETTI, M.; BOER, M. P. Modelling the genetic basis of response curves underlying genotype x environment interaction. In: SPIERTZ, J. H. J.; STRUIK, P. C.; VAN LAAR, H. H. (ed.). **Scale and complexity in plant systems research: gene-plant-crop relations**. Dordrecht: Springer, 2007. p. 115–126.
- XAVIER, A. C.; KING, C. W.; SCANLON, B. R. Daily gridded meteorological variables in Brazil (1980-2013). **International Journal of Climatology**, v. 36, n. 6, p. 2644-2659, May 2016. DOI: <https://doi.org/10.1002/joc.4518>.
- XU, Y. Envirotyping for deciphering environmental impacts on crop plants. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 129, n. 4, p. 653-673, Apr. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-016-2691-5>.
- ZHENG, B.; CHAPMAN, S.; CHRISTOPHER, J.; FREDERIKS, T.; CHENU, K. Frost trends and their estimated impact on yield in the Australian wheatbelt. **Procedia Environmental Sciences**, v. 29, p. 171-172, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.proenv.2015.07.244>.