

ALOISIO FERNANDO SILVA RIBEIRO

**ANÁLISE DE IMAGENS MULTIESPECTRAIS NA AVALIAÇÃO E SELEÇÃO
INDIRETA DE LINHAGENS DE TRIGO EM ESTÁGIOS INICIAIS DE UM
PROGRAMA DE MELHORAMENTO**

Dissertação apresentada a Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Luiz Alexandre Peternelli

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2023**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

R484a
2023

Ribeiro, Aloisio Fernando Silva, 1997-

Análise de imagens multiespectrais na avaliação e seleção indireta de linhagens de trigo em estágios iniciais de um programa de melhoramento / Aloisio Fernando Silva Ribeiro. – Viçosa, MG, 2023.

1 dissertação eletrônica (41 f.): il. (algumas color.).

Inclui apêndices.

Orientador: Luiz Alexandre Peternelli.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Agronomia, 2023.

Referências bibliográficas: f. 33-41.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2023.686>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Trigo - Melhoramento genético. 2. Curva característica de operação do receptor. 3. Modelos multiníveis (Estatísticas). I. Peternelli, Luiz Alexandre, 1966-. II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 633.112


ALOISIO FERNANDO SILVA RIBEIRO

**ANÁLISE DE IMAGENS MULTIESPECTRAIS NA AVALIAÇÃO E SELEÇÃO
INDIRETA DE LINHAGENS DE TRIGO EM ESTÁGIOS INICIAIS DE UM
PROGRAMA DE MELHORAMENTO**

Dissertação apresentada a Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

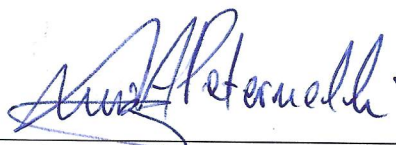
APROVADO: 31 de julho de 2023

Assentimento:



Aloísio Fernando Silva Ribeiro

Autor



Luiz Alexandre Peternelli

Orientador

AGRADECIMENTOS

A Deus, por iluminar o meu caminho e pelas coisas boas que tem feito em minha vida.

À minha mãe, Claudete Ribeiro, pelo amor e esforço empenhado em prol do meu sucesso.

À minha irmã, Patrícia Ribeiro, pelo amor, apoio e confiança de me querer como padrinho da Emanuely e Benício, meus sobrinhos que amo incondicionalmente.

Aos meus amigos pelo companheirismo e por sempre acreditarem em mim, mesmo quando até eu duvidava.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela excelência, estrutura e qualidade em ensino que oferecem aos estudantes.

Aos colegas do Lapea pela amizade, pelos momentos em que trabalhamos juntos e também pelos momentos de descontração.

Ao meu professor e orientador Dr. Luiz Alexandre Peternelli, pelo acolhimento em seu grupo de pesquisa, pelos ensinamentos, conselhos e pelo exemplo de profissionalismo e dedicação à ciência.

Ao meu professor e coorientador Dr. Maicon Nardino, pela oportunidade de parceria e pela sua pronta disposição a me ajudar no desenvolvimento deste trabalho.

Ao professor Dr. Paulo Roberto Cecon, por participar da banca examinadora.

À Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo financiamento das financiamento de grande parte das pesquisas desenvolvidas.

A todos que se fizeram presentes em minha vida e que de alguma forma contribuíram para essa conquista.

ABSTRACT

RIBEIRO, Aloísio Fernando Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July 2023. **Multispectral image analysis in the evaluation and indirect selection of wheat lines in the initial stages of a breeding program.** Advisor: Luiz Alexandre Peternelli.

A conventional wheat breeding program faces several limitations to the phenotyping procedure, especially in the initial stages, where the high number of genotypes makes the process time-consuming and costly and often uses destructive methods in evaluating materials. In this sense, using vegetation indices obtained from multispectral images as possible indices of indirect selection of superior wheat genotypes was studied. Eight hundred fifty-two wheat genotypes in F2:3 were grown from February to June 2022 in an augmented block design (DBA) with eight controls and ten blocks. Images of the experimental field were collected from a MicaSense MX multispectral camera attached to a drone on three dates corresponding to heading 15 and 30 days later. The characteristics evaluated in the field were plant height (ALT, cm), days until maturation (DAM, days), the mass of 100 grains (M100, g), and productivity (PDT, kg.ha⁻¹), while the spectral characteristics were the individual information of the bands (Red, Green, Blue, NIR, and RE) and other nine vegetative indices. Genetic effects were estimated and tested by the REML/BLUP and LRT methods, respectively. The ROC analysis was used to quantify the classification potential of each index and define the ideal cutoff point (Cutoff) by the Youder index, where the sum of sensitivity and specificity is maximized. The genotype effect was significant for all traits studied, except for M100, with heritabilities for ALT, PDT, and DAM of 0.53, 0.57, and 0.49, respectively. The vegetation indices presented heritabilities between 0.49 and 0.55, except for MTVI1, with $h^2 = 0.27$. By ROC analysis, the indices that presented greater efficiency in the discrimination between the selected and non-selected classes for PDT were the MSAVI and MCARI (AUC = 0.76; AUC = 0.73) at the time of heading. As for the DAM and ALT variables, there was a weak association with the vegetation index, with AUC values generally lower than 0.60. Indirect selection based on the ideal Cutoff was unsatisfactory, with a selection gain efficiency (GS) of 12% relative to the conventional method for MSAVI and 2% for MCARI. It is concluded that vegetative indices are positively associated with the agronomic variables measured in the field. However, simple discrimination was not practical, being necessary to study other classification or prediction models to obtain more accurate information about the potential of indirect classification based on spectral information.

Keywords: Vegetation indices. Genetics. ROC curve. Mixed model.

RESUMO

RIBEIRO, Aloísio Fernando Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2023. **Análise de imagens multiespectrais na avaliação e seleção indireta de linhagens de trigo em estágios iniciais de um programa de melhoramento.** Orientador: Luiz Alexandre Peternelli.

Um programa de melhoramento convencional de trigo enfrenta várias limitações o procedimento de fenotipagem, especialmente nas fases iniciais, onde o elevado número de genótipos torna o processo demorado e custoso, além de muitas vezes utilizar de métodos destrutivos na avaliação dos materiais. Nesse sentido, foi estudado a utilização de índices de vegetação obtidos a partir de imagens multiespectrais como possíveis índices de seleção indireta de genótipos superiores de trigo. 852 genótipos de trigo em F_{2:3} foram cultivados durante os meses de fevereiro a junho de 2022, com delineamento em blocos aumentados (DBA), com 8 testemunhas e 10 blocos. Imagens do campo experimental foram coletadas a partir de uma câmera multiespectral MicaSense MX acoplado a um drone, em três datas correspondentes ao espigamento, 15 e 30 dias posteriores. As características avaliadas em campo foram altura de planta (ALT, cm), DAM (dias), massa de 100 grãos (M100, g) e produtividade (PDT, kg.ha⁻¹), enquanto as características espectrais foram as informações individuais das bandas (Red, Green, Blue, NIR e RE) e de outros 9 índices vegetativos. Os efeitos genéticos foram estimados e testados pelo método REML/BLUP e LRT, respectivamente. A análise de ROC foi utilizada para quantificar o potencial de classificação de cada índice e definir o ponto de corte (Cutoff) ideal pelo índice Youden, onde a soma da sensibilidade e especificidade é maximizada. O efeito de genótipo foi significativo para todas as características estudadas, exceto para M100, com as herdabilidades para ALT, PDT e DAM de 0,53, 0,57 e 0,49, respectivamente. Os índices de vegetação apresentaram herdabilidades entre 0,49 e 0,55, com exceção do MTVI1, com h² = 0,27. Pela análise da curva ROC, os índices que apresentaram maior eficiência na discriminação entre as classes selecionados e não selecionado para PDT foram o MSAVI e MCARI (AUC = 0,76; AUC = 0,73), no momento do espigamento. Quanto as variáveis DAM e ALT, ouve uma associação pouco expressivas com os índices de vegetação, com valores de AUC em geral menores que 0,60. A seleção indireta baseado no Cutoff ideal não foi satisfatória, com eficiência de ganho de seleção (GS) de 12% relativo ao método convencional para MSAVI e 2% para MCARI. Conclui-se que índices vegetativos possuem associação positiva com as variáveis agrônômicas medidas a campo. No entanto, uma discriminação simples não se

mostrou eficaz, sendo necessário estudar outros modelos de classificação ou predição para se obter informações mais precisas sobre o potencial da classificação indireta baseada em informações espectrais.

Palavras-chave: Índices de vegetação. Genética. Curva ROC. Modelos mistos.

LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

R	Red band
G	Green band
B	Blue band
NIR	Near infra-red band
RE	Rededge band
NDVI	Normalized difference vegetation index
GNDVI	Green normalized difference vegetation index
EVI	Enhanced vegetation index
SAVI	Soil-adjusted vegetation index
MTVII	Triangulation vegetation index
MSAVI	Modified soil-adjusted vegetation index
MCARI	Modified Chlorophyll Absorption in the Reflectance Index
RDVI	Renormalized difference vegetation index
MSR	Modified simple ratio
LRT	Likelihood Ratio Test
AIC	Akaike Information Criterion
BIC	Baysian Information Criterion
ROC	Receiver Operating Characteristic
AUC	Area under curve
PDT	Produtividade (kg/há)
M100	Massa de 100 grãos (g)
VANT	Veículo aéreo não tripulado
BLUP	Best linear unbiased prediction
UEPE	Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão

SUMÁRIO

1. Introdução	9
2. Objetivos	11
2.1. Objetivo geral	11
2.2. Objetivos específicos	11
3. Revisão Bibliográfica	12
3.1. Aspectos Gerais do Melhoramento de Trigo	12
3.2. Modelos mistos aplicado ao melhoramento	13
3.3. Aspectos gerais da análise de imagens	14
4. Material e Métodos	14
4.1. Obtenção das populações	15
4.2. Condução das populações segregantes	15
4.3. Obtenção das imagens	17
4.4. Características avaliadas	17
4.5. Análise estatística	18
5. Resultados	23
5.1. Análise descritiva dos dados	23
5.2. Parâmetros estatísticos	23
5.3. Correlação	26
5.4. Seleção indireta	30
6. Conclusão	32
7. Referências	32
8. Anexos	40

1. INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é uma planta autógama pertencente à família Poaceae e amplamente cultivada no mundo inteiro. Estima-se que a área plantada de trigo no mundo na safra de 2023/24 seja de 221,9 milhões de ha com uma produção de 800,2 milhões de toneladas (USDA, 2023). O Brasil está responsável pela produção de 10 milhões de toneladas do grão, aproximadamente 1,25% da produção mundial, na mesma safra.

Estima-se que na safra 2022/23 a importação de trigo chegou na casa dos 5,6 milhões de toneladas, o que representa quase 50% do consumo interno do país, que ultrapassou os 12,4 milhões de toneladas (CONAB, 2023). Esse cenário reflete a necessidade urgente de avanços na cultura do trigo no Brasil a fim de alcançar a autossuficiência.

A triticultura concentra-se principalmente na região sul. No entanto, diante da necessidade de atingir a autossuficiência e, eventualmente, tornar-se um país exportador, é crucial desenvolver mecanismos que possibilitem a expansão dessa cultura para além das áreas temperadas. A região do Brasil-Central apresenta um grande potencial para expansão da triticultura em função da proximidade de importantes mercados consumidores, disponibilidade de áreas agricultáveis, aptidão para produção de trigo com alta qualidade em função das condições climáticas e oportunidade de incremento da renda dos agricultores da região (PASINATO *et al.*, 2018). Sendo assim, os programas de melhoramento possuem um papel fundamental no desenvolvimento de cultivares produtivas, adaptadas as condições ambientais e com boas características para a industrialização (NAGAR *et al.*, 2018).

Durante as etapas de um programa de melhoramento, muitas avaliações e análises são realizadas com o propósito de selecionar famílias e progênies com potencial de se adaptar às condições dos ambientes alvos, utilizando-se de parâmetros e ferramentas robustas a fim de obter ganhos de seleção ao longo dos ciclos de seleção de forma precisa e acurada.

Valores genotípicos (BLUP - Best linear unbiased prediction) têm sido utilizados para a seleção de famílias/progênies no melhoramento de plantas por muitos melhoristas, sendo que são necessário estimativas confiáveis dos componentes de variância para predição. Neste contexto, diversos pesquisadores têm optado por fazer o uso de procedimentos genético-estatísticos mais robustos, através da abordagem dos modelos mistos, que fornecem parâmetros adicionais relevantes para a identificação de genótipos superiores (MAIA *et al.*, 2011; PIMENTEL *et al.*, 2014).

Paralelamente, um programa de melhoramento convencional de trigo enfrenta várias limitações ao avaliar um grande número de famílias, especialmente nas fases iniciais. A avaliação fenotípica de um número elevado de famílias é um processo demorado e custoso, além de muitas vezes utilizar de métodos destrutivos na avaliação dos materiais. A avaliação em campo também está sujeita a restrições práticas, como limitações de espaço e condições climáticas inadequadas. A coleta de dados fenotípicos requer recursos consideráveis, incluindo infraestrutura, equipamentos e mão de obra especializada, o que pode representar um desafio significativo para os programas de melhoramento (AZIZINIA *et al.*, 2023; ZHANG *et al.*, 2019).

A limitação de recursos financeiros e mão de obra especializada, além de tempo disponíveis para a coleta de dados fenotípicos em um grande número de famílias resulta em uma quantidade limitada de informações disponíveis para cada família avaliada. Essas limitações ressaltam a necessidade de abordagens alternativas que possam acelerar o processo de avaliação fenotípica e garantir uma seleção mais precisa e abrangente das famílias de trigo. Uma solução promissora é a utilização de técnicas de fenotipagem de alto rendimento, que empregam tecnologias avançadas para coletar dados fenotípicos de forma mais eficiente e rápida (JULIANA *et al.*, 2019).

Fenotipagem de alto rendimento a partir de monitoramento remoto ou proximal é uma abordagem que permite a avaliação simultânea de múltiplas características em um grande número de genótipos, proporcionando informações mais abrangentes em um curto período de tempo (ANDRADE-SANCHEZ *et al.*, 2014; ARAUS; CAIRNS, 2014). Em especial, o sensoriamento a partir de veículos aéreos não tripulados (VANTs) tem certas vantagens quando comparados com métodos de medição em solo, como menor ruído nos dados devido a variação ambiental durante a captura das imagens, procedimento realizado em alguns minutos por um VANT mas que pode durar horas se feito de forma terrestre, e um ganho em resolução e periodicidade quando comparados com imagens por satélites (AASEN; BOLTEN, 2018; TATTARIS; REYNOLDS; CHAPMAN, 2016).

O resultado do sensoriamento são imagens contendo a refletância espectral do objeto em estudo. A refletância é resultado da interação da luz com a matéria, onde certos comprimentos de ondas são absorvidos ou refletidos a depender da composição do objeto em questão. Na prática, diversos parâmetros físicos e bioquímicos influenciam na assinatura espectral de uma cultura. Consequentemente, diferentes culturas, estruturas da planta, e até mesmo a mesma planta, mas em diferentes condições ambientais, apresentarão assinaturas espectrais diferentes, provendo informações que podem ser utilizadas para determinar uma serie

de parâmetros, como biomassa, atividade fotossintética, deficiências nutricionais, concentração de clorofilas e carotenoides, conteúdo de água, entre outros (REYNOLDS, 2012).

A utilização da informação de refletância e padrões de imagem já tem sido amplamente estudada em diversas culturas, como trigo (RUTKOSKI *et al.*, 2016), vinícolas (GIOVOS *et al.*, 2021; JIMÉNEZ-BRENES *et al.*, 2019), beterraba (NEUMANN *et al.*, 2014), algodão (CAMARGO; SMITH, 2009), morango (ZHOU *et al.*, 2021), cana de açúcar (PETERNELLI; ANDRADE, 2023) entre outras, com aplicações como discriminação de genótipos, identificação de doenças, maturidade, estresses abióticos, estimativas de produtividade, biomassa, etc.

Informações de índices de vegetação obtidos a partir de imagens de câmeras multiespectrais e sensores multiespectrais em trigo demonstraram apresentar alta herdabilidade e correlação genética com produtividade, sendo pouco afetada pelo tamanho das parcelas (HU; KNAPP; SCHMIDHALTTER, 2020). Esse tipo de informação tem um alto potencial para aplicação em estágios iniciais de programas de melhoramento, abrindo margem para o aumento do número de materiais avaliados e a diminuição da área necessária.

2. OBJETIVOS

2.1. OBJETIVO GERAL

O objetivo deste trabalho consiste em avaliar a utilização de imagens obtidas por câmera multiespectral veiculada em drone para seleção de famílias para fenotipagem e seleção indireta de genótipos superiores em estágios iniciais de um programa de melhoramento de trigo em comparação com métodos de seleção tradicionais.

2.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- i. Identificar índices vegetativos correlacionados com caracteres fenotípicos de interesse;
- ii. Identificar indivíduos segregantes quanto à produtividade a partir da análise de imagens multiespectrais;
- iii. Comparar os ganhos de seleção obtidos a partir de índices com os ganhos obtidos nos métodos convencionais.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. ASPECTOS GERAIS DO MELHORAMENTO DE TRIGO

O melhoramento de trigo teve início como um esforço para aumentar a produtividade e melhorar a qualidade desse importante cereal, tendo um marco importante com a Revolução Verde, que ocorreu nas décadas de 1950 e 1960. Nesse período, o trabalho pioneiro do CIMMYT (International Center for Maize and Wheat Improvement), resultou no desenvolvimento de variedades de trigo semi-anãs, de alto rendimento, capazes de resistir a doenças e de responder bem a fertilizantes e irrigação (VENSKE *et al.*, 2019). Essas variedades foram amplamente adotadas em países como Índia, México e Paquistão, contribuindo para aumentar a produção e combater a fome.

No Brasil, os primeiros programas de melhoramento de trigo datam da década de 1920, com a obtenção de cultivares a partir de cruzamentos de acessos de trigo locais do Rio Grande do Sul, e posteriormente com a introdução de variedades de trigo provenientes de outros países, como Argentina e Estados Unidos. Essas variedades, adaptadas às condições de clima e solo brasileiros, foram selecionadas e cruzadas entre si para desenvolver cultivares mais produtivas e resistentes a doenças. Avanços significativos foram alcançados nas últimas décadas com a criação de instituições de pesquisa, como a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), que têm se dedicado ao melhoramento de trigo (SCHEEREN *et al.*, 2011)

Um dos principais objetivos buscados pelos programas de melhoramento de trigo tem sido o desenvolvimento de cultivares com alta produtividade, adaptadas às diferentes regiões do país e com resistência a doenças específicas, como a ferrugem do trigo, que representa um dos principais desafios enfrentados pelos produtores (FEDERIZZI *et al.*, 1999). A busca por cultivares de trigo com maior resistência à seca e ao estresse hídrico também tem sido uma prioridade, devido à variabilidade climática e à ocorrência de períodos de estiagem em algumas regiões brasileiras (GIROTTO *et al.*, 2012).

Outro objetivo importante dos programas de melhoramento de trigo no Brasil tem sido a melhoria da qualidade dos grãos, visando atender às demandas do mercado interno e externo. Isso inclui a seleção de cultivares com alto teor de proteínas, características específicas de panificação e maior valor nutricional (TORRES *et al.*, 2009).

No entanto, os programas de melhoramento de trigo no Brasil enfrentam desafios significativos. Um dos principais desafios é a necessidade de adaptar as cultivares às diferentes condições edafoclimáticas do país, que abrange uma ampla gama de regiões, desde o Sul, com

seu clima mais frio, até o Norte, com temperaturas mais elevadas, mantendo as características agronômicas superiores (ALTBRECHT *et al.*, 2007).

Outro desafio é a necessidade de aumentar a eficiência dos programas de melhoramento. Conseqüentemente a implementação de técnicas avançadas de genômica, seleção assistida por marcadores e fenotipagem de alto rendimento tem sido amplamente pesquisados no intuito de acelerar o processo de seleção e identificação de características desejáveis, reduzindo o tempo necessário para o desenvolvimento de novas variedades (ARAUS *et al.*, 2018; CECCARELLI, 2015; PEREIRA *et al.*, 2002).

3.2. MODELOS MISTOS APLICADO AO MELHORAMENTO

O método dos modelos mistos foi proposto como forma de separar os efeitos genéticos e ambientais em dados de animais sujeitos a abate. Inicialmente os parâmetros genéticos eram estimados via mínimos quadrados generalizados (GLS - Generalized Least Squares) que se baseia na minimização da soma dos quadrados dos desvios entre os valores observados e os valores previstos pelo modelo estatístico. No entanto o método de mínimos quadrados clássicos pode levar a estimativas e não leva em consideração as restrições biológicas que podem ser relevantes para a estimativa de tendências genéticas e ambientais. Como forma de reduzir o viés das estimativas, foi proposto a utilização de método REML (Restricted/Restricted Maximum Likelihood) que estima os componentes de variância (variação genética e residual) e os coeficientes de correlação genética entre diferentes efeitos aleatórios por meio da maximização da verossimilhança restrita, que considera a estrutura de correlação entre os dados observados (HENDERSON, 1963; HENDERSON; KEMPTHORNE; SEARLE, 1959).

O BLUP possui propriedades desejáveis a programas de melhoramento, como o fator de encolhimento em direção a média (shrinkage), que aumenta a precisão quando o viés incorrido pelo encolhimento é mais do que compensado pela redução na variância, levando assim a um menor erro quadrático médio (MSE), e a possibilidade de associação com a matriz de parentesco (matriz A). permitindo a predição dos efeitos genéticos aditivos e corrigindo os padrões de fluxo de informação genética de geração em geração, mesmo com desequilíbrio causado a partir das seleções (PIEPHO *et al.*, 2008).

A abordagem dos modelos mistos permite a inclusão de múltiplos efeitos e é capaz de lidar com dados desbalanceados. Considerando a necessidade dos programas de melhoramento genético em avaliar o desempenho dos genótipos em diferentes ambientes e as limitações de recursos, especialmente em termos de espaço, os modelos mistos surgem como uma promissora

forma de análise, permitindo a incorporação de todos os dados disponíveis (SMITH; CULLIS, 2018).

No Brasil, a abordagem por modelos mistos tem sido amplamente estudada em programas de melhoramento, em culturas como: arroz (BORGES et al., 2010), algodão (RESENDE et al., 2014), trigo (NARDINO et al., 2022), cana-de-açúcar (SILVA et al., 2013), milho (DOVALTE et al., 2012), etc.

3.3. ASPECTOS GERAIS DA ANÁLISE DE IMAGENS

A aplicação do sensoriamento remoto a partir de veículos aéreos não tripulados (VANTs) ocupou uma posição de destaque na agricultura de precisão. O uso de VANTS no monitoramento de lavouras oferece a possibilidade de aquisição de dados de campo de maneira rápida, fácil e mais econômica que outros métodos como imagens via satélite, veículos tripulados ou sistemas terrestres (TSOUROS; BIBI; SARIGIANNIDIS, 2019).

Essa tecnologia tem sido aproveitada por programas de melhoramento para avaliar características agronômicas das culturas em escala, como uma alternativa para ultrapassar o gargalo do processo de fenotipagem tradicional (ARAUS et al., 2018). Por ser um método não invasivo e não destrutivo de avaliação, muitos estudos demonstram o potencial da fenotipagem de alto rendimento para avaliação de diversos fatores relevantes para a cultura do trigo, como acamamento, estande, altura e taxa de crescimento (HOLMAN et al., 2016; JIN et al., 2017; SINGH et al., 2019; VOLPATO et al., 2021)

O uso de índices de vegetação obtidos a partir de imagens aéreas também tem demonstrado potencial para diversas avaliações em programas de melhoramento de trigo. Índices como GNDVI e RNDVI apresentaram alta correlação com produtividade de grãos, além de se mostrar ótimos indicadores para caracteres secundários altamente correlacionados com a produtividade (RUTKOSKI et al., 2016). Além disso, índices de vegetação também apresentam eficiência para classificação de progênies quanto ao vigor em estágios de crescimento (KIPP et al., 2014) e predição de produtividade em estágios mais precoces, especialmente na faixa do infravermelho próximo (NIR)(HU; KNAPP; SCHMIDHALTTER, 2020).

4. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Produção de Grandes Culturas e Bioenergia – UEPE GCBE – Aeroporto, em Viçosa, Minas Gerais (20°44'50" S, 42°50'36" W, a 660 m de altitude) no ano de 2022.

4.1. OBTENÇÃO DAS POPULAÇÕES

As populações que compuseram o material experimental foram obtidas através do cruzamento de 8 genitores (Tabela 1) em dialelo completo, no ano de 2019. Os cruzamentos foram realizados em casa de vegetação, entre os meses de abril e agosto, resultando em 56 combinações F1.

Tabela 1 – Genealogia dos genitores utilizados para a geração das populações segregantes.

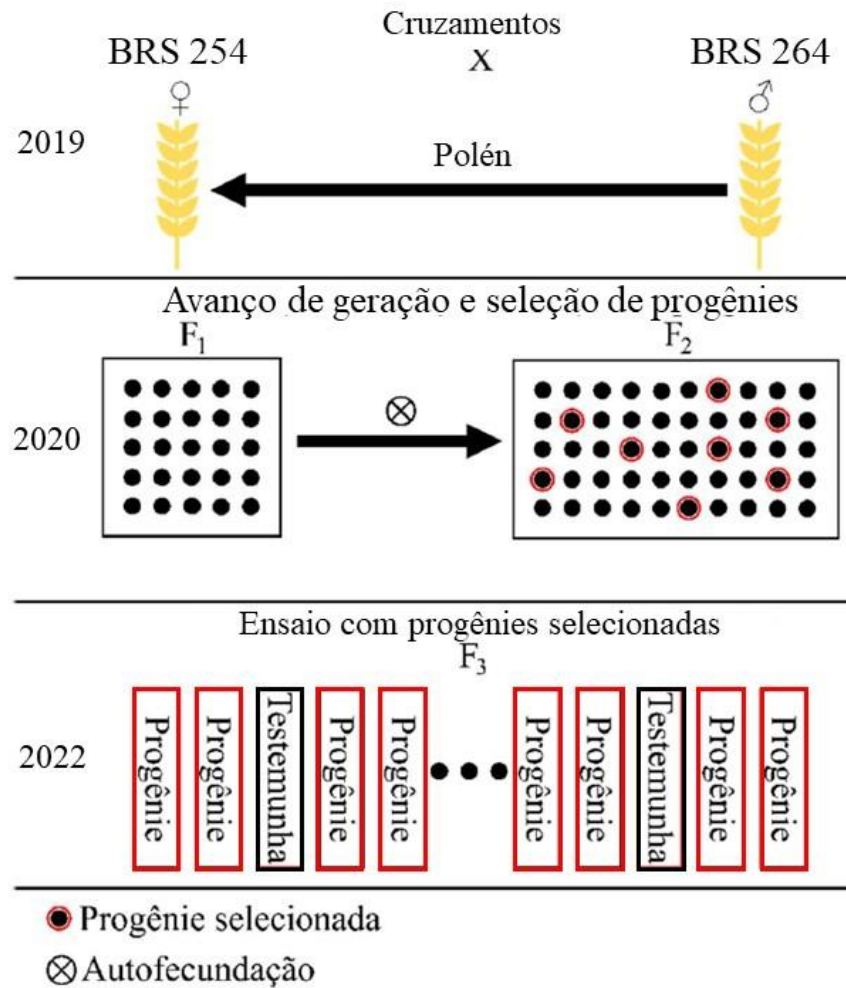
Genitores	Genealogia
BRS 254	Embrapa 22*3/Anahuac 75
BRS 264	Buck Buck/Chiroca//Tui
BRS 394	Embrapa 22/CM 106790
CD 1303	CD 150/BRS 177
Tbio Aton	Tbio Mestre/Fuste//Tbio Mestre
Tbio Duque	Tbio Toruk*3/Celebra//Tbio Noble
Tbio Ponteiro	Fuste/Tbio Mestre
Tbio Sossego	BIO 08400/Quartzo//Quartzo

4.2. CONDUÇÃO DAS POPULAÇÕES SEGREGANTES

Em 2020 foi feito o avanço de geração da F1 em casa de vegetação nos meses de fevereiro a maio. Com as sementes obtidas com o avanço de geração da F1, as populações segregantes F2 foram semeadas em campo nos meses de maio/junho de 2020. Aproximadamente 90 plantas por população, totalizando 5040 plantas, foram avaliadas nesta etapa. Dentre essas plantas, foram selecionadas 880 progênies (F2:3), as quais foram submetidas a avaliações no presente trabalho (Figura 1).

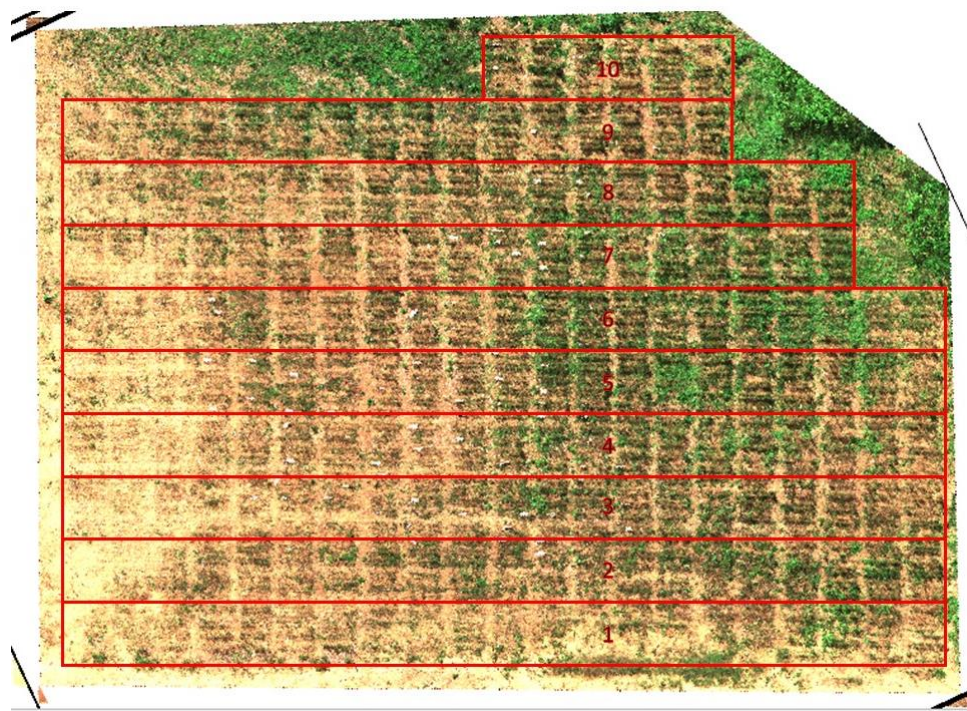
As progênies F2:3 foram conduzidas em um único ambiente na UEPE GCBE durante os meses de fevereiro de 2022, momento da semeadura, até junho 2022, fim da colheita de todas as parcelas, em ambiente de sequeiro, ou seja, sem o uso da irrigação para suprir as demandas hídricas.

Figura 1: Esquema representativo das fases de hibridação, seleção de progênies e condução a campo das famílias de trigo



O delineamento utilizado foi o de blocos aumentados contendo 10 blocos (Figura 2). As testemunhas foram repetidas 8 vezes, sendo elas os próprios progenitores ((BRS 254, BRS 264, BRS 394, CD 1303, Tbio Aton, Tbio Ponteiro, Tbio Duque e Tbio Sossego) utilizados para a obtenção das populações segregantes do dialelo completo totalizando, entre tratamentos comuns e regulares, 944 parcelas.

Figura 2: imagem aérea do campo experimental na data 06/05/2022 e representação da distribuição espacial dos blocos.



Para a semeadura nas parcelas foram feitas a preparação do solo a partir da gradagem e posterior demarcação das linhas com semeadora, com espaçamento de 20 cm entre linhas. A semeadura foi realizada de forma manual. Cada parcela foi composta por duas linhas de 1,5 m lineares, com densidade de semeadura necessária para atingir um estande final de 450 plantas/m².

4.3. OBTENÇÃO DAS IMAGENS

As imagens foram coletadas nas datas de 22 de abril, 06 e 20 de maio, com intervalos regulares de 15 dias entre uma e outra, a partir do início do espigamento. A câmera utilizada foi a Micasense Rededge MX, com 5 bandas (R, G, B, NIR, RE), com resolução do sensor de 1280 x 960 (1.2 MP por banda EO), GSD de 8cm por pixel (por banda) a 120m, acoplada e um drone DJi Phantom 4. Os voos foram realizados entre as 11h e as 13h, em dias ensolarados, a uma altura de 12m do solo.

4.4. CARACTERÍSTICAS AVALIADAS

Durante o período vegetativo as características avaliadas foram:

- Altura de plantas (ALT, cm), compreendendo a medida entre a base da planta até o ápice da espiga, excluindo-se as aristas;
- Dias até a maturação (DAM, dias), medido a partir dos dias decorridos entre a emergência das plântulas até a maturação completa;
- A massa de 100 grãos (M100, g) foi obtida através da contagem e pesagem de 100 grãos colhidos de cada parcela.
- O rendimento de grãos (kg.ha⁻¹) é a produtividade (PDT) estimada a partir da fórmula (Peso da amostra × 10000 m²) /área útil de cada parcela.

Cada amostra foi obtida através da colheita de todas as plantas de cada parcela, seguida da debulha feita de forma mecanizada. A colheita se procedeu logo após a maturação fisiológica, corrigindo a umidade dos grãos para 13%.

4.5. ANÁLISE ESTATÍSTICA

O ortomosaico foi elaborado no software MetaShape, enquanto o QGis foi utilizado para tratamento das imagens e delimitação das parcelas. A extração e análises dos índices de vegetação foi realizada no R, com auxílio dos pacotes “raster”(HIJMANS, 2023), “sp”(BIVAND; PEBESMA; GOMEZ-RUBIO, 2013), “tidyr”(WICKHAM et al., 2023) e “FIELDimageR”(MATIAS; CARAZA-HARTER; ENDELMAN, 2020), além de scripts computacionais próprios desenvolvidos no Laboratório de Análises e Pesquisas em Estatística Aplicada (LAPEA, lapea.ufv.br). Para análise no presente trabalho, foram consideradas as cinco bandas provenientes da câmera multiespectral: Vermelho (R), Azul (B), Verde (G), NIR e RedEdge (RE). Além disso foram calculados os índices NDVI (normalized difference vegetation index)(HUANG et al., 2021), GNDVI (green normalized difference vegetation index)(BASSO et al., 2019), EVI (enhanced vegetation index)(PAN et al., 2012) SAVI (soil-adjusted vegetation index)(REN; ZHOU; ZHANG, 2018), MTVI1, MCARI, MSAVI e MSR (GIOVOS et al., 2021) pelas seguintes expressões:

$$NDVI = \frac{NIR - R}{NIR + R}$$

$$GNDVI = \frac{NIR - G}{NIR + G}$$

$$EVI = \frac{2,5(NIR - R)}{(NIR + 6R + 7,5B + 1)}$$

$$SAVI = \frac{1,5(NIR - R)}{(NIR + R + 0,5)}$$

$$MSAVI = \frac{(2 * NIR + 1 - \sqrt{(2 * NIR + 1)^2 - 8 * (NIR - RE)})}{2}$$

$$RDVI = \frac{(NIR - RE)}{\sqrt{(NIR + RE)}}$$

$$MTVI1 = 1,2 * (1,2 * (NIR - G) - 2,5 * (RED - G))$$

$$MCARI = (RE - R) - 0,2(RE - G) * \left(\frac{RE}{R}\right)$$

$$MSR = \frac{\left(\frac{NIR}{RE}\right) - 1}{\sqrt{\left(\frac{NIR}{RE}\right) + 1}}$$

Os dados PDT, ALT e DAM foram analisados segundo a teoria para delineamento em blocos aumentados (DUARTE, 2000), considerando o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + T_{ij} + G_{i'}^j + B_j + e_{ij}$$

Onde Y_{ij} é o valor da característica para i -ésima testemunha (ou i' -ésimo genótipo) no j -ésimo bloco; μ é a constante fixa do modelo; T_{ij} é o efeito aleatório da i -ésima testemunha no j -ésimo bloco; $G_{i'}^j$ é o efeito aleatório do i' -ésimo genótipo no j -ésimo bloco; B_j é o efeito aleatório do j -ésimo bloco; e e_{ij} é o erro aleatório associado ao modelo, com $i = 1, 2, \dots, 8$; $i' = 1, 2, \dots, 880$; e $j = 1, 2, \dots, 10$. Os componentes de variância, parâmetros genéticos e médias ajustadas, utilizadas para avaliação da população sob seleção (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014) foram obtidos utilizando o pacote “ASReml” (BRIEN, 2023; TEAM, 2023; WOLAK,

2012) no software R, a partir do sistema de equações de modelos mistos (HENDERSON, 1963; HENDERSON; KEMPTHORNE; SEARLE, 1959):

$$y = X\beta + Zc + Wg + r$$

Onde y é o vetor de observações ($n \times 1$); X , Z e W são as matrizes de incidência dos efeitos no modelo, de dimensões $n \times b$, $n \times c$, e $n \times r$, respectivamente; e β , c , g e r são os vetores de efeitos aleatórios de bloco, tratamentos comuns, tratamentos regulares e resíduo, respectivamente, que seguem a seguinte distribuição:

$$\begin{bmatrix} \beta \\ c \\ g \\ e \end{bmatrix} \sim N \left(0, \begin{bmatrix} \sigma_\beta^2 I & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_c^2 I & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_g^2 K & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_e^2 I \end{bmatrix} \right)$$

A matriz K que acompanham os efeitos diz respeito ao parentesco entre os indivíduos. No caso de independência, essa matriz é igual a matriz identidade I . Os efeitos aleatórios (BLUPs) serão estimados pelo sistema de equações matriciais:

$$\begin{bmatrix} X'X + \lambda I & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + \lambda I & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + \lambda K^{-1} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \beta \\ \hat{c} \\ \hat{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

A significância dos efeitos aleatórios foi calculada via LRT (Likelihood Ratio Test)(SELF; LIANG, 1987):

$$LRT = (-2 \log L_R) - (-2 \log L)$$

O LRT estima a diferença entre o logaritmo do ponto máximo da função de verossimilhança residual entre o modelo completo ($\log L$) e o modelo reduzido do efeito que se tem interesse de testar ($\log L_R$). Dessa forma, se fez necessário a construção de dois modelos distintos, que foram:

modelo completo (L):

$$y = X\beta + Zc + Wg + r$$

modelo reduzido (L_R): $y = X\beta + r$

Dois modelos foram testados para melhor ajuste do modelo: o modelo 1 (M1) considerando o ajuste autorregressivo de primeira ordem para linhas e colunas e o modelo 2 (M2) que não considera esse ajuste. Para comparar a qualidade de ambos os modelos, foram utilizados o AIC (Critério de Informação de Akaike) e o BIC (Critério de Informação Bayesiano) obtidos a partir das expressões (RESENDE; ALTVES, 2020):

$$AIC = -2 \log L + 2p$$

Onde p é o número de parâmetros estimados.

$$BIC = -2 \log L + p \log(d)$$

Onde $d = N - r(X)$ é o número de graus de liberdade do resíduo; N é o número total de observações e $r(X)$ é o posto da matriz de incidência (X) dos efeitos fixos.

Uma vez que o efeito foi significativo, e o melhor modelo de ajuste dos resíduos foi definido, os componentes de variância genotípica e fenotípica foram calculados e utilizados para estimar a acurácia, confiabilidade da predição e herdabilidade:

$$\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \sigma_r^2$$

Onde σ_f^2 , σ_g^2 e σ_r^2 são as variâncias fenotípica, genotípica e residual, respectivamente.

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$$

Que representa o cálculo da herdabilidade (h^2) a partir dos componentes.

$$Ac = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\sigma_g^2}}$$

Sendo Ac a acurácia, PEV a variância do erro de predição e confiabilidade é representada pelo quadrado da Ac .

As médias ajustadas de cada parcela (genótipo) foram obtidas a partir da soma dos respectivos BLUPs com o intercepto do modelo, posteriormente ranqueados e selecionadas. A eficiência dos índices vegetativos para seleção indireta através de um modelo de classificação foi avaliada pela metodologia ROC (Receiver Operating Characteristic) (PARK; GOO; JO, 2004). Essa metodologia se baseia na plotagem dos valores de sensibilidade (capacidade de assertivamente um indivíduo “positivo”) e especificidade (capacidade de assertivamente classificar um indivíduo como “negativo”) para cada ponto de corte possível na amostra, formando a Curva ROC. A área abaixo da curva (AUC – Area Under Curve) representa a eficiência da variável como índice de classificação. Posteriormente foi calculado o Cutoff ideal a partir do índice Youden, que obtém o valor limítrofe entre as classes “positivo” e negativo que maximiza a soma da especificidade e sensibilidade (UNALT, 2017).

O Cutoff ideal foi utilizado para realizar a seleção indireta dos genótipos, funcionando como um limite de valor dos índices de vegetação a partir de qual os indivíduos foram selecionados (positivos) ou descartados (negativos) por cada índice. A eficiência da seleção indireta em relação a seleção convencional será mensurada baseado no ganho de seleção (GS) de ambas as abordagens e o índice coincidência de seleção (IC%) (HAMBLIN, 1986):

$$GS = (\bar{x}_{ds} - \bar{x}_{as})h^2$$

Sendo \bar{x}_{as} e \bar{x}_{ds} as medias antes e depois da seleção, respectivamente.

$$IC\% = \frac{A - C}{B - C} * 100$$

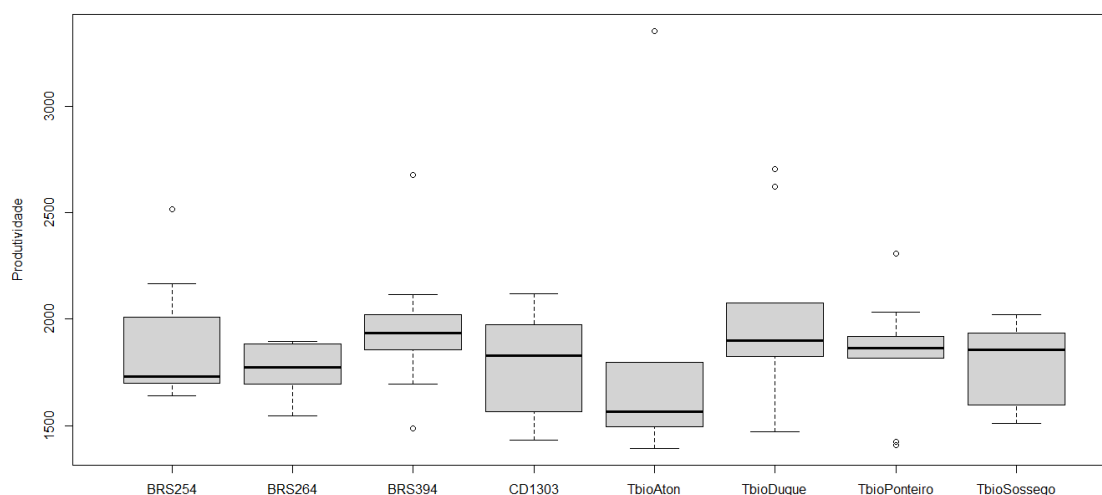
Sendo A o número de progênies selecionadas em comum pelos dois métodos; B é o número total de progênies selecionadas pelo método direto; e C é a proporção de coincidências atribuídas ao acaso, sendo adotado, nesse caso, 10% de B.

5. RESULTADOS

5.1. ANÁLISE DESCRITIVA DOS DADOS

Inicialmente foi realizado uma análise exploratória dos dados. A Figura 3 apresenta o boxplot dos valores dos tratamentos regulares (testemunhas), onde é possível a percepção de alguns valores discrepantes (outliers) em relação as demais repetições do material em questão. Portanto, se fez necessário a limpeza do banco de dados, que resultou na remoção de 9 observações, pertencentes a 5 tratamentos regulares (BRS254, BRS394, TbioAton, TbioDuque, TbioPonteiro), antes de prosseguir com as análises a fim de preservar as fontes de variação e obter resultados mais fidedignos com a realidade.

Figura 3: Boxplot da produtividade por tratamento.



5.2. PARÂMETROS ESTATÍSTICOS

A partir dos modelos pré-estabelecidos, os componentes de variância associados aos tratamentos, blocos e resíduos foram estimados. Esses resultados, assim como a significância pelo teste de razão de verossimilhança (LRT), estão presentes na Tabela 2.

O AIC e o BIC levam em consideração a adequação do modelo aos dados, bem como a complexidade do modelo, com o objetivo de selecionar o modelo que melhor equilibra a capacidade de ajuste e a simplicidade (VRIEZE, 2012). Em todos os caracteres, os indicadores AIC e BIC foram menores para o modelo M1, com exceção para a variável DAM, indicando que o ajuste se tornou mais preciso ao se levar em conta o ajuste espacial de linhas e colunas.

Tabela 2: Estimadores dos componentes de variância associados aos efeitos genotípico (GEN) e residual (RES) do modelo para cada variável, AIC, BIC e respectivos p-valores do teste LRT para todas as características avaliadas.

Característica	GEN	RES	AIC		BIC		LRT(p-chisq)
			M1	M2	M1	M2	
		41.7705	3754.73	4525.57	3773.80	4535.10	**
ALT	14.6649	7	2	4	1	9	0 *
	133.314	181.202	6059.00	4394.25	6078.30	4403.73	**
DAM	2	3	3	8	5	9	3.46E-08 *
	1.52E-						
M100	07	0.24724	-315.72	-292.256	-296.758	-282.775	0.495749 ns
	72468.5	38205.0	10504.2	10713.9		10723.4	**
PDT	4	3	8	7	10523.2	5	5.00E-08 *

Siglas: ALT: altura de planta (cm); DAM: dias até a maturação; M100: massa de 100 grãos (g); PDT: Produtividade (Kg/ha).

Para capturar a significância do efeito genético para os caracteres, foi utilizado o teste LRT. O teste LRT identificou que o efeito de genótipo foi significativo para todos os caracteres, exceto M100.

Quanto à herdabilidade (Tabela 3), os caracteres ALT e PDT apresentaram alta herdabilidade (h^2), com 0,53 e 0,57, respectivamente, com altas acurácias de 0,73 e 0,75. A variável DAM apresentou uma herdabilidade moderada de 0,49 com acurácia de 0,70, classificada como alta (RESENDE; ALTVES, 2020). Para M100, não foi possível estimar a herdabilidade de forma acurada.

Entre os índices, os parâmetros genéticos foram semelhantes, com NDVI, GNDVI, EVI, SAVI, MSAVI e MSR apresentando alta h^2 (0,50 a 0,55), e alta acurácia (0,70 a 0,75). O RDVI e MCARI, ambos com h^2 de 0,49 e o MTVI1, com $h^2 = 0,27$, apresentaram valores considerados moderados (Tabelas 4 e 5) (RESENDE, 1997; RESENDE; DUARTE, 2007). No entanto, o último apresentou acurácia moderada (0,52) em comparação aos anteriores (0,70). Esse padrão também é observado nos resultados do teste LRT, onde o efeito genético para todos os índices foi significativo (p-valor < 0,001), enquanto para o MTVI1 foi de 0,012165 (0,01 < p-valor < 0,05).

Em geral, a herdabilidade para os parâmetros genéticos relacionados à PDT foi menor do que outros valores relatados na literatura que estão em torno de 0,80, enquanto a acurácia foi ligeiramente superior. Em relação aos índices, a herdabilidade varia expressivamente de um trabalho para o outro, sendo muito elevada em alguns casos (>90%) e de moderada a altas em outros (0,1 < h^2 < 0,65). No presente trabalho a herdabilidade encontrada para os índices de vegetação ficaram entre 0,27 e 0,56. A acurácia manteve o mesmo comportamento citado anteriormente (KIPP *et al.*, 2014; RUTKOSKI *et al.*, 2016).

Tabela 3: Valores de herdabilidade (h^2) e acurácia (Ac) para todas as variáveis agronômicas (ALT, DAM, M100 e PDT), bandas (R, G, B, NIR e RE) e índices de vegetação, em cada data avaliada.

Variável	22/04		06/05		20/05	
	h^2	Ac	h^2	Ac	h^2	Ac
ALT	0.531	0.729	0.531	0.729	0.531	0.729
DAM	0.491	0.700	0.132	0.363	0.132	0.363
M100	0.000	NA	0.000	NA	0.000	NA
PDT	0.571	0.756	0.000	0.001	0.000	0.001
NDVI	0.532	0.730	0.537	0.733	0.515	0.718
GNDVI	0.508	0.712	0.539	0.734	0.532	0.729
EVI	0.555	0.745	0.529	0.727	0.493	0.702
SAVI	0.532	0.730	0.537	0.733	0.515	0.718
R	0.564	0.751	0.581	0.762	0.526	0.726
G	0.553	0.744	0.605	0.778	0.514	0.717
B	0.554	0.744	0.588	0.767	0.518	0.720
NIR	0.520	0.721	0.577	0.760	0.491	0.701
RE	0.455	0.675	0.524	0.724	0.000	NA
MSAVI	0.504	0.710	0.450	0.670	0.484	0.696
MCARI	0.492	0.702	0.520	0.721	0.405	0.637
MTVII	0.274	0.523	0.565	0.752	0.000	NA
RDVI	0.488	0.699	0.548	0.741	0.334	0.578
MSR	0.504	0.710	0.450	0.670	0.484	0.696
AF	0.462	0.679	0.384	0.620	0.388	0.623

Tabela 4: Valores adequados da estatística F, acurácia e as categorias de precisão requeridas na avaliação genotípica.

Acurácia	Categoria	de	Valor F	Acurácia	Categoria	de	Valor F
	Acurácia				Acurácia		
99	Muito alta	50.2513	0.65	Moderada	1.7316		
0.975	Muito alta	20.2532	0.6	Moderada	1.5625		
0.95	Muito alta	10.2564	0.55	Moderada	1.4337		
0.9	Muito alta	5.2632	0.5	Moderada	1.3333		
0.85	Alta	3.6032	0.4	Baixa	1.1905		
0.8	Alta	2.7778	0.3	Baixa	1.0989		
0.75	Alta	2.2857	0.2	Baixa	1.0417		
0.7	Alta	1.9606	0.1	Baixa	1.0101		

Fonte: Resende, 2007.

Tabela 5: Classificação da magnitude da herdabilidade (h^2) para seleção individual.

h^2	classificação
$0.01 < h^2 < 0.15$	Baixa
$0.15 < h^2 < 0.5$	Moderado
$0.5 < h^2 < 0.8$	Alto
$h^2 > 0.8$	Muito alto

Fonte: Resende, 1997.

5.3. CORRELAÇÃO

A correlação (r) entre os índices e os caracteres agronômicos foi avaliada em três datas (22/04, 06/05 e 20/05). Os índices MSAVI e MSR apresentaram $r = 1$, conseqüentemente os mesmos valores de r em relação a todas as variáveis. Assim, somente o MSAVI será considerado nas discussões a seguir. A primeira data (22/04) (Figura 4) apresentou as melhores correlações entre a variável PDT e os índices, enquanto as duas datas posteriores (06/05 e 20/05) mostraram uma queda na relevância das correlações. As correlações com a variável ALT apresentaram um comportamento semelhante. Para a variável DAM, o comportamento foi ligeiramente diferente, com as maiores correlações observadas na data 06/05, seguidas por 20/05 e 22/04.

Na data 22/04, a PDT apresentou correlações significativas com o todos os índices, exceto MTVI1. Os índices MSAVI e as bandas R, G, B e NIR apresentaram correlações negativas, enquanto a banda RE e os demais índices foram positivas. A correlação ao longo das datas subsequentes decresceu em geral, sendo os índices MCARI. Esses resultados corroboram relatos de diminuição da correlação entre índices vegetativos e produtividade de grãos a partir do estágio de florescimento para o enchimento de grãos (RUTKOSKI *et al.*, 2016).

e MTVI1, com -0,17 na data 20/05. nas demais datas, as correlações apresentaram, em geral, valores absolutos de correlação menores, com a data 20/05 apresentando apenas 7 correlações significativas, menor número entre todas as datas. A correlação entre índices e variáveis agrônômica tende a variar muito, a depender da época de coleta das imagens, do tamanho da parcela e das condições de sanidade da planta (KIPP *et al.*, 2014; RUTKOSKI *et al.*, 2016).

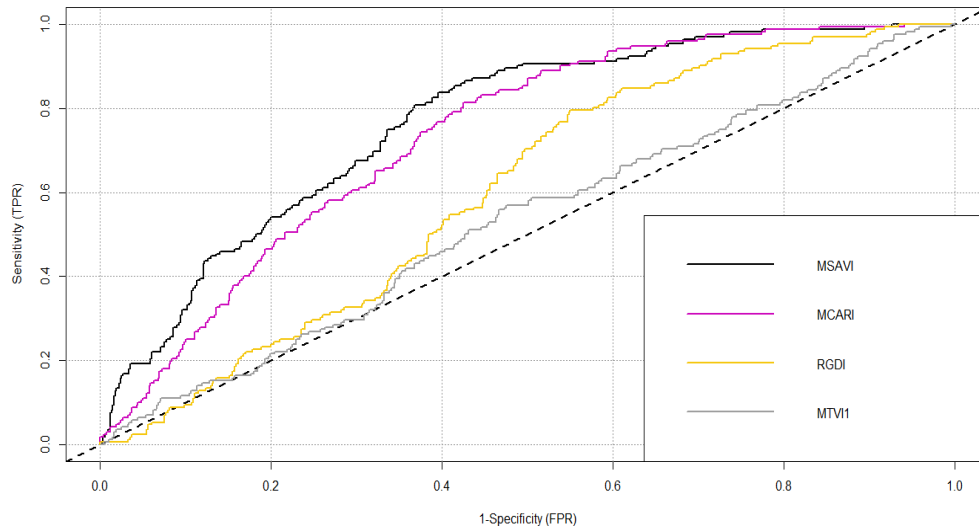
A variável altura de planta foi a que apresentou as maiores correlações dentre todas as variáveis, chegando a 0,77 para RDVI e -0,72 na data 22/04. Nas demais datas, os índices em geral apresentaram uma queda nos valores absolutos de correlação, com destaque para o RDVI, que decaiu para 0,28 em 06/05 e em 20/05 não apresentou correlação significativa. O índice MSAVI apresentou as maiores correlações nessas duas datas.

A curva ROC foi utilizada como forma de avaliação da precisão da utilização dos índices como variável de classificação. A Figura 5 ilustra o resultado da curva ROC dos índices MSAVI, MCARI, MTVI1 e RDVI relativo à PORD, para as três datas estudadas. A área abaixo do gráfico representa a AUC. Quando $AUC = 1$, significa que a variável discrimina perfeitamente a qual classe o indivíduo pertence, e quando não há diferença distribucional aparente entre a variável e os grupos, $AUC = 0,5$ (UNALT, 2017).

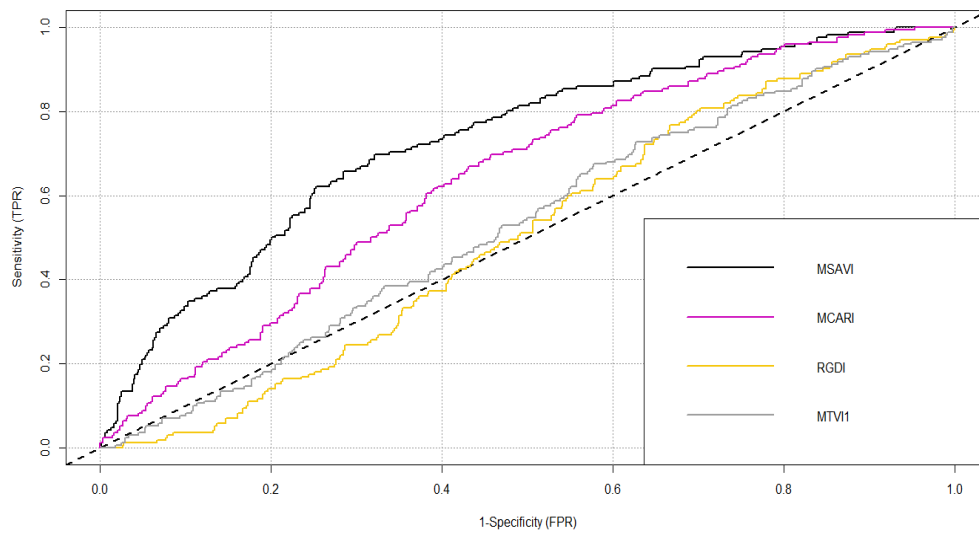
Os maiores valores de AUC (Tabela 6) para PDT foram encontrados no dia 22/04, tendo os índices MSAVI e MCARI como os que apresentaram maior tendência, com valores de 0,768 e 0,734, respectivamente. As bandas R, G, B e NIR também apresentaram valores relativamente mais elevados de AUC, com 0,725, 0,710, 0,711 e 0,729, respectivamente. Valores de AUC acima de 0,6 já indicam resultados satisfatórios para modelos de classificação (FENG *et al.*, 2020) corroborando a correlação entre as medições espectrais e a produtividade em trigo, o que reforça a utilidade dos mesmos como indicadores indiretos.

Para a classificação de indivíduos quanto a variável DAM (Figura complementar 2), houve um decréscimo nos valores de AUC se comparados com os resultados referentes a PDT, com o maior valor, de 0,633, pertencente ao MSAVI, medido no dia 22/04. Já para ALT (Figura complementar 1), a redução do AUC em relação as demais variáveis foi ainda mais significativa, com variação entre 0,50 e 0,54. Essa redução possivelmente indica que a informação associada aos índices de vegetação está melhor relacionada com as informações referentes ao fenótipo das plantas, e que a fração genotípica estimada pelo modelo não é bem capturada por informações espectrais. Valores dessa magnitude indicam que, para essas variáveis, uma tentativa de predição baseada em índices vegetativos possivelmente não traria resultados desejáveis.

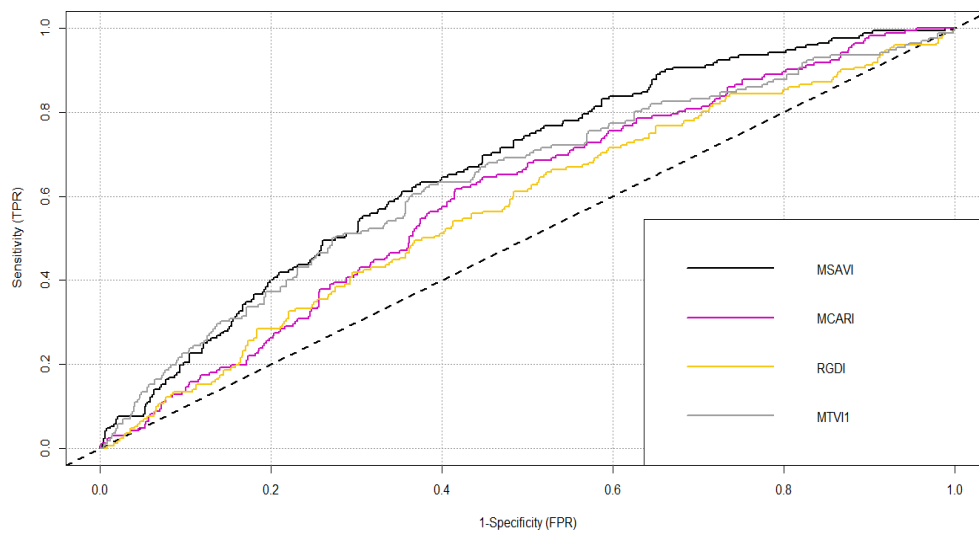
Figura 5: Curvas ROC para os índices MSAVI, MCARI, MTV11 e RDVI nas três datas avaliadas com a variável PDT.



22/04



06/05



20/05

Tabela 6: valores de AUC e Cutoff ideal para todas as variáveis em cada data em relação a variável PDT.

Índice	22/04		06/05		20/05	
	AUC	Cut off ideal	AUC	Cut off ideal	AUC	Cut off ideal
NDVI	0.69260	0.41311	0.55086	0.39219	0.58538	0.43346
GNDVI	0.65172	0.35071	0.52987	0.33734	0.55462	0.37550
EVI	0.67979	0.26013	0.55328	0.24395	0.58915	0.29770
SAVI	0.69257	0.61962	0.55084	0.58824	0.58533	0.65015
RE	0.62414	11083.20947	0.57780	7804.00000	0.59999	28100.27624
MCARI	0.73387	31093.72036	0.64205	19172.27398	0.66200	1913.00000
RDVI	0.60378	37.81954	0.62109	1565.00000	0.65325	2404.23910
R	0.72512	2168.17743	0.60108	1938.26996	0.64867	2701.87936
G	0.71004	2636.00000	0.60853	2103.74165	0.68914	6080.07267
B	0.71143	2898.89574	0.62000	4494.22279	0.58523	10577.80596
NIR	0.72979	5959.00000	0.73031	-0.78179	0.66970	-0.85914
MSAVI	0.76824	-0.89585	0.53182	3946.27620	0.63752	6025.50785
MTVII	0.53057	5377.84985	0.50562	31.34491	0.57261	40.47111

Obs.: destacado negrito os índices que apresentaram maior eficiência na classificação (maior AUC).

5.4. SELEÇÃO INDIRETA

A Tabela 7 apresenta os parâmetros obtidos pela matriz de confusão construída tendo os valores de cutoff ideal apresentados anteriormente (Tabela 6) para PDT em comparação com a seleção feita com base nos BLUPs dos genótipos.

Tabela 7: Estimativas da acurácia, sensibilidade (Sensi.) e especificidade (Specif.) obtidas pela matriz de confusão construídas a partir do Cutoff ideal de cada índice de vegetação.

Índice	22/04			06/05			20/05		
	Accuracy	Sens.	Specif.	Accuracy	Sens.	Specif.	Accuracy	Sens.	Specif.
NDVI	0.493	0.901	0.390	0.326	0.924	0.176	0.326	0.924	0.176
GNDVI	0.469	0.890	0.363	0.299	0.930	0.141	0.299	0.930	0.141
EVI	0.469	0.924	0.354	0.335	0.919	0.189	0.335	0.919	0.189
SAVI	0.493	0.901	0.390	0.326	0.924	0.176	0.326	0.924	0.176
RE	0.373	0.890	0.243	0.355	0.884	0.222	0.355	0.884	0.222
MCARI	0.550	0.901	0.462	0.694	0.424	0.762	0.694	0.424	0.762
RDVI	0.413	0.913	0.287	0.691	0.407	0.762	0.691	0.407	0.762
R	0.676	0.581	0.700	0.697	0.360	0.781	0.697	0.360	0.781
G	0.698	0.541	0.738	0.710	0.488	0.766	0.710	0.488	0.766
B	0.698	0.547	0.737	0.736	0.186	0.874	0.736	0.186	0.874
NIR	0.696	0.593	0.722	0.708	0.419	0.781	0.708	0.419	0.781
MSAVI	0.667	0.767	0.641	0.706	0.372	0.789	0.706	0.372	0.789
MTVII	0.748	0.110	0.909	0.727	0.157	0.869	0.727	0.157	0.869

O índice com maior acurácia de classificação foi o MTVI1, que alcançou 0,748 na data 22/04. No entanto, o baixo valor de sensibilidade indica que esse índice apresentou um número elevado de falsos negativos, ou seja, descartou um número elevado de indivíduos que deveriam ser selecionados. Como neste caso em específico, o número de indivíduos descartados representa um volume maior de dados (80% para 20% classificados), a acurácia de classificação, medida pela proporção de classificação correta de um indivíduo, tende a variar proporcionalmente mais com a especificidade. Dessa forma, maior acurácia não está diretamente relacionada com maior precisão de classificação, que é maximizada no cutoff ideal, obtido através da soma maximizada da sensibilidade e especificidade obtido (UNALT, 2017)

Tendo como base a AUC, os índices MSAVI e MCARI medidos na data 22/04 foram os que apresentaram melhor poder de classificação. O MCARI apresentou um valor alto de sensibilidade (0,901) e valores menores de acurácia e especificidade (0,550 e 0,462, respectivamente). O MSAVI apresentou parâmetros mais próximos um do outro, com sensibilidade de 0,767, acurácia de 0,667 e especificidade de 0,706.

A seleção realizada através do MSAVI avançou 291 indivíduos para a próxima geração, enquanto pelo MCARI, 668 foram selecionados. O ganho de seleção (GS) proporcionado pelos BLUPs foi de 186,75kg/ha, enquanto o MSAVI e MCARI alcançaram 22,81kg/ha e 4,15kg/ha, respectivamente. Ambos os GS produzidos pelos índices foram inexpressivos, com eficiência relativa à seleção tradicional de 0,12 e 0,02. O IC, que representa a probabilidade de sobreposição entre os indivíduos selecionados pelos métodos indiretos e diretos, para MSAVI foi de 54,78% em comparação com 87,72% do MCARI, indicando a maior eficiência deste na identificação dos indivíduos selecionados.

É importante analisar a informação fornecida pelo IC juntamente com a especificidade de cada método. Apesar de maior IC, o GS pelo MCARI foi o menor entre os métodos testados. Isso se deve ao alto número de falsos positivos gerados por essa seleção (baixa especificidade), o que resultou em um grande número de indivíduos inferiores avançados, reduzindo drasticamente a média dos selecionados. Isso fica bem evidente ao se observar o elevado número de selecionados pelo MCARI em relação aos outros dois métodos. O MSAVI, apesar de menor IC, possui maior especificidade, o que resultou em um GS ligeiramente superior, no entanto ainda pouco expressivo.

Outros autores já ressaltaram essa inconsistência de indicadores de pontos de corte ideais (PERKINS; SCHISTERMAN, 2006; ZOU *et al.*, 2013). Em muitas situações, a priorização da sensibilidade à especificidade, ou vice versa, devido a alguma particularidade, torna a abordagem de classificação mais interessante. Em estágios iniciais de programas de

melhoramento, por exemplo, é preferível avançar materiais inferiores a se descartar materiais superiores, assim é possível manter a qualidade genética e realizar o descarte de materiais com o avanço das gerações (MOREIRA; BARBOSA; PETERNELLI, 2021). Diante disso, um índice para seleção deve possuir alta sensibilidade com acurácia e especificidade satisfatórias. Ao não se atribuir pesos para a sensibilidade e especificidade durante a otimização, muitos índices de classificação, como o Youden, estima a resposta erroneamente, não se adequando à finalidade desejada.

6. CONCLUSÃO

Através do estudo das curvas ROC, se identificou a presença de tendências distributivas satisfatórias entre as medidas dos índices MSAVI e MCARI e das bandas, R, G, B e NIR, principalmente na primeira data estudada, com a produtividade de trigo. O que sugere que coletas de imagens próximas do momento do espigamento são mais informativas para essa finalidade do que em momentos mais próximos da maturação.

A seleção indireta baseada em um único índice, dentre os estudados, não apresentou bons resultados em termos de ganho de seleção. Trabalhos posteriores são necessários para estudar o desempenho de outros métodos de classificação, levando em consideração um ou múltiplos índices, para se obter com clareza o potencial e limitações da seleção indireta de indivíduos superiores de trigo baseada em índices espectrais.

7. REFERÊNCIAS

AASEN, H.; BOLTEN, A. Multi-temporal high-resolution imaging spectroscopy with hyperspectral 2D imagers – From theory to application. **Remote Sensing of Environment**, v. 205, p. 374–389, 1 fev. 2018.

ALBRECHT, J. C.; VIEIRA, E. A.; SILVA, M. S.; ANDRADE, J. M. V. de; SCHEEREN, P. L.; TRINDADE, M. da G.; SOBRINHO, J. S.; SOUSA, C. N. A. de; REIS, W. P.; JÚNIOR, W. Q. R.; FRONZA, V.; CARGNIN, A.; YAMANAKA, C. H. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de trigo irrigado no Cerrado do Brasil Central. **Pesq. agropec. bras**, v. 42, p. 1727–1734, 2007.

ANDRADE-SANCHEZ, P.; GORE, M. A.; HEUN, J. T.; THORP, K. R.; CARMO-SILVA, A. E.; FRENCH, A. N.; SALVUCCI, M. E.; WHITE, J. W. Development and evaluation of a field-

based high-throughput phenotyping platform. **Functional Plant Biology**, v. 41, n. 1, p. 68–79, 2014.

ARAUS, J. L.; CAIRNS, J. E. **Field high-throughput phenotyping: The new crop breeding frontier***Trends in Plant Science*jan. 2014.

ARAUS, J. L.; KEFAUVER, S. C.; ZAMAN-ALLAH, M.; OLSEN, M. S.; CAIRNS, J. E. **Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain***Trends in Plant Science*Elsevier Ltd, 1 maio 2018.

AZIZINIA, S.; MULLAN, D.; RATTEY, A.; GODOY, J.; ROBINSON, H.; MOODY, D.; FORREST, K.; KEEBLE-GAGNERE, G.; HAYDEN, M. J.; TIBBITS, J. FG.; DAETWYLER, H. D. Improved multi-trait prediction of wheat end-product quality traits by integrating NIR-predicted phenotypes. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, 18 maio 2023. Disponível em: <<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2023.1167221/full>>.

BASSO, M.; STOCCHERO, D.; HENRIQUES, R. V. B.; VIAN, A. L.; BREDEMEIER, C.; KONZEN, A. A.; DE FREITAS, E. P. Proposal for an embedded system architecture using a GNDVI algorithm to support UAV-based agrochemical spraying. **Sensors (Switzerland)**, v. 19, n. 24, 2 dez. 2019.

BIVAND, R. S.; PEBESMA, E.; GOMEZ-RUBIO, V. Applied spatial data analysis with R. **Springer**, 2013. Disponível em: <<https://asdar-book.org/>>. Acesso em: 2 jul. 2023.

BORGES, V.; SOARES, A. A.; CORNÉLIO, V. M. O.; LEITE, N. A.; VIEIRA, A. R. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, v. 69, n. 4, p. 833–841, 2010.

BRIEN, C. asremlPlus: Augments “ASReml-R” in Fitting Mixed Models and Packages Generally in Exploring Prediction Differences. **R package version 4.3.55**, 2023. Disponível em: <<https://CRAN.R-project.org/package=asremlPlus>>. Acesso em: 2 jul. 2023.

CAMARGO, A.; SMITH, J. S. Image pattern classification for the identification of disease causing agents in plants. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 66, n. 2, p. 121–125, maio 2009.

CECCARELLI, S. Efficiency of Plant Breeding. **Crop Science**, v. 55, n. 1, p. 87–97, 1 jan. 2015.

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira**. [s.l.: s.n.]. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos/item/download/48137_6239e58c7fc01900f76618eb4ca2bb01>. Acesso em: 20 jul. 2023.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3. ed. [s.l.] Editora UFV, 2014. v. 2

DOVALE, J. C.; FRITSCHÉ-NETO, R.; BERMUDEZ, F.; MIRANDA, G. V. Efeitos gênicos de caracteres associados à eficiência no uso de nitrogênio em milho. **Pesq. agropec. bras**, v. 47, n. 3, p. 385–392, 2012.

DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. 2000. Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

FEDERIZZI, L. C.; SCHEEREN, P. L.; NETO. JOSÉ FERNANDES BARBOSA SANDRA C K MILACH; MILACH, S. C. K.; PACHECO, M. T. MELHORAMENTO DO TRIGO. *Em: Melhoramento de espécies cultivadas*. [s.l.: s.n.]p. 535–571.

FENG, P.; WANG, B.; LIU, D. L.; WATERS, C.; XIAO, D.; SHI, L.; YU, Q. Dynamic wheat yield forecasts are improved by a hybrid approach using a biophysical model and machine learning technique. **Agricultural and Forest Meteorology**, v. 285–286, 15 maio 2020.

GIOVOS, R.; TASSOPOULOS, D.; KALIVAS, D.; LOUGKOS, N.; PRIOVOLOU, A. **Remote sensing vegetation indices in viticulture: A critical review****Agriculture (Switzerland)**MDPI AG, 2021.

GIROTTI, L.; ALVES, J.; DEUNER, S.; ALBUQUERQUE, A. C. S.; TOMAZONI, A. P. Tolerância à seca de genótipos de trigo utilizando agentes indutores de estresse no processo de seleção. **Revista Ceres**, v. 59, n. 2, p. 192–199, 2012.

HAMBLIN, J. **Breeding Common Bean for Yield in Mixtures** *. [s.l.: s.n.].

HENDERSON, C. R. Index and Expected Genetic Advance. **Statistical Genetics and Plant Breeding**, v. 141, n. 63, p. 141–163, 1963.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R. **The Estimation of Environmental and Genetic Trends from Records Subject to Culling** THE ESTIMATION OF ENVIRONMENTAL AND GENETIC TRENDS FROM RECORDS SUBJECT TO CULLING*Source: **Biometrics**. [s.l: s.n.].

HIJMANS, R. J. raster: Geographic Data Analysis and Modeling. **R package version 3.6-20**, 2023. Disponível em: <<https://CRAN.R-project.org/package=raster>>. Acesso em: 2 jul. 2023.

HOLMAN, F. H.; RICHE, A. B.; MICHALSKI, A.; CASTLE, M.; WOOSTER, M. J.; HAWKESFORD, M. J. High throughput field phenotyping of wheat plant height and growth rate in field plot trials using UAV based remote sensing. **Remote Sensing**, v. 8, n. 12, 1 dez. 2016.

HU, Y.; KNAPP, S.; SCHMIDHALTER, U. **Advancing high-throughput phenotyping of wheat in early selection cycles**Remote SensingMDPI AG, 1 fev. 2020.

HUANG, S.; TANG, L.; HUPY, J. P.; WANG, Y.; SHAO, G. **A commentary review on the use of normalized difference vegetation index (NDVI) in the era of popular remote sensing**Journal of Forestry ResearchNortheast Forestry University, 1 fev. 2021.

JIMÉNEZ-BRENES, F. M.; LÓPEZ-GRANADOS, F.; TORRES-SÁNCHEZ, J.; PEÑA, J. M.; RAMÍREZ, P.; CASTILLEJO-GONZÁLEZ, I. L.; DE CASTRO, A. I. Automatic UAV-based detection of *Cynodon dactylon* for site-specific vineyard management. **PLoS ONE**, v. 14, n. 6, 1 jun. 2019.

JIN, X.; LIU, S.; BARET, F.; HEMERLÉ, M.; COMAR, A. Estimates of plant density of wheat crops at emergence from very low altitude UAV imagery. **Remote Sensing of Environment**, v. 198, p. 105–114, 1 set. 2017.

JULIANA, P.; MONTESINOS-LÓPEZ, O. A.; CROSSA, J.; MONDAL, S.; GONZÁLEZ PÉREZ, L.; POLAND, J.; HUERTA-ESPINO, J.; CRESPO-HERRERA, L.; GOVINDAN, V.; DREISIGACKER, S.; SHRESTHA, S.; PÉREZ-RODRÍGUEZ, P.; PINTO ESPINOSA, F.; SINGH, R. P. Integrating genomic-enabled prediction and high-throughput phenotyping in breeding for climate-resilient bread wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, n. 1, p. 177–194, 1 jan. 2019.

KIPP, S.; MISTELE, B.; BARESEL, P.; SCHMIDHALTER, U. High-throughput phenotyping early plant vigour of winter wheat. **European Journal of Agronomy**, v. 52, p. 271–278, jan. 2014.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, L. C. de; ÁLVARES, V. de S.; MACIEL, V. T.; LIMA, A. C. de. Seleção de clones experimentais de cupuaçu para características agroindustriais via modelos mistos. **Revista Agro@mbiente On-line**, v. 5, n. 1, p. 35–43, 2011. Disponível em: <www.agroambiente.ufrr.br>.

MATIAS, F. I.; CARAZA-HARTER, M. V.; ENDELMAN, J. B. FIELDimageR: An R package to analyze orthomosaic images from agricultural field trials. **Plant Phenome Journal**, v. 3, n. 1, 2020.

MOREIRA, É. F. A.; BARBOSA, M. H. P.; PETERNELLI, L. A. Can statistical learning models make early selection among sugarcane families easier and still efficient? **Crop Science**, v. 61, n. 1, p. 456–465, 1 jan. 2021.

NAGAR, S. S.; KUMAR, P.; VISHWAKARMA, S. R.; SINGH, G.; TYAGI, B. S. Assessment of genetic variability and character association for grain yield and its component traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **Journal of Applied and Natural Science**, v. 10, n. 2, p. 797–804, 29 maio 2018.

NARDINO, M.; PERIN, E. C.; ARANHA, B. C.; CARPES, S. T.; FONTOURA, B. H.; DE SOUSA, D. J. P.; DE FREITAS, D. S. Understanding drought response mechanisms in wheat and multi-trait selection. **PLoS ONE**, v. 17, n. 4 April, 1 abr. 2022.

NEUMANN, M.; HALLAU, L.; KLATT, B.; KERSTING, K.; BAUCKHAGE, C. Erosion band features for cell phone image based plant disease classification. Em: Proceedings - International Conference on Pattern Recognition, 2014, [...]. Institute of Electrical and Electronics Engineers Inc., 2014. p. 3315–3320.

PAN, Y.; LI, L.; ZHANG, J.; LIANG, S.; ZHU, X.; SULLA-MENASHE, D. Winter wheat area estimation from MODIS-EVI time series data using the Crop Proportion Phenology Index. **Remote Sensing of Environment**, v. 119, p. 232–242, 16 abr. 2012.

PARK, S. H.; GOO, J. M.; JO, C.-H. Receiver Operating Characteristic (ROC) Curve_ Practical Review for Radiologists. **Korean journal of radiology**, v. 5, n. 1, p. 11–18, 2004.

PASINATO, A.; DA CUNHA, G. R.; FONTANA, D. C.; MONTEIRO, J. E. B. de A.; NAKAI, A. M.; DE OLIVEIRA, A. F. Potential area and limitations for the expansion of rainfed wheat in the Cerrado biome of Central Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 7, p. 779–790, 1 jul. 2018.

PEREIRA, R. C.; DAVIDE, L. C.; RAMALHO, M. A. P.; ANDRADE, H. B. ALTERNATIVAS PARA AUMENTAR A EFICIÊNCIA DOS CRUZAMENTOS EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO DE *Eucalyptus* 1. **CERNE**, v. 8, n. 2, p. 060–069, 2002.

PERKINS, N. J.; SCHISTERMAN, E. F. The inconsistency of “optimal” cutpoints obtained using two criteria based on the receiver operating characteristic curve. **American Journal of Epidemiology**, v. 163, n. 7, p. 670–675, abr. 2006.

PETERNELLI, L. A.; ANDRADE, A. C. B. Insights and protocols for discrimination of sugarcane clones by dissimilarity measures on RGB and NIR data. **PLOS ONE**, v. 18, n. 7, p. e0288508, 20 jul. 2023.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BÜCHSE, A. **BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing** Euphytica maio 2008.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A. de; RESENDE, M. D. V. de; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. do A. S. de C.; RIBEIRO, G. Estimção de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 11, p. 882–890, nov. 2014.

REN, H.; ZHOU, G.; ZHANG, F. Using negative soil adjustment factor in soil-adjusted vegetation index (SAVI) for aboveground living biomass estimation in arid grasslands. **Remote Sensing of Environment**, v. 209, p. 439–445, 1 maio 2018.

RESENDE, M. A. V. de; FREITAS, J. A. de; LANZA, M. A.; RESENDE, M. D. V. de; AZEVEDO, C. F. Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. **Agropec. Trop**, v. 44, n. 3, p. 334–340, 2014. Disponível em: <www.agro.ufg.br/pat>.

RESENDE, M. D. V. de. Avanços da genética biométrica florestal. **Genética Biométrica Vegetal**, v. 14, 1997.

RESENDE, M. D. V. de; ALVES, R. S. LINEAR, GENERALIZED, HIERARCHICAL, BAYESIAN AND RANDOM REGRESSION MIXED MODELS IN GENETICS/GENOMICS IN PLANT BREEDING. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 1–31, 16 out. 2020.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. PRECISÃO E CONTROLE DE QUALIDADE EM EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO DE CULTIVARES 1. **Pesq Agropec Trop**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007. Disponível em: <www.agro.ufg.br/pat>.

REYNOLDS, M. **Physiological Breeding I: Interdisciplinary Approaches to Improve Crop Production**. [s.l.: s.n.]

RUTKOSKI, J.; POLAND, J.; MONDAL, S.; AUTRIQUE, E.; PÉREZ, L. G.; CROSSA, J.; REYNOLDS, M.; SINGH, R. Canopy temperature and vegetation indices from high-throughput phenotyping improve accuracy of pedigree and genomic selection for grain yield in wheat. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 6, n. 9, p. 2799–2808, 2016.

SCHEEREN, P. L.; CAEIRÃO, E.; SILVA, M. S. e; BONOW, S. **Melhoramento de trigo no Brasil**. 1. ed. [s.l.] Embrapa Trigo, 2011. 427–452 p.

SELF, S. C.; LIANG, K. Y. Asymptotic Properties of Maximum Likelihood Estimators and Likelihood Ratio Tests Under Non-standard Conditions. **Journal of the American Statistical Association**, v. 82, p. 605–610, 1987.

SILVA, M. A. G. da; PETERNELLI, L. A.; NASCIMENTO, M.; SILVA, F. L. da. MODELOS MISTOS NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA DE AÇÚCAR APARENTADAS SOB O ENFOQUE CLÁSSICO E BAYESIANO. **Bras. Biom.**, v. 31, n. 1, p. 1–12, 2013.

SINGH, D.; WANG, X.; KUMAR, U.; GAO, L.; NOOR, M.; IMTIAZ, M.; SINGH, R. P.; POLAND, J. High-throughput phenotyping enabled genetic dissection of crop lodging in wheat. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, 22 mar. 2019.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R. Plant breeding selection tools built on factor analytic mixed models for multi-environment trial data. **Euphytica**, v. 214, n. 8, 1 ago. 2018.

TATTARIS, M.; REYNOLDS, M. P.; CHAPMAN, S. C. A direct comparison of remote sensing approaches for high-throughput phenotyping in plant breeding. **Frontiers in Plant Science**, v. 7, n. AUG2016, 3 ago. 2016.

TEAM, T. Vsn. asreml: Fits Linear Mixed Models using REML. **R package version 4.2.0.257**, 2023. Disponível em: <www.vsnr.com.au>. Acesso em: 2 jul. 2023.

TORRES, G. A. M.; SIMIONI, A.; GAMBIM, E.; TOMAZIN, T. Proteínas de reserva do trigo: Gluteninas. **Embrapa Trigo. Documentos Online**, 2009. Disponível em: <http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/do/p_do117.htm>. Acesso em: 11 jun. 2023.

TSOUROS, D. C.; BIBI, S.; SARIGIANNIDIS, P. G. A review on UAV-based applications for precision agriculture. **Information (Switzerland)**, v. 10, n. 11, 1 nov. 2019.

UNAL, I. Defining an optimal cut-point value in ROC analysis: An alternative approach. **Computational and Mathematical Methods in Medicine**, v. 2017, 2017.

USDA. **United States Department of Agriculture**. Disponível em: <<https://www.fas.usda.gov/>>. Acesso em: 18 jun. 2023.

VENSKE, E.; DOS SANTOS, R. S.; BUSANELLO, C.; GUSTAFSON, P.; COSTA DE OLIVEIRA, A. **Bread wheat: a role model for plant domestication and breeding** HereditasNLM (Medline), 2019.

VOLPATO, L.; PINTO, F.; GONZÁLEZ-PÉREZ, L.; THOMPSON, I. G.; BORÉM, A.; REYNOLDS, M.; GÉRARD, B.; MOLERO, G.; RODRIGUES, F. A. High Throughput Field Phenotyping for Plant Height Using UAV-Based RGB Imagery in Wheat Breeding Lines: Feasibility and Validation. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, 16 fev. 2021.

WICKHAM, H.; VAUGHAN, D.; GIRLICH, M.; USHEY, K. **tidyr: Title Tidy Messy Data** R package version 1.3.0, 2023. Disponível em: <<https://CRAN.R-project.org/package=tidyr>>. Acesso em: 2 jul. 2023.

WOLAK, M. E. {nadir}: an {R} package to create relatedness matrices for estimating non-additive genetic variances in animal models. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 3, n. 5, p. 792–796, 2012.

ZHANG, C.; PUMPHREY, M. O.; ZHOU, J.; ZHANG, Q.; SANKARAN, S. Development of an automated highthroughput phenotyping system for wheat evaluation in a controlled environment. **Transactions of the ASABE**, v. 62, n. 1, p. 61–74, 2019.

ZHOU, X.; LEE, W. S.; AMPATZIDIS, Y.; CHEN, Y.; PERES, N.; FRAISSE, C. Strawberry Maturity Classification from UAV and Near-Ground Imaging Using Deep Learning. **Smart Agricultural Technology**, v. 1, p. 100001, dez. 2021.

ZOU, K. H.; YU, C. R.; LIU, K.; CARLSSON, M. O.; CABRERA, J. Optimal thresholds by maximizing or minimizing various metrics via ROC-type analysis. **Academic Radiology**, v. 20, n. 7, p. 807–815, jul. 2013.

8. ANEXOS

Figura complementar 1: valores de AUC e Cutoff ideal para todas as variáveis em cada data em relação a variável ALT.

Índice	22/04		06/05		20/05	
	AUC	Cutoff ideal	AUC	Cutoff ideal	AUC	Cutoff ideal
NDVI	0.52662	0.35494	0.52266	0.36593	0.52134	0.40925
GNDVI	0.52362	0.31396	0.50265	0.32277	0.51346	0.36713
EVI	0.53072	0.21800	0.51783	0.21804	0.51683	0.26884
SAVI	0.52660	0.53239	0.52264	0.54885	0.52135	0.61383
MCARI	0.51713	21457.47	0.53328	15887.15	0.53544	24799.00
R	0.51524	5324.16	0.52502	1441.07	0.51614	1623.93
G	0.50787	36.26	0.50849	1753.97	0.50744	2132
B	0.51029	1632.84	0.51593	1989.85	0.51506	2473.33
NIR	0.50221	2211.69	0.49335	4088.43	0.50129	5510.5
RE	0.50369	2448.53	0.46940	7156.54	0.54469	10443.76
MSAVI	0.50324	5366.75	0.53014	-1.00716	0.53009	-0.9993
MTVI1	0.52545	10526.91	0.46386	3751.36	0.53296	5661.37
RDVI	0.53933	-1.25876	0.46935	28.10033	0.53441	39.6074

Figura complementar 2: valores de AUC e Cutoff ideal para todas as variáveis em cada data em relação a variável DAM.

Índice	22/04		06/05		20/05	
	AUC	Cutoff ideal	AUC	Cutoff ideal	AUC	Cutoff ideal
R	0.62385	1994.06	0.53099	1496.93	0.55216	1710.47
G	0.62597	2502.89	0.51914	1799.89	0.56798	2237.22
B	0.62458	2765.92	0.54221	2020.25	0.56091	2550.85
NIR	0.63151	5785.91	0.55597	4387.46	0.60958	5921.86
MSAVI	0.63314	-1.03455	0.63815	-0.86225	0.58750	-0.92534
MTVI1	0.54093	5417.24	0.53496	3928.55	0.60984	5930.80
NDVI	0.60649	0.38384	0.50896	0.35330	0.50758	0.39410
GNDVI	0.61319	0.33688	0.54864	0.33176	0.51036	0.35561
EVI	0.60723	0.24096	0.51901	0.21549	0.50539	0.24839
SAVI	0.60652	0.57572	0.50896	0.52993	0.50756	0.59113
RE	0.54923	10910.66	0.53881	7767.57	0.54727	10457.71
MCARI	0.62121	25873.64	0.57841	16873.67	0.52031	23023.54
RDVI	0.55217	36.34160	0.56425	30.83413	0.59315	40.94917