

JOÃO PAULO OLIVEIRA RIBEIRO

**ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO DE POPULAÇÕES DE TRIGO VISANDO
MÚLTIPLAS CARACTERÍSTICAS**

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

Orientador: Maicon Nardino

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2024**

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

T
R484e
2024

Ribeiro, João Paulo Oliveira, 1993-
Estratégias para seleção de populações de trigo visando
múltiplas características / João Paulo Oliveira Ribeiro. – Viçosa,
MG, 2024.
1 tese eletrônica (67 f.): il. (algumas color.).

Texto em português e inglês.
Orientador: Maicon Nardino.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2024.
Inclui bibliografia.
DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.550>
Modo de acesso: World Wide Web.

1. Trigo - Melhoramento genético. I. Nardino, Maicon,
1988-. II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de
Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 633.112

Bibliotecário(a) responsável: Euzébio Luiz Pinto CRB-6/3317

JOÃO PAULO OLIVEIRA RIBEIRO

**ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO DE POPULAÇÕES DE TRIGO VISANDO
MÚLTIPLAS CARACTERÍSTICAS**

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

APROVADA: 30 de julho de 2024.

Assentimento:



Documento assinado digitalmente

JOAO PAULO OLIVEIRA RIBEIRO

Data: 07/09/2024 11:17:55-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

João Paulo Oliveira Ribeiro
Autor



Documento assinado digitalmente

MAICON NARDINO

Data: 07/09/2024 13:18:13-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Maicon Nardino
Orientador

Aos meus pais Luiz Cláudio e Maria Adriana.

AGRADECIMENTOS

Ao meu bom Deus e a todos os Anjos e Santos que comigo caminham em todos os momentos da minha vida. Por todas as graças e benções concedidas.

Aos meus pais Luiz Cláudio e Maria Adriana, irmã Ana Carolina, por todo amor, carinho, apoio, incentivo e orações.

Aos meus avós e familiares que me apoiaram e sempre estiveram torcendo para o meu futuro. *In memoriam* de José Vicente Neto (avô-materno) e Maria Leila Resende Ribeiro (avó-paterna)

À Universidade Federal de Viçosa, ao Departamento de Agronomia e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pelo acolhimento, excelência, estrutura e qualidade em ensino.

À Fundação MS, pelo apoio, amizades e suporte na conclusão dos meus estudos.

Ao professor, pesquisador e orientador Dr. Maicon Nardino, pelos ensinamentos, apoio, amizade e orientação.

Aos membros da banca examinadora, Dr. Henrique Mezzomo, Prof. Dr. Felipe Silva, Prof. Dr. Volmir Marchioro e Prof. Dr. José Eustáquio Carneiro pelas contribuições enriquecedoras.

À Fernanda Sampaio, pelo apoio, carinho e amizade.

Aos amigos e colegas do Programa Trigo UFV, em especial, ao Caique, Henrique, Victor, Gabriel Wolter, Cláudio, Guilherme, Ovídio e Tiago pela ajuda nos trabalhos, amizade e companheirismo.

Aos funcionários da UEPE “Vale da Agronomia”, em especial ao Douglas e ao Eduardo pelo apoio e amizade durante a condução dos ensaios em campo.

As demais pessoas que de forma direta ou indiretamente contribuíram para a construção dessa tese.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

A todos o meu muito obrigado!

*⁵Aqueles que semeiam com lágrimas,
com cantos de alegria colherão.*

*⁶Aquele que sai chorando
enquanto lança a semente,
voltará com cantos de alegria,
trazendo os seus feixes.*

Salmos 126:5-6

RESUMO

RIBEIRO, João Paulo Oliveira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2024.
Estratégias para seleção de populações de trigo visando múltiplas características.
Orientador: Maicon Nardino.

Os programas de melhoramento de plantas, podem utilizar de metodologias assertivas para desenvolver e selecionar populações superiores de trigo. A presente pesquisa buscou estudar duas metodologias de seleção de populações de trigo tropical em geração precoce, constituindo assim os dois capítulos da tese. Assim, 15 genitores foram divididos em dois grupos e cruzados em esquema de dialelo parcial 7x8, obtendo o total de 56 combinações híbridas. Parte das sementes F_1 foram avançadas para geração F_2 . Avaliaram-se 56 combinações em gerações F_1 e F_2 e 15 genitores sob metodologia de análise dialélica parcial e a aplicação de índice de seleção MGIDI. O experimento foi conduzido no campo experimental “Prof. Diogo Alves de Mello”, do Departamento de Agronomia, da Universidade Federal de Viçosa. No primeiro capítulo, identificou-se que os efeitos aditivos foram predominantes no controle das características dias para espigamento e maturação, altura da planta e massa de cem grãos. Possibilitou selecionar os genitores CD 1303, CD 151, BRS 254, ORS Guardiã, ORSFEROZ e ORSSENNA como os de melhor frequência de alelos favoráveis e a seleção de 41 combinações. No segundo capítulo, o índice multicaracterística MGIDI, identificou 34 combinações superiores, sendo nove destas, comuns em ambas as gerações. As populações que se destacaram em ambas metodologias e gerações foram, CD151/ORSMadrepérola, CD1104/ORSGuardiã e CD151/ORSSENNA, sendo potenciais para a extração de linhagens.

Palavras-chave: Análise dialélica. Melhoramento de trigo. Genótipo-ideótipo multicaracterística. *Triticum aestivum* L.

ABSTRACT

RIBEIRO, João Paulo Oliveira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2024. **Strategies for wheat population selection targeting multiple traits**. Adviser: Maicon Nardino.

Plant breeding programs can utilize assertive methodologies to develop and select superior wheat populations. This research aimed to study two methodologies for selecting tropical wheat populations in early generations, forming the two chapters of the thesis. Fifteen parents were divided into two groups and crossed in a 7x8 partial diallel scheme, resulting in a total of 56 hybrid combinations. Part of the F₁ seeds were advanced to the F₂ generation. Fifty-six combinations in the F₁ and F₂ generations and 15 parents were evaluated using partial diallel analysis methodology and the application of the MGIDI selection index. The experiment was conducted at the "Prof. Diogo Alves de Mello" experimental field of the Department of Agronomy, Federal University of Viçosa. In the first chapter, it was identified that additive effects predominated in the control of the traits days to heading and maturity, plant height, and hundred-grain weight. This allowed the selection of parents CD 1303, CD 151, BRS 254, ORS Guardiã, ORSFEROZ, and ORSSENNNA as those with the best frequency of favorable alleles and the selection of 41 combinations. In the second chapter, the MGIDI multi-trait index identified 34 superior combinations, nine of which were common in both generations. The populations that stood out in both methodologies and generations were CD151/ORSMadrepérola, CD1104/ORSGuardiã, and CD151/ORSSSENNNA, showing potential for line extraction.

Keywords: Diallel analysis. Wheat breeding. Multitrait genotype-ideotype. *Triticum aestivum* L.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL	10
2. CAPÍTULO I: COMBINING ABILITY IN F ₁ AND F ₂ GENERATIONS OF WHEAT ...	13
2.1 ABSTRACT.....	13
2.2 RESUMO.....	13
2.3 INTRODUCTION	14
2.4 MATERIAL AND METHODS	16
2.4.1 F ₁ POPULATION	16
2.4.2 GENERATION ADVANCEMENT.....	17
2.4.4 FIELD ASSESSMENT	18
2.4.5 WHEAT TRAITS	18
2.4.6 DIALLEL ANALYSIS.....	19
2.5 RESULTS	20
2.5.1 DIALLEL ANALYSIS.....	20
2.5.2 GCA I EFFECTS	22
2.5.5 GCA II EFFECTS.....	23
2.5.6 SCA EFFECTS	24
2.6 DISCUSSION	27
2.7 CONCLUSIONS	30
2.8 ACKNOWLEDGMENTS	31
2.9 REFERENCES	31
3. CAPÍTULO II: USO DE ÍNDICE DE SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA NA SELEÇÃO DE POPULAÇÕES DE TRIGO.....	37
3.1 RESUMO.....	37
3.2 INTRODUÇÃO	38
3.3 MATERIAL E MÉTODOS	40
3.3.1 OBTENÇÃO DA GERAÇÃO F ₁	40
3.3.2 AVANÇO DE GERAÇÃO.....	40
3.3.4 CONDUÇÃO DAS GERAÇÕES F ₁ E F ₂ EM CAMPO.....	41
3.3.5 CARACTERÍSTICAS AVALIADAS.....	42
3.3.6 ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO	43
3.3.7 ÍNDICE DE SELEÇÃO	43
3.3.8 SOFTWARE.....	44
3.4 RESULTADOS	44

3.4.1 PERFORMANCE DOS GENÓTIPOS.....	44
3.4.2 TESTE DA RAZÃO DE VEROSSIMILHANÇA (LRT) E PARÂMETROS GENÉTICOS	45
3.4.3 ESTIMATIVAS DE BLUP	46
3.4.4 ÍNDICE DE SELEÇÃO E GANHO GENÉTICO.....	51
3.5 DISCUSSÃO	53
3.7 CONCLUSÃO	56
3.8 REFERÊNCIAS.....	56
4 CONSIDERAÇÕES FINAIS	63
5 REFERÊNCIAS	64

1. INTRODUÇÃO GERAL

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é uma das espécies cultivadas mais importantes do mundo, sendo responsável por 18% de todas as calorias consumidas pela população mundial (ERENSTEIN et al., 2022). A produção mundial deste cereal na safra 2023/2024 totaliza cerca de 786,7 milhões de toneladas (USDA, 2024). O Brasil é um dos principais produtores e importadores do cereal, produzindo em média 6,6 milhões de toneladas, nos últimos 10 anos. Entretanto, a produção não supre as necessidades internas do país, fazendo que sejam importados cerca de 4 milhões de toneladas, anualmente (NÓIA JUNIOR et al., 2024).

O Brasil possui grande potencial de produção de trigo, a partir da exploração da denominada região IV, que abrange principalmente a região do Cerrado brasileiro (PEREIRA et al., 2019; CHAGAS et al., 2021), possibilitando suprir as necessidades internas e tornar-se um potencial exportador do cereal. Contudo, dada as características edafoclimáticas da região, existe a necessidade de concentrar esforços das empresas e melhoristas para o desenvolvimento de cultivares para esta região. Isso, muito em virtude das temperaturas mais altas e baixa precipitação no outono-inverno, e a alta pressão da principal doença que acomete a cultura nessa região, que é a brusone do trigo (*Pyricularia oryzae* pat. *Triticum*) (PASINATO et al., 2018; PEREIRA et al., 2019; CHAGAS et al., 2021; NÓIA JUNIOR et al., 2024).

Os programas de melhoramento de plantas, têm papel importante, na busca pelo desenvolvimento cultivares de alto potencial produtivo, tolerantes a fatores bióticos e abióticos e que atendam às necessidades industriais (REYNOLDS; BRAUN, 2022). Para isso, os melhoristas necessitam desenvolver e selecionar as melhores populações segregantes, que apresentem alelos favoráveis para as características de interesse (BORÉM et al., 2021), para a região. Contudo, os mesmos devem utilizar-se de metodologias assertivas, a fim de diminuir viés e o desperdício de tempo e recursos (OLIBONI et al., 2013; BORÉM et al., 2021).

A análise dialélica é uma metodologia que possibilita o estudo das capacidades de combinação (geral e específica) entre genitores presentes no cruzamento, o entendimento da frequência de alelos favoráveis e possibilita a seleção de populações que apresentem os melhores genitores (CRUZ et al., 2012). Essa metodologia tem sido amplamente utilizada em melhoramento de trigo (PIMENTEL et al., 2013; PELEGRIN et al., 2020; MEZZOMO et al., 2022; SILVA et al., 2023a), soja (TEODORO et al., 2019; VOLPATO et al., 2020; BEZERRA et al., 2022), milho (OLIBONI et al., 2013; NARDINO et al., 2020), sorgo (OLIVEIRA et al., 2019), tabaco (CARVALHO et al., 2021) e feijão (MOURA et al., 2018).

Todavia, durante o ciclo da cultura, os melhoristas realizam a avaliação de múltiplas características (VOLPATO et al., 2020; CARVALHO et al., 2021; GHAZVINI et al., 2024) e um desafio para o uso da análise dialélica na seleção de populações superiores é que, para cada característica analisada, a seleção ocorre de forma univariada (OLIVEIRA et al., 2019; MEZZOMO, 2023). Para contornar essa questão, a aplicação de índice de seleção multicaracterística pode ser uma estratégia vantajosa (CÉRON-ROJAS & CRUZ, 2018; OLIVEIRA et al., 2019; BOTELHO et al., 2021; CARVALHO et al., 2021; KLEIN et al., 2023).

Além disso, para maior precisão de seleção com a utilização de índices, os melhoristas podem utilizar a seleção com base nos valores genotípicos obtidos pela metodologia REML/BLUP, o que possibilita maior acurácia, mesmo em ensaios com desbalanceamento (RESENDE et al., 2014; RESENDE, 2016). Para tal, o índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI) desenvolvido por Olivoto & Nardino (2021), usa-se dos valores de BLUP para selecionar genótipos com desempenhos desejáveis em diferentes características (OUATTARA et al., 2024).

Aplicação de estudo da capacidade de combinação e índice de seleção em linhagens de sorgo biomassa, possibilitaram o entendimento dos efeitos envolvidos no controle genético das

características estudadas e a seleção de cinco híbridos com maior potencial de queima (OLIVEIRA et al., 2019) e bioetanol (SILVA et al., 2018) por meio do índice multicaracterística FAI-BLUP. Entretanto, essa abordagem não foi explorada com o uso do índice MGIDI.

Contudo, estudos referentes a capacidade de combinação em gerações F_1 e F_2 em uma mesma safra, em condições tropicais, e a abordagem de se aplicar índices de seleção em gerações precoces, não têm sido relatados na literatura. Diante disso, o presente estudo busca, no primeiro capítulo, identificar genitores com alta frequência de alelos favoráveis e populações segregantes com maior potencial para produzir progênie superiores, além de compreender os efeitos genéticos no controle das características. No segundo capítulo, buscou selecionar populações de trigo para identificar populações, com base em ideótipos desejáveis, ao longo de diferentes gerações, utilizando-se o índice multicaracterística MGIDI.

2. CAPÍTULO I: COMBINING ABILITY IN F₁ AND F₂ GENERATIONS OF WHEAT

2.1 ABSTRACT

The selection of combinations that include the best parents and the understanding of the genetic effects controlling the traits can be made through the use of diallel analysis. The objective of this study was to select parents with a high frequency of favorable alleles and segregating populations with the greatest potential to produce superior progenies, as well as to understand the genetic effects controlling the studied traits. For this end, 15 parents were divided into two groups and crossed in a 7×8 partial diallel scheme, resulting in a total of 56 hybrid combinations. Some of the F₁ seeds were advanced to the F₂ generation. The combinations in both generations (F₁ and F₂) were evaluated in an experimental field in a randomized complete block design, with two replicates, between June and October 2022, in Viçosa, Minas Gerais, Brazil. Days to heading, days to maturation, plant height, spike length, hundred-grain weight, and plot yield were assessed. A diallel analysis was performed using the Geraldi and Miranda-Filho model for partial diallel, adapted from Griffing's method. Our results suggest a predominance of additive effects. The parents CD 1303, CD 151, BRS 254, ORSFEROZ, ORS Guardiã and ORSSENNNA exhibited favorable alleles for different traits. In total, 41 combinations were selected, 20 from F₁ and 21 from F₂ generations. Among these, seven populations were identified as having high genetic potential for producing superior progenies.

Keywords: *Triticum aestivum* L., wheat breeding, genetic effects

2.2 RESUMO

A seleção de combinações que apresentem os melhores genitores e o conhecimento sobre os efeitos gênicos que controlam as características, são possibilitadas pelo uso da análise dialélica.

O objetivo deste estudo, foi selecionar os genitores com alta frequência de alelos favoráveis e populações segregantes com maior potencial para produzir progênie superiores, e entender os efeitos genéticos no controle das características estudadas. Assim, 15 genitores foram divididos em dois grupos e cruzados em esquema de dialelo parcial 7×8, obtendo o total de 56 combinações híbridas. Parte das sementes F₁ foram avançadas para geração F₂. As combinações em duas gerações (F₁ e F₂) foram avaliadas em campo experimental, em delineamento em blocos ao acaso, com duas repetições, entre os meses de junho e outubro de 2022, em Viçosa, Minas Gerais, Brasil. As variáveis avaliadas foram espigamento, dias até a maturação (ciclo), altura da planta, comprimento da espiga, massa de cem grãos e produção de parcela. A análise dialélica foi realizada pelo modelo de Geraldi e Miranda-Filho, para dialelo parcial, adaptado do método de Griffing. O efeito aditivo predominou para o controle dos caracteres analisados. Os genitores CD 1303, CD 151, BRS 254, ORSFEROZ, ORS Guardiã e ORSSENN, apresentaram frequência de alelos favoráveis para diferentes características. No total, 41 combinações foram selecionadas, sendo, 20 em F₁ e 21 em F₂. Destas, foram identificadas sete populações de alto potencial genético para originar progênie.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L. melhoramento de trigo, efeitos gênicos

2.3 INTRODUCTION

Wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the world's most important and widely cultivated grain crops (LI et al., 2022) and accounts for about 18% of the total calories consumed (ERENSTEIN et al., 2022). In 2023, wheat production in Brazil reached 8.1 million tons (CONAB, 2024). Still, Brazil is not self-sufficient in wheat, having to import it from other wheat-producing countries (CONAB, 2024). The Southern region is the main producer, responsible for 90% of all the grain grown nationally (NÓIA JUNIOR et al., 2024). However, the ongoing expansion of wheat farming in the Brazilian Cerrado could contribute to national

self-sufficiency in wheat production (PASINATO et al. 2018; CASAGRANDE et al., 2020). To achieve this, new wheat varieties adapted to Cerrado's dry and hot climate must be developed (PASINATO et al., 2018; CASAGRANDE et al., 2020; MEZZOMO et al., 2022).

The success of a breeding program relies on selecting superior and contrasting parents carrying favorable alleles for desired traits (BORÉM et al., 2021). Several methodologies can be employed for developing superior lines, however, for a better chance of success, breeders explore combining ability of parents (CRUZ et al., 2012; PIMENTEL et al., 2013; MEZZOMO et al., 2021; SOARES et al., 2023), which could be obtained through diallel analysis.

A diallel analysis provides relevant information regarding combining abilities among parents involved in crosses, allowing a better understanding of which of them have high frequency of favorable alleles for a particular trait, as well as the identification of superior populations for selection purposes (CRUZ et al., 2012; TEODORO et al., 2019; MEZZOMO et al., 2022). The diallel analysis enables estimation of general combining ability (GCA) effects, related to additive genetic effects, and specific combining ability (SCA) effects, related to non-additive genetic effects (CRUZ et al., 2012). Studies demonstrating the use of diallel analysis in wheat have already been reported (PIMENTEL et al., 2013; PELEGRIN et al., 2020; MEZZOMO et al., 2022; SILVA et al., 2023a).

There are different diallel (CRUZ et al., 2012). Complete diallel are often limited when there is interest to evaluate a large group of parents. In turn, partial diallel based upon crossing between two groups of complementary parents for a trait of interest are more attractive when many parents are involved (CRUZ et al., 2012; PIMENTEL et al., 2013; LIMA et al., 2022).

Diallel analyses involve the F₁ generation (MASOOD & KRONSTAD, 2000); however, because it is difficult to obtain large numbers of F₁ seeds in self-pollinated species (BHULLAR et al., 1979; PIMENTEL et al., 2013; MEZZOMO et al., 2022; SILVA et al., 2023a), advanced generations (F₂ or F₃) have been used to obtain a larger volume of seeds in order to overcome

this issue (PIMENTEL et al., 2013; EL-HOSARY, 2020; MEZZOMO et al., 2022; SILVA et al., 2023a). Assessing the F₁ generation through diallel analysis is a viable approach in wheat breeding, particularly when it comes to grain yield improvement (JOSHI et al., 2004). Additionally, information about additive and non-additive effects in the F₁ generation is often more reliable compared to that obtained in more advanced generations due to increased homozygosity in the latter. In turn, using F₂ generations helps breeders to understand the potential of parents and segregating populations (PELEGRIN et al., 2020; SILVA et al., 2023a). Therefore, valuable insights can be generated by evaluating F₁ and F₂ generations in the same year (JOSHI et al., 2004; VERMA et al., 2016; EL-HOSARY, 2020).

There is a lack of information about the use of F₁ and F₂ generations in combining ability studies that involve a large number of parents and hybrid combinations. Additionally, the selection of genotypes with desirable traits in these studies is needed to strengthen the genetic progress of wheat in Brazil. Therefore, this study aims to identify parents with a high frequency of favorable alleles and segregating populations with greater potential to produce superior progenies, and to understand the genetic effects in controlling the traits.

2.4 MATERIAL AND METHODS

2.4.1 F₁ POPULATION

Fifteen elite wheat varieties (Table 1) were crossed in a 7×8 partial diallel design to create 56 F₁ hybrids. We established two complementary groups. The first group (Group I) consisted of high-yielding genotypes, adapted to cultivation in Central Brazil, while the second group (Group II) consisted of high-yielding disease-resistant genotypes with enhanced grain quality (Table 1).

Crosses were made from June to August 2021, in a greenhouse facility located at Prof. Diogo Alves de Mello Research Unit, Federal University of Viçosa (latitude 20°45'58.6"S and

longitude 42°52'08.7"W, 660 meters above sea level). After maturation, wheat spikes from both crosses and parents were harvested, threshed, and stored in a cold chamber.

Table 1. Group of wheat parents crossed to create the 56 hybrids.

Group	Parents	Cultivar	Owner	Classification	Release	Cycle*
I	1	CD 1104	Coodetec/Corteva ^a	Improver	2014	E
	2	CD 1440	Coodetec/Corteva	Bread	2013	M
	3	CD 1303	Coodetec/Corteva	Bread/Improver	2016	E
	4	CD 151	Coodetec/Corteva	Improver	2012	M
	5	CD 150	Coodetec/Corteva	Improver	2009	E
	6	CD 116	Coodetec/Corteva	Improver	2006	E
	7	BRS 254	Embrapa ^b	Improver	2005	SE
II	1'	ORS Guardiã	OR Genética ^c	Bread	2021	ME
	2'	ORSFEROZ	OR Genética	Improver	2021	E
	3'	ORSSENNA	OR Genética	Improver	2021	SE
	4'	ORS Madrepérola	OR Genética	Bread	2017	ME
	5'	ORS 1403	OR Genética	Bread	2016	M
	6'	TBIO Aton	GDM/Biotrigo ^d	Improver	2018	E
	7'	TBIO Noble	GDM/Biotrigo	Bread	2013	ME
	8'	TBIO Duque	GDM/Biotrigo	Bread	2017	E

^aCoodetec desenvolvimento, produção e comercialização agrícola LTDA/Corteva Agriscience do Brasil LTDA.;

^bEmpresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; ^cOR Melhoramento de Sementes LTDA.; ^dGDM Genética do Brasil S.A./Biotrigo Genética LTDA.

Note: E: early; M: medium; ME: mid-early; SE: super-early.

*JORIS et al., (2022).

2.4.2 GENERATION ADVANCEMENT

A portion of F₁ seeds was self-pollinated to produce the F₂ hybrids. The 15 parents and the 56 F₁ hybrids were grown in pots for seed increase and generation advancement, respectively, from February to June 2022 at the same greenhouse facility used to make the crosses. Pots of 10-liter capacity were filled with a mixture of soil, sand, and commercial potting medium in a 2:1:1 ratio. Cultivation practices followed crop information (JORIS et al., 2022).

Pots were watered manually using a hose. Watering was withheld at the grain physiological maturity stage. Spikes were manually harvested and threshed, and seeds were stored for further use in the field trial.

2.4.4 FIELD ASSESSMENT

In June 2022, the 56 F1 and F2 hybrids along with the 15 parents were sown in the field. The experimental field was located at Prof. Diogo Alves de Mello's Research Unit, Federal University of Viçosa (latitude 20°46'08.4"S and longitude 42°52'11.6"W, 660 meters above sea level), subtropical Cwa climate with dry winter. The genotype plots were laid out in a randomized complete block design with two replicates. Plots consisted of two rows of 1m long each spaced 0.2 m apart. The sowing density used was fifteen seeds per linear meter.

Cultivation practices followed standard procedures for the wheat crop (JORIS et al., 2022). Fertilization was partitioned into two phenological stages (stage 20 and stage 29) (ZADOKS et al. 1974), and consisted of applying urea (46% N) as nitrogen source. A chlorpyrifos-based insecticide (480 g L⁻¹ of active ingredient) was applied after post-anthesis to control aphids. Foliar diseases were controlled by trifloxystrobin (100 g L⁻¹) and tebuconazole-based (200 g L⁻¹) fungicides. Pesticide doses were adjusted as recommended for wheat.

Crop was irrigated by conventional aspersion to meet the water requirements until grain maturity stage. Temperature and precipitation data recorded throughout the growing season are shown in table 2.

Table 2. Weather conditions during the field trial.

Months	High temperature (°C)	Low temperature (°C)	Precipitation (mm)
June	28.0	6.3	1.4
July	28.2	7.5	2.4
August	30.7	7.0	1.8
September	32.5	6.3	42.8
October	29.3	15.2	17.6

2.4.5 WHEAT TRAITS

The following phenotypic traits were evaluated: Days to heading (DHE), days to maturation (DM), plant height (PH), spike length (SL) hundred-grain weight (HGW) and plot

yield (YLD). Measuring details are described in table 3. PH and SL measurements are averages from ten randomly selected plants per plot.

Table 3. Methodology of assessment of six wheat agronomic traits.

Traits	Evaluation method	Unity	Code
Days of heading	Number of days the inflorescence emergence in at least 50% of the plot	Days	DHE
Days to maturation	Number of days the plants maturation in at least 50% of the plot	Days	DM
Plant height	Measured from the soil surface to the spike insertion	Centimeters (cm)	PH
Spike length	Measured from the base to the top of the spike	Centimeters (cm)	SL
Hundred-grain weight	Average 100-grain mass	Grams (g)	HGW
Plot yield	Total grain mass from the plants of the plot	Grams (g)	YLP

2.4.6 DIALLEL ANALYSIS

The diallel analysis used to investigate general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) effects of wheat genotypes was performed according to the model proposed by Geraldi & Miranda-Filho (1988) for partial diallel adapted from Griffing's method (GRIFFING, 1956) as follows:

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(d_1 + d_2) + g_i + g'_j + S_{ij} + \varepsilon'_{ij}$$

where Y_{ij} is the cross average for the i-th parent from Group I and the j-th parent from Group II; μ is the overall mean; d_1 and d_2 are contrasts that include averages from Group I and Group II and the overall mean; g_i is the effect of general combining ability for the i-th parent from Group I (fixed); g'_j is the effect of general combining ability for the j-th parent from Group II (fixed); S_{ij} is the specific combining ability; and ε'_{ij} is the mean error (random) [$\varepsilon'_{ij} \sim \text{NID}(0; \sigma^2_\varepsilon)$].

The quadratic variance components for the GCA and SCA effects were estimated using the method of moments, based on the expected mean squares, as follows:

$$\hat{\phi}_{GCA_I} = \frac{MS_{GCA_{IK}} - MSR}{IL}$$

$$\hat{\phi}_{GCA_{II}} = \frac{MS_{GCA_{IIL}} - MSR}{IK}$$

$$\hat{\phi}_{SCA_K} = \frac{MS_{SCA_{KL}} - MSR}{I}$$

K is the number of parents in group I; L is the number of parents in group II; I is the number of replications; $MS_{GCA_{IK}}$ and $MS_{GCA_{IIL}}$ are the mean squares of GCA of groups I and II, respectively; $MS_{SCA_{KL}}$ is the mean square of the SCA effect; and MSR is the residual mean square.

The relative importance of additive and no-additive effects involved in the control of the traits ($\hat{\theta}$), in determining the performance of crosses, was provided by the following expression (BAKER, 1978):

$$\hat{\theta} = \frac{\hat{\phi}_{GCA_I} + \hat{\phi}_{GCA_{II}}}{\hat{\phi}_{GCA_I} + \hat{\phi}_{GCA_{II}} + \hat{\phi}_{SCA}}$$

The model was fitted to F₁ and F₂ data separately. All statistical analyses were performed in the GENES software (CRUZ, 2016). Figures were created by the package “ggplot2” (WICKHAM, 2016) in R Version 4.3.2 (R CORE TEAM, 2023).

2.5 RESULTS

2.5.1 DIALLEL ANALYSIS

Results from partial diallel analysis of variance are presented in Table 4. Crosses effect was significant ($p < 0.05$) for all traits, except for spike length (SL) in both generations, and plot

yield (YLD) in F₂ (Table 4). Group effect was not significant for all traits (Table 4). General combining ability (GCA I) effects in F₁ were significant for all traits, except SL and YLD. Conversely, GCA I effect in F₂ was only significant for DM (Table 4). GCA II effects were significant for all traits, except SL and YLD in both F₁ and F₂ generations (Table 4). Average specific combining ability (SCA I x II) effects were significant for all traits except for DM and SL in F₁ and F₂, and plant height (PH) and YLD in F₂ (Table 4).

Table 4. Summary of the partial diallel analysis for six wheat traits and two generations (F₁ and F₂) according to Geraldi & Miranda-Filho (1988) model adapted from Griffing (1956). Federal University of Viçosa, Viçosa, MG. 2024.

	SV	Crosses	Group	GCA I	GCA II	SCA IxII	Residual
	DF	70	1	6	7	56	213
DHE	F ₁	22.01*	0.60 ^{ns}	91.38*	80.39*	7.66*	3.56
	F ₂	27.90*	0.07 ^{ns}	111.79*	62.28*	15.11*	4.49
DM	F ₁	9.84*	0.16 ^{ns}	32.04*	23.32*	5.95 ^{ns}	4.26
	F ₂	7.48*	0.00 ^{ns}	6.46 ^{ns}	42.02*	3.40 ^{ns}	2.90
PH	F ₁	140.89*	34.68 ^{ns}	292.97*	328.38*	103.06*	58.41
	F ₂	115.57*	28.86 ^{ns}	170.62*	387.25*	77.25 ^{ns}	63.39
SL	F ₁	1.66 ^{ns}	2.15 ^{ns}	1.75 ^{ns}	1.31 ^{ns}	1.68*	1.01
	F ₂	1.23 ^{ns}	1.58 ^{ns}	3.70*	2.26 ^{ns}	1.15 ^{ns}	1.06
HGW	F ₁	0.22*	0.01 ^{ns}	0.64*	0.52*	0.15*	0.08
	F ₂	0.21*	0.02 ^{ns}	0.39*	0.58*	0.14*	0.07
YLD	F ₁	7357.23*	14793.08 ^{ns}	2412.49 ^{ns}	9221.49 ^{ns}	7521.21*	4506.34
	F ₂	6180.41 ^{ns}	14731.72 ^{ns}	17618.58*	8685.52 ^{ns}	4489.13 ^{ns}	4605.46

Note: SV: Source of variation. DHE: days to heading; DM: days to maturation; PH: Plant height; SL: Spike length; HGW: Hundred-grain weight; YLP: plot yield. GCA I: general combining ability of parents from group I; GCA II: general combining ability of parents from group II; SCA: specific combining ability.

^{ns}: not significant. *: significant at 5% probability by the F test.

The relative importance of both additive and non-additive effects on the control of the traits were shown to be close and equal to one for DHE, DM, PH and HGW, in both F₁ and F₂ generations, and for YLP and SL only in generation F₂ (Table 5). In generation F₁, YLP and SL presented estimates minor than one (Table 5).

Table 5. Quadratic component estimates for the general combining abilities ($\hat{\phi}_{GCA_I}$ and $\hat{\phi}_{GCA_{II}}$) and specific combining ability ($\hat{\phi}_{SCA}$) of different traits in F₁ and F₂ generation.

Quadratic components	Generation	DHE	DM	PH	SL	HGW	YLD
$\hat{\phi}_{GCA_I}$	F ₁	351.28	111.12	938.24	2.96	2.24	-8375.40
	F ₂	429.20	14.24	428.92	10.56	1.28	52052.48
$\hat{\phi}_{GCA_{II}}$	F ₁	268.91	66.71	944.90	1.05	1.54	16503.03
	F ₂	202.27	136.92	1133.51	4.20	1.79	14280.21
$\hat{\phi}_{SCA}$	F ₁	2.05	0.85	22.33	0.34	0.04	1507.44
	F ₂	5.31	0.25	6.93	0.04	0.04	-58.17
θ	F ₁	1.00	1.00	0.99	0.92	0.99	0.84
	F ₂	0.99	1.00	1.00	1.00	0.99	1.00

Note: DHE: days to heading; DM: days to maturation; PH: Plant height; SL: Spike length; HGW: Hundred-grain weight; YLP: plot yield. θ : relative importance of the additive and non-additive effects.

2.5.2 GCA I EFFECTS

Estimates of average GCA I effects in F₁ and F₂ are presented in Figure 1. High, positive, or negative GCA values for a particular parent indicate that this parent differs from others in the frequency of favorable alleles. Low GCA values indicate that the effect in particular is not relevant.

GCA estimates for days to heading (DHE), days to maturation (DM), and plant height (PH) are expected to be high and negative (Figure 1a, b, c). For DHE (Figure 1a), lowest estimates were observed for CD 1303, CD 151, CD 150, and BRS 254 in both generations. Similarly, lowest estimates for DM in F₁ were observed for CD 1303 and BRS 254 (Figure 1b). For PH, the parents CD 1303, CD 116 in F₁ and F₂, and BRS 254 in F₁ had the lowest estimates (Figure 1c).

High positive GCA estimates are desired for traits such as SL, HGW, and YLD (Figure 1d, e, f). The parent CD 151 had the highest SL estimate in F₂ (Figure 1d). For HGW, highest estimates in F₁ and F₂ were observed for CD 151 and BRS254 (Figure 1e), and for YLD, highest estimates in F₂ were observed for the parents CD 1440, CD 1303, and CD 151 (Figure 1f).



Figure 1. Average GCA I effects for six wheat traits. a: days to heading in F₁ and F₂; b: days to maturation in F₁; c: plant height, in F₁ and F₂; d: spike length in F₂; e: hundred-grain weight in F₁ and F₂; f: grain yield in F₂ populations.

2.5.5 GCA II EFFECTS

Figure 2 displays average GCA II effect estimates. Overall, the parents ORS Guardiã, ORSFEROZ, and ORSSENNA contributed to a decrease in DHE (Figure 2a), DM (Figure 2b), and PH (Figure 3c). The only exception was ORS Guardiã that increased DM in F₁ (Figure 2b). The parents ORS Guardiã and TBIO Aton increased HGW estimates (Figure 2d).

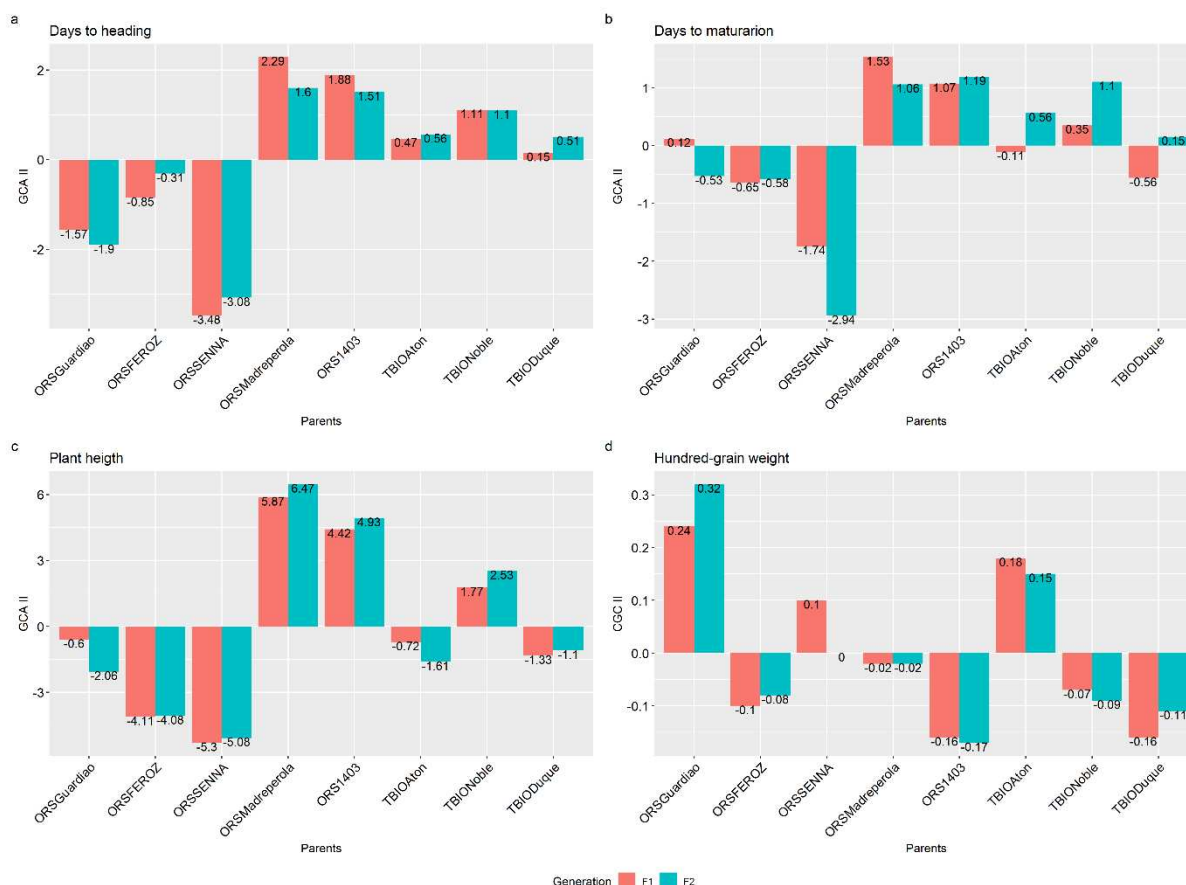


Figure 2. Average GCA II effects for four wheat traits. a: days to heading in F₁ and F₂; b: Days to maturation in F₁ and F₂. c: Plant height in F₁ and F₂. d: hundred-grain weight in F₁ and F₂ populations.

2.5.6 SCA EFFECTS

Interpretations of SCA values among the 15 parents in both generations (F₁ and F₂) are presented in Table 6. We selected the best combinations based on SCA values following the same criteria adopted previously for the four significant traits (high negative values for DM, DHE, and PH, and high positive values for SL, HGW, and YLD) (Table 6). The only difference is that only hybrids in which at least one of the parents exhibits high (positive or negative) GCA estimates (Figures 1 and 2), were selected.

Combinations with promising SCA estimates are shown in Table 7. In total, 41 crosses were selected, 20 in F₁ and 21 in F₂ (Table 7). Although many of these combinations did not exhibit high SCA values for all desired traits, they exhibited high SCA for at least two. CD1104/ORSGuardião was selected for DHE and HGW in both generations;

CD116/ORSGuardião and CD151/ORSMadrepérola were selected for DHE and HGW in F₂; CD1440/ORSSENNA and CD150/ORSSENNA were selected for DHE and PH in F₁; CD150/TBIOAton was selected for DHE and HGW in F₁ (Table 7). CD1303/ORSMadrepérola, CD151/ORSMadrepérola, CD1303/ORS1403, CD1104/ORSGuardião, CD150/TBIOAton, and CD1440/ORSFEROZ hybrids had low estimates for DHE, whereas CD151/ORSSENNA and CD1104/ORSGuardião had high estimates for HGW in both F₁ and F₂ (Table 7).

In addition, we observed that in the F₁ generation, the parents CD 1303 and CD 151 (Group I), as well as ORS Guardiã, ORSFEROZ, and ORSSENNA (Group II), had hybrids selected for DHE. Furthermore, CD 1303 and BRS 254 (Group I), along with ORS Guardiã and ORSFEROZ (Group II), had crosses selected for PH in both groups (Table 7).

Table 6: Average SCA effects for four wheat traits and two generations (F₁ and F₂).

Group I	Group II	DHE		PH		HGW		YLD	
		F ₁	F ₂	F ₁	F ₂ *	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂ *
CD1104	ORSGuardião	-2.63	-3.51	0.17	-	0.21	0.05	62.83	-
CD1104	ORSFEROZ	-0.86	-5.60	3.07	-	0.30	0.33	6.57	-
CD1104	ORSSENNA	-0.22	-1.82	6.86	-	0.11	-0.29	82.34	-
CD1104	ORMadrepérola	0.51	1.49	-2.00	-	-0.38	0.10	-7.20	-
CD1104	ORS1403	-0.59	1.59	1.45	-	0.16	0.32	-6.22	-
CD1104	TBIOAton	2.32	3.04	8.19	-	-0.11	-0.34	31.33	-
CD1104	TBIONoble	-0.81	-1.01	-6.81	-	0.12	-0.03	-45.59	-
CD1104	TBIODuque	-1.86	1.09	-14.01	-	0.02	0.19	-113.18	-
CD1440	ORSGuardião	1.24	-0.84	-0.14	-	0.17	-0.04	-18.29	-
CD1440	ORSFEROZ	-2.48	-1.93	-2.59	-	0.35	-0.16	-5.97	-
CD1440	ORSSENNA	-2.35	-0.16	-3.84	-	-0.01	0.46	-4.49	-
CD1440	ORMadrepérola	-0.62	0.66	4.19	-	0.25	-0.02	-62.25	-
CD1440	ORS1403	-1.21	1.25	-13.66	-	-0.16	-0.11	-94.92	-
CD1440	TBIOAton	1.20	-0.79	-4.32	-	-0.29	0.03	-72.64	-
CD1440	TBIONoble	0.06	-1.34	11.19	-	0.04	-0.15	65.14	-
CD1440	TBIODuque	0.52	-2.25	8.59	-	0.09	0.10	47.06	-
CD1303	ORSGuardião	-1.13	-0.71	-0.20	-	-0.15	-0.22	26.97	-
CD1303	ORSFEROZ	-3.36	-0.81	-6.00	-	0.17	-0.03	-120.26	-
CD1303	ORSSENNA	1.28	-0.53	5.19	-	0.21	0.28	-19.88	-
CD1303	ORMadrepérola	-1.49	-3.71	3.03	-	0.42	0.07	32.81	-
CD1303	ORS1403	-2.59	-4.62	-2.02	-	0.02	0.58	40.81	-
CD1303	TBIOAton	-0.68	1.33	-8.33	-	0.14	-0.07	-76.64	-
CD1303	TBIONoble	-2.31	-0.71	-3.58	-	0.19	-0.01	-22.57	-
CD1303	TBIODuque	1.14	-1.12	10.32	-	0.09	0.15	132.83	-
CD151	ORSGuardião	2.70	2.66	-0.49	-	-0.25	-0.10	-38.46	-
CD151	ORSFEROZ	1.97	2.57	8.51	-	0.05	-0.06	-32.06	-
CD151	ORSSENNA	2.11	0.34	9.90	-	0.23	0.32	172.95	-
CD151	ORMadrepérola	-2.66	-1.84	-0.36	-	0.10	0.39	-19.69	-
CD151	ORS1403	0.25	-1.25	11.29	-	0.16	-0.28	46.87	-
CD151	TBIOAton	-0.34	-2.29	-7.78	-	-0.08	-0.05	-110.43	-
CD151	TBIONoble	-0.98	-0.34	-7.77	-	0.25	-0.11	-25.09	-
CD151	TBIODuque	-0.53	-3.25	5.63	-	0.15	0.02	17.55	-
CD150	ORSGuardião	0.95	-1.88	2.87	-	-0.03	-0.13	-1.21	-
CD150	ORSFEROZ	-1.78	0.53	-11.75	-	-0.09	-0.16	-23.94	-
CD150	ORSSENNA	-2.64	-0.20	-9.84	-	-0.19	-0.03	-57.60	-
CD150	ORMadrepérola	0.59	-1.38	4.30	-	0.12	0.05	24.79	-
CD150	ORS1403	0.00	-0.79	-1.25	-	-0.03	-0.11	-22.96	-
CD150	TBIOAton	-2.09	-3.34	1.19	-	0.13	-0.42	29.53	-
CD150	TBIONoble	-0.73	-2.38	1.89	-	0.01	0.70	8.52	-
CD150	TBIODuque	0.22	-0.79	2.79	-	0.12	0.22	-26.89	-
CD116	ORSGuardião	0.08	-2.67	6.31	-	-0.20	0.10	61.56	-
CD116	ORSFEROZ	-0.15	-0.26	6.51	-	-0.21	0.08	20.21	-
CD116	ORSSENNA	-0.51	-1.49	-8.69	-	0.13	-0.13	-2.75	-
CD116	ORMadrepérola	0.21	-0.67	4.04	-	0.00	0.00	-13.17	-
CD116	ORS1403	-1.88	-2.08	9.49	-	0.30	0.10	29.08	-
CD116	TBIOAton	-2.97	-1.63	-6.97	-	-0.40	-0.36	-69.73	-
CD116	TBIONoble	0.90	-2.67	2.73	-	0.15	-0.17	7.11	-
CD116	TBIODuque	-1.65	0.42	0.14	-	0.07	-0.11	-5.93	-
BRS254	ORSGuardião	-2.55	1.70	-10.20	-	-0.23	-0.10	-98.73	-
BRS254	ORSFEROZ	2.22	0.61	11.90	-	0.22	0.56	53.60	-
BRS254	ORSSENNA	-0.64	-0.12	-0.71	-	0.43	-0.39	-80.66	-
BRS254	ORMadrepérola	0.59	-2.80	5.33	-	0.20	-0.15	68.51	-
BRS254	ORS1403	0.50	-3.71	2.77	-	0.41	0.00	17.88	-
BRS254	TBIOAton	-0.59	-1.75	7.21	-	-0.12	0.06	74.63	-
BRS254	TBIONoble	-1.73	0.20	-7.48	-	-0.01	0.12	-3.96	-
BRS254	TBIODuque	-0.28	2.29	-4.38	-	0.10	-0.05	-7.16	-

Note: SCA: specific combining ability; DHE: days of heading; PH: Plant height; HGW: Hundred-grain weight; YLP: plot yield. *- means that the effect was not significant for that particular generation.

Table 7. Selected wheat hybrids based on their SCA effects in F₁ and F₂.

Traits	Generation	Selected wheat
DHE	F ₁	CD1303/ORSGuardião, CD1303/ORSFEROZ, CD1303/Madrepérola, CD1303/ORS1403, CD1303/TBIONoble, CD151/ORMadrepérola, CD150/ORSFEROZ, CD150/ORSSENNA, CD150/TBIOAton, BRS254/ORSGuardião, CD1104/ORSGuardião, CD1440/ORSFEROZ and CD1440/ORSSENNA
	F ₂	CD1303/Madrepérola, CD1303/ORS1403, CD151/ORMadrepérola, CD151/ORS1403, CD151/TBIOAton, CD151/TBIONoble, CD150/ORSGuardião, CD150/ORMadrepérola, CD150/TBIOAton, CD150/TBIONoble, BRS254/ORMadrepérola, BRS254/ORS1403, BRS254/TBIOAton, CD116/ORSGuardião, CD1104/ORSGuardião, CD1104/ORSFEROZ, CD1440/ORSFEROZ, CD1104/ORSSENNA and CD116/ORSSENNA
PH	F ₁	CD1303/ORSFEROZ, CD1303/TBIOAton, CD116/ORSSENNA, CD116/TBIOAton, BRS254/ORSGuardião, BRS254/TBIONoble, CD151/ORSGuardião, CD1440/ORSFEROZ, CD150/ORSFEROZ, CD1440/ORSSENNA and CD150/ORSSENNA
HGW	F ₁	CD151/ORSSENNA, CD151/TBIONoble, CD1104/ORSGuardião and CD150/TBIOAton
	F ₂	CD151/ORSSENNA, CD151/ORMadrepérola, CD1104/ORSGuardião, CD116/ORSGuardião, CD1440/TBIOAton and BRS254/TBIOAton

Note: SCA: specific combining ability; DHE: days to heading; PH: plant height; HGW: hundred-grain weight.

2.6 DISCUSSION

The present study was conceived and conducted to select wheat crosses suitable for cultivation under tropical conditions, in other words, short, high-yielding, early-cycle genotypes that are adapted to irrigated farming system (BECHE et al., 2018; WANG et al., 2019; CASAGRANDE et al., 2020). Therefore, we focused on investigating general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) of wheat genotypes in order to decrease DHE, DM, and PH, and to increase SL, HGW and YLD.

Partial diallel analysis is an efficient strategy used to study combining ability among parents (CRUZ et al., 2012; PIMENTEL et al., 2013; SILVA et al., 2013; MOURA et al., 2018; LIMA et al., 2022). Significant crosses effects observed in the analysis of variance indicates genetic variability among genotypes for the traits of interest (TEODORO et al., 2019). Non-significant effects for group suggest that average number of favorable alleles is similar in the

two groups of parents. This may be explained by the fact that all the parents used in this study are high-yielding elite cultivars (PIMENTEL et al., 2013).

By analyzing GCA quadratic components of Group I and Group II, and the SCA quadratic component together, we noticed that GCA values were superior to those of SCA, for most traits, except for SL and YLD in F₁, evidenced by the relative importance of additive and non-additive effects. The superiority of the quadratic components of GCA compared to SCA indicate the predominance of additive effects over non-additive effects (JOSHI et al., 2004; KAMALUDDIN et al., 2007; PIMENTEL et al., 2013; SILVA et al., 2023a). Additive effects are the main source of genetic variation exploited in breeding programs (ISIK et al., 2003; BHERING et al., 2017). Yield-related traits in wheat are listed as controlled by additive effects in F₁ (KAMALUDDIN et al., 2007), F₂ (SILVA et al., 2023a), F₁ and F₂ (JOSHI et al., 2004; KUMAR et al., 2017; EL-GAMMAAL & YAHYA, 2018), and F₂ and F₃ generations (PIMENTEL et al., 2013). However, non-additive effects for grain yield per plot (YLD) in F₁, as observed in this study, are also reported for wheat (MASOOD & KRONSTAD, 2000; ZEESHAN et al., 2013), barley (SHARMA et al., 2003), common bean (SILVA et al. 2013; MOURA et al., 2018; SILVA et al., 2023b), and fava bean (EL-HOSARY, 2020).

Significant GCA effects are observed in both groups of parents. A significant effect indicates the presence of favorable alleles among the parents within each group (CRUZ et al., 2012; PIMENTEL et al., 2013; MOURA et al., 2018). The same results were observed for SCA, indicating variability for this effect (PIMENTEL et al., 2013). Furthermore, the significance of these effects allows selection of best parents based on GCA values and best hybrids based on SCA values (CRUZ et al., 2012). The significance of GCA and SCA also suggests that additive and non-additive effects are involved in the genetic control of traits (GUIMARÃES et al., 2023; SILVA et al., 2023a).

Based on our findings, we can select promising parents from each group by harnessing their combining abilities for each trait. The parent CD 1303 (Group I) reduces growing cycle length and plant height, while also increasing grain yield. The contribution of this parent (CD 1303) to reducing plant height and increasing grain yield has been observed in other studies (MEZZOMO et al., 2021, 2022; SILVA et al., 2023a). CD 151 (Group I), reduces number of days to flowering, while increasing spike length, hundred-grain weight, and grain yield. BRS 254 (Group I) reduces growing cycle length and increases hundred-grain weight. Supporting our findings, BRS 254 appeared among the top three parents for earliness (MEZZOMO et al., 2022) in a study about combining ability and selection of tropical wheat populations.

The parent ORS Guardiã (Group II) exhibited a combination of traits involving short growing cycle, short plant stature, and increased hundred-grain weight. The parents ORSFEROZ and ORSSENN (Group II) contributed to reductions in growing cycle length and plant stature. Crossing parents that contribute to reductions in these traits is important to minimize problems with early drought in rainfed farming systems (KAMALUDDIN et al., 2007; PASINATO et al., 2018), and lodging in irrigated farming systems (CASAGRANDE et al., 2020; MEZZOMO et al., 2022; SILVA et al., 2023a).

After analyzing GCA of parents, the next step is to select promising combinations. Selection is based on desirable SCA values of crosses in which at least one parent has desirable GCA values (CRUZ et al., 2012). A total of 41 wheat crosses were selected, 20 in F₁ and 21 in F₂. Seven combinations were selected in both F₁ and F₂ populations. Identifying hybrid combinations that exhibit consistent behavior across generations is considered promising in breeding programs (HEIBA et al., 2023).

The selection of superior hybrid combinations from superior parents of both groups is evident in this study. Such crosses are potentially good combiners for traits such as days to flowering and plant height. Selecting the same hybrid combinations in different generations has

also been reported in studies with wheat (MASOOD & KRONSTAD, 2000; JOSHI et al., 2004; VERMA et al., 2016; ALI et al., 2020), barley (SHARMA et al., 2003), and safflower (GOLKAR et al., 2011).

Although we could select populations from both generations, selecting from F₂ is more advantageous over F₁ due to the larger number of seeds, which could be used to test populations in multiple locations. Obtaining a large number of seeds in F₁ generations without technologies such as male sterility makes it impractical to select populations in this generation. Additionally, different studies have found promising results when using F₂ populations for crops such as wheat (BHULLAR et al., 1979; MASOOD & KRONSTAD, 2000; PIMENTEL et al., 2013; MEZZOMO et al., 2022; SILVA et al., 2023a), and common bean (MOURA et al., 2018).

Finally, this study demonstrated the predominance of the additive effects, although it was also possible to identify non-additive effects for some quantitative traits in F₁ generation. In addition, we performed the selection of potential combinations in multiple generations by exploring the genetic effects underlying several relevant traits in wheat breeding.

2.7 CONCLUSIONS

The parents CD1303, CD151, and BRS 254 from Group I, and ORSFEROZ, ORS Guardiã, and ORSSENNNA from Group II, demonstrated high frequency of favorable alleles for different traits. The hybrid populations CD1303/ORSMadrepérula, CD151/ORSMadrepérula, CD1303/ORS1403, CD1104/ORSGuardiã, CD150/TBIOAton, CD1440/ORSFEROZ and CD151/ORSSENNNA are potential breeding sources of superior progenies in terms of earliness, plant height, and hundred-grain weight.

Additive effects predominantly regulated most traits in both F₁ and F₂ generations.

2.8 ACKNOWLEDGMENTS

This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brazil (CAPES) – Finance Code 001. We are grateful to the Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico (CNPq) and by the Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

2.9 REFERENCES

- ALI, M. A. et al. Combining ability in some genotypes of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under different sowing dates. **SVU-International Journal of Agricultural Sciences**, v.2, n.2, p.291–305, 2020. Available from: <<https://10.21608/svuijas.2020.42033.1036>>. Accessed: Mar. 11, 2024. doi:10.21608/svuijas.2020.42033.1036.
- BAKER, R. J. Issues in diallel analysis. **Crop Science**, v.18, p. 533-536, 1978. Available from: <<https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci1978.0011183X001800040001x>>. Accessed: Ago. 10, 2024. doi: 10.2135/cropsci1978.0011183X001800040001x
- BECHE, E. et al. Improvement in Brazilian wheat breeding : changes in developmental phases and ecophysiological traits. **Euphytica**, v.214, n.3, p.1–12, 2018. Available from: <<https://doi.org/10.1007/s10681-018-2134-2>>. Accessed: doi:10.1007/s10681-018-2134-2.
- BHERING, L. L. et al. **Seleção de genitores**. In: SILVA, F. et al. (org.). Melhoramento da soja. Editora UFV, Viçosa, p.173-195, 2017.
- BHULLAR, G. S. et al. Combining Ability Analysis over F1-F5 Generations in Diallel Crosses of Bread Wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v.55, p.77–80, 1979. Available from:<<https://doi.org/10.1007/BF00285194>>. Accessed: Mar. 23, 2024. doi:10.1007/BF00285194.
- BORÉM, A. et al. **Melhoramento de plantas**. 8. ed.: Oficina de Textos, 384 p. 2021.
- CASAGRANDE, C. R. et al. Choosing parent tropical wheat genotypes through genetic dissimilarity based on reml/ blup. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.20, n.3, p. 1–10, 2020. Available from:<<https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n3a50>>. Accessed: Apr. 06, 2024. doi:10.1590/1984-70332020v20n3a50.
- CONAB. **Acompanhamento da Safra brasileira de grãos**, v. 11, n. 5, p. 124, 2024. Available from:<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos/item/download/51814_c19d452a0b14ed1e74b0d45ae0b815e5>. Accessed: Feb. 26, 2024.
- CRUZ, C. D. Programa Genes – Ampliado e integrado aos aplicativos R, Matlab e Selegen. **Acta Scientiarum – Agronomy**, v.38, n.4, p. 547–552, 2016. Available

from:<<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>>. Accessed: Apr. 06, 2024. doi: 10.4025/actasciagron.v38i4.32629.

CRUZ, C. D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Editora UFV, Viçosa, 2012.

EL-GAMMAAL, A. A. & YAHYA, A. I. Genetic Variability and Heterosis in F1 and F2 Generations of Diallel Crosses among Seven Wheat Genotypes. **Journal of Plant Production**, v.9, n.12, p.1075–1086, 2018. Available from:<https://jpp.journals.ekb.eg/article_36631_b64ff30dd52a920328cb664026877213.pdf>. Accessed: Feb. 29, 2024.

EL-HOSARY, A. Estimation of Gene Action and Heterosis in F1 And F2 Diallel Crosses among Seven Genotypes of Field Bean. **Journal of Plant Production**, v.11, n.12, p.1383–1391, 2020. Available from:<<https://doi.org/10.21608/jpp.2020.149810>>. Accessed: Jan. 28, 2024. doi: 10.21608/jpp.2020.149810.

ERENSTEIN, O. et al. **Global Trends in Wheat Production, Consumption and Trade**. In: REYNOLDS, M. P. & BRAUN, H-J. (org.). **Wheat Improvement Food Security in a Changing Climate**: Springer Cham, 2022. p.657. Available from:<<https://link.springer.com/book/10.1007/978-3-030-90673-3>>. Accessed: Mar. 06, 2024. doi: 10.1007/978-3-030-90673-3.

GERALDI, I. O. & MIRANDA-FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, 11:419-430, 1988. Accessed: Mar. 06, 2024.

GOLKAR, P. et al. Genetic analysis of oil content and fatty acid composition in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). **Journal of the American Oil Chemists' Society**, v.88, n.7, p.975–982, 2011. Available from:<<https://doi.org/10.1007/s11746-011-1758-3>>. Accessed: Mar. 18, 2024. doi: 10.1007/s11746-011-1758-3.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v.9, p.463–493, 1956. Available from:<<https://doi.org/10.1071/BI9560463>>. Accessed: Jan. 15, 2024. doi: 10.1071/BI9560463.

GUIMARÃES, P. H. R. et al. Diallel Analysis : Choosing Parents to Introduce New Variability in a Recurrent Selection Population. **Agriculture**, v.13, n.1320, p.1–16, 2023. Available from:<<https://doi.org/10.3390/agriculture13071320>>. Accessed: Mar. 19, 2024. doi: 10.3390/agriculture13071320.

HEIBA, H. El-S. S. et al. Combining Ability and Gene Action Controlling Chocolate Spot Resistance and Yield Traits in Faba Bean (*Vicia faba* L.). **Journal of Agricultural Sciences (Tarim Bilimleri Dergisi)**, v.29, n.1, p.77–88, 2023. Available

from:<<https://doi.org/10.15832/ankutbd.973781>>. Accessed: Mar. 23, 2024. doi: 10.15832/ankutbd.973781.

ISIK, F. et al. Estimates of Additive, Dominance and Epistatic Genetic Variances from a Clonally Replicated Test of Loblolly Pine. **Forest Science**, v.49, n.1, p.77–88, 2003. Available from: <<https://doi.org/10.1093/forestscience/49.1.77>>. Accessed: Mar. 04, 2024. doi: 10.1093/forestscience/49.1.77.

JORIS, H. A. W. et al. **Informações técnicas para trigo e triticales : safra 2023 / 15a Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticales**. Fundação ABC e Biotrigo Genética, Castro, PR, 2022. Available from:< <<https://www.conferencebr.com/conteudo/arquivo/informacoes-technicas-para-trigo-e-triticales--safra-2022-1649081250.pdf>>. Accessed: Ago. 06, 2024.

JOSHI, S. K. et al. Combining ability in the F1 and F2 generations of diallel cross in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). **Hereditas**, v.51, n.141, p.115–121, 2004. Available from:<<https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.2004.01730.x>>. Accessed: Mar. 04, 2024. doi: 10.1111/j.1601-5223.2004.01730.x.

KAMALUDDIN et al. Combining ability analysis for grain filling duration and yield traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.). **Genetics and Molecular Biology**, v.30, n.2, p.411–416, 2007. Available from:<<https://doi.org/10.1590/S1415-47572007000300018>>. Accessed: Feb. 21, 2024. doi:10.1590/S1415-47572007000300018.

KUMAR, B. et al. Estimation of Combining Ability in F1 and F2 Generations of Diallel Crosses in Winter Wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, v.6, n.12, p.1432–1444, 2017. Available from:<<https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.612.161>>. Accessed: Feb. 28, 2024. doi:10.20546/ijcmas.2017.612.161.

LI, N. et al. Generation of high iron content wheat mutants and expression analysis of the genes involved in iron accumulation and ethylene response. **Plant Growth Regulation**, n.0123456789, 2022. Available from:<<https://doi.org/10.1007/s10725-022-00880-3>>. Accessed: Feb. 28, 2024. doi:10.1007/s10725-022-00880-3.

LIMA, G. W. et al. Genetic diversity in tropical wheat germplasm and selection via multitrait index. **Agronomy Journal**, v.114, n.2, p.887–899, 2022. Available from:<<https://doi.org/10.1002/agj2.20991>>. Accessed: Feb. 28, 2024. doi:10.1002/agj2.20991.

MASOOD, M. S. & KRONSTAD, W. E. Combining ability analysis over various generations in a diallel cross of bread wheat. **Pakistan Journal of Agricultural Research**, v.16, n.1, p.1–4, 2000. Available from:<<https://eurekamag.com/research/003/386/003386274.php>>. Accessed: Mar. 21, 2024.

MEZZOMO, H. C. et al. Combining ability and selection of wheat populations for a tropical environment. **Agronomia Colombiana**, v.40, n.2, p.37–48, 2022. Available from:<<https://doi.org/10.15446/agron.colomb.v40n2.99390>>. Accessed: Apr. 06, 2024. doi:10.15446/agron.colomb.v40n2.99390.

MEZZOMO, H. C. et al. Mixed model-based Jinks and Pooni method to predict segregating populations in wheat breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.21, n.4, p.1–10, 2021. Available from:<<https://doi.org/10.1590/1984-70332021v21n4a52>>. Accessed: Apr. 06, 2024. doi:10.1590/1984-70332021v21n4a52.

MOURA, L. M. et al. Combining ability of common bean parents in different seasons, locations and generations. **Euphytica**, v.214, n.181, p.1–13, 2018. Available from:<<https://doi.org/10.1007/s10681-018-2259-3>>. Accessed: Mar. 23, 2024. doi:10.1007/s10681-018-2259-3.

NÓIA JUNIOR, R. de S. et al. Achieving wheat self-sufficiency in Brazil. **Environmental Research Letters**, v.19, n.031003, 2024. Available from:<<https://doi.org/10.1088/1748-9326/ad26b8>>. Accessed: Mar. 23, 2024. doi:10.1088/1748-9326/ad26b8.

PASINATO, A. et al. 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, 2018. Available from:<<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000700001>>. Accessed: Mar. 25, 2024. doi:10.1590/S0100-204X2018000700001.

PELEGRIN, A. J. et al. Combining ability as a criterion for wheat parents selection. **Functional Plant Breeding Journal**, v.2, n.1, p.35–45, 2020. Available from:<<http://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v2n1a4>>. Accessed: Mar. 25, 2024. doi:10.35418/2526-4117/v2n1a4.

PIMENTEL, A. J. B. et al. Análise dialélica parcial em gerações avançadas para seleção de populações segregantes de trigo. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v.48, n.12, p.1555–1561, 2013. Available from:<<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013001200004>>. Accessed: Feb. 20, 2024. doi:10.1590/S0100-204X2013001200004.

R CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing [Computer software manual]. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2023. Available from:<<https://www.r-project.org/>>.

SHARMA, Y. et al. Combining ability in the f₁ and f₂ generations of a diallel cross in six-rowed barley (*Hordeum vulgare* L.). **Acta Agronomica Hungarica**, v.51, n.3, p.281–288, 2003.

SILVA, C. M. et al. Selecting tropical wheat genotypes through combining ability analysis. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v.95, e20220760, 2023a. Available

from:<<https://doi.org/10.1590/0001-3765202320220760>. Accessed: Jan. 21, 2024. doi: 10.1590/0001-3765202320220760.

SILVA, A. C. et al. Selection of common bean parents and segregating populations targeting fusarium wilt resistance and grain yield. **Agronomy Science and Biotechnology**, v.9, p.1–20, 2023b. Available from:<<https://doi.org/10.33158/ASB.r173.v9.2023>>. Accessed: Apr. 07, 2024. doi:10.33158/ASB.r173.v9.2023.

SILVA, V. M. P. et al. Genetic potential of common bean parents for plant architecture improvement. **Scientia Agricola**, v.70, n.3, p.167–175, 2013. Available from:<<https://doi.org/10.1590/S0103-90162013000300005>>. Accessed: Mar. 23, 2024. doi: 10.1590/S0103-90162013000300005.

SOARES, S. L. et al. Combining performance and estimated genetic diversity among soybean parents and F1 populations. **Revista Ceres**, Viçosa, v.70, n.2, p.81–90, 2023. Available from:<<https://doi.org/10.1590/0034-737X202370020010>. Accessed: Mar. 16, 2024. doi:10.1590/0034-737X202370020010.

TEODORO, L. P. R. et al. Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. **PLoS ONE**, v.14, n.12, p.1–13, 2019. Available from:<<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0226523>. Accessed: Jan. 16, 2024. doi:10.1371/journal.pone.0226523.

VERMA, S. et al. Prediction of gene action and combining ability for yield and quality traits in F1 and F2 generations of wheat (*Triticum aestivum* L.). **Tropical Plant Research**, v.3, n.2, p.449–459, 2016. Available from:<<https://www.tropicalplantresearch.com/archives/2016/vol3issue2/28.pdf>>. Accessed: Mar. 16, 2024.

WANG, B. et al. Designing wheat ideotypes to cope with future changing climate in South-Eastern Australia. **Agricultural Systems**, v.170, p.9–18, 2019. Available from:<<https://doi.org/10.1016/j.agsy.2018.12.005>>. Accessed: Feb. 19, 2024. doi: 10.1016/j.agsy.2018.12.005.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis [Computer software manual]**. 2016. Available from:<<https://CRAN.R-project.org/web/packages/ggplot2/>. (R Package version 3.3.5)>.

ZADOKS, J.C. et al. A decimal code for the growth stages of cereals. **Weed Research**, v.14, p.415–421, 1974. Available from:<<https://doi.org/10.1111/j.1365-3180.1974.tb01084.x>>. Accessed: Feb. 15, 2024. doi:10.1111/j.1365-3180.1974.tb01084.x.

ZEESHAN, M. et al. Estimation of Combining Ability Effects for Some Yield Related Metric Traits in Intra-specific Crosses Among Different Spring Wheat (*Triticum aestivum* L.)

Genotypes. **International Journal of Advanced Research**, v.1, n.3, p.6–10, 2013. Available from:< https://www.journalijar.com/uploads/2013-05-25_110116_268.pdf>. Accessed: Feb. 21, 2024.

3. CAPÍTULO II: USO DE ÍNDICE DE SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA NA SELEÇÃO DE POPULAÇÕES DE TRIGO

3.1 RESUMO

No melhoramento de culturas autógamas, a seleção de populações superiores é favorecida quando realizada em geração precoce. Ainda, para maior acurácia, a utilização de valores genotípicos e o uso de índice de seleção, favorece a seleção de populações, com base no ideótipo desejado. Assim, esta pesquisa tem como objetivo selecionar populações de trigo com base em suas características agronômicas ao longo de duas gerações (F_1 e F_2). Quinze genitores foram divididos em dois grupos e cruzados em esquema de dialelo parcial 7×8 , sendo obtidas 56 combinações. Parte das sementes F_1 foram avançadas para geração F_2 . O total de 56 combinações em geração F_1 e F_2 e os 15 genitores foram avaliados em campo experimental, em delineamento em blocos ao acaso, com duas repetições, entre os meses de junho e outubro de 2022, em Viçosa, Minas Gerais, Brasil. As variáveis avaliadas foram dias para o espigamento, dias até a colheita (ciclo), altura da planta, comprimento da espiga, massa de cem grãos e rendimento da parcela. Os BLUPs foram obtidos e, a partir destes, foi aplicado o índice de seleção genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI). O uso de índice multicaracterística e valores genotípicos mostrou-se eficiente para seleção de populações em geração precoce. O índice MGIDI identificou 34 combinações superiores, sendo nove destas, comuns em ambas as gerações.

Palavras-chave: Gerações; ideótipo; MGIDI; *Triticum aestivum* L.

3.2 INTRODUÇÃO

O trigo é uma das culturas alimentícias mais antigas e utilizadas no mundo, e desempenha papel importante na garantia da segurança alimentar/nutricional, fornecendo um quinto das calorias e proteínas alimentares em todo o mundo (ERENSTEIN et al., 2022). Na safra 2023/24, estima-se que serão colhidas em todo o mundo, cerca de 789,2 milhões de toneladas de trigo (USDA, 2024). O Brasil é o 14º maior produtor de trigo, com estimativa de produzir cerca de 10,1 milhões de toneladas do grão (CONAB, 2023; USDA, 2024).

No melhoramento genético de plantas, os melhoristas buscam pela seleção de genótipos superiores que apresentem uma série de características morfofisiológicas de interesse, que somadas, geram ideótipos de plantas com maior produtividade (ROCHA et al., 2019; WOYANN et al., 2020; OLIVOTO & NARDINO, 2021; KULWAL et al., 2022; AL-ASHKAR et al., 2023). Estes genótipos, por sua vez, devem ser selecionados com base nos componentes genéticos (VILELA et al., 2011; SOUSA et al., 2017), os quais possibilitam prever os valores genotípicos das populações selecionadas (RESENDE & DUARTE, 2007).

Para nortear a seleção baseada em valores genotípicos pode valer-se da metodologia REML/BLUP, do qual se utiliza o Método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) para estimar os componentes de variância e o Melhor Método de Predição Linear Imparcial (BLUP) para prever valores genotípicos (RESENDE & DUARTE, 2007). Esta metodologia tem sido considerada como procedimento padrão em programas de melhoramento genético (RESENDE, 2016).

Além disso, no melhoramento de autógamas, como o trigo, a seleção das populações ocorre, normalmente, em gerações mais avançadas (RAMALHO et al., 2012). Contudo, os melhoristas devem concentrar esforços em populações superiores, sendo a seleção destas favorecidas quando aplicada em gerações iniciais de melhoramento (RIBEIRO et al., 2009; RESENDE et al., 2015; BEZERRA et al., 2023).

Todavia, para uma melhor assertividade, os melhoristas de plantas utilizam índices multivariados para selecionar genótipos de alto desempenho (CÉRON-ROJAS & CRUZ, 2018; OLIVEIRA et al., 2019; ROCHA et al., 2019; BENAKANAHALLI et al., 2021; GHAZVINI et al., 2024). Para tal, o índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI) desenvolvido por Olivoto & Nardino (2021), busca selecionar genótipos com desempenhos médios desejáveis em diferentes características (OUATTARA et al., 2024). Este índice tem sido utilizado em diferentes culturas, como aveia-preta (KLEIN et al., 2023), feijão-mungo (AZAM et al., 2023), Guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.) (BENAKANAHALLI et al., 2021), inhame d'água (*Dioscorea alata* L.) (OUATTARA et al., 2024), lentilha (SELLAMI et al., 2021), milho (SINGAMSETTI et al., 2023), trigo “pão” (*Triticum aestivum* L.) (FARHAD et al., 2022; LIMA et al., 2022; NARDINO et al., 2022; MACHADO e SILVA et al., 2023; SILVA et al., 2024) e trigo selvagem (dos gêneros *Triticum* L. e *Aegilops* L.) (POUR-ABOUGHADAREH & POCZAI, 2021).

Entretanto, nenhum dos trabalhos supracitados utilizaram-se de índices de seleção para seleção de populações em gerações iniciais (F_1 e F_2). Mezzomo (2023) estudaram estratégias de seleção em populações de trigo, no qual, quando aplicado o índice MGIDI em populações em geração F_2 e F_3 , conforme cada estratégia, identificou oito populações promissoras para a derivação de famílias.

Nesse contexto, o estudo atual visa selecionar populações de trigo desejáveis com base em suas características agronômicas, em geração F_1 e F_2 .

3.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.3.1 OBTENÇÃO DA GERAÇÃO F₁

Quinze cultivares elite de trigo (Tabela 1) foram cruzadas em esquema de dialélico parcial (7x8), obtendo-se 56 combinações híbridas. Foram estabelecidos dois grupos complementares, sendo, o grupo 1 composto por genótipos que apresentam características de tolerância ao calor e adaptação a região de Brasil Central, e o grupo 2 composto por genótipos com alta produtividade e qualidade tecnológica, além de melhor pacote fitossanitário (Tabela 1).

Os cruzamentos foram realizados entre os meses de junho e agosto de 2021, em casa de vegetação localizada no campo experimental “Prof. Diogo Alves de Mello”, do Departamento de Agronomia, da Universidade Federal de Viçosa (latitude 20°45'58.6"S e longitude 42°52'08.7"W, a 660 metros acima do nível do mar).

Após a maturação, as espigas dos cruzamentos e dos genitores, foram colhidas, trilhadas e beneficiadas manualmente. Posteriormente, foram armazenadas em câmara fria.

3.3.2 AVANÇO DE GERAÇÃO

Parte das sementes obtidas a partir dos cruzamentos foram semeadas em vasos para o avanço de geração e obtenção de sementes F₂. O avanço de geração ocorreu entre os meses de fevereiro e junho de 2022, em casa de vegetação localizada no campo experimental “Prof. Diogo Alves de Mello”, do Departamento de Agronomia, da Universidade Federal de Viçosa (latitude 20°45'58.6"S e longitude 42°52'08.7"W, a 660 metros acima do nível do mar). Na ocasião foram semeados as 56 combinações híbridas e os 15 genitores. Foram utilizados vasos de 10 litros cada, preenchidos com mistura de solo, areia média e substrato comercial na

proporção 2:1:1. Tratos culturais foram adotados conforme informações técnicas para a cultura (JORIS et al., 2021).

Tabela 1. Grupos de genitores utilizados nos cruzamentos, para a geração de 56 combinações híbridas.

Grupos	Genitores	Cultivar	Obtentor	Classificação	Lançamento	Ciclo*
I	1	CD 1104	Coodetec ^a	Pão/Melhorador	2014	E
	2	CD 1440	Coodetec	Pão	2013	M
	3	CD 1303	Coodetec	Pão/Melhorador	2016	E
	4	CD 151	Coodetec	Melhorador	2012	M
	5	CD 150	Coodetec	Melhorador	2009	E
	6	CD 116	Coodetec	Melhorador	2006	E
	7	BRS 254	Embrapa ^b	Melhorador	2005	SE
II	1'	ORS Guardião	OR Genética ^c	Pão	2021	ME
	2'	ORSFEROZ	OR Genética	Melhorador	2021	E
	3'	ORSSENNA	OR Genética	Melhorador	2021	SE
	4'	ORS Madrepérola	OR Genética	Pão	2017	ME
	5'	ORS 1403	OR Genética	Pão	2016	M
	6'	TBIO Aton	GDM/Biotrigo ^d	Melhorador	2018	E
	7'	TBIO Noble	GDM/Biotrigo	Pão	2013	ME
	8'	TBIO Duque	GDM/Biotrigo	Pão	2017	E

Nota: SP: superprecoce; P: precoce; MP: médio/precoce; M: médio.

^aCoodetec desenvolvimento, produção e comercialização agrícola LTDA/Corteva Agriscience do Brasil LTDA.;

^bEmpresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; ^cOR Melhoramento de Sementes LTDA.; ^dGDM Genética do Brasil S.A./Biotrigo Genética LTDA.

*JORIS et al. (2022).

Os vasos foram irrigados manualmente, com o auxílio de uma mangueira, durante todo o desenvolvimento, sendo interrompido na maturação fisiológica dos grãos. As espigas foram colhidas, trilhadas manualmente e as sementes foram separadas para semeadura em campo experimental.

3.3.4 CONDUÇÃO DAS GERAÇÕES F₁ E F₂ EM CAMPO

Em junho de 2022, às 56 combinações em gerações F₁ e F₂ e os 15 genitores, foram semeadas no campo experimental “Prof. Diogo Alves de Mello”, do Departamento de

Agronomia, da Universidade Federal de Viçosa (latitude 20°46'08.4"S e longitude 42°52'11.6"W, a 660 metros acima do nível do mar).

Os genótipos foram avaliados em delineamento em blocos ao acaso com duas repetições. As unidades experimentais (parcelas) foram compostas de duas linhas de 1 metro cada, com espaçamento entre linhas de 0.2 metros.

A adubação de cobertura foi dividida em dois estádios fenológicos (fase 20 e fase 29) (ZADOKS et al., 1974), utilizando ureia (46 % de N) como fonte de nitrogênio. O controle químico de afídeos, ocorreu com o uso de inseticida de ingrediente ativo à base de Clorpirifós 480 g L⁻¹, utilizando a dose comercial recomendada para a cultura após a fase de pós-antese. Para o controle químico de doenças, utilizou-se do fungicida com ingredientes ativos a base de Trifloxistrobina (100 g L⁻¹) e Tebuconazol (200 g L⁻¹), utilizando-se da dose comercial recomendada para a cultura.

O experimento foi conduzido sob irrigação por aspersão convencional para atendimento das necessidades hídricas da cultura, durante todo o desenvolvimento, sendo interrompido na maturação fisiológica dos grãos. As condições de temperatura e precipitação ocorrentes durante a condução do experimento são apresentadas na Tabela 2.

Tabela 2. Temperatura máxima, mínima e precipitação registradas durante a condução do experimento.

Meses	Temp. máxima (°C)	Temp. mínima (°C)	Precipitação (mm)
Junho, 2022	28,0	6,3	1,4
Julho, 2022	28,2	7,5	2,4
Agosto, 2022	30,7	7,0	1,8
Setembro, 2022	32,5	6,3	42,8
Outubro, 2022	29,3	15,2	17,6

Fonte: INMET – Instituto Nacional de Meteorologia (Viçosa – MG, -20.762607 -42.864013).

3.3.5 CARACTERÍSTICAS AVALIADAS

Durante o desenvolvimento dos genótipos, foram avaliados, as seguintes características fenotípicas: dias para o espigamento (DE), determinado pelo número de dias desde a

emergência das plântulas até 50% das plantas na parcela emitirem a espiga; dias para a colheita (DC), determinado pelo número de dias entre a emergência das plântulas até a maturação de colheita; altura média da planta (AP) e; comprimento médio da espiga (CE), ambas em centímetros, dados das últimas duas características descritas resultam da média aritmética de 10 plantas aleatórias medidas em cada parcela; massa de cem grãos (M100), expresso em gramas e; rendimento de parcela (PROD), quantificado pela pesagem dos grãos das plantas presentes em cada parcela, expresso em gramas.

3.3.6 ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO

Seguiu-se o procedimento da metodologia máxima verossimilhança restrita/melhor preditor linear não viesado (REML/BLUP) em que adotando-se um modelo multivariado e unigeração:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{e}$$

Onde $\mathbf{y}$ é o vetor de valores fenotípicos dos genótipos; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos dos blocos; $\mathbf{g}$ é o vetor de efeitos dos genótipos (assumido como aleatório), onde $\mathbf{g} \sim N(0, \sigma_g^2)$; e $\mathbf{e}$ é o vetor de erro aleatório, onde $\mathbf{e} \sim N(0, \sigma_e^2)$. $\mathbf{X}$ e $\mathbf{Z}$ são as matrizes de incidência para os efeitos.

3.3.7 ÍNDICE DE SELEÇÃO

Para a seleção das combinações de cada geração, foi utilizado o *multi-trait genotype-ideotype distance index* (MGIDI), proposto por Olivoto & Nardino (2021). Para tal, foi utilizado para classificar os genótipos com base em informações de múltiplas características, no caso, os BLUPs para as variáveis DE, DC, AP, CE, M100 e PROD em cada geração, separadamente.

Na aplicação do MGIDI, foi previamente definido como de interesse a redução de ciclo (DE e DC) e altura da planta (AP) e o aumento dos componentes de rendimento (CE, M100 e PROD). O ganho de seleção em porcentagem, GS%, foi calculado para cada variável, considerando a proporção de seleção de 30%.

3.3.8 SOFTWARE

As análises foram realizadas no *software* R (R CORE TEAM, 2023), utilizando os pacotes *metan* (OLIVOTO & LÚCIO, 2020) para o ajuste do índice de seleção MGIDI (OLIVOTO & NARDINO, 2021) e o *ggplot2* (WICKHAM, 2016) para confecção das figuras.

3.4 RESULTADOS

3.4.1 PERFORMANCE DOS GENÓTIPOS

Na Figura 1 são apresentados os valores médios fenotípicos obtidos das combinações nas gerações F₁ e F₂ e dos genitores, para as seis características avaliadas. Para as características DC (Figura 1b), AP (Figura 1c) e PROD (Figura 1f), observa-se poucas diferenças entre os valores para as gerações e também os genitores, sendo observado médias de 98 dias, 88,54 cm e 224,70 gramas na geração F₁; 99 dias, 86,67 cm e 225,58 gramas na geração F₂ e; 99 dias, 86,61 cm e 238,78 gramas para os genitores. Para DE (Figura 1a) é notado que a geração F₂ apresenta valor médio de DE (51 dias) menor que a geração F₁ (53 dias) e que ambas as gerações apresentaram DE menor que os genitores (55 dias). Em CE (Figura 1d) os valores médios das combinações na geração F₁ (9,72 cm) são superiores à dos genitores (8,59 cm).

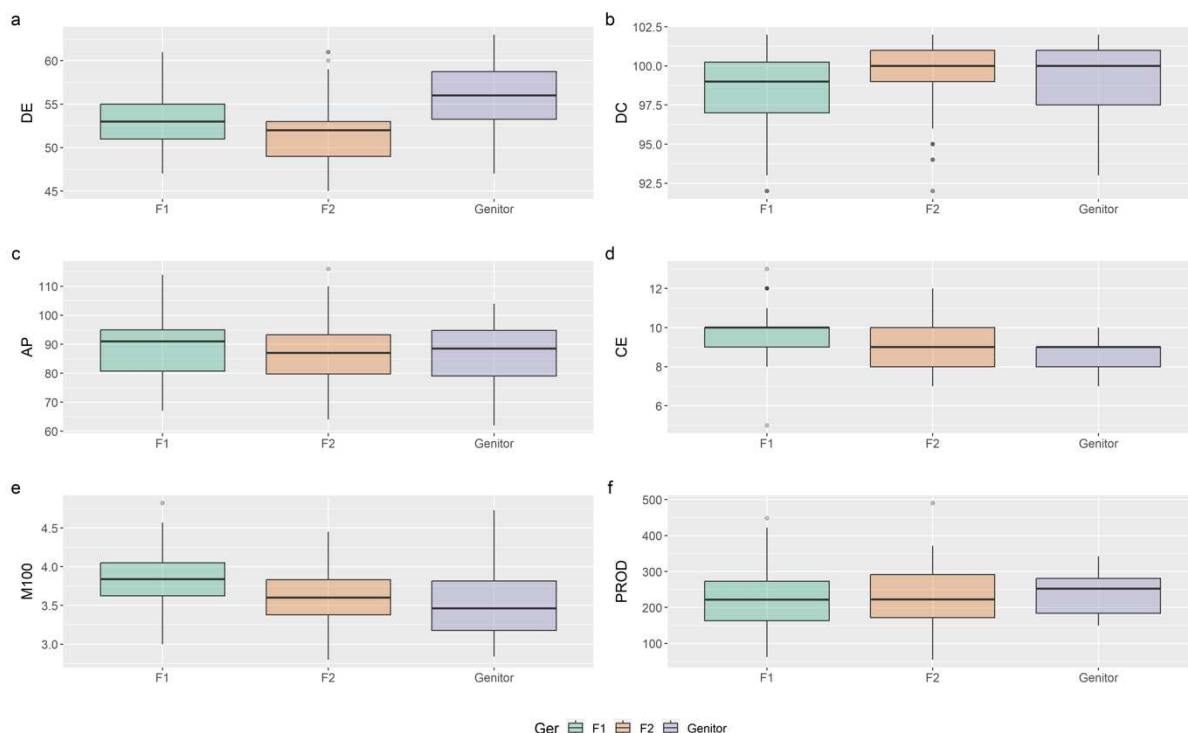


Figura 1 – Valores médios fenotípicos das combinações nas gerações F₁ e F₂ e, dos genitores em seis características estudadas. Dias para o espigamento (DE), dias para a colheita (DC), altura da planta (AP, cm), comprimento da espiga (CE, cm), massa de 100 grãos (M100, g) e rendimento de parcela (PROD, g).

3.4.2 TESTE DA RAZÃO DE VEROSSIMILHANÇA (LRT) E PARÂMETROS GENÉTICOS

A partir do teste de razão de verossimilhança a 5 % de probabilidade de erro (Tabela 3), observa-se, para as combinações, que diferença significativa para todas as características, exceto para CE e PROD em ambas as gerações e M100 na geração F₁. Para os genitores, efeito significativo é observado somente em DE e M100 (Tabela 3).

Nas combinações (em ambas as gerações) e genitores, para a característica DE, houve predominância dos efeitos da variância genética na fenotípica (Tabela 3). Isto também é observado para a característica M100 nos genitores (Tabela 3).

As estimativas de herdabilidade baseadas no BLUP dos genótipos (h^2_{mg}) e a acurácia, para as combinações, variaram entre 0,51 e 0,71 (M100 na geração F₂) e, 0,77 e 0,88 (DE na geração F₁), respectivamente (Tabela 3). Para os genitores observa-se h^2_{mg} e acurácia variando

de 0,88 e 0,94 a 0,91 (M100) e 0,95 (DE), respectivamente (Tabela 3). Para as combinações, a razão CVg/CVe maior que 1 é observada somente para a variável DE nas duas gerações, enquanto que, para os genitores, é observado para DE e M100 (Tabela 3).

Tabela 3 - Testes de razão de verossimilhança (LRT), componentes de variância e parâmetros genéticos de 56 combinações de trigo, em geração F₁ e F₂ e 15 genitores, para seis características estudadas.

Parâmetros	DE		DC		AP		CE		M100		PROD	
	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2
LRT	28,1*	23,5*	9,79*	13,90*	12,60*	5,74*	2,06 ^{ns}	3,32 ^{ns}	3,24 ^{ns}	6,89*	3,63 ^{ns}	1,62 ^{ns}
σ_g^2	6,28	6,94	2,82	2,32	46,44	28,35	0,21	0,23	0,03	0,04	1668,50	985,93
σ_e^2	3,65	4,82	4,16	2,59	56,14	61,69	0,87	0,91	0,08	0,07	4930,46	4807,40
σ_f^2	9,92	11,76	6,97	4,91	102,58	90,03	1,08	1,14	0,11	0,11	6598,96	5793,33
h_{mg}^2	0,77	0,74	0,58	0,64	0,62	0,48	0,32	0,34	0,39	0,51	0,40	0,29
Ac	0,88	0,86	0,76	0,80	0,79	0,69	0,57	0,58	0,62	0,71	0,64	0,54
CV _g	4,72	5,13	1,71	1,53	7,70	6,14	4,68	5,30	4,25	5,39	18,18	13,92
CV _e	3,59	4,28	2,08	1,62	8,46	9,06	9,61	10,51	7,58	7,46	31,25	30,73
CV _g /CV _e	1,31	1,20	0,82	0,95	0,91	0,68	0,49	0,50	0,56	0,72	0,58	0,45
Genitores												
LRT	16,20*		1,74 ^{ns}		0,72 ^{ns}		0,36 ^{ns}		13,17*		0,20 ^{ns}	
σ_g^2	16,66		2,25		20,61		0,19		0,19		423,37	
σ_e^2	3,46		4,34		71,50		0,98		0,05		3149,66	
σ_f^2	20,12		6,60		92,11		1,16		0,24		3573,02	
h_{mg}^2	0,91		0,51		0,37		0,28		0,88		0,21	
Ac	0,95		0,71		0,60		0,52		0,94		0,46	
CV _g	7,35		1,51		5,24		5,03		12,33		8,61	
CV _e	3,35		2,10		9,76		11,53		6,54		23,50	
CV _g /CV _e	2,19		0,72		0,54		0,44		1,89		0,37	

Legenda: σ_g^2 : variância genotípica; σ_e^2 : variância residual; σ_f^2 : variância fenotípica; h_{mg}^2 : herdabilidade baseada na média genotípica; Ac: acurácia; CV_e: coeficiente de variação residual; CV_g: coeficiente de variação genotípico; CV_g/CV_e: razão entre o coeficiente de variação genotípico e residual; DE: dias para o espigamento; DC: dias para a colheita; AP: altura da planta; CE: comprimento da espiga; M100: massa de cem grãos; PROD: rendimento de parcela.

*5% probabilidade pelo teste de qui-quadrado.

3.4.3 ESTIMATIVAS DE BLUP

As estimativas BLUP são apresentadas na tabela 4. As marcações em verde indicaram para DE, DC e AP aqueles genótipos com estimativas menores ou igual a média geral da característica na geração e para CE, M100 e PROD estimativas maiores ou igual a média geral

(Tabela 4). Portanto, identifica-se a existência de genótipos com características desejáveis (Tabela 4).

A partir das estimativas, observou-se que as combinações CD1303/ORSGuardião, CD1303/ORSFEROZ, CD1303/ORSSENNNA, CD150/ORSSENNNA, CD116/ORSSENNNA e BRS254/ORSSENNNA combinam estimativas para menor DE, DC e AP. Logo, para maior CE, M100 e PROD identificaram-se as combinações CD151/ORSSENNNA, CD151/ORMadrepérola, CD150/ORSGuardião e BRS254/ORSFEROZ (Tabela 4).

Tabela 4 – Valores genotípicos (BLUP) para dias para o espigamento (DE) e colheita (DC), altura da planta (AP), comprimento da espiga (CE), massa de cem grãos (M100) e rendimento de parcela (PROD) estimado de 56 combinações em gerações F₁ e F₂ e 15 genitores de trigo.

Combinações		DE		DC		AP		CE		M100		PROD	
		F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2
G1	CD1104/ORSGuardião	51,86	49,97	98,65	99,81	90,07	83,27	9,66	8,88	3,98	3,84	264,19	228,78
G2	CD1104/ORSFEROZ	53,80	49,60	98,65	98,85	89,76	82,79	9,98	8,88	3,89	3,77	227,05	215,98
G3	CD1104/ORSSENNA	52,25	50,35	98,94	96,93	91,31	83,51	9,66	9,05	3,89	3,50	269,03	208,71
G4	CD1104/ORSMadrepérola	57,29	56,28	99,51	100,78	92,56	94,76	9,66	9,72	3,65	3,69	235,33	242,74
G5	CD1104/ORS1403	56,13	56,28	99,80	100,78	93,81	92,61	9,66	8,88	3,81	3,73	220,19	209,73
G6	CD1104/TBIOAton	57,29	56,65	99,51	100,14	95,05	88,54	9,50	9,05	3,84	3,55	233,71	230,67
G7	CD1104/TBIODuque	53,80	55,17	97,50	99,81	80,72	84,71	9,82	9,05	3,75	3,69	173,57	226,02
G8	CD1104/TBIONoble	55,35	54,06	99,22	99,81	87,26	88,06	9,50	9,22	3,83	3,58	204,45	239,40
G9	CD1440/ORSGuardião	55,35	52,20	99,51	100,14	88,82	86,62	9,98	9,05	3,89	3,65	226,45	231,98
G10	CD1440/ORSFEROZ	53,03	52,57	98,36	99,17	85,08	85,66	9,66	9,05	3,82	3,39	216,76	237,65
G11	CD1440/ORSSENNA	51,09	51,83	96,35	99,81	83,21	87,34	9,50	9,22	3,76	3,75	228,67	235,76
G12	CD1440/ORSMadrepérola	56,90	55,91	100,09	99,49	95,37	91,89	9,98	8,88	3,82	3,49	207,88	232,13
G13	CD1440/ORS1403	56,13	56,28	98,94	100,46	83,52	86,38	9,50	8,71	3,60	3,37	179,02	224,42
G14	CD1440/TBIOAton	56,90	54,06	99,80	99,81	86,02	79,20	9,17	8,37	3,68	3,60	186,49	222,24
G15	CD1440/TBIODuque	56,13	52,94	99,51	100,14	93,50	87,34	9,66	9,05	3,70	3,51	233,11	230,38
G16	CD1440/TBIONoble	56,51	54,06	99,51	99,49	97,24	83,51	10,14	8,88	3,72	3,39	244,01	206,82
G17	CD1303/ORSGuardião	50,70	49,60	97,50	98,53	84,15	84,71	9,82	9,05	3,82	3,64	251,88	260,92
G18	CD1303/ORSFEROZ	49,54	50,72	95,48	98,21	78,23	85,18	9,50	9,05	3,82	3,53	177,81	227,76
G19	CD1303/ORSSENNA	51,09	48,86	97,21	96,93	84,46	83,27	9,66	9,22	3,91	3,74	229,88	225,29
G20	CD1303/ORSMadrepérola	53,41	49,97	98,36	100,14	90,07	88,78	9,82	9,22	3,94	3,62	253,69	233,73
G21	CD1303/ORS1403	52,25	49,23	97,21	99,49	86,02	87,58	9,82	9,05	3,73	3,80	241,18	239,25
G22	CD1303/TBIOAton	52,64	52,94	95,48	99,81	79,16	88,06	9,50	9,05	3,91	3,63	192,14	253,21
G23	CD1303/TBIODuque	53,80	51,09	98,07	99,17	90,07	86,86	9,50	9,05	3,76	3,61	274,89	244,92
G24	CD1303/TBIONoble	51,86	51,83	96,92	100,46	83,52	87,10	9,98	9,22	3,84	3,53	215,75	248,42
G25	CD151/ORSGuardião	53,03	50,72	98,65	98,53	90,07	84,71	9,66	8,88	3,90	3,83	227,26	238,53
G26	CD151/ORS1403	53,80	50,35	100,09	100,78	100,35	95,24	9,82	9,05	3,91	3,50	245,42	224,86
G27	CD151/ORSFEROZ	53,03	51,83	98,94	99,17	93,50	89,26	10,30	9,72	3,88	3,65	215,35	223,40
G28	CD151/ORSSENNA	51,09	48,12	98,94	96,28	93,50	86,62	9,66	9,22	4,03	3,88	309,60	243,91

G29 CD151/ORS	Madrepérola	51,86	49,97	98,65	100,14	94,12	92,85	10,14	9,72	3,94	3,91	234,32	252,63
G30	CD151/TBIO	52,25	48,86	98,07	100,14	85,39	86,86	9,66	9,22	3,94	3,77	180,44	211,04
G31	CD151/TBIO	51,86	48,12	98,65	99,81	93,50	84,94	10,14	9,72	3,90	3,67	230,28	206,82
G32	CD151/TBIO	52,25	50,72	97,78	100,78	86,95	91,65	9,82	9,22	3,98	3,62	216,56	241,00
G33 CD150/ORS	Guardião	52,64	48,49	98,65	98,53	90,38	87,58	9,82	9,38	3,85	3,71	234,32	235,47
G34	CD150/ORS	51,09	51,46	96,63	100,46	79,16	86,14	9,66	9,05	3,69	3,48	210,71	237,22
G35 CD150/ORS	SENNA	48,38	48,86	95,48	97,25	79,47	82,55	9,50	8,88	3,73	3,60	208,69	218,31
G36	CD150/ORS	55,35	51,46	99,51	100,46	95,37	89,49	9,66	9,05	3,80	3,63	244,41	229,22
G37	CD150/ORS	54,58	51,83	98,36	100,14	91,00	88,06	9,98	9,05	3,69	3,47	209,50	226,02
G38	CD150/TBIO	51,86	49,23	98,07	99,17	89,13	82,79	9,50	9,22	3,88	3,47	229,07	213,66
G39	CD150/TBIO	53,41	51,09	97,78	99,81	89,76	82,07	9,82	8,71	3,75	3,66	204,65	181,52
G40	CD150/TBIO	53,41	50,35	97,78	100,46	91,31	86,62	8,85	9,05	3,74	3,92	222,41	225,58
G41	CD116/ORS	53,03	48,86	98,07	97,25	91,31	80,63	9,98	8,88	3,80	3,80	258,34	202,17
G42	CD116/ORS	53,41	51,83	97,78	98,21	89,45	78,96	9,82	8,71	3,66	3,58	227,26	191,41
G43 CD116/ORS	SENNA	51,09	48,86	96,06	96,93	79,16	83,27	9,66	8,88	3,87	3,52	229,48	223,55
G44	CD116/ORS	56,13	52,94	99,80	100,78	94,12	89,26	9,66	9,38	3,78	3,57	227,66	207,84
G45	CD116/ORS	54,19	51,83	99,51	100,14	96,61	86,14	10,14	8,71	3,84	3,55	228,87	198,82
G46	CD116/TBIO	52,25	51,46	95,77	99,81	83,21	82,07	9,50	9,05	3,70	3,47	187,70	199,99
G47	CD116/TBIO	53,03	52,94	98,07	100,78	86,95	90,21	9,34	9,05	3,75	3,47	211,52	212,20
G48	CD116/TBIO	55,74	51,09	99,22	99,81	90,69	82,79	9,66	9,05	3,82	3,45	220,40	219,04
G49	BRS254/ORS	48,38	50,35	96,06	98,85	79,47	87,58	9,82	9,22	3,88	3,75	192,75	255,25
G50 BRS254/ORS	FEROZ	52,64	50,72	98,65	99,81	91,31	88,54	9,98	9,22	3,93	3,88	239,77	245,94
G51 BRS254/ORS	SENNA	48,38	48,12	97,50	96,28	82,59	82,07	9,50	8,54	4,08	3,43	196,98	211,04
G52	BRS254/ORS	53,80	49,60	99,51	100,46	93,50	90,69	10,14	9,38	3,95	3,54	259,75	215,55
G53	BRS254/ORS	53,41	48,86	98,07	100,78	91,00	91,17	9,82	9,38	3,98	3,54	223,62	231,69
G54	BRS254/TBIO	51,48	49,60	98,36	99,81	90,38	86,14	9,98	8,54	3,90	3,74	245,02	199,11
G55	BRS254/TBIO	51,48	52,57	96,63	100,78	82,90	90,93	9,82	8,88	3,86	3,55	210,10	214,53
G56	BRS254/TBIO	51,09	51,46	96,35	100,46	82,90	91,41	9,66	9,22	3,85	3,65	215,15	240,27
Média		53,12	51,34	98,17	99,48	88,53	86,73	9,73	9,07	3,83	3,62	224,72	225,62
Genitores													
CD1104		59,58		100,39		90,40		8,55		3,55		232,64	
CD1440		60,48		100,39		88,76		8,41		3,17		243,98	

CD1303	56,41	98,10	83,45	8,69	3,16	236,78
CD151	49,61	98,61	86,93	8,82	3,90	236,78
CD150	55,50	99,62	90,04	8,69	3,51	237,20
CD116	58,22	99,88	84,73	8,13	3,68	225,55
BRS254	50,52	97,59	84,55	8,82	3,62	224,91
ORSGuardião	51,42	99,62	86,75	8,82	4,38	253,30
ORSFEROZ	54,14	98,61	81,99	8,55	3,23	248,11
ORSSENNA	48,71	97,33	83,09	8,55	3,53	239,95
ORSMadrepérula	59,12	99,88	87,66	8,55	3,40	249,59
ORS1403	59,58	100,13	88,39	8,13	3,10	234,55
TBIOAton	55,95	99,88	88,21	8,41	4,39	254,57
TBIODuque	55,05	98,10	84,19	8,55	3,19	227,45
TBIONoble	58,22	100,39	89,86	8,82	3,30	237,62
Média	55,50	99,23	86,60	8,57	3,54	238,87

Estimativas em verde, indicam aquelas menor ou igual à média para as características DE, DC e AP, e maiores ou igual à média para CE, M100 e PROD, para cada geração, separadamente.

3.4.4 ÍNDICE DE SELEÇÃO E GANHO GENÉTICO

Dezessete combinações foram selecionadas para cada geração estudada (Figura 2), entretanto foi observado a seleção de nove combinações comuns em ambas as gerações, sendo estas: BRS254/ORSFEROZ, BRS254/ORSGuardião, CD1104/ORSGuardião, CD116/ORSSENNA, CD1303/ORSGuardião, CD1303/ORSSENNA, CD151/ORSMadrepérola, CD151/ORSSENNA e CD151/TBIODuque (Figura 2).

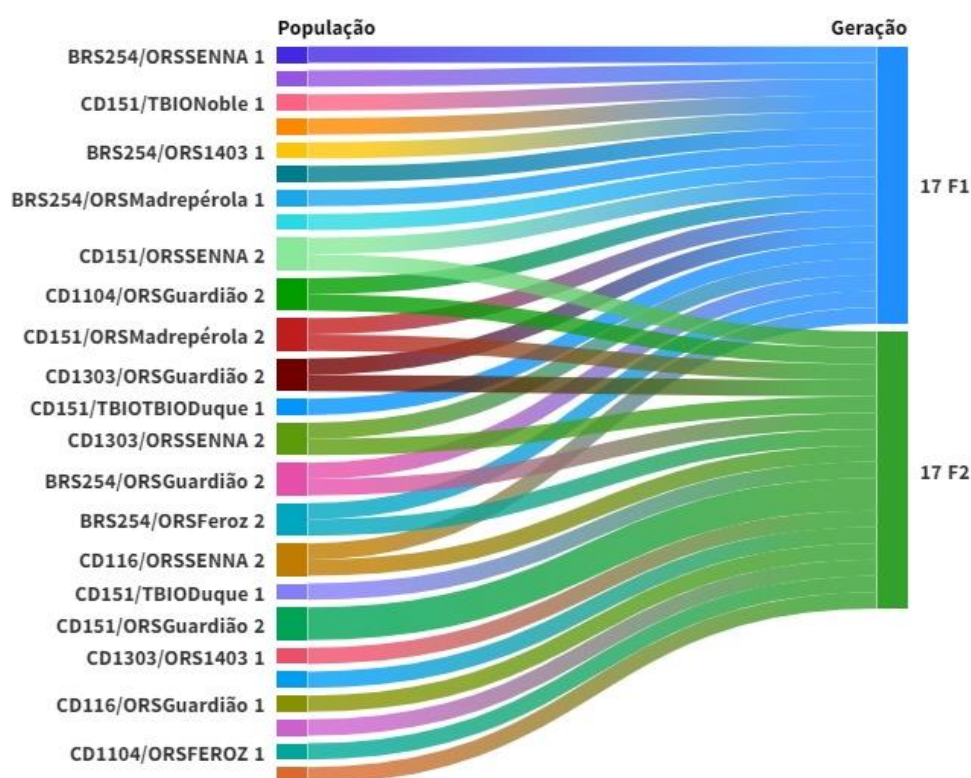


Figura 2 – Diagrama de Sankey identificando genótipos de trigo selecionados em duas gerações (F₁ e F₂), utilizando o índice MGIDI.

Analisando a tabela 5, observa-se para a geração F₁, que as características DE, DC e AP se apresentaram no fator 1 (FA1) enquanto que M100, CE e PROD, no fator 2 (FA2). Diferentemente do observado na geração F₁, em F₂ observa-se as características relacionadas a ciclo (DE e DC) no FA2, enquanto que as demais características foram apresentadas no FA1 (Tabela 5).

Ainda na tabela 5, é observado os ganhos de seleção para as duas gerações. Em ambas as gerações (F_1 e F_2), os ganhos foram desejados, sendo estes negativos para as características DE, DC e AP e ganhos positivos para CE, M100 e PROD (Tabela 5).

Tabela 5 - Ganho genético previsto de genótipos em geração F_1 e F_2 , e genitores, selecionados por meio do índice multivariado de distância genótipo-ideótipo (MGIDI).

Característica	Fator	X ₀	X _s	GS%	Sentido
F_1					
DE	FA1	53,12	51,61	-2,19	reduzir
DC	FA1	98,17	97,99	-0,11	reduzir
AP	FA1	88,53	88,18	-0,24	reduzir
M100	FA2	3,83	3,93	0,99	aumentar
CE	FA2	9,73	9,84	0,35	aumentar
PROD	FA2	224,72	238,97	2,56	aumentar
F_2					
M100	FA1	3,62	3,77	2,03	aumentar
AP	FA1	86,73	85,55	-0,65	reduzir
CE	FA1	9,07	9,14	0,24	aumentar
PROD	FA1	225,62	231,14	0,71	aumentar
DE	FA2	51,34	49,39	-2,82	reduzir
DC	FA2	99,48	98,68	-0,52	reduzir

Legenda: Dias para o espigamento (DE) e colheita (DC), altura da planta (AP), comprimento da espiga (CE), massa de cem (M100) e rendimento de parcela (PROD). X₀: média original do BLUP; X_s: médias dos BLUP selecionados. GS%: ganhos de seleção previstos.

Com base na contribuição, o MGIDI permitiu identificar os pontos fortes e fracos de cada genótipo selecionado, em cada geração (Figura 3). Em F_1 , G27 (CD151/ORSSENNA), G32 (CD151/TBIODuque) e G52 (BRS254/ORSMadrepérola), apresentaram maior contribuição em FA1 (características relacionadas à planta), indicando que estes genótipos apresentaram menor ciclo e altura de planta (Figura 3a). Já para as combinações G27 (CD151/ORSSENNA), G28 (CD151/ORSMadrepérola), G32 (CD151/TBIODuque), G50 (BRS254/ORSFEROZ), G20 (CD1303/ORSMadrepérola), G3 (CD1104/ORSSENNA) e G52 (BRS254/ORSMadrepérola), apresentaram menor contribuição em FA2, indicando que estas combinações apresentaram maiores potencial quanto a produção de grãos (maior PROD, M100 e CE) (Figura 3a).

Em F₂, as combinações G41 (CD116/ORSGuardião), G35 (CD150/ORSSENNA), G43 (CD116/ORSSENNA) e G19 (CD1303/ORSSENNA), possuem maior contribuição em FA2 e as menores contribuições em FA1, sugerindo que estas combinações apresentaram menores valores para ciclo e altos valores de produção de grãos (Figura 3b).

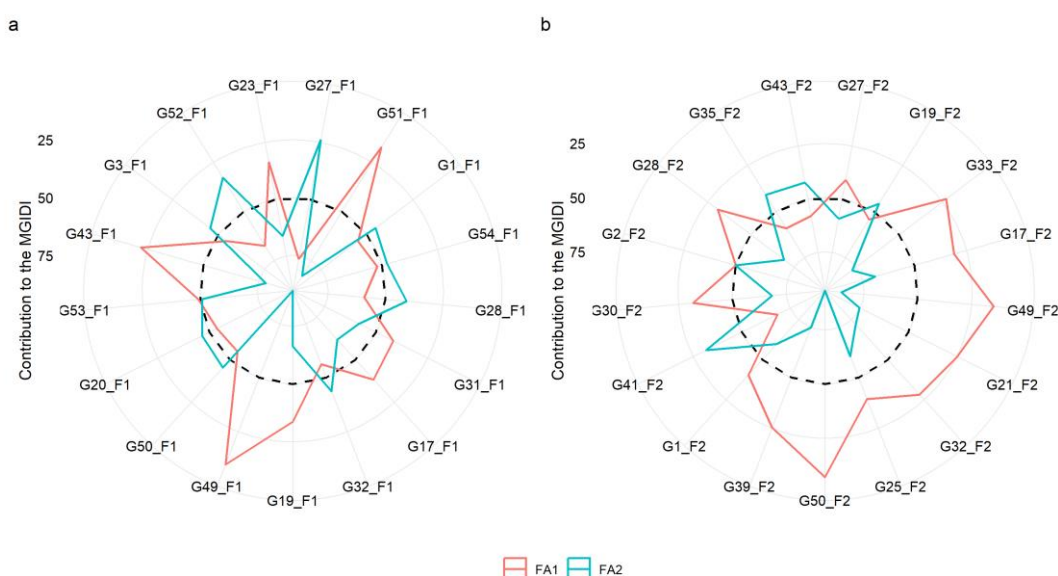


Figura 3 - Pontos fortes e fracos dos genótipos selecionados em cada geração com base no índice MGIDI. a: geração F₁; b: geração F₂.

3.5 DISCUSSÃO

O presente estudo buscou avaliar 56 combinações de trigo em duas gerações (F₁ e F₂), bem como 15 genitores e selecionar genótipos/ideótipos desejáveis com base em seis características fenotípicas, visando o desenvolvimento de populações em condições tropicais. Buscou-se selecionar populações que apresentassem precocidade e produtividade de grãos. Este tipo de ideótipo de planta para a cultura do trigo corrobora com outros autores (BECHE et al., 2018; CASAGRANDE et al., 2020; LIMA et al., 2022; MEZZOMO, 2023; MEZZOMO et al., 2021a; SILVA et al., 2023a, 2023b; WANG et al., 2019). Lima et al. (2022) mostraram no estudo de diversidade genética que, o melhoramento de trigo nacional presou, nos últimos anos, pelo aumento da produtividade de grãos com a redução do ciclo das culturas. O uso de cultivares

mais precoces possibilita o melhor uso da terra, com a sequência de cultivos e o menor período de exposição destas às doenças (MEZZOMO, 2023).

Dado o estudo dos parâmetros de genéticos, observou-se efeitos significativos de LRT para algumas características. Isto indica a existência de variabilidade entre os genótipos (CASAGRANDE et al., 2020; MEIER et al., 2021). Para os dados de herdabilidades com base na média genotípica (h^2_{mg}), obteve-se valores classificados como moderados ($0,6 > h^2_{mg} < 0,7$) e de alta magnitude ($h^2_{mg} > 0,7$) (RESENDE & ALVES, 2022). E quanto aos valores de acurácia, observa-se características classificadas como alta ($0,7 > Ac < 0,9$) e muito alta ($>0,9$) (RESENDE & ALVES, 2020). Estas observações corroboram com outros estudos em trigo em condições similares (CASAGRANDE et al., 2022; SIGNORINI et al., 2023; SILVA et al., 2023b), para características comuns aos do presente estudo. E a relação $CVg/CVe > 1.00$, observadas em DE e M100 podem indicar situações favoráveis à seleção (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992), além de inferir sobre alta acurácia e precisão, que, portanto, inferem sobre qualidade experimental e confiabilidade nos resultados obtidos (RESENDE & ALVES, 2022).

O uso de índice de seleção possibilita aos melhoristas a seleção e classificação de genótipos que apresentem desempenho desejado em múltiplas características (ROCHA et al., 2019; WOYANN et al., 2020; OLIVOTO & NARDINO, 2021; POUR-ABOUGHADAREH & POCZAI, 2021; OLIVOTO et al., 2022; COSTA et al., 2023; GHAZVINI et al., 2024). Assim, o índice MGIDI (OLIVOTO & NARDINO, 2021), adotado no estudo apresenta como vantagem a seleção de genótipos envolvendo múltiplas características correlacionadas, pois elimina os problemas de multicolinearidade (OLIVOTO & NARDINO, 2021; AL-ASHKAR et al., 2023; SIGNORINI et al., 2023; OUATTARA et al., 2024) e utiliza a distância entre os genótipos e um ideótipo definido pelo melhorista (OLIVOTO & NARDINO, 2021). Ainda, tem como vantagem, a utilização dos valores genotípicos preditos do BLUP a partir dos dados fenotípicos, eliminando, os efeitos do erro experimental (RESENDE et al., 2014), propiciando

melhor precisão na seleção (OLIVOTO & NARDINO, 2021). Neste estudo o uso do MGIDI, possibilitou por meio do desenho de ideótipos, classificar populações de trigo em diferentes gerações (F_1 e F_2), a partir de diferentes características, contribuindo para a identificação de genótipos de alto desempenho e precocidade.

A seleção das combinações em cada geração, resultaram na seleção de 34 genótipos, dos quais nove foram comuns entre as gerações. Além disso, ganhos satisfatórios foram alcançados utilizando o índice MGIDI, para a seleção de genótipos precoces, de baixa altura e altos valores para os componentes de produção, em ambas gerações. Ganhos de seleção desejados, conforme observado nas populações, indicam o potencial de derivação de linhagens superiores, principalmente na geração F_2 a qual se encontra em estado de segregação (MEZZOMO et al., 2022).

O índice MGIDI fornece os pontos fortes e fracos dos genótipos selecionados, os quais foram calculados pela contribuição de cada fator do índice, a partir dos genótipos selecionados. Fatores que apresentam maior contribuição são plotados para o centro do gráfico e os de menor contribuição para as bordas. Menor contribuição indica o aumento das características e maior contribuição, a redução das características que compõe os fatores (OLIVOTO & NARDINO, 2021). Essa análise possibilita determinar a identidade dos genótipos selecionados em termo dos seus pontos fortes e fracos (AL-ASHKAR et al., 2023; OUATTARA et al., 2024).

Desta forma, identificamos as combinações CD151/ORSSENNA, CD151/TBIODuque, CD1303/ORSSENNA e CD116/ORSSENNA como genótipos que aproximam duas características ao ideótipo desejado nesse estudo e que foram selecionados em ambas as gerações. A seleção baseada no ideótipo acelera o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas (RÖTTER et al., 2015). Assim, consideradas para seleção de indivíduos superiores dentro das populações em geração seguinte, F_3 e/ou F_4 , para derivação de linhas.

3.7 CONCLUSÃO

O índice MGIDI identificou 34 combinações superiores, sendo nove destas, comuns em ambas as gerações. Destas, as combinações CD151/ORSSENNA, CD151/TBIODuque, CD1303/ORSSENNA e CD116/ORSSENNA apresentam-se como superiores para avanço em gerações e seleção de linhagens para prospectar cultivares de trigo superiores com base nas características desejadas/adotadas neste estudo.

3.8 REFERÊNCIAS

- AL-ASHKAR, I. et al. Detection of High-Performance Wheat Genotypes and Genetic Stability to Determine Complex Interplay between Genotypes and Environments. **Agronomy**, v. 13, n. 585, p. 1–24, 2023. doi: 10.3390/agronomy13020585.
- AZAM, M. G. et al. Genetic Analyses of Mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] Breeding Traits for Selecting Superior Genotype(s) Using Multivariate and Multi-Traits Indexing Approaches. **Plants**, v. 12, n. 10, 2023. doi: 10.3390/plants12101984.
- BECHE, E. et al. Improvement in Brazilian wheat breeding : changes in developmental phases and ecophysiological traits. **Euphytica**, v. 214, n. 3, p. 1–12, 2018. DOI: 10.1007/s10681-018-2134-2. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10681-018-2134-2>.
- BENAKANAHALLI, N. K. et al. A Framework for Identification of Stable Genotypes Based on MTSI and MGDII Indexes: An Example in Guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.). **Agronomy**, v. 11, n. 6, 2021. DOI: 10.3390/agronomy11061221
- BEZERRA, A. R. G. et al. Combined BLUP selection indexes with parents and F2 populations in soybean (*Glycine max*) breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 23, n. 4, p. 1–10, 2023. DOI: 10.1590/1984-70332023v23n4a41.
- BEZERRA, A. R. G. et al. Complementarity between parents for earliness and grain yield in soybean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 57, p. e02657, 2022. DOI: 10.1590/S1678-3921.pab2022.v57.02657.

- BOREÉM, A. et al. **Melhoramento de plantas**. 8. ed.: Oficina de Textos, 2021.
- CASAGRANDE, C. R. et al. Choosing parent tropical wheat genotypes through genetic dissimilarity based on reml/ blup. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 3, p. 1–10, 2020. DOI: 10.1590/1984-70332020v20n3a50.
- CASAGRANDE, C. R. et al. Selection indexes based on genotypic values applied to Brazilian tropical wheat breeding. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 8, p. 1–16, 2022. DOI: 10.33158/asb.r171.v8.2022.
- CÉRON-ROJAS, J. J. et al. **Linear Selection Indices in Modern Plant Breeding**. Springer Cham, 2018. DOI: 10.1007/978-3-319-91223-3.
- CHAGAS, J. H. et al. **Tecnologia de produção de trigo sequeiro no Cerrado do Brasil Central no Cerrado**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2021. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/225253/1/Doc195-online-Jorge-Chagas-completo-final.pdf>.
- CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da Safra Brasileira. **Acompanhamento da Safra brasileira de grãos**, v. 11, n. Quinto levantamento, p. 124, 2023. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/cafe>.
- COSTA, C. S. R. et al. Genetic parameters and selection of mango genotypes using the FAI-BLUP multitrait index. **Scientia Horticulturae**, v. 317, 2023. DOI: 10.1016/j.scienta.2023.112049.
- CRUZ, C. D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012.
- ERENSTEIN, O. et al. Global Trends in Wheat Production, Consumption and Trade. In: REYNOLDS, M. P. & BRAUN, H-J. (org.). **Wheat Improvement Food Security in a Changing Climate**. Springer Cham, 2022. p. 657. DOI: <https://link.springer.com/book/10.1007/978-3-030-90673-3>.

- FARHAD, Md. et al. Multi-trait selection of bread wheat ideotypes for adaptation to early sown condition. **Crop Science**, v. 62, n. 1, p. 67–82, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.20628>.
- GHAZVINI, H. et al. A Framework for Selection of High-Yielding and Drought-tolerant Genotypes of Barley: Applying Yield-Based Indices and Multi-index Selection Models. **Journal of Crop Health**, v. 76, p. 601 – 616, 2024. doi: 10.1007/s10343-024-00981-1.
- JORIS, H. A. W. et al. **Informações técnicas para trigo e triticales : safra 2023 / 15ª Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale**. Fundação ABC e Biotrigo Genética, Castro, PR, 2022. Available from: < < <https://www.conferencebr.com/conteudo/arquivo/informacoes-tecnicas-para-trigo-e-triticales--safra-2022-1649081250.pdf>>. Accessed: Ago. 06, 2024.
- KLEIN, L. A. et al. Selection of superior black oat lines using the MGIDI index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 23, n. 3, p. e45112332, 2023. DOI: 10.1590/1984-70332023v23n3a25.
- KULWAL, P. L. et al. **Efficient Breeding of Crop Plants**. In: YADAVA, D. K. et al. (org.) Fundamentals of Field Crop Breeding. Singapore: Springer Nature Singapore, 2022. p. 745–777. DOI: 10.1007/978-981-16-9257-4_14. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-981-16-9257-4_14.
- LIMA, G. W. et al. Genetic diversity in tropical wheat germplasm and selection via multitrait index. **Agronomy Journal**, v. 114, n. 2, p. 887–899, 2022. DOI: 10.1002/agj2.20991.
- MACHADO e SILVA, C. et al. Multi-trait selection of wheat lines under drought-stress condition. **Bragantia**, v. 82, n. e20220254, 2023. DOI: 10.1590/1678-4499.20220254.
- MEIER, C. et al. Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 51, 2021. DOI: 10.1590/1983-40632021v5167996.
- MEZZOMO, H. C. **Estratégias para seleção de populações segregantes de trigo tropical**. 2023. DOI: 10.47328/ufvbbt.2023.304.

- MEZZOMO, H. C. et al. Association between physiological and agronomic traits and selection of tropical wheat. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v. 24, n. 2, p. 167–177, 2021. a. DOI: 10.1007/s12892-020-00069-y. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s12892-020-00069-y>.
- MEZZOMO, H. C. et al. Combining ability and selection of wheat populations for a tropical environment. **Agrografia Colombiana**, v. 40, n. 2, p. 37–48, 2022. DOI: 10.15446/agron.colomb.v40n2.99390.
- MOURA, L. M. et al. Combining ability of common bean parents in different seasons , locations and generations. **Euphytica**, v. 214, n. 181, p. 1–13, 2018. DOI: 10.1007/s10681-018-2259-3.
- NARDINO, M. et al. Multivariate diallel analysis by factor analysis for establish mega-traits. **Anais da Academia Brasileira de Ciencias**, v. 92, p. 1–19, 2020. DOI: 10.1590/0001-3765202020180874.
- NARDINO, M. et al. Understanding drought response mechanisms in wheat and multi-trait selection. **PLoS ONE**, v. 17, n. 4 April, p. 1–22, 2022. DOI: 10.1371/journal.pone.0266368. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0266368>.
- OLIVEIRA, I. C. M. et al. Combining ability of biomass sorghum lines for agroindustrial characters and multitrait selection of photosensitive hybrids for energy cogeneration. **Crop Science**, v. 59, n. 4, p. 1554–1566, 2019. DOI: 10.2135/cropsci2018.11.0693.
- OLIVOTO, T. & NARDINO, M. MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments. **Bioinformatics**, v. 37, n. 10, p. 1383–1389, 2021. DOI: 10.1093/bioinformatics/btaa981. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa981>.
- OLIVOTO, T. et al. MGIDI: a powerful tool to analyze plant multivariate data. **Plant Methods**, v. 18, n. 1, p. 1–13, 2022. DOI: 10.1186/s13007-022-00952-5. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s13007-022-00952-5>.

OLIVOTO, T. & LÚCIO, A. D. et al. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 6, p. 783–789, 2020. DOI: 10.1111/2041-210X.13384.

OUATTARA, F. et al. Multi-Trait Selection Index for Simultaneous Selection of Water Yam (*Dioscorea alata* L.) Genotypes. **Agronomy**, v. 14, n. 1, 2024. DOI: 10.3390/agronomy14010128.

POUR-ABOUGHADAREH, A. & PO CZAI, P. A dataset on multi-trait selection approaches for screening desirable wild relatives of wheat. **Data in Brief**, v. 39, p. 107541, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.dib.2021.107541>. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2352340921008179>.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna, Austria, 2023. Disponível em: <https://www.r-project.org/>.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012.

RESENDE, M. D. V. et al.. Multigeneration index in the Within - Progenies bulk method for breeding of Self-Pollinated plants. **Crop Science**, v. 55, n. 3, p. 1202–1211, 2015. DOI: 10.2135/cropsci2014.08.0580.

RESENDE, M. D. V. & ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 3, n. 2, p. 121–152, 2020. DOI: 10.35418/2526-4117/v2n2a1. Disponível em: <http://www.fpbjournal.com/fpbj/index.php/fpbj/article/view/76>.

RESENDE, M. D. V. & DUARTE, J. B. Precisão E Controle De Qualidade Em Experimentos De Avaliação De Cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

RESENDE, M. D. V. et al. **Estatística matemática, biométrica e computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana,**

regressão, aleatória, seleção genômica, QTL, GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. Viçosa, MG: Editora UFV, 2014.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330–339, 2016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>.

RESENDE, M. D. V. & ALVES, R. S. Statistical significance, selection accuracy, and experimental precision in plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, n. 3, p. 1–19, 2022. DOI: 10.1590/1984-70332022v22n3a31.

REYNOLDS, M. P. & BRAUN, H-J. (org.). **Wheat Improvement: Food Security in a Changing Climate.** Springer, 2022.

RIBEIRO, A. S. et al. Selection strategies of segregant soybean populations for resistance to Asian rust. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 11, p. 1452–1459, 2009. DOI: 10.1590/s0100-204x2009001100012.

ROCHA, J. R. A. S. C. et al. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181–1189, 2019. DOI: 10.2134/agronj2018.12.0761.

RÖTTER, R. P. et al. Use of crop simulation modelling to aid ideotype design of future cereal cultivars. **Journal of Experimental Botany**, v. 66, n. 12, p. 3463–3476, 2015. DOI: 10.1093/jxb/erv098.

SELLAMI, M. H. et al. Selection of Suitable Genotypes of Lentil (*Lens culinaris* Medik.) under Rainfed Conditions in South Italy Using Multi-Trait Stability Index (MTSI). **Agronomy**, v. 11, n. 1807, p. 1–13, 2021. DOI: 10.3390/agronomy11091807.

SIGNORINI, V. S. et al. Parental selection proposal strategy for recurrent selection in tropical wheat breeding. **Agronomy Journal**, p. 1–15, 2023. DOI: 10.1002/agj2.21505.

SILVA, C. M. et al. Insights on multi-spectral vegetation indices derived from UAV-based

high-throughput phenotyping for indirect selection in tropical wheat breeding. **Euphytica**, v. 220, n. 3, 2024. DOI: 10.1007/s10681-024-03299-1. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10681-024-03299-1>.

SILVA, C. M. et al. Canonical correlations between high and low heritability wheat traits via mixed models. **Ciência Rural**, v. 53, n. 2, p. e20210798, 2023. b. DOI: 10.1590/0103-8478cr20210798.

SILVA, A. C. et al. Selection of common bean parents and segregating populations targeting fusarium wilt resistance and grain yield. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 9, p. 1–20, 2023c. DOI: 10.33158/ASB.r173.v9.2023.

SILVA, M. J. et al. Evaluation of the potential of lines and hybrids of biomass sorghum. **Industrial Crops and Products**, v. 125, n. March, p. 379–385, 2018. DOI: 10.1016/j.indcrop.2018.08.022.

SILVA, V. M. P. et al. Genetic potential of common bean parents for plant architecture improvement. **Scientia Agricola**, v. 70, n. 3, p. 167–175, 2013.

SINGAMSETTI, A. et al. Genetic gains in tropical maize hybrids across moisture regimes with multi-trait-based index selection. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, n. 1147424, p. 1–16, 2023. DOI: 10.3389/fpls.2023.1147424.

SOUSA, C. M. B. et al. Seleção de progênies F2 de feijão-vagem para produção via REML/BLUP. **Horticultura Brasileira**, v. 35, n. 1, p. 33–40, 2017. DOI: 10.1590/S0102-053620170106.

USDA, United States Department of Agriculture. **Wheat Outlook: March 2024**.

VILELA, F.O. et al. Stability of F7:8 snap bean progenies in the Northern and Northwestern regions of Rio de Janeiro State. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 1, p. 84–90, 2011. DOI: 10.1590/S0102-05362011000100014. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0102-

05362011000100014&lng=en&tlng=en.

VOLPATO, L. et al. Inference of population effect and progeny selection via a multi-trait index in soybean breeding. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 43, p. 1–10, 2020. DOI: 10.4025/actasciagron.v43i1.44623.

WANG, B. et al. Designing wheat ideotypes to cope with future changing climate in South-Eastern Australia. **Agricultural Systems**, v. 170, n. August 2018, p. 9–18, 2019. DOI: 10.1016/j.agsy.2018.12.005. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2018.12.005>.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis**. Springer-Verlag New York, 2016. Disponível em: <https://ggplot2.tidyverse.org>.

WOYANN, L. G et al. Selection indexes based on linear-bilinear models applied to soybean breeding. **Agronomy Journal**, v. 112, n. 1, p. 175–182, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1002/agj2.20044>. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/agj2.20044>.

ZADOKS, J.C. et al. A decimal code for the growth stages of cereals. **Weed Research**, v.14, p.415–421, 1974. Available from:<<https://doi.org/10.1111/j.1365-3180.1974.tb01084.x>>. Accessed: Feb. 15, 2024. doi:10.1111/j.1365-3180.1974.tb01084.x.

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

No primeiro capítulo, o uso da análise dialélica identificou-se que os efeitos aditivos foram os mais expressivos no controle das características estudadas. Possibilitou identificar seis genitores (CD 1303, CD 151 e BRS 254, ORSFEROZ, ORS Guardiã e ORSSENNNA) com alelos favoráveis para as características estudadas. E com base na redução de ciclo e altura, e aumento da massa de cem grãos, possibilitou selecionar sete populações potenciais, sendo estas: CD1303/ORSMadrepérola, CD151/ORSMadrepérola, CD1303/ORS1403, CD1104/ORSGuardiã, CD150/TBIOAton, CD1440/ORSFEROZ e CD151/ORSSENNNA.

No segundo capítulo, a utilização de índice multicaracterística e valores genotípicos mostrou-se eficiente para seleção de populações em geração precoce. O índice MGIDI identificou 34 combinações superiores, sendo nove destas, comuns em ambas as gerações. Destas, as combinações CD151/ORSSENNA, CD151/TBIODuque, CD1303/ORSSENNA e CD116/ORSSENNA apresentam-se como superiores para avanço em gerações e seleção de linhagens para prospectar cultivares de trigo superiores com base nas características desejadas/adotadas neste estudo.

De modo geral, os métodos aplicados mostraram-se adequados para a seleção de populações segregantes em geração precoce. Dentre as populações, destacam-se CD151/ORSMadrepérola, CD1104/ORSGuardião e CD151/ORSSENNA, selecionadas em ambas as gerações, tanto pela análise dialélica, quanto pelo índice de seleção MGIDI.

5 REFERÊNCIAS

- BEZERRA, A. R. G. et al. Complementarity between parents for earliness and grain yield in soybean. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 57, p. e02657, 2022. DOI: 10.1590/S1678-3921.pab2022.v57.02657.
- BORÉM, A. et al. **Melhoramento de plantas**. 8. ed.: Oficina de Textos, 2021.
- BOTELHO, T. T. et al. Strategies for multi-trait selection of sweet sorghum progenies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 4, p. 1–9, 2021. DOI: 10.1590/1984-70332021v21n4a59.
- CARVALHO, B. L. et al. Combining ability of standardized indices for multi-trait selection in tobacco. **Ciencia e Agrotecnologia**, v. 45, n. e005521, 2021.
- CÉRON-ROJAS, J. J. et al. **Linear Selection Indices in Modern Plant Breeding**. Springer Cham, 2018. DOI: 10.1007/978-3-319-91223-3.
- CHAGAS, J. H. et al. **Tecnologia de produção de trigo sequeiro no Cerrado do Brasil Central no Cerrado**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2021. Disponível em:

<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/225253/1/Doc195-online-Jorge-Chagas-completo-final.pdf>.

CRUZ, C. D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012.

ERENSTEIN, O. et al. Global Trends in Wheat Production, Consumption and Trade. In: REYNOLDS, M. P. & BRAUN, H-J. (org.). **Wheat Improvement Food Security in a Changing Climate**. Springer Cham, 2022. p. 657. DOI: <https://link.springer.com/book/10.1007/978-3-030-90673-3>.

GHAZVINI, H. et al. A Framework for Selection of High-Yielding and Drought-tolerant Genotypes of Barley: Applying Yield-Based Indices and Multi-index Selection Models. **Journal of Crop Health**, v. 76, p. 601 – 616, 2024. doi: 10.1007/s10343-024-00981-1.

KLEIN, L. A. et al. Selection of superior black oat lines using the MGIDI index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 23, n. 3, p. e45112332, 2023. DOI: 10.1590/1984-70332023v23n3a25.

MEZZOMO, H. C. **Estratégias para seleção de populações segregantes de trigo tropical**. 2023. DOI: 10.47328/ufvbbt.2023.304.

MEZZOMO, H. C. et al. Combining ability and selection of wheat populations for a tropical environment. **Agroscopica Colombiana**, v. 40, n. 2, p. 37–48, 2022. DOI: 10.15446/agron.colomb.v40n2.99390.

MOURA, L. M. et al. Combining ability of common bean parents in different seasons , locations and generations. **Euphytica**, v. 214, n. 181, p. 1–13, 2018. DOI: 10.1007/s10681-018-2259-3.

NARDINO, M. et al. Multivariate diallel analysis by factor analysis for establish mega-traits. **Anais da Academia Brasileira de Ciencias**, v. 92, p. 1–19, 2020. DOI: 10.1590/0001-3765202020180874.

NÓIA JUNIOR, R. de S. et al. Achieving wheat self-sufficiency in Brazil. **Environmental**

Research Letters, v. 19, n. 031003, 2024.

OLIBONI, R. et al. Diallelic analysis in assessing the potential of maize hybrids to generate base-populations for obtaining lines. **Semina: Ciencias Agrarias**, v. 34, n. 1, p. 7–18, 2013. DOI: 10.5433/1679-0359.2013v34n1p7.

OLIVEIRA, I. C. M. et al. Combining ability of biomass sorghum lines for agroindustrial characters and multitrait selection of photosensitive hybrids for energy cogeneration. **Crop Science**, v. 59, n. 4, p. 1554–1566, 2019. DOI: 10.2135/cropsci2018.11.0693.

OLIVOTO, T. & NARDINO, M. MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments. **Bioinformatics**, v. 37, n. 10, p. 1383–1389, 2021. DOI: 10.1093/bioinformatics/btaa981. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa981>.

OUATTARA, F. et al. Multi-Trait Selection Index for Simultaneous Selection of Water Yam (*Dioscorea alata* L.) Genotypes. **Agronomy**, v. 14, n. 1, 2024. DOI: 10.3390/agronomy14010128.

PASINATO, A. et al. Potential area and limitations for the expansion of rainfed wheat in the Cerrado biome of Central Brazil. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 53, n. 7, p. 779–790, 2018. DOI: 10.1590/S0100-204X2018000700001.

PELEGRIN, A. J. et al. Combining ability as a criterion for wheat parents selection. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 1, p. 35–45, 2020.

PEREIRA, J. et al. Improved drought tolerance in wheat is required to unlock the production potential of the Brazilian Cerrado. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, n. 2, p. 217–225, 2019. DOI: 10.1590/1984-70332019v19n2r30.

PIMENTEL, A. J. B. et al. Análise dialélica parcial em gerações avançadas para seleção de populações segregantes de trigo. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 48, n. 12, p. 1555–1561, 2013. DOI: 10.1590/S0100-204X2013001200004.

RESENDE, M. D. V. et al. **Estatística matemática, biométrica e computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão, aleatória, seleção genômica, QTL, GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2014.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330–339, 2016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>.

REYNOLDS, M. P. & BRAUN, H-J. (org.). **Wheat Improvement: Food Security in a Changing Climate**. Springer, 2022.

SILVA, C. M. et al. Selecting tropical wheat genotypes through combining ability analysis. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 95, p. e20220760, 2023a. DOI: 10.1590/0001-3765202320220760.

SILVA, M. J. et al. Evaluation of the potential of lines and hybrids of biomass sorghum. **Industrial Crops and Products**, v. 125, n. March, p. 379–385, 2018. DOI: 10.1016/j.indcrop.2018.08.022.

TEODORO, L. P. R. et al. Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. **PLoS ONE**, v. 14, n. 12, p. 1–13, 2019. DOI: 10.1371/journal.pone.0226523.

USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. World Agricultural Production. **Foreign Agricultural Service**, February, p. 1–43, 2024.

USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. World Agricultural Production. **Foreign Agricultural Service**, February, p. 1–43, 2024.

VOLPATO, L. et al. Inference of population effect and progeny selection via a multi-trait index in soybean breeding. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 43, p. 1–10, 2020. DOI: 10.4025/actasciagron.v43i1.44623.