

**CAIQUE MACHADO E SILVA**

**SELEÇÃO DE GENITORES E POTENCIAL DE POPULAÇÕES SEGREGANTES  
DE TRIGO**

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

Orientador: Maicon Nardino

Coorientador: Aluizio Borem de Oliveira

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2022**

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

T

S586s  
2022 Silva, Caique Machado e, 1997-  
Seleção de genitores e potencial de populações segregantes de  
trigo / Caique Machado e Silva. - Viçosa, MG, 2022.  
1 dissertação eletrônica (67 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Maicon Nardino.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Agronomia, 2022.

Referências bibliográficas: f. 55-67.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2022.144>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. *Triticum aestivum* - Genética. 2. Recombinação (Genética). 3.  
Interação genótipo-ambiente. 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: Alice Regina Pinto CRB6 2523

**CAIQUE MACHADO E SILVA**

**SELEÇÃO DE GENITORES E POTENCIAL DE POPULAÇÕES SEGREGANTES  
DE TRIGO**

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

APROVADA: 21 de fevereiro de 2022.

Assentimento:

  
Caique Machado e Silva  
Autor

  
Maicon Nardino  
Orientador

## **AGRADECIMENTOS**

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

À minha mãe, Elma Machado, pelo amor e esforço empenhado em prol do meu sucesso.

Ao meu pai, Adelmo Paulo e Silva, pelo amor, sacrifício em prol das minhas conquistas e apoio às minhas decisões.

À minha madrastra Relva Jane, pelo amor e carinho.

Aos meus irmãos João Victor Queiroz e Silva, e Marco Aurélio Queiroz e Silva, pela amizade, carinho e companheirismo.

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

Aos professores Dr. Edésio Fialho dos Reis e Dr. Willame dos Santos Cândido por despertarem em mim o interesse pela genética e melhoramento de plantas durante a graduação, e por me iniciarem na ciência.

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

Aos colegas do Programa Trigo UFV pela amizade, pelos momentos em que trabalhamos arduamente juntos e também pelos momentos de descontração.

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

Aos professores Dr. Leonardo Lopes Bhering e Dr. Edésio Fialho dos Reis por participarem da banca examinadora e pelas contribuições dadas objetivando a melhoria deste trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

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

## RESUMO

SILVA, Caique Machado e, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2022. **Seleção de genitores e potencial de populações segregantes de trigo**. Orientador: Maicon Nardino. Coorientador: Aluizio Borem de Oliveira.

A adequada seleção de genitores superiores e complementares para composição de blocos de cruzamento e formação de populações base promissoras para a prática de seleção é uma etapa determinante no sucesso dos programas de melhoramento de trigo. Os objetivos com este trabalho consistiram em selecionar genitores de trigo tropical com maior frequência de alelos favoráveis e populações segregantes com maior potencial para originar progênies superiores através da análise dialélica parcial. Para este propósito, 14 genitores foram divididos em dois grupos e cruzados em esquema de dialélica parcial  $7 \times 7$  para originar 49 combinações  $F_1$ . Após a obtenção da geração  $F_2$ , as populações, juntamente com os genitores e uma cultivar comercial, foram avaliadas a campo no delineamento látice  $8 \times 8$ , com duas repetições, em dois experimentos conduzidos entre os meses de junho a outubro de 2021. As características avaliadas foram espigamento, altura de plantas, resistência a ferrugem e mancha amarela, massa de espiga, comprimento de espiga, número de espiguetas por espiga, número de grãos por espiga, massa de grãos por espiga, massa de cem grãos e produção de grãos por parcela. Os dados foram submetidos às análises de variância individual e conjunta. As médias das populações foram comparadas com as médias de dois genitores pelo teste de Dunnett. Por fim, realizou-se a análise dialélica parcial conjunta. Houve significância dos efeitos médios de capacidade geral de combinação dos grupos I e II para todas as características (exceto massa de cem grãos). O efeito médio de capacidade específica de combinação, foi significativo para espigamento e altura de planta. Houve significância da interação capacidade geral de combinação do grupo I  $\times$  ambiente para altura de planta, comprimento de espiga, mancha amarela, massa de cem grãos e produção de grãos. Houve significância da interação capacidade geral de combinação do grupo II  $\times$  ambiente para espigamento e massa de cem grãos. A interação capacidade específica de combinação  $\times$  ambiente foi significativa para mancha amarela, massa de cem grãos e produção de grãos. Os efeitos gênicos aditivos foram superiores em relação aos não aditivos. Foram selecionados em cada grupo os genitores com maior frequência de alelos favoráveis

para ciclo curto, baixa altura de plantas, resistência a doença e componente de rendimento. Para produção de grãos, um genitor foi selecionado. Quatro populações com elevado potencial genético para originar progênies superiores foram selecionadas.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L. Dialelo Parcial. Capacidade Geral de Combinação. Capacidade Específica de Combinação. Interação Genótipo × Ambiente.

## ABSTRACT

SILVA, Caique Machado e, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2022. **Parents selection and potential of segregating populations of wheat.** Adviser: Maicon Nardino. Co-adviser: Aluizio Borem de Oliveira.

The adequate selection of superior and complementary parents for the composition of crossing blocks and formation of promising base populations for the practice of selection is a determining step for the success of wheat breeding programs. The goals with this work were select tropical wheat parents with the highest favorable allele frequency and populations with the highest genetic potential to originate superior progenies through partial diallel analysis. Thus, 14 parents were divided in two groups and crossed on a  $7 \times 7$  partial diallel mating design to originate 49  $F_1$  combinations. After obtaining the  $F_2$  generation, the parents, populations and one commercial cultivar were evaluated in the field on an  $8 \times 8$  lattice design, in two replications and two environments between June and October, 2021. The traits evaluated were days for heading, plant height, resistance to leaf rust and tan spot, spike mass, spike length, number of spikelets per spike, number of grains per spike, grain mass per spike, hundred grain mass and grain yield. The data were subjected to individual and joint analysis of variance. The means of the populations were compared with the means of two parents by the Dunnett test. Joint partial diallel analysis was performed. There was significance of the mean effects of general combining ability from groups I and II for all the traits (except for hundred grain mass). The mean effect of specific combining ability was significant for days for heading and plant height. There was significance of the interaction general combining ability of group I  $\times$  environment for plant height, spike length, tan spot, hundred grain mass and grain yield. There was significance of the interaction general combining ability of group II  $\times$  environment for days for heading and hundred grain mass. The interaction specific combining ability  $\times$  environment was significant for tan spot, hundred grain mass and grain yield. The additive genetic effects were superior compared to non-additive. Were selected, in each group, the parents with the highest favorable allele frequency for early cycle, low plant height, disease resistance and yield components. For grain yield, one parent was selected. Four populations with high genetic potential to originate superior progenies were selected.

Keywords: *Triticum aestivum* L. Partial Diallel. General Combining Ability. Specific Combining Ability. Genotype × Environment Interaction.

## SUMÁRIO

1	INDTRODUÇÃO.....	9
2	REVISÃO DE LITERATURA .....	11
2.1	Origem e dispersão do trigo .....	11
2.2	Importância socioeconômica.....	12
2.3	Aspectos gerais do melhoramento.....	13
2.4	Seleção de genitores .....	13
2.4.1	Análise dialélica .....	15
2.5	Interação genótipos por ambientes (G × A) .....	17
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	18
3.1	Cruzamentos e obtenção das populações segregantes .....	18
3.2	Avanço de geração .....	19
3.3	Condução das populações segregantes F <sub>2</sub> .....	19
3.4	Tratos culturais.....	19
3.5	Características avaliadas .....	20
3.6	Análises genético-estatísticas .....	21
3.6.1	Análises de variância individuais .....	21
3.6.2	Análise de variância conjunta .....	22
3.6.3	Análise dialélica .....	23
4	RESULTADOS E DISCUSSÕES .....	24
4.1	Análises de variância individuais.....	24
4.2	Análise de variância conjunta .....	29
4.3	Performance das populações .....	31
4.4	Análise dialélica .....	37
4.6	Estimativas de CGC I × ambiente .....	41
4.7	Estimativas de CGC II × ambiente .....	45
4.8	Estimativas de CEC × ambiente .....	48
4.9	Perspectivas das populações de melhoramento.....	52
5	CONCLUSÕES .....	55
6	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	55

## 1 INTRODUÇÃO

Estima-se que a produção mundial de trigo na safra 2021/22 seja de 776 milhões de toneladas, sendo similar a quantidade produzida na safra 2020/21 (USDA, 2021). O Brasil deve produzir 7,8 milhões de toneladas, o que representa aproximadamente apenas 1% da produção mundial. Apesar da baixa produção o Brasil é um grande consumidor de trigo e, para suprir a demanda interna, o país importa grandes volumes anualmente. Estima-se que em 2021 o volume total de trigo importado pelo Brasil foi de 6,2 milhões de toneladas, algo que representa quase metade do consumo interno (CONAB, 2021). Essas estimativas refletem a necessidade de progressos significativos na triticultura brasileira a fim de atingir a autossuficiência na produção deste importante cereal.

No Brasil, o trigo é tradicionalmente cultivado na região Sul. Entretanto, para suprir a demanda do mercado interno e gerar excedentes para exportação, a triticultura brasileira deve encontrar mecanismos que permitam a crescente expansão da cultura além das zonas temperadas. A região do Brasil Central apresenta grande potencial para expansão da triticultura em função da proximidade de importantes mercados consumidores, disponibilidade de vastas áreas agricultáveis, aptidão para produção de trigo com alta qualidade tecnológica em função das condições climáticas e oportunidade de incremento da renda dos agricultores da região (PASINATO et al., 2018).

Os programas de melhoramento possuem um papel fundamental no desenvolvimento de cultivares produtivas, adaptadas as condições ambientais e com características que atendam às exigências para a industrialização (NAGAR et al., 2018). Para tanto, são realizados cruzamentos direcionados entre cultivares superiores para obtenção de populações segregantes que permitam, posteriormente, com a presença de variabilidade genética e estimativas elevadas de médias, a extração de linhagens superiores (ROCHA et al., 2014). No entanto a seleção de genitores, bem como das populações segregantes de melhor desempenho não é uma tarefa trivial, demandando uma série de critérios específicos dos melhoristas, como análise da diversidade genética e do potencial genético dos genitores em função da frequência de alelos favoráveis (CASAGRANDE et al., 2020).

Diversas metodologias podem ser utilizadas para identificar cruzamentos potenciais, algumas baseiam-se em informações dos genitores como média parental e diversidade genética. Entretanto, o melhorista deve buscar informações a respeito da capacidade combinatória entre os genitores (MEZZOMO et al., 2021; PIMENTEL et al., 2013). Neste sentido, a análise dialélica é uma metodologia adequada para determinação das melhores combinações entre genitores e seleção das populações segregantes de melhor desempenho em programas de melhoramento de espécies autógamas (TEODORO et al., 2019; MOURA et al., 2018; MULBAH et al., 2015). Com ela, é possível inferir sobre a habilidade dos genitores em transferir alelos favoráveis a seus descendentes e comparar a performance das combinações obtidas. Além disso, a análise dialélica permite o entendimento da natureza dos genes que controlam determinada característica (HEI et al., 2016).

A análise dialélica proposta por Griffing (1956) vem sendo utilizada em programas de melhoramento de trigo para seleção de genitores, determinação da natureza da ação gênica das características, identificação de cruzamentos potenciais e seleção de populações segregantes superiores (FAKTHONGHPHAN et al., 2016; MIA et al., 2017; PAGLIOSA et al., 2017). Entretanto o uso de dialelos completos é frequentemente limitado quando há interesse em avaliar um número expressivo de genitores. Além disso, nem sempre o melhorista tem interesse em avaliar todas as possíveis combinações, mas sim identificar populações oriundas de genitores de grupos distintos. Deste modo a análise dialélica parcial é uma alternativa promissora para o estudo das capacidades combinatórias de um número expressivo de genitores (PIMENTEL et al., 2013).

A seleção de genitores e populações segregantes com base nas capacidades combinatórias pode ser dificultada pelo efeito ambiental, em decorrência da interação deste com os efeitos gênicos aditivos e não aditivos (GODWA et al., 2012). As análises dialélicas conduzidas em mais de um ambiente permitem a detecção da interação capacidade combinatória  $\times$  ambiente, tornando o processo mais eficiente na medida que as conclusões a respeito dos melhores genitores e populações são particularizadas para cada ambiente (NARDINO et al., 2020). Entretanto, a baixa disponibilidade de sementes na geração  $F_1$  em espécies autógamas, limita a investigação das capacidades combinatórias em mais de um ambiente. A análise dialélica na geração  $F_2$  é uma estratégia interessante para contornar este problema,

uma vez que a maior disponibilidade de sementes nesta geração, dá a oportunidade de avaliar os genótipos em dois ambientes ou mais. Ademais, as predições realizadas nesta geração dão segurança nas inferências a respeito do potencial dos genitores e das populações segregantes (PELEGRIN et al., 2020).

A escassez de informações a respeito do potencial genético de um número expressivo de genitores e de populações segregantes de trigo tropical, aliada a necessidade imediata de progresso genético na triticultura brasileira, justificam a utilização de metodologias biométricas robustas que permitam selecionar progênies em populações segregantes oriundas de cruzamentos entre genitores dissimilares e com adequada capacidade de combinação em vista da obtenção de cultivares altamente produtivas e adaptadas, e orientar o melhor aproveitamento do potencial genético de genitores em programas de melhoramento de trigo tropical. Os objetivos com este trabalho consistiram em selecionar genitores de trigo tropical com maior frequência de alelos favoráveis e populações segregantes com maior potencial para originar progênies superiores através da análise dialélica parcial.

## **2 REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1 Origem e dispersão do trigo**

O trigo (*Triticum aestivum* L.,  $2n=6x=42$ ) é uma espécie hexaplóide pertencente a tribo Triticeae, da família Poaceae. O trigo hexaplóide teria se originado de hibridizações independentes seguidas de duplicação espontânea dos cromossomos. A espécie *T. aestivum* (AABBDD) contém dois genomas homólogos aos genomas A e B da espécie *Triticum turgidum*. Esse fato sustenta a hipótese de que o *T. aestivum* surgiu da hibridação entre o *T. turgidum* e uma espécie diplóide com o genoma D. Huang et al. (2002), ao verificarem que sequências do genoma D de *T. aestivum* e da espécie silvestre *Aegilops tauschii* são idênticas, confirmaram que o *T. aestivum* resultou da hibridação entre *T. turgidum* e *Ae. tauschii* há cerca de 8 mil anos (PIANA; CARVALHO, 2008).

Os primeiros achados arqueológicos do hexaplóide *T. aestivum*, são de Can Hasan, na Turquia, datados de 7 mil a.C. Entre 6 mil e 5 mil a.C. a espécie teria adquirido grande importância na agricultura irrigada das planícies da Mesopotâmia e do oeste do Irã, chegando à bacia do rio Nilo em 5 mil a.C. e alcançando,

posteriormente, a Europa Central e Ocidental no final do quarto milênio a.C. (FELDMAN et al., 1995).

O trigo chegou ao continente americano logo após sua descoberta no século XV. Na América do Sul, foi semeado pela primeira vez no ano de 1527, na atual província de Santa Fé, na Argentina. No Brasil, acredita-se que o trigo teria sido introduzido por volta de 1534 por Martim Afonso da Silva, se expandindo pelo país a partir da capitania de São Vicente acompanhando o deslocamento de famílias europeias e os trabalhos de catequização realizados pela igreja (PIANA; CARVALHO, 2008; SOUSA; ROSA, 1985).

## **2.2 Importância socioeconômica**

O trigo configura-se como uma importante fonte de energia, além de fornecer quantidades significativas de proteína, fibras, vitamina B e micronutrientes minerais (HAZARD et al., 2020). Desde sua domesticação, o trigo desempenha um papel importante no sustento de povos ao redor do mundo. Em virtude do acelerado processo de urbanização e conseqüente mudança nos hábitos alimentares da sociedade, a demanda por trigo como fonte de energia e proteína é crescente, o que explica a sua dominância em regiões como Centro e Oeste da Ásia, Norte da África, Europa, América e Austrália (TADASSE et al., 2019).

O trigo é amplamente utilizado na alimentação humana na forma de farinha ou grão laminado para fabricação de produtos forneados e para produção de massas. O cereal também tem aplicação em produtos não alimentícios (fármacos, cosméticos, álcool, etc.) e na alimentação animal na forma de forragem, composição de rações ou alimentação direta (DE MORI, 2015).

Em 2021/22 a previsão de produção mundial de trigo é de 776 milhões de toneladas, o que caracteriza um aumento de 0,14% em relação ao último ano, sendo União Europeia, China e Índia líderes na produção mundial. Com o incremento da produção acredita-se que o consumo do cereal também aumente, principalmente em função do crescimento populacional e de mudanças nos hábitos alimentares (USDA, 2021).

No Brasil as previsões para a safra 2021/22 apontam para uma área semeada em torno de 2.691,1 mil ha, o que caracteriza um aumento de 14,9% em relação à safra 2020/21. Estima-se que a produção alcance 8,12 milhões de toneladas e a

produtividade fique em torno de 3.031 kg ha<sup>-1</sup>, o que corresponde a um incremento de 30,8 e 13,8% respectivamente, em relação à safra 2020/21. Apesar destes substanciais incrementos, o país não consegue suprir a demanda interna. O Brasil se caracteriza pela alta dependência do trigo externo, principalmente da Argentina. Estima-se que a importação prevista na safra 2021 seja de 6 milhões de toneladas (CONAB, 2021).

### **2.3 Aspectos gerais do melhoramento**

Uma das primeiras etapas em um programa de melhoramento de trigo é o desenvolvimento de populações com adequada variabilidade genética através de cruzamentos direcionados entre genitores superiores e complementares. As populações de melhor desempenho para os caracteres alvos do programa de melhoramento devem ser selecionadas até a obtenção de linhagens elite. Por fim, essas linhagens devem ser avaliadas em experimentos envolvendo repetições, locais e anos. As linhagens que apresentarem melhor produtividade, associada a alta adaptabilidade e estabilidade de produção, e com característica que atendam às demandas dos consumidores devem ser lançadas como cultivares (BEDÓ; LANG, 2015).

No Brasil existem vários projetos liderados por instituições públicas de pesquisa e empresas que trabalham com o melhoramento de trigo objetivando a avaliação, identificação e o desenvolvimento de genótipos que apresentem características importantes, tais como resistência às principais doenças: ferrugem (*Puccinia triticina*) e giberela (*Gibberella zeae*) na região sul, mancha amarela (*Pyrenophora tritici-repentins*) e brusone (*Magnaporthe oryzae* pat. *triticum*) na região central, ciclo curto, ampla adaptabilidade e estabilidade de produção de grãos, produtividade e aptidão tecnológica para a indústria de panificação. A região central do Brasil apresenta um grande potencial para a produção de trigo tropical. Nessas áreas, os objetivos dos programas de melhoramento incluem também o desenvolvimento de cultivares com alta produtividade em áreas irrigadas e tolerância ao calor e à seca em sistemas de produção em sequeiro (SCHEEREN; CAIERÃO, 2015).

### **2.4 Seleção de genitores**

A seleção de genitores complementares para características de interesse e promissoras para geração de populações segregantes de alto desempenho é uma das primeiras etapas em um programa de melhoramento, sendo determinante para o sucesso na obtenção de genótipos superiores (BERTAN et al., 2007; CASAGRANDE et al., 2020). Na ausência de informações relevantes a respeito dos genitores, muitas populações segregantes com potencial limitado são formadas e avaliadas sem necessidade, o que dificulta o progresso genético da cultura e onera os custos do programa de melhoramento (PIMENTEL, 2010).

A escolha de genitores deve ser feita com base em informações e procedimentos científicos, visando maximizar as chances de obtenção de cultivares superiores. Além disso, deve-se considerar aspectos legais ao utilizar o germoplasma desenvolvido por outras instituições (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Em trigo, diversos métodos podem ser utilizados para seleção de genitores e formação de populações base detentoras de variabilidade para os caracteres de interesse, para posterior prática de seleção. Estes métodos podem ser fundamentados apenas em informações a respeito dos genitores, como a diversidade genética e o desempenho *per se*, ou no comportamento de progênies oriundas de cruzamentos (PIMENTEL, 2010).

A diversidade genética entre um grupo de genitores, tem sido avaliada com o objetivo de identificar combinações híbridas promissoras, de modo que, em suas gerações segregantes, haja maior possibilidade de recuperar genótipos superiores (CRUZ et al., 2012). Casagrande et al. (2020) relataram êxito na aplicação da diversidade genética em vista da identificação de genótipos complementares para a formação de blocos de cruzamento.

A seleção de genitores com base no comportamento *per se* também é um método utilizado. De acordo com este critério, o melhor cruzamento é aquele que envolve as duas melhores cultivares e a média dos genitores estabelece o desempenho das progênies (BORÉM; MIRANDA, 2013). Este método pressupõe a predominância de efeitos gênicos aditivos no controle do caráter, de modo que as médias das linhagens, tendem a ser semelhantes às médias dos genitores que lhes deram origem. Entretanto, esta predição só é efetiva quando o nível de endogamia da população for mais elevado, os efeitos epistáticos pequenos e os *loci* que atuam no caráter segregarem de modo independente (BARROSO; HOFFMANN, 2003).

Ademais, a seleção de genitores pelo desempenho *per se* é limitada pela impossibilidade de prever a variabilidade genética das populações resultantes dos cruzamentos, o que torna importante a avaliação do potencial das progênieis.

#### **2.4.1 Análise dialélica**

A análise dialélica é uma estratégia importante na definição das melhores combinações e predição do potencial dos descendentes resultantes dos cruzamentos. Os dialelos são delineamentos genéticos em que um número de parentais são cruzados dois a dois com a finalidade de permitir a seleção da melhor combinação através da avaliação do comportamento das progênieis oriundas dos cruzamentos. Além disso, os dialelos fornecem informações sobre a ação gênica que controla o caráter, a herança dos caracteres e a existência de heterose (BENIN et al., 2009).

Os cruzamentos dialelicos são classificados em balanceados, desbalanceados, incompletos, circulantes e parciais. Os dialelos balanceados (completos ou de meia-tabela) incluem os híbridos  $F_1$ 's resultantes de todas as combinações de genitores, podendo, adicionalmente, incluir os genitores e híbridos recíprocos. Nos dialelos desbalanceados, todas as combinações híbridas e também as demais gerações estão representadas, porém em frequência variável, em virtude do número desigual de repetições por tratamento. Os dialelos incompletos são representados por um número variável de cruzamentos, em geral, em virtude de perdas de combinações durante a condução dos ensaios ou ausência desses por problemas diversos, como insuficiência de sementes e incompatibilidade nos cruzamentos. Nos dialelos circulantes, os genitores são representados por um número de cruzamentos inferior a  $p-1$ . Já os dialelos parciais, surgiram em função das limitações proporcionadas pelo estudo de um grande número de genitores e suas combinações (CRUZ et al., 2012).

A análise dialélica parcial consiste no cruzamento entre genitores distribuídos em dois grupos, sendo utilizada quando o melhorista deseja explorar a variabilidade e a complementariedade entre genitores e viabilizar o estudo da capacidade combinatória de um número relativamente grande de genitores (VIANA et al., 1999).

Uma das vantagens do dialelo parcial é o número sensivelmente menor de cruzamentos necessários quando comparado com o dialelo completo (HALLAUER et al., 2010). Desta forma, é possível utilizar um maior número de genitores, podendo

explorar conjunto maior de combinações alélicas. Adicionalmente, nem sempre o melhorista está interessado em obter todos os cruzamentos possíveis a partir de um grupo de genitores, assim, a separação dos genitores em grupos, permite a realização apenas dos cruzamentos desejáveis (RAMALHO et al., 1993).

Para a análise e interpretação dos cruzamentos dialélicos, existem algumas metodologias ao alcance dos melhoristas (HAYMAN, 1954; GRIFFING, 1956; GARDNER; EBERHART, 1966). Dentre estas metodologias, a análise dialélica proposta por Griffing (1956) permite a estimação das capacidades geral (CGC) e específica de combinação (CEC).

A CGC expressa o comportamento de determinado genitor quando cruzado com vários outros genitores e está associada com a predominância de genes de efeito aditivo. A interpretação deste parâmetro é relativa à sua magnitude negativa ou positiva, o que permite determinar se o genitor é inferior ou superior em relação aos demais. Entretanto, a interpretação desse parâmetro depende do objetivo específico do melhorista. Se o objetivo é aumentar o valor de determinada característica, procura-se CGC alta e positiva, ao passo que, quando se deseja diminuir o valor, estimativas de CGC altas e negativa são desejáveis (OLIVEIRA et al., 2004).

A CEC diz respeito ao comportamento de determinado genitor em combinações específicas, estando relacionada com os efeitos gênicos não-aditivos (PAGLIOSA et al., 2017). Esse parâmetro permite avaliar a complementariedade entre genitores para os *loci* que exibem desvios de dominância. A escolha do genitor de melhor CEC em um cruzamento deve ser feita com base nas maior ou menor estimativa desse efeito, desde que um dos genitores, possua estimativa desejável para CGC.

A análise dialélica vem sendo adotada com frequência para a estimação de parâmetros genéticos e determinação das CGC e CEC de combinação entre genitores a partir de combinações híbridas  $F_1$  em diversas espécies (COELHO et al., 2020; SANTOS et al., 2016; HUANG et al., 2015). Todavia, modificações nesta metodologia podem ser introduzidas, principalmente, quando não é possível avaliar a geração  $F_1$  em virtude da insuficiência de sementes, problema resultante de dificuldades impostas na realização dos cruzamentos, algo que acontece com frequência, principalmente em espécies autógamas, como o trigo. Sendo assim, uma alternativa seria a avaliação do dialelo em gerações avançadas (BHULLAR et al., 1979; JAVAID et al., 2001). O

sucesso da utilização desta metodologia vem sendo relatada diversas espécies autógamas como soja, feijão e arroz (TEODORO et al., 2019; MOURA et al., 2018; MULBAH et al., 2015).

Na cultura do trigo, alguns trabalhos vêm demonstrando êxito na estimação dos efeitos de CGC e CEC na geração F<sub>2</sub> e seleção de populações segregantes superiores por meio de análise dialélica (JOSHI et al., 2004; MWADZINGENI et al., 2018; PELEGRIN et al.; 2020). Pimentel et al. (2014) ressaltaram que a o estudo das capacidades de combinação em gerações F<sub>2</sub> ou F<sub>3</sub> dá a oportunidade de testar os genótipos em diferentes ambientes, o que possibilita a obtenção de informações a respeito da interação genótipos × ambientes. Em consonância, Godwa et al. (2012) evidenciaram que o valor e a significância dos componentes de variância das capacidades de combinação são dependentes dos locais de avaliação.

## **2.5 Interação genótipos por ambientes (G × A)**

A interação G × A pode ser definida como o comportamento diferencial dos genótipos em função das diferenças ambientais. Sua ocorrência dificulta o processo de seleção, na medida que enfraquece a relação entre o fenótipo e o verdadeiro valor genotípico (AGAHI et al., 2020), o que requer metodologias adequadas para quantificá-la, em vista de maiores acurácias no processo de seleção de genótipos superiores (CRUZ et al., 2012).

A realização de ensaios em mais de um ambiente desde as etapas iniciais de um programa de melhoramento é imprescindível para identificação e quantificação da interação G × A (ABRAHA et al., 2019), uma vez que as análises dos dados resultantes destes ensaios permitem o melhor entendimento da contribuição relativa dos genótipos, ambientes e da interação G × A na performance dos genótipos testados (SILVA et al., 2020).

Para contornar as limitações impostas pela interação G × A o melhorista pode lançar mão de estratégias como: subdivisão da região de cultivo ou dos locais de avaliação em regiões mais homogêneas, onde a interação seja de natureza predominantemente simples; recomendação de genótipos para os ambientes em que estes apresentaram melhor performance, de modo a capitalizar a interação G × A; ou seleção de genótipos de alta estabilidade e adaptabilidade entre os ambientes (BORNHOFEN et al., 2017).

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Cruzamentos e obtenção das populações segregantes

Para a obtenção do material experimental, 14 genitores (Tabela 1) divididos em dois grupos complementares em relação a ciclo e adaptabilidade (Grupo 1) e produtividade de grãos, qualidade tecnológica e resistência a doenças (Grupo 2) foram cruzados em esquema de dialelo parcial (Tabela 2) para a obtenção de 49 combinações F<sub>1</sub>. Os cruzamentos foram realizados durante os meses de julho a dezembro de 2020, em três épocas de semeadura, em casa de vegetação.

**Tabela 1.** Genitores utilizados nos cruzamentos para a geração de 49 combinações híbridas. Grupo1: ciclo e adaptação ao clima tropical; Grupo 2: qualidade tecnológica e resistência a doenças.

Grupo 1	Pedigree	Grupo 2	Pedigree
BRS 264	Buck Buck/Chiroca//Tui	Aton	Mestre/Fuste// Mestre
BRS 404	MGS Aliança/WT 99172	Duque	Toruk#3/Celebra//Noble
IAC 388	CETTIA / IAC 287/IAC 24	Astro	Toruk/Celebra
IAC 389	WBLI*2 / BRAMBLING	Toruk	Mirante/IBIO 0901//Quartzo
CD 151	BRS 120/ORL 95282	Madre Pérola	Marfim/Quartzo
CD 1303	CD 150/BRS 177	1403	Inia Tijereta/Alcover//Abalone
IPR Potyporã	PF 973515/LD 0221	Destak	-

**Tabela 2.** Esquema de cruzamento dialélico parcial entre 14 genitores divididos em dois grupos, onde, **Grupo 1:** 1 = BRS 264; 2 = BRS 404; 3 = IAC 388; 4 = IAC 389; 5 = CD 151; 6 = CD 1303; 7 = IPR Potyporã; e **Grupo 2:** 1' = Aton; 2' = Duque; 3' = Astro; 4' = Toruk; 5' = Madre Pérola; 6' = 1403; 7' = Destak.

G1/G2	1'	2'	3'	4'	5'	6'	7'	Genitores
1	Y <sub>11'</sub>	Y <sub>12'</sub>	Y <sub>13'</sub>	Y <sub>14'</sub>	Y <sub>15'</sub>	Y <sub>16'</sub>	Y <sub>17'</sub>	Y <sub>1</sub>
2	Y <sub>21'</sub>	Y <sub>22'</sub>	Y <sub>23'</sub>	Y <sub>24'</sub>	Y <sub>25'</sub>	Y <sub>26'</sub>	Y <sub>27'</sub>	Y <sub>2</sub>
3	Y <sub>31'</sub>	Y <sub>32'</sub>	Y <sub>33'</sub>	Y <sub>34'</sub>	Y <sub>35'</sub>	Y <sub>36'</sub>	Y <sub>37'</sub>	Y <sub>3</sub>
4	Y <sub>41'</sub>	Y <sub>42'</sub>	Y <sub>43'</sub>	Y <sub>44'</sub>	Y <sub>45'</sub>	Y <sub>46'</sub>	Y <sub>47'</sub>	Y <sub>4</sub>
5	Y <sub>51'</sub>	Y <sub>52'</sub>	Y <sub>53'</sub>	Y <sub>54'</sub>	Y <sub>55'</sub>	Y <sub>56'</sub>	Y <sub>57'</sub>	Y <sub>5</sub>
6	Y <sub>61'</sub>	Y <sub>62'</sub>	Y <sub>63'</sub>	Y <sub>64'</sub>	Y <sub>65'</sub>	Y <sub>66'</sub>	Y <sub>67'</sub>	Y <sub>6</sub>
7	Y <sub>71'</sub>	Y <sub>72'</sub>	Y <sub>73'</sub>	Y <sub>74'</sub>	Y <sub>75'</sub>	Y <sub>76'</sub>	Y <sub>77'</sub>	Y <sub>7</sub>
Genitores	Y <sub>1'</sub>	Y <sub>2'</sub>	Y <sub>3'</sub>	Y <sub>4'</sub>	Y <sub>5'</sub>	Y <sub>6'</sub>	Y <sub>7'</sub>	

### 3.2 Avanço de geração

Após a maturação, as espigas foram trilhadas manualmente para obtenção das sementes  $F_1$ , e estas, armazenadas em câmara fria. Em fevereiro de 2021, realizou-se a semeadura da geração  $F_1$  em vasos, em casa de vegetação, para avanço de geração e obtenção de sementes  $F_2$ . Em maio de 2021, as espigas foram colhidas, trilhadas manualmente e as sementes foram contabilizadas e separadas, para posterior semeadura em junho de 2021.

### 3.3 Condução das populações segregantes $F_2$

Para a avaliação e condução das populações segregantes, dois experimentos foram conduzidos no inverno de 2021 (Tabela 3), nas áreas experimentais Professor Diogo Alves de Melo ( $20^\circ 45' 14''$  S;  $42^\circ 52' 55''$  O; 648 m de altitude), aqui denominada Ambiente 1, e UEPE Aeroporto ( $20^\circ 44' 41''$  S;  $42^\circ 50' 31''$  O; 659 m de altitude), denominada Ambiente 2, ambas pertencentes ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

Os experimentos foram instalados em delineamento látice  $8 \times 8$ , contendo 49 populações segregantes  $F_2$ , além dos 14 genitores e uma cultivar comercial utilizada para completar o látice (BRS 254), em duas repetições. As parcelas foram constituídas de três linhas de três metros de comprimento espaçadas em 0,20 m. A densidade de semeadura utilizada foi de dez sementes por metro de acordo com o método de condução de populações segregantes adotado por McVetty e Evans (1980).

### 3.4 Tratos culturais

No ambiente 1, a semeadura foi precedida de preparo do solo da área experimental através de operações de aragem e gradagem. Já no ambiente 2, o experimento foi conduzido em sistema de plantio direto (SPD), sob palhada de *Urochloa brizantha*. Na semeadura, realizou-se a adubação de base com  $300 \text{ kg ha}^{-1}$  do formulado 08-28-16 (nitrogênio, fósforo e potássio). Na adubação de cobertura, foram distribuídos  $90 \text{ kg ha}^{-1}$  de nitrogênio na forma de uréia (45% de N), divididos em duas fases: perfilhamento, fase 20 a 29 da escala de Zadoks et al. (1974); e emborrachamento, fase 40 a 46 da escala de Zadoks et al. (1974). Os experimentos foram conduzidos com irrigação por aspersão para atendimento das necessidades

hídricas da cultura. Os demais tratos culturais foram realizados obedecendo as recomendações técnicas para a cultura do trigo (EMBRAPA, 2020).

### 3.5 Características avaliadas

i) Doenças: As avaliações para doença foram realizadas durante a fase de enchimento de grãos (estádios 73 a 77 pela escala de Zadoks et al., 1974).

Para a avaliação de Mancha-Amarela (*Pyrenophora tritici-repentis*) foram atribuídas notas de 1 a 5 de acordo com a escala proposta por Lamari e Bernier (1989), em que: 1 = pontos de coloração marrom ou negros não envolvidos por manchas cloróticas ou necróticas (resistente); 2 = pontos de coloração marrom ou negros envolvidos com pequenas manchas cloróticas ou necróticas (moderadamente resistente); 3 = pontos de coloração marrom ou negros completamente envolvidos por notáveis manchas cloróticas ou necróticas, sem coalescência das lesões (moderadamente resistente a moderadamente susceptível); 4 = pontos de coloração marrom ou negros completamente envolvidos por notáveis manchas cloróticas ou necróticas, com coalescência de algumas lesões (moderadamente susceptível); 5 = não há distinção de pontos marrons ou negros, a maioria das lesões consistem em manchas cloróticas ou necróticas coalescentes (susceptível);

Para avaliação da Ferrugem da folha (*Puccinia triticina*) foram atribuídas notas gerais às parcelas com valores variando de 0 a 4 de acordo com a escala proposta por McIntosh et al. (1995), em que: 0 = imune; 0 – 0,5 = muito resistente; 1 = resistente; 2 = moderadamente resistente; 3 = moderadamente susceptível; 4 = susceptível.

ii) Espigamento: dias decorridos do plantio até o surgimento das espigas em 50% das plantas da parcela.

iii) Altura de plantas: média da altura (cm), a partir do nível do solo até o ápice da espiga, excluindo-se as aristas, de dez plantas aleatórias da parcela.

iv) Comprimento de espiga: média da distância (cm) entre a inserção da espiguetas inferior e o ápice da espiguetas superior, excluindo-se as arestas, de dez espigas aleatórias.

v) Número de espiguetas por espiga: média do número de espiguetas de dez espigas aleatórias tomadas durante a colheita.

vi) Número de grãos por espiga: média do número de grãos de dez espigas aleatórias tomadas durante a colheita.

vii) Massa de espiga: média da massa (g) de dez espigas aleatórias tomadas durante a colheita.

viii) Produção de grãos: após a colheita, as plantas de cada parcela foram beneficiadas de forma mecanizada para obtenção dos grãos, os quais foram pesados (g), padronizando a umidade das parcelas para 13%.

### 3.6 Análises genético-estatísticas

#### 3.6.1 Análises de variância individuais

Os dados foram submetidos a análise de variância individual para investigação da significância dos efeitos e estimação de parâmetros genéticos e estatísticos, de acordo com o seguinte modelo:

$$y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + (b/r)_{kj} + e_{ijk}, \text{ em que:}$$

$y_{ijk}$  é a observação do  $i$ -ésimo genótipo, na  $j$ -ésima repetição e no  $k$ -ésimo bloco;  $\mu$  é a média geral (fixo);  $g_i$  é o efeito do  $i$ -ésimo genótipo (fixo);  $r_j$  é o efeito da  $j$ -ésima repetição (aleatório) [ $r_j \sim \text{NID}(0; \sigma_r^2)$ ];  $(b/r)_{kj}$  é o efeito do  $k$ -ésimo bloco na  $j$ -ésima repetição (aleatório) [ $b_{k(j)} \sim \text{NID}(0; \sigma_b^2)$ ]; e  $e_{ijk}$  é o erro experimental médio (aleatório) [ $e_{ijk} \sim \text{NID}(0; \sigma_e^2)$ ]. A soma de quadrados de genótipos foi desdobrada em soma de quadrados de populações, soma de quadrado de testemunhas e soma de quadrados do contraste populações versus testemunhas, sendo as testemunhas, os genitores e a cultivar BRS 254, utilizada para completar o látice.

O componente quadrático de variação genotípico ( $\hat{\phi}_g$ ), coeficiente de determinação genotípico ( $\hat{r}_{gg}^2$ ), acurácia ( $\hat{r}_{gg}$ ) e coeficiente de variação experimental ( $\widehat{CV}_e$ ) foram obtidos através dos seguintes estimadores (RESENDE; ALVES, 2020):

$$\begin{aligned} \hat{\phi}_g &= \frac{\text{QMG} - \text{QMR}}{r}, \\ \hat{r}_{gg}^2 &= 1 - (1/F), \\ \hat{r}_{gg} &= \sqrt{1 - (1/F)}, \text{ e} \\ \widehat{CV}_e &= \frac{\sqrt{\text{QMR}}}{\bar{y}} \times 100, \text{ em que} \end{aligned}$$

QMG é o quadrado médio de genótipo; QMR é o quadrado médio do resíduo; r é o número de repetições; F corresponde ao valor de F calculado na análise de variância, dado pela razão QMG/QMR; e  $\bar{y}$  é a média geral.

### 3.6.2 Análise de variância conjunta

Para a verificação da homogeneidade das variâncias residuais, procedeu-se com a razão entre o maior e menor quadrado médio do resíduo. Como regra prática, foram consideradas homogêneas as razões inferiores a 7:1 (PIMENTEL GOMES, 2009). Em seguida, procedeu-se com a análise de variância conjunta de acordo com o seguinte modelo:

$$y_{ijp} = \mu + g_i + a_p + (r/a)_{jp} + ga_{ip} + e_{ijp}, \text{ em que:}$$

$y_{ijp}$  é o valor observado do i-ésimo genótipo, na j-ésima repetição, no p-ésimo ambiente;  $\mu$  é a média geral (fixo);  $g_i$  é o efeito do i-ésimo genótipo (fixo);  $a_p$  é o efeito do p-ésimo ambiente (aleatório) [ $a_p \sim \text{NID}(0; \sigma_a^2)$ ];  $(r/a)_{jp}$  é o efeito da j-ésima repetição no p-ésimo ambiente (aleatório) [ $(r/a)_{jp} \sim \text{NID}(0; \sigma_{(r/a)}^2)$ ];  $ga_{ip}$  é o efeito da interação entre o i-ésimo genótipo e o p-ésimo ambiente (aleatório) [ $ga_{ip} \sim \text{NID}(0; \sigma_{ga}^2)$ ]; e  $e_{ijp}$  é o erro experimental médio (aleatório) [ $e_{ij(p)} \sim \text{NID}(0; \sigma_e^2)$ ]. A soma de quadrados de genótipos foi desdobrada em soma de quadrados de populações, soma de quadrado de testemunhas e soma de quadrados do contraste populações versus testemunhas, sendo as testemunhas os genitores e a cultivar BRS 254, utilizada para completar o látice. Além disso, a soma de quadrados da interação genótipos  $\times$  ambientes foi desdobrada em soma de quadrados da interação populações  $\times$  ambientes, soma de quadrados da interação testemunhas  $\times$  ambientes e soma de quadrados da interação do contraste populações versus testemunhas  $\times$  ambientes. Na presença de efeito significativo da interação populações  $\times$  testemunha, procedeu-se com o teste Dunnett a 5% de probabilidade para comparação das médias das populações com as médias de dois genitores (BRS 264 e Toruk).

O coeficiente de determinação genotípico ( $\hat{r}_{gg}^2$ ), acurácia ( $\hat{r}_{gg}$ ) e coeficiente de variação experimental ( $\widehat{CV}_e$ ) foram obtidos através dos seguintes estimadores (RESENDE; ALVES, 2020):

$$\hat{r}_{gg}^2 = 1 - (1/F),$$

$$\hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - (1/F)}, \text{ e}$$

$$\widehat{CV}_e = \frac{\sqrt{QMR}}{\bar{y}} \times 100, \text{ em que:}$$

QMR é o quadrado médio do resíduo; r é o número de repetições; F corresponde ao valor de F calculado na análise de variância, dado pela razão QMG/QMR; e  $\bar{y}$  é a média geral.

### 3.6.3 Análise dialélica

Para a investigação das significâncias e estimação dos efeitos das capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, bem como das interações com os ambientes, realizou-se a análise dialélica segundo o modelo 2 de Griffing (1956), método 2, adaptado para dialelos parciais (DHILLON, 1978; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992), como segue:

$$y_{ijkl} = \mu + (b/a)_{ij} + CGC_{I_k} + CGC_{II_l} + CEC_{kl} + a_j + CGC_{I_k}a_j + CGC_{II_l}a_j + CEC_{kl}a_j + e_{ijkl}, \text{ em que:}$$

$y_{ijkl}$  é o valor observado do  $kl$ -ésimo genótipo, no  $i$ -ésimo bloco, do  $j$ -ésimo ambiente;  $\mu$  é a média geral (efeito fixo);  $(b/a)_{ij}$  é o efeito do  $i$ -ésimo bloco no  $j$ -ésimo ambiente (aleatório) [ $(b/a)_{ij} \sim \text{NID}(0; \sigma_{b/a}^2)$ ];  $CGC_{I_k}$  é o efeito de CGC do  $k$ -ésimo genitor do grupo I (fixo);  $CGC_{II_l}$  é o efeito de CGC do  $l$ -ésimo genitor do grupo II (fixo);  $CEC_{kl}$  é o efeito de CEC entre o  $k$ -ésimo genitor do grupo I e o  $l$ -ésimo genitor do grupo II (fixo);  $a_j$  é o efeito do  $j$ -ésimo ambiente (aleatório) [ $a_j \sim \text{NID}(0; \sigma_a^2)$ ];  $CGC_{I_k}a_j$  é a interação entre o efeito de CGC do  $k$ -ésimo genitor do grupo I e o  $j$ -ésimo ambiente (aleatório) [ $CGC_{I_k}a_j \sim \text{NID}(0; \sigma_{CGC_{I_k}a}^2)$ ];  $CGC_{II_l}a_j$  é a interação entre o efeito de CGC do  $l$ -ésimo genitor do grupo II e o  $j$ -ésimo ambiente (aleatório) [ $CGC_{II_l}a_j \sim \text{NID}(0; \sigma_{CGC_{II_l}a}^2)$ ];  $CEC_{kl}a_j$  é a interação entre o efeito de CEC dos genitores  $k$  e  $l$ , dos grupos I e II, respectivamente, com o  $j$ -ésimo ambiente (aleatório) [ $CEC_{kl}a_j \sim \text{NID}(0; \sigma_{CEC_{kl}a}^2)$ ]; e  $e_{ijkl}$  é o erro experimental médio (aleatório) [ $e_{ijkl} \sim \text{NID}(0; \sigma_e^2)$ ]. As seguintes restrições foram consideradas:  $\sum CGC_{I_k} = 0$ ;  $\sum CGC_{II_l} = 0$ ;  $\sum CEC_{kl} = 0$ ; e  $CEC_{kl} = CEC_{lk}$ .

Os componentes quadráticos de variação das capacidades geral e específica de combinação foram obtidos pelo método dos momentos, baseado nas esperanças de quadrado médio, como segue:

$$\hat{\Phi}_{CGC_I} = \frac{QM_{CGC_{I_k}} - QMR}{IJL},$$

$$\hat{\Phi}_{CGC_{II}} = \frac{QM_{CGC_{II_l}} - QMR}{IJK},$$

$$\hat{\Phi}_{CEC_K} = \frac{QM_{CEC_{kl}} - QMR}{IJ}, \text{ em que:}$$

K é o número de genitores do grupo I; L é o número de genitores do grupo II; I é o número de repetições; J é o número de ambientes;  $QM_{CGC_{I_k}}$  e  $QM_{CGC_{II_l}}$  são os quadrados médios de CGC dos grupos I e II, respectivamente;  $QM_{CEC}$  é o quadrado médio do efeito de CEC; e QMR é o quadrado médio residual

A importância relativa dos efeitos aditivos e de dominância envolvidos no controle das características ( $\hat{\theta}$ ) foi fornecida pela seguinte expressão (BAKER, 1978):

$$\hat{\theta} = \frac{\hat{\Phi}_{CGC_I} + \hat{\Phi}_{CGC_{II}}}{\hat{\Phi}_{CGC_I} + \hat{\Phi}_{CGC_{II}} + \hat{\Phi}_{CEC}}$$

As análises foram realizadas no software GENES (CRUZ, 2016). As figuras foram feitas com o auxílio de recursos do software R, versão 4.0.2 (R CORE TEAM, 2020).

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÕES

### 4.1 Análises de variância individuais

A análise de variância relativa ao ambiente 1 revelou efeito significativo ( $p < 0,05$ ) da fonte de variação genótipos para todas as características avaliadas (Tabela 3). O desdobramento da fonte de variação genótipos em efeito de populações foi significativo ( $p < 0,05$ ) para AP, CE, FER, MA, NEE, NGE, MGE, MCG e PG, indicando existência de variabilidade genética entre as populações. O desdobramento da fonte de variação genótipos em testemunhas foi significativo ( $p < 0,05$ ) para todas as características avaliadas. Para o contraste populações versus testemunhas, houve significância ( $p < 0,05$ ) para as características AP, CE, FER, MA, ME, MGE, MCG e PG, indicando diferença significativa entre as médias das populações e das testemunhas.

A análise de variância no ambiente 2 (Tabela 4) revelou efeito significativo ( $p < 0,05$ ) da fonte de variação genótipos para as características ESPIG, FER, MA, NEE, NGE, ME, MCG e PG. O desdobramento de genótipos em efeito de populações foi significativo ( $p < 0,05$ ) para as características FER, MA, NEE, NGE, ME, MCG e PG. Já o desdobramento em efeito de testemunha, apontou significância apenas para as características ESPIG, NGE, ME e MCG. Por fim, o contraste populações versus testemunhas foi significativo para AP, FER, MA, NEE, ME e MCG, indicando neste ambiente, diferença entre as médias das populações e das testemunhas.

**Tabela 3.** Resumo da análise de variância individual e parâmetros genéticos e estatísticos de 11 características agronômicas de trigo avaliadas no Ambiente 1. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.

Fonte de Variação†	GL‡	QUADRADO MÉDIO										
		ESPIG§	AP	CE	FER	MA	NEE	NGE	ME	MGE	MCG	PG
Repetições (R)	1	6,46	846,66	0,15	8	5,69	12,72	28,36	0,5	0,16	0,15	35393,05
Bloco/R	14	2,47	62,35	2,99	0,62	0,89	1,52	18,98	0,39	0,22	0,02	16787,38
Genótipos (G)	63	6,34**	109,28**	2,51**	0,92**	1,67**	2,61**	50,08**	0,35*	0,23**	0,09**	14921,3**
Populações (P)	48	2,39 <sup>ns</sup>	77,62**	2,03*	0,84**	1,22**	2,53**	52,02**	0,27 <sup>ns</sup>	0,18*	0,09**	13233,011**
Testemunhas (T)	14	20,81**	160,29**	3,83*	1,06**	1,75**	3,02**	42,56**	0,54**	0,26*	0,11**	19578,03**
P vs. T	1	0,01 <sup>ns</sup>	914,78**	7,21*	2,41*	2,59*	0,11 <sup>ns</sup>	61,48 <sup>ns</sup>	1,28*	1,93**	0,44**	30760,04*
Erro efetivo	49	1,81	39,40	1,20	0,36	0,51	0,60	16,65	0,22	0,10	0,02	5363,99
Eficiência do Látice		103,03	106,28	123,75	107,78	109,39	124,82	100,58	110,40	122,60	100,10	136,54
F <sub>c</sub>		3,51	2,78	2,11	2,48	3,30	4,40	3,00	1,60	2,44	4,65	2,79
Média Geral		65,25	96,04	12,27	2,60	3,17	19,41	58,42	2,65	1,77	3,37	306,86
Média (P)		65,26	97,52	12,41	2,68	3,26	19,40	58,02	2,71	1,83	3,40	315,45
Média (T)		65,24	91,27	11,85	2,37	2,92	19,56	59,66	2,47	1,54	3,27	278,86
φ <sub>g</sub>		2,27	34,94	0,66	0,28	0,59	1,01	16,71	0,06	0,07	0,03	4778,65
H <sup>2</sup> (%)		71,51	64,03	52,61	59,68	69,70	77,27	66,67	37,50	59,02	78,49	64,16
Acurácia		0,85	0,80	0,73	0,77	0,83	0,88	0,82	0,61	0,77	0,89	0,80
CVe (%)		2,07	6,54	8,90	23,25	11,35	3,96	6,99	17,56	16,99	4,28	23,87

†F<sub>c</sub>, valor de F calculado da análise de variância para a fonte de variação genótipos; φ<sub>g</sub>, componente quadrático de variação genotípica; H<sup>2</sup> (%), coeficiente de determinação genotípica; CVe (%), coeficiente de variação experimental; ‡GL, grau de liberdade; §ESPIG, espigamento; AP, altura de planta; CE, comprimento de espiga; FER, Ferrugem; MA, Mancha amarela; NEE, número de espiguetas por espiga; NGE, número de grãos por espiga, ME, massa de espiga; MGE, massa de grãos por espiga; MCG, massa de cem grãos; PG, produção de grãos; \* e \*\*, significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; <sup>ns</sup>, não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

**Tabela 4.** Resumo da análise de variância individual e parâmetros genéticos e estatísticos de 11 características agronômicas de trigo avaliadas no Ambiente 2. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.

Fonte de Variação†	GL‡	QUADRADO MÉDIO										
		ESPIG§	AP	CE	FER	MA	NEE	NGE	ME	MGE	MCG	PG
Repetições (R)	1	1,18	112,33	0,67	3,13	0,19	4,37	29,77	1,91	1,13	0,06	6162,72
Bloco/R	14	1,99	111,15	0,93	0,7	0,75	10,54	125,37	0,91	0,45	0,07	32845,76
Genótipos (G)	63	4,78**	53,87 <sup>ns</sup>	0,78 <sup>ns</sup>	0,87**	1,15**	3,82*	85,42**	0,55**	0,25 <sup>ns</sup>	0,24**	29665,19**
Populações (P)	48	1,30 <sup>ns</sup>	50,42 <sup>ns</sup>	0,75 <sup>ns</sup>	0,87*	1,27*	4,10*	80,13*	0,43*	0,20 <sup>ns</sup>	0,22*	32371,97**
Testemunhas (T)	14	17,01**	55,90 <sup>ns</sup>	0,93 <sup>ns</sup>	0,78 <sup>ns</sup>	0,55 <sup>ns</sup>	3,08 <sup>ns</sup>	108,60*	0,66**	0,25 <sup>ns</sup>	0,31**	22308,71 <sup>ns</sup>
P vs. T	1	0,09 <sup>ns</sup>	190,81*	0,00 <sup>ns</sup>	2,26*	3,84*	0,91*	15,3 <sup>ns</sup>	4,46**	2,25**	0,03 <sup>ns</sup>	2729,65 <sup>ns</sup>
Erro efetivo	49	1,82	40,22	0,79	0,44	0,72	2,28	41,12	0,23	0,16	0,12	13547,61
Eficiência do Látice		100,26	128,89	100,87	106,24	100,07	163,99	134,82	152,33	127,7	91,87	121,98
F <sub>c</sub>		2,62	1,33	1	1,97	1,61	1,59	2,07	2,33	1,48	2,04	2,19
Média		61,25	75,33	10,75	2,35	2,14	16,72	53,79	3,26	2,09	3,84	315,44
Média (P)		61,20	76,00	10,76	2,43	2,25	16,78	53,61	3,36	2,17	3,82	317,99
Média (T)		61,26	73,14	10,74	2,11	1,83	16,58	54,42	2,92	1,86	3,87	307,10
φ <sub>g</sub>		1,47	6,83	0,00	0,21	0,22	1,01	22,15	0,16	0,05	0,07	8058,79
H <sup>2</sup> (%)		61,83	24,81	0,00	49,24	37,89	37,11	51,69	57,08	32,43	50,98	54,34
Acurácia		0,79	0,50	0,00	0,70	0,62	0,61	0,72	0,76	0,57	0,71	0,74
CVe (%)		2,21	8,42	8,25	28,32	39,45	3,96	11,93	14,89	19,54	8,94	36,90

†F<sub>c</sub>, valor de F calculado da análise de variância para a fonte de variação genótipos; φ<sub>g</sub>, componente quadrático de variação genotípica; H<sup>2</sup> (%), coeficiente de determinação genotípica; CVe (%), coeficiente de variação experimental; ‡GL, grau de liberdade; §ESPIG, espigamento; AP, altura de planta; CE, comprimento de espiga; FER, Ferrugem; MA, Mancha amarela; NEE, número de espiguetas por espiga; NGE, número de grãos por espiga; ME, massa de espiga; MGE, massa de grãos por espiga; MCG, massa de cem grãos; PG, produção de grãos; \* e \*\*, significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; <sup>ns</sup>, não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

No ambiente 1, a eficiência na utilização do delineamento em látice variou de 100,1 (MCG) a 136,54 (PG) (Tabela 3). No Ambiente 2, a eficiência relativa do delineamento variou de 91,87 (MCG) a 163,99 (NEE), de modo que apenas para MCG, a eficiência ficou abaixo de 100 (Tabela 4). Esses resultados expressam maior eficiência da análise intrabloco dos experimentos em látice em relação ao delineamento de blocos ao acaso para a maioria das características.

Os coeficientes de determinação genotípico ( $H^2$ ) no ambiente 1 (Tabela 3) variaram de 37,50 (ME) a 78,49% (MCG), enquanto no ambiente 2 (Tabela 4), para as características em que houve significância da fonte de variação genótipos, os valores foram de 24,81 (AP) a 61,83% (ESPIG). Este parâmetro é diretamente dependente da estatística F obtida na análise de variância, de modo que, quanto maior a estimativa do valor de F, maior será o coeficiente de determinação genotípico. A obtenção de estimativas elevadas de tal parâmetro é de interesse no melhoramento, visto que, em experimentos em que o efeito de genótipos é considerado fixo, este possui conotação similar a herdabilidade no sentido amplo em nível de média. Em consonância, este parâmetro interfere diretamente nas estimativas de acurácia seletiva, como demonstrado por Resende e Alves (2020). Esses autores ressaltam que a obtenção de estimativas de  $H^2$  está diretamente relacionada com o número de repetições ou de indivíduos por tratamento.

Os valores de coeficiente de variação experimental (C<sub>Ve</sub>) variaram de 2,07 (ESPIG) a 23,87% (PG) no ambiente 1 (Tabela 4) e 2,21 (ESPIG) a 39,45% (MA) no ambiente 2 (Tabela 4), sendo superiores aos relatados por Casagrande et al. (2020) e Mezzomo et al. (2020) para características agrônômicas de trigo. Embora tradicionalmente utilizado como indicador da qualidade experimental, somente o C<sub>Ve</sub> não é adequado para tal propósito (RESENDE; ALVES, 2020). Benin et al. (2013) ressaltam que o descarte de ensaios com base em estimativas elevadas de C<sub>Ve</sub> é um procedimento desaconselhável, visto que esta medida de precisão apresenta propriedades limitadas, que dependem da média e de outros fatores que interferem nela, como característica avaliada, região de cultivo e manejo. De acordo com Resende e Duarte (2007) os valores de C<sub>Ve</sub> são relativamente empíricos na medida em que não consideram o nível de variabilidade genotípica e o número de repetições, mostrando ser um parâmetro inadequado para avaliar a qualidade

experimental de modo que, uma medida mais apropriada para realização de tal inferência é a acurácia seletiva.

As acurácias seletivas variaram de 0,61 (ME) a 0,89 (MCG) no ambiente 1 (Tabela 3) e no ambiente 2 (Tabela 4), para as características em que houve significância da fonte de variação genótipos, os valores variaram de 0,61 (NEE) a 0,79 (ESPIG). No ambiente 1, apenas para ME, a acurácia é considerada moderada. Para as demais características, os valores obtidos caracterizam alta acurácia seletiva. No ambiente 2 os valores obtidos configuram acurácias moderada a alta (RESENDE; ALVES, 2020). Essas estimativas permitem inferir qualidade e boa precisão na condução dos ensaios (RESENDE; DUARTE, 2007).

#### **4.2 Análise de variância conjunta**

A análise de variância conjunta revelou diferenças significativas entre os genótipos ( $p < 0,05$ ) para todas as características avaliadas (Tabela 5). O desdobramento da fonte de variação genótipos em populações, revelou significância ( $p < 0,05$ ) para ESPIG, AP, CE, FER, MA e NGE. Para a fonte de variação testemunhas, constatou-se significância ( $p < 0,05$ ) para ESPIG, CE, FER, ME e MGE. O contraste populações versus testemunhas foi significativo ( $p < 0,05$ ) para AP, FER, MA, ME e MGE. Os coeficientes de determinação genotípico ( $H^2$ ) variaram de 39,02 (AP) a 71,91% (ESPIG). Os coeficientes de variação experimental (C<sub>Ve</sub>) foram de 2,13 (ESPIG) a 39,45% (MA). As acurácias seletivas variaram de 0,62 (AP) a 0,85 (ESPIG), caracterizando-as como moderada a alta (RESENDE; ALVES, 2020), o que indica boa precisão na condução dos experimentos (RESENDE; DUARTE, 2007).

O efeito de ambientes foi significativo ( $p < 0,01$ ) para todas as características avaliadas (Tabela 5), o que indica influência dos locais de avaliação no desempenho dos genótipos. Observa-se significância ( $p < 0,05$ ) da interação genótipos  $\times$  ambientes ( $G \times A$ ) para todas as características, indicando comportamento diferencial dos genótipos em função das diferenças ambientais. O desdobramento da fonte de variação  $G \times A$  na interação populações  $\times$  ambientes ( $P \times A$ ) foi significativo ( $p < 0,05$ ) para ESPIG, AP, CE, FER, MA, ME e PG. Já a interação testemunhas  $\times$  ambientes ( $T \times A$ ) foi significativa para ESPIG, AP e NGE. A interação ( $P$  vs.  $T$ )  $\times$  A foi significativa ( $p < 0,05$ ) para ME e MGE.

**Tabela 5.** Resumo da análise de variância conjunta e parâmetros genéticos e estatísticos de 11 características agronômicas de trigo avaliadas em dois ambientes. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.

Fonte de Variação†	GL‡	QUADRADO MÉDIO										
		ESPIG§	AP	CE	FER	MA	NEE	NGE	ME	MGE	MCG	PG
Genótipos (G)	63	6,47**	65,45*	1,74**	1,04**	1,62**	3,50**	69,62**	0,41**	0,23**	0,16**	19259,24**
Populações (P)	48	4,74**	65,49**	1,78**	1,04**	1,76**	3,43 <sup>ns</sup>	70,82*	0,32 <sup>ns</sup>	0,17 <sup>ns</sup>	0,15 <sup>ns</sup>	21612,72 <sup>ns</sup>
Testemunha (T)	14	12,80**	48,86 <sup>ns</sup>	1,64*	0,89*	0,98 <sup>ns</sup>	3,81 <sup>ns</sup>	70,38 <sup>ns</sup>	0,56*	0,35*	0,20 <sup>ns</sup>	12444,48 <sup>ns</sup>
P × T	1	0,77 <sup>ns</sup>	295,84**	0,91 <sup>ns</sup>	2,88*	4,03*	2,40 <sup>ns</sup>	1,15 <sup>ns</sup>	2,36*	1,25**	0,12 <sup>ns</sup>	1698,35 <sup>ns</sup>
Ambiente (A)	1	1046,53**	27463,09**	148,35**	4,00**	68,07**	461,85**	1363,32**	23,60**	6,65**	13,94**	4710,87**
G × A	63	4,65**	97,69**	1,56*	0,76**	1,21**	2,92**	65,88**	0,49**	0,23**	0,17**	25327,24**
P × A	48	3,64**	104,93**	11,66**	0,86*	1,30*	3,21 <sup>ns</sup>	56,93 <sup>ns</sup>	0,46*	0,23 <sup>ns</sup>	0,19 <sup>ns</sup>	26434,42*
T × A	14	8,33**	79,45*	1,23 <sup>ns</sup>	0,42 <sup>ns</sup>	0,88 <sup>ns</sup>	2,14 <sup>ns</sup>	101,01*	0,44 <sup>ns</sup>	0,20 <sup>ns</sup>	0,15 <sup>ns</sup>	23264,04 <sup>ns</sup>
(P vs. T) × A	1	1,66 <sup>ns</sup>	5,45 <sup>ns</sup>	0,89 <sup>ns</sup>	0,18 <sup>ns</sup>	0,58 <sup>ns</sup>	0,05 <sup>ns</sup>	10,85 <sup>ns</sup>	2,11**	1,01*	0,01 <sup>ns</sup>	1067,73 <sup>ns</sup>
Erro efetivo médio	98	1,82	39,80	0,98	0,40	0,62	1,48	28,88	0,23	0,13	0,06	9455,81
F <sub>c</sub>		3,56	1,64	1,76	2,55	2,65	2,35	2,41	1,82	1,80	2,39	2,04
Média geral		63,24	85,69	11,51	2,48	2,66	18,07	56,10	2,96	1,93	3,61	311,15
Média (P)		63,26	86,28	11,54	2,54	2,73	18,12	56,07	3,02	1,97	3,59	312,57
Média (T)		63,14	83,75	11,41	2,29	2,44	17,89	56,23	2,78	1,81	3,64	306,50
H <sup>2</sup> (%)		71,91	39,02	43,18	60,78	62,26	57,45	58,51	45,05	44,44	58,16	50,98
Acurácia		0,85	0,62	0,66	0,78	0,79	0,76	0,76	0,67	0,67	0,76	0,71
CVe (%)		2,13	7,36	8,60	25,46	29,56	6,73	9,58	16,20	18,66	6,79	31,25

†F<sub>c</sub>, valor de F calculado da análise de variância para a fonte de variação genótipos; H<sup>2</sup> (%), coeficiente de determinação genotípica; CVe (%), coeficiente de variação experimental; ‡GL, grau de liberdade; §ESPIG, espigamento; AP, altura de planta; CE, comprimento de espiga; FER, Ferrugem; MA, Mancha amarela; NEE, número de espiguetas por espiga; NGE, número de grãos por espiga; ME, massa de espiga; MGE, massa de grãos por espiga; MCG, massa de cem grãos; PG, produção de grãos; \* e \*\*, significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; <sup>ns</sup>, não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Esses resultados trazem à tona a importância da avaliação dos genótipos em diferentes ambientes desde as etapas iniciais de um programa de melhoramento, momento em que há preocupação com a formação das populações base promissoras para posterior prática de seleção. A interação  $G \times A$ , caracterizada pelo comportamento diferencial dos genótipos em função das diferenças ambientais, influenciam o processo de seleção, o que requer metodologias adequadas para quantificá-la (CRUZ et al., 2012). Uma vez identificada, o melhorista deve traçar estratégias para lidar com a presença da interação  $G \times A$ . Na ocorrência de interação predominantemente complexa, é recomendável a exploração da interação através do desenvolvimento de genótipos adaptados e estáveis às diferentes condições ambientais (LADO et al., 2016) ou subdivisão da região de cultivo ou do programa de melhoramento em sub-regiões mais homogêneas, permitindo a exploração das vantagens adaptativas e a recomendação de genótipos superiores (PADEREWSKI et al., 2016; CRUZ et al., 2012).

### **4.3 Performance das populações**

As Tabelas 6 e 7 mostram as comparações entre as médias das populações com as médias de dois genitores (BRS 264, grupo I e Toruk, grupo II) nos ambientes 1 e 2, respectivamente, para as características ESPIG, AP, CE, FER, MA, ME e PG. Esses genitores foram escolhidos para comparação em função de suas superioridades em desempenho com relação às principais características agrônomicas. A cultivar comercial BRS 264, lançada em 2005 pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), é uma das mais cultivadas na região do Cerrado brasileiro em virtude de seu ciclo precoce e alto potencial produtivo em sistemas de produção irrigado (CAIERÃO et al., 2014). A cultivar Toruk, lançada pela empresa Biotrigo Genética em 2013, se destaca pelo alto potencial produtivo, baixa estatura, sanidade e alta qualidade tecnológica, sendo amplamente cultivada pelos agricultores da região Sul logo após o seu lançamento e incluída em diversos blocos de cruzamento logo após o seu lançamento (EMBRAPA, 2020).

**Tabela 6.** Médias de espigamento (ESPIG, em dias), altura de planta (AP, em cm), comprimento de espiga (CE, em cm), ferrugem (FER, em escala), mancha amarela (MA), massa de espiga (ME) e produção de grãos (PG) de 49 populações e dois genitores avaliadas no ambiente 1. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.

Populações	ESPIG	AP	CE	FER	MA	ME	PG
BRS 264/ Aton	65,92 b	95,33 a	11,68 ab	2,50 ab	3,00 ab	2,53 ab	244,19 ab
BRS 264/Duque	64,75 a	88,00 ab	12,15 ab	3,50 a	4,50 a	2,67 ab	176,09 ab
BRS 264/ Astro	66,00 b	93,87 ab	12,51 ab	3,50 a	2,50 ab	2,90 ab	452,50 b
BRS 264/ Toruk	66,92 b	90,50 ab	11,45 ab	2,50 ab	3,00 ab	2,35 ab	206,08 ab
BRS 264/ Madre Perola	65,92 b	97,35 a	11,75 ab	3,00 ab	3,50 ab	2,77 ab	256,51 ab
BRS 264/ 1403	64,40 a	95,80 a	11,10 ab	4,00 a	5,00 a	2,04 ab	145,94 ab
BRS 264/ Destak	63,75 a	83,90 ab	10,80 ab	3,00 ab	5,00 a	2,30 ab	212,69 ab
BRS 404/ Aton	65,23 a	104,45 a	11,30 ab	3,00 ab	2,50 ab	2,92 ab	362,2 ab
BRS 404/ Duque	65,92 b	100,50 a	12,15 ab	3,00 ab	4,00 ab	3,09 ab	327,2 ab
BRS 404/ Astro	63,33 a	95,50 a	12,95 ab	4,00 a	4,50 a	2,52 ab	426,01 ab
BRS 404/ Toruk	64,90 a	102,50 a	11,05 ab	3,00 ab	4,00 ab	2,45 ab	302,05 ab
BRS 404/ Madre Perola	64,75 a	104,50 a	12,00 ab	3,00 ab	4,50 a	2,55 ab	361,55 ab
BRS 404/ 1403	65,50 a	107,90 a	12,70 ab	3,50 a	5,00 a	2,48 ab	364,51 ab
BRS 404/ Destak	63,67 a	98,20 a	11,35 ab	4,00 a	5,00 a	2,03 ab	328,31 ab
IAC 388/ Aton	64,67 a	89,10 ab	11,50 ab	2,50 ab	4,50 a	2,37 ab	210,58 ab
IAC 388/ Duque	65,77	97,10 a	12,10 ab	3,50 a	3,50 ab	2,64 ab	195,86 ab
IAC 388/ Astro	66,67 b	91,65 ab	11,50 ab	2,50 ab	3,50 ab	3,14 ab	257,24 ab
IAC 388/ Toruk	65,92 b	99,45 a	12,40 ab	2,00 ab	2,00 ab	3,13 ab	290,09 ab
IAC 388/ Madre Perola	63,50 a	101,30 a	11,75 ab	2,50 ab	3,00 ab	2,77 ab	197,75 ab
IAC 388/ 1403	65,32 a	110,80 a	13,50 ab	3,50 a	4,50 a	2,41 ab	158,26 ab
IAC 388/ Destak	64,50 a	99,65 a	12,05 ab	2,00 ab	3,00 ab	2,41 ab	240,17 ab
IAC 389/ Aton	65,00 a	97,55 a	12,20 ab	2,00 ab	3,00 ab	3,08 ab	372,64 ab
IAC 389/ Duque	63,42 a	98,10 a	14,20 ab	1,50 ab	2,00 ab	3,28 ab	360,74 ab
IAC 389/ Astro	65,00 a	95,54 a	13,09 ab	2,00 ab	2,00 ab	3,70 a	442,45 b
IAC 389/ Toruk	69,17 b	96,00 a	11,90 ab	1,50 ab	2,00 ab	2,57 ab	355,75 ab
IAC 389/ Madre Perola	64,83 a	98,25 a	13,35 ab	3,00 ab	2,00 ab	2,89 ab	284,08 ab

IAC 389/ 1403	63,5 a	103,90 a	14,60 ab	3,00 ab	3,50 ab	2,60 ab	327,32 ab
IAC 389/ Destak	64,42 a	98,55 a	11,90 ab	2,50 ab	2,00 ab	2,87 ab	320,77 ab
CD 151/ Aton	65,70	95,65 a	12,80 ab	2,50 ab	3,50 ab	2,86 ab	350,47 ab
CD 151/ Duque	65,92 b	95,85 a	13,45 ab	2,00 ab	3,00 ab	3,24 ab	382,49 ab
CD 151/ Astro	66,58 b	88,40 ab	12,95 ab	2,00 ab	3,00 ab	3,31 ab	350,14 ab
CD 151/ Toruk	65,58 a	85,25 ab	10,65 ab	3,50 a	3,50 ab	2,73 ab	213,88 ab
CD 151/ Madre Perola	63,67 a	96,20 a	12,70 ab	2,50 ab	2,50 ab	2,91 ab	430,04 ab
CD 151/ 1403	65,92 b	102,35 a	12,75 ab	3,00 ab	3,50 ab	2,65 ab	268,29 ab
CD 151/ Destak	64,92 a	105,65 a	13,11 ab	3,50 a	4,00 ab	2,34 ab	295,39 ab
CD 1303/ Aton	64,92 a	87,80 ab	10,25 ab	3,00 ab	4,00 ab	2,29 ab	293,59 ab
CD 1303/ Duque	64,13 a	89,65 ab	11,85 ab	3,00 ab	3,00 ab	2,42 ab	298,29 ab
CD 1303/ Astro	65,42 a	90,10 ab	11,75 ab	2,50 ab	4,00 ab	2,59 ab	457,07 b
CD 1303/ Toruk	65,42 a	93,65 ab	12,75 ab	1,50 ab	2,00 ab	2,77 ab	483,78 b
CD 1303/ Madre Perola	65,08 a	93,45 ab	13,00 ab	2,00 ab	2,50 ab	2,61 ab	338,05 ab
CD 1303/ 1403	65,92 b	91,80 ab	15,20	2,50 ab	3,00 ab	2,24 ab	377,04 ab
CD 1303/ Destak	64,92 a	93,35 ab	11,40 ab	2,00 ab	2,50 ab	2,27 ab	418,41 ab
IPR Potyporã/ Aton	65,92 b	105,40 a	12,60 ab	2,50 ab	3,00 ab	2,72 ab	330,79 ab
IPR Potyporã/ Duque	65,00 a	103,75 a	14,85	3,00 ab	4,50 a	3,30 ab	263,32 ab
IPR Potyporã/ Astro	64,15 a	102,80 a	13,10 ab	2,00 ab	3,00 ab	2,85 ab	383,42 ab
IPR Potyporã/ Toruk	65,92 b	101,30 a	12,95 ab	2,00 ab	2,00 ab	2,76 ab	296,71 ab
IPR Potyporã/ Madre Perola	66,50 b	110,55 a	13,05 ab	3,00 ab	2,50 ab	2,60 ab	290,86 ab
IPR Potyporã/ 1403	66,63 b	108,35 a	11,80 ab	2,00 ab	2,00 ab	2,90 ab	370,37 ab
IPR Potyporã/ Destak	66,75 b	96,90 a	13,70 ab	2,00 ab	2,50 ab	2,94 ab	209,69 ab
BRS 264	61,50 a	92,38 a	11,46 a	2,50 a	3,50 a	2,72 a	215,73 a
Toruk	70,00 b	76,00 b	11,50 b	1,50 b	2,00 b	1,99 b	323,15 b

Médias seguidas pela mesma letra da testemunha não diferem estatisticamente do genitor pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade.

**Tabela 7.** Médias de espigamento (ESPIG, em dias), altura de planta (AP, em cm), comprimento de espiga (CE, em cm), ferrugem (FER, em escala), mancha amarela (MA), massa de espiga (ME) e produção de grãos (PG) de 49 populações e dois genitores avaliadas no ambiente 2. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.

Populações	ESPIG	AP	CE	FER	MA	ME	PG
BRS 264/ Aton	60,88 ab	77,40 ab	10,75 ab	2,00 ab	2,50 ab	3,84 ab	144,82 ab
BRS 264/ Duque	61,55 b	76,85 ab	11,35 ab	3,00 ab	2,00 ab	3,31 ab	296,84 ab
BRS 264/ Astro	61,40 b	67,43 ab	11,40 ab	2,50 ab	1,00 ab	2,94 ab	155,93 ab
BRS 264/ Toruk	61,00 ab	69,65 ab	10,45 ab	3,00 ab	2,00 ab	3,06 ab	194,02 ab
BRS 264/ Madre Perola	61,30 b	69,80 ab	10,30 ab	2,50 ab	2,00 ab	3,57 ab	226,66 ab
BRS 264/ 1403	62,00 b	72,40 ab	10,60 ab	4,00 ab	3,5 ab	3,76 ab	296,84 ab
BRS 264/ Destak	59,20 ab	73,83 ab	10,40 ab	3,00 ab	3,50 ab	2,91 ab	258,92 ab
BRS 404/ Aton	60,70 ab	76,85 ab	10,55 ab	3,00 ab	4,00 ab	3,12 ab	194,02 ab
BRS 404/ Duque	62,02 b	83,83 ab	10,51 ab	4,00 ab	4,00 ab	3,09 ab	155,93 ab
BRS 404/ Astro	61,00 ab	68,60 ab	10,10 ab	3,00 ab	2,00 ab	2,91 ab	258,79 ab
BRS 404/ Toruk	62,00 b	72,73 ab	10,30 ab	3,00 ab	3,00 ab	3,89 ab	258,92 ab
BRS 404/ Madre Perola	60,70 ab	76,70 ab	10,95 ab	3,50 ab	2,50 ab	3,05 ab	258,79 ab
BRS 404/ 1403	61,30 b	82,30 ab	10,90 ab	4,00 ab	4,00 ab	3,21 ab	298,10 ab
BRS 404/ Destak	61,25 b	75,77 ab	10,69 ab	3,00 ab	2,00 ab	2,38 ab	298,10 ab
IAC 388/ Aton	61,50 b	81,15 ab	10,15 ab	2,00 ab	1,50 ab	3,65 ab	226,66 ab
IAC 388/ Duque	60,80 ab	70,95 ab	10,60 ab	2,50 ab	2,00 ab	3,47 ab	296,84 ab
IAC 388/ Astro	61,85 b	72,52 ab	9,84 ab	2,50 ab	2,00 ab	2,62 ab	296,84 ab
IAC 388/ Toruk	60,70 ab	77,50 ab	10,65 ab	2,00 ab	1,50 ab	3,36 ab	174,62 ab
IAC 388/ Madre Perola	61,00 ab	77,25 ab	10,70 ab	2,00 ab	2,50 ab	3,76 ab	436,30 ab
IAC 388/ 1403	60,70 ab	79,15 ab	11,20 ab	2,50 ab	2,50 ab	3,22 ab	258,92 ab
IAC 388/ Destak	61,18 b	76,45 ab	10,45 ab	3,00 ab	2,50 ab	3,06 ab	155,93 ab
IAC 389/ Aton	63,00 b	70,10 ab	9,31 ab	2,50 ab	3,50 ab	3,79 ab	336,86 ab
IAC 389/ Duque	60,20 ab	76,45 ab	10,58 ab	2,50 ab	2,50 ab	4,03 ab	144,82 ab
IAC 389/ Astro	61,30 b	83,45 ab	10,83 ab	2,00 ab	2,00 ab	3,92 ab	155,93 ab
IAC 389/ Toruk	62,50 b	74,55 ab	10,40 ab	2,00 ab	1,00 ab	3,68 ab	144,82 ab
IAC 389/ Madre Perola	61,50 b	75,05 ab	10,55 ab	2,50 ab	2,50 ab	3,15 ab	151,46 ab

IAC 389/ 1403	60,60 ab	81,05 ab	10,80 ab	2,50 ab	2,00 ab	3,65 ab	261,94 ab
IAC 389/ Destak	60,70 ab	77,85 ab	10,30 ab	1,50 ab	2,50 ab	2,91 ab	144,82 ab
CD 151/ Aton	58,90 a	83,85 ab	10,55 ab	1,50 ab	1,00 ab	2,82 ab	151,46 ab
CD 151/ Duque	61,30 b	67,85 ab	10,10 ab	2,50 ab	2,50 ab	3,68 ab	155,93 ab
CD 151/ Astro	61,00 ab	72,20 ab	11,20 ab	1,50 ab	2,00 ab	4,32	174,62 ab
CD 151/ Toruk	61,30 b	68,30 ab	10,15 ab	2,50 ab	2,50 ab	3,18 ab	226,66 ab
CD 151/ Madre Perola	60,90 ab	79,65 ab	10,70 ab	2,50 ab	2,50 ab	4,04 ab	155,93 ab
CD 151/ 1403	61,30 b	85,90 ab	11,00 ab	3,50 ab	3,00 ab	3,32 ab	296,84 ab
CD 151/ Destak	61,20 b	85,55 ab	11,40 ab	3,00 ab	3,00 ab	3,79 ab	258,79 ab
CD 1303/ Aton	61,00 ab	74,65 ab	10,05 ab	1,50 ab	1,50 ab	2,55 ab	226,66 ab
CD 1303/ Duque	59,83 ab	72,73 ab	12,73 a	2,50 ab	2,50 ab	3,01 ab	258,79 ab
CD 1303/ Astro	61,30 b	80,00 ab	11,95 ab	2,00 ab	2,50 ab	3,45 ab	253,94 ab
CD 1303/ Toruk	61,30 b	83,45 ab	11,05 ab	1,50 ab	1,00 ab	3,33 ab	174,62 ab
CD 1303/ Madre Perola	61,30 b	68,05 ab	10,30 ab	2,00 ab	2,00 ab	3,2 ab	436,30 ab
CD 1303/ 1403	62,00 b	72,75 ab	10,75 ab	2,00 ab	1,00 ab	2,67 ab	258,79 ab
CD 1303/ Destak	61,30 b	79,70 ab	10,80 ab	2,00 ab	1,50 ab	2,81 ab	436,30 ab
IPR Potyporã/ Aton	60,70 ab	81,80 ab	10,50 ab	2,00 ab	3,00 ab	3,6 ab	226,66 ab
IPR Potyporã/ Duque	62,10 b	82,00 ab	12,60 a	2,00 ab	1,50 ab	4,08 a	194,02 ab
IPR Potyporã/ Astro	61,75 b	65,45 ab	10,71 ab	1,50 ab	1,50 ab	4,00 ab	436,30 ab
IPR Potyporã/ Toruk	60,10 ab	75,00 ab	11,55 ab	2,00 ab	1,50 ab	3,04 ab	261,94 ab
IPR Potyporã/ Madre Perola	63,60 b	76,33 ab	10,55 ab	2,00 ab	1,50 ab	3,76 ab	296,84 ab
IPR Potyporã/ 1403	61,60 b	77,78 ab	11,46 ab	2,00 ab	2,50 ab	3,67 ab	174,62 ab
IPR Potyporã/ Destak	61,20 b	73,55 ab	11,10 ab	2,00 ab	1,50 ab	3,32 ab	261,94 ab
BRS 264	57,00 a	73,00 a	10,50 a	3,00 a	2,50 a	2,80 a	155,93 a
Toruk	63,20 b	67,33 b	9,60 b	2,00 b	1,50 b	2,59 b	217,40 b

Médias seguidas pela mesma letra da testemunha não diferem estatisticamente do genitor pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade.

Considerando a característica ESPIG, 61,23% das populações não diferiram significativamente do genitor de menor ciclo (BRS 264) no ambiente 1 (Tabela 6), enquanto no ambiente 2, 40,81% das populações tiveram ciclo semelhante ao genitor mais precoce (Tabela 7). Esses resultados sugerem que essas populações apresentam potencial para extração de linhagens precoces, característica desejável nos sistemas de produção de trigo.

Considerando AP, 15 das 49 populações avaliadas, não diferiram significativamente do genitor Toruk, com altura média de 76 cm (Tabela 6). É interessante notar que das 15 populações de menor altura, sete possuem a cultivar Toruk em sua genealogia, seja como genitor ou como progenitor, visto que esta foi utilizada nos blocos de cruzamento que deram origem às cultivares Astro e Duque (Tabela 1). Isto sugere o potencial da inclusão da cultivar Toruk em blocos de cruzamento visando a formação de populações e posterior extração de linhagens de baixa estatura, característica requerida principalmente em sistemas de produção irrigado, uma vez que plantas mais baixas são menos suscetíveis ao acamamento, o que implica em menos perdas em produtividade e qualidade. No ambiente 2, não houve diferenças significativas entre as médias das populações e as médias dos dois genitores pelo teste de Dunnet a 5% de probabilidade (Tabela 7).

No ambiente 1, as populações derivadas dos cruzamentos IPR Potyporã/Duque e CD 1303/ ORS 1403, apresentaram médias de comprimento de espiga superiores em relação aos dois genitores (Tabela 6). Estas duas populações também apresentaram as maiores médias para a característica no ambiente 2 (Tabela 7). O conhecimento das relações entre caracteres de espiga com a produção de grãos é importante, uma vez que a manipulação destes é determinante em termos de ganho genético em rendimento. Würschum et al. (2018) sugerem que o incremento no comprimento de espiga, acompanhando do aumento no número de espiguetas por espiga, levam ao aumento no número de grãos por espiga, sendo este o principal componente de rendimento de grãos. Ainda assim, vale ressaltar que os ganhos em rendimento de grãos podem ser atingidos através da exploração de outros componentes de rendimento além do comprimento de espiga.

O teste de comparação realizado para FER e MA apontou que 61,23% das populações do ambiente 1 não diferiram em relação ao genitor de menor média para as duas doenças (Tabela 6). No ambiente 2, não houve diferença significativa entre

as médias das populações e dos dois genitores (Tabela 7), o que pode ser explicado pela baixa pressão de doenças nesse ambiente. As populações com as menores notas do ensaio – 1.5 (FER) e 2 (MA)- são consideradas resistente e moderadamente resistente, e merecem atenção especial se pensarmos em extração de linhagens resistentes às principais doenças incidentes no trigo.

As populações IAC 389/ Astro e CD 151/ Astro apresentaram as maiores médias para ME nos ambientes 1 (Tabela 6) e 2 (Tabela 7), respectivamente. Populações com alta massa média de espiga são desejáveis, visto que este caráter, juntamente com outros componentes, correlacionam-se positivamente no rendimento final de grãos (TERRILE et al., 2017).

Considerando a característica PG, as populações CD 1303/ Toruk, CD 1303/ Astro, BRS 264/ Astro e IAC 389/ Astro apresentaram as maiores médias, sugerindo que estas possuem potencial para extração de linhagens produtivas. No ambiente 2, não houve diferenças significativas entre as médias das populações e as médias dos dois genitores pelo teste Dunnet a 5% de probabilidade (Tabela 7). Observando as médias dessas populações é provável que os genitores envolvidos nesses cruzamentos apresentem uma alta frequência de alelos favoráveis para produção de grãos, hipótese que deve ser investigada via análise dialélica.

#### **4.4 Análise dialélica**

A análise de variância do dialelo parcial conjunto é apresentada na Tabela 8. Houve efeito significativo ( $p < 0,05$ ) da fonte Grupos para ESPIG, AP, CE, MA, NEE e MGE. A não significância do efeito de grupos para PG pode ser explicada pelo fato dos grupos serem constituídos por cultivares melhoradas e com elevado potencial de rendimento e que, portanto, já apresentam elevada frequência de alelos favoráveis. O efeito da CGC I foi significativo ( $p < 0,05$ ) para ESPIG, FER, MA, NEE, NGE, ME e MGE. O efeito CGC II apontou significância para AP, CE, NEE e NGE. A não significância do efeito de CGC II para as doenças pode ser explicada pelo fato deste grupo ser constituído por genitores com alta resistência aos principais patógenos, como demonstrado por Casagrande et al. (2020), o que sugere que estes genitores não diferem entre si com relação a frequência de alelos favoráveis para esta

característica. Os efeitos médios da CEC foram significativos ( $p < 0,01$ ) apenas para as características ESPIG e AP.

**Tabela 8.** Resumo da análise dialélica parcial conjunta de 11 características agronômicas de trigo avaliadas em dois ambientes. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.

Fonte de Variação†	GL‡	QUADRADO MÉDIO										
		ESPIG§	AP	CE	FER	MA	NEE	NGE	ME	MGE	MCG	PG
Genótipo (G)	62	7,99**	123,53**	2,22**	1,41**	2,07**	4,42**	98,94**	0,54*	0,26*	0,31 <sup>ns</sup>	12789,92 <sup>ns</sup>
Grupos	1	180,87**	173,47*	5,93*	0,16 <sup>ns</sup>	2,58*	7,41*	21,27 <sup>ns</sup>	0,08 <sup>ns</sup>	0,92**	0,03 <sup>ns</sup>	7181,87 <sup>ns</sup>
CGC I	6	12,84*	251,29 <sup>ns</sup>	7,76 <sup>ns</sup>	7,11**	8,99*	12,18*	195,53**	1,95**	0,61**	0,19 <sup>ns</sup>	42414,39 <sup>ns</sup>
CGC II	6	5,56 <sup>ns</sup>	347,77**	4,62*	2,38 <sup>ns</sup>	2,76 <sup>ns</sup>	15,53*	463,34**	0,78 <sup>ns</sup>	0,22 <sup>ns</sup>	0,4 <sup>ns</sup>	28346,98 <sup>ns</sup>
CEC	49	4,16**	79,41**	1,18 <sup>ns</sup>	0,62 <sup>ns</sup>	1,14 <sup>ns</sup>	2,06 <sup>ns</sup>	44,08 <sup>ns</sup>	0,34 <sup>ns</sup>	0,22 <sup>ns</sup>	0,33 <sup>ns</sup>	7371,94 <sup>ns</sup>
Ambiente (A)	1	0,27 <sup>ns</sup>	6,85 <sup>ns</sup>	0,04 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	0,12 <sup>ns</sup>	0,34 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	10,82 <sup>ns</sup>
G × A	62	2,24 <sup>ns</sup>	51,67 <sup>ns</sup>	1,11 <sup>ns</sup>	0,46 <sup>ns</sup>	0,93**	2,01 <sup>ns</sup>	29,61 <sup>ns</sup>	0,31 <sup>ns</sup>	0,16 <sup>ns</sup>	0,3**	18710,05*
Grupo × A	1	0,96 <sup>ns</sup>	17,47 <sup>ns</sup>	0,24 <sup>ns</sup>	0,86 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>	0,35 <sup>ns</sup>	78,92 <sup>ns</sup>	1,56**	0,04 <sup>ns</sup>	1,06**	14945,88 <sup>ns</sup>
CGC I × A	6	1,65 <sup>ns</sup>	199,75**	2,83*	0,09 <sup>ns</sup>	1,39*	1,64 <sup>ns</sup>	5,65 <sup>ns</sup>	0,19 <sup>ns</sup>	0,05 <sup>ns</sup>	0,52**	23881,71*
CGC II × A	6	5,69**	38,28 <sup>ns</sup>	0,56 <sup>ns</sup>	0,69 <sup>ns</sup>	0,73 <sup>ns</sup>	2,71 <sup>ns</sup>	16,28 <sup>ns</sup>	0,44 <sup>ns</sup>	0,16 <sup>ns</sup>	0,28**	13871,09 <sup>ns</sup>
CEC × A	49	1,92 <sup>ns</sup>	35,87 <sup>ns</sup>	0,99 <sup>ns</sup>	0,46 <sup>ns</sup>	0,93*	2,01 <sup>ns</sup>	33,16 <sup>ns</sup>	0,29 <sup>ns</sup>	0,18 <sup>ns</sup>	0,25**	18746,12**
Resíduo	98	1,82	39,81	0,99	0,40	0,62	1,44	28,89	0,23	0,13	0,07	9455,80
$\phi_{CGC I}$		77,14	1480,36	47,39	46,97	58,59	75,18	1166,48	12,04	3,36	0,84	230710,13
$\phi_{CGC II}$		26,18	2155,72	25,41	13,86	14,98	98,63	3041,15	3,85	0,63	2,31	132238,26
$\phi_{CEC}$		2,34	39,60	0,19	0,22	0,52	0,62	15,19	0,11	0,09	0,26	0,00
$\theta$		0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	1,00

† CGC I, Capacidade Geral de Combinação do Grupo I; CGC II, Capacidade Específica de Combinação do Grupo II; CEC, Capacidade Específica de Combinação; ‡GL, grau de liberdade; §ESPIG, espigamento; AP, altura de planta; CE, comprimento de espiga; FER, Ferrugem; MA, Mancha amarela; NEE, número de espiguetas por espiga; NGE, número de grãos por espiga, ME, massa de espiga; MGE, massa de grãos por espiga; MCG, massa de cem grãos; PG, produção de grãos; \* e \*\*, significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo teste F; ns não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F;  $\theta$ , importância relativa dos efeitos aditivos e não aditivos.

As interações dos efeitos de CGC e CEC com os ambientes (Tabela 8) revelou significância de CGC I  $\times$  A ( $p < 0,05$ ) para AP, CE, MA, MCG e PG. O efeito de CGC II  $\times$  A foi significativo ( $p < 0,01$ ) apenas para ESPIG e MCG. Por fim, houve significância ( $p < 0,01$ ) da CEC  $\times$  A para MA, MCG e PG. Esses resultados expressam a importância da investigação dos efeitos de CGC e CEC em pelo menos dois ambientes. A presença de interações significativas entre os efeitos de CGC e de CEC com os ambientes para as características consideradas mostra que os efeitos não são consistentes ao longo dos ambientes (KAMARA et al., 2021). Tendo em vista que as contribuições relativas dos efeitos aditivos e de dominância interagem com os efeitos ambientais, as conclusões a respeito dos efeitos das capacidades geral e específica devem ser particularizadas para cada ambiente. Easterly et al. (2020) ressalta que os programas de melhoramento de trigo devem aproveitar as informações relativas aos ambientes e da interação G  $\times$  A para otimização dos cruzamentos e escolha dos locais de avaliação

As significâncias dos efeitos médios de CGC e da interação CGC  $\times$  A para todas as características, considerando os dois grupos, indicam existência de variabilidade da capacidade geral de combinação, relacionada aos efeitos gênicos aditivos. A significância dos efeitos médios de CEC e da interação CEC  $\times$  A para as características ESPIG, AP, MA, MCG e PG apontam para a existência de variabilidade dos efeitos gênicos não aditivos. Deste modo é possível inferir que ambos os efeitos são importantes no controle de características quantitativas como altura, ciclo, resistência a doenças e produção de grãos (Fellahi et al., 2013). Ainda assim, a superioridade dos componentes quadráticos da CGC dos grupos I e II em relação ao componente quadrático da CEC evidenciada pela estatística  $\theta$ , indica predominância dos efeitos gênicos aditivos em relação aos efeitos não-aditivos (HEI et al., 2016).

A capacidade geral de combinação é função do comportamento médio de um determinado genitor em suas combinações híbridas, ou ainda, da frequência de alelos favoráveis (CRUZ et al., 2012). Deste modo, podemos inferir que existem genitores que contribuem de maneira diferencial para manifestação das características consideradas nas suas descendências, aumentando ou reduzindo seus valores. Essa informação é importante pois, a partir da identificação de genótipos promissores em relação a CGC, temos segurança na escolha de genitores a serem incluídos em futuros blocos de cruzamento (EASTERLY et al., 2020).

A capacidade específica de combinação diz respeito ao comportamento de determinado genitor em combinações específicas, ou ainda, expressa o desvio no comportamento de determinada combinação comparada ao que seria esperado na capacidade geral de combinação dos genitores (TEODORO et al., 2019). Portanto, a CEC está relacionada aos efeitos gênicos não aditivos, principalmente aos desvios de dominância. Sendo assim, sua significância é função da complementariedade gênica ou divergência entre os genitores envolvidos num cruzamento. Neste experimento, a não significância da CEC e da interação CEC  $\times$  A para CE, FER, NEE, NGE, ME e MGE sugere pouca complementariedade entre os genitores para este conjunto de características.

A não significância para o efeito de CEC pode ser resultante da pequena contribuição dos efeitos de dominância para a expressão das características na geração F<sub>2</sub>. Pimentel et al. (2013) constataram ausência de significância da capacidade específica de combinação para produtividade em gerações F<sub>2</sub> e F<sub>3</sub> de trigo. Tendo em vista que na geração F<sub>2</sub> há uma redução pela metade na frequência de *loci* em heterozigose, a avaliação da CEC nessa geração ou em gerações mais avançadas pode proporcionar estimativas viesadas deste efeito. Outra hipótese para a não significância da CEC para as características supracitadas é uma possível divergência genética insuficiente entre os genitores. Sherlosky et al. (2018) afirmaram que há uma certa similaridade genética entre os germoplasmas dos diferentes programas de melhoramento de trigo no Brasil, consequência da Lei 9456 de 1997, que permite o intercâmbio de germoplasma entre as instituições.

#### **4.6 Estimativas de CGC I $\times$ ambiente**

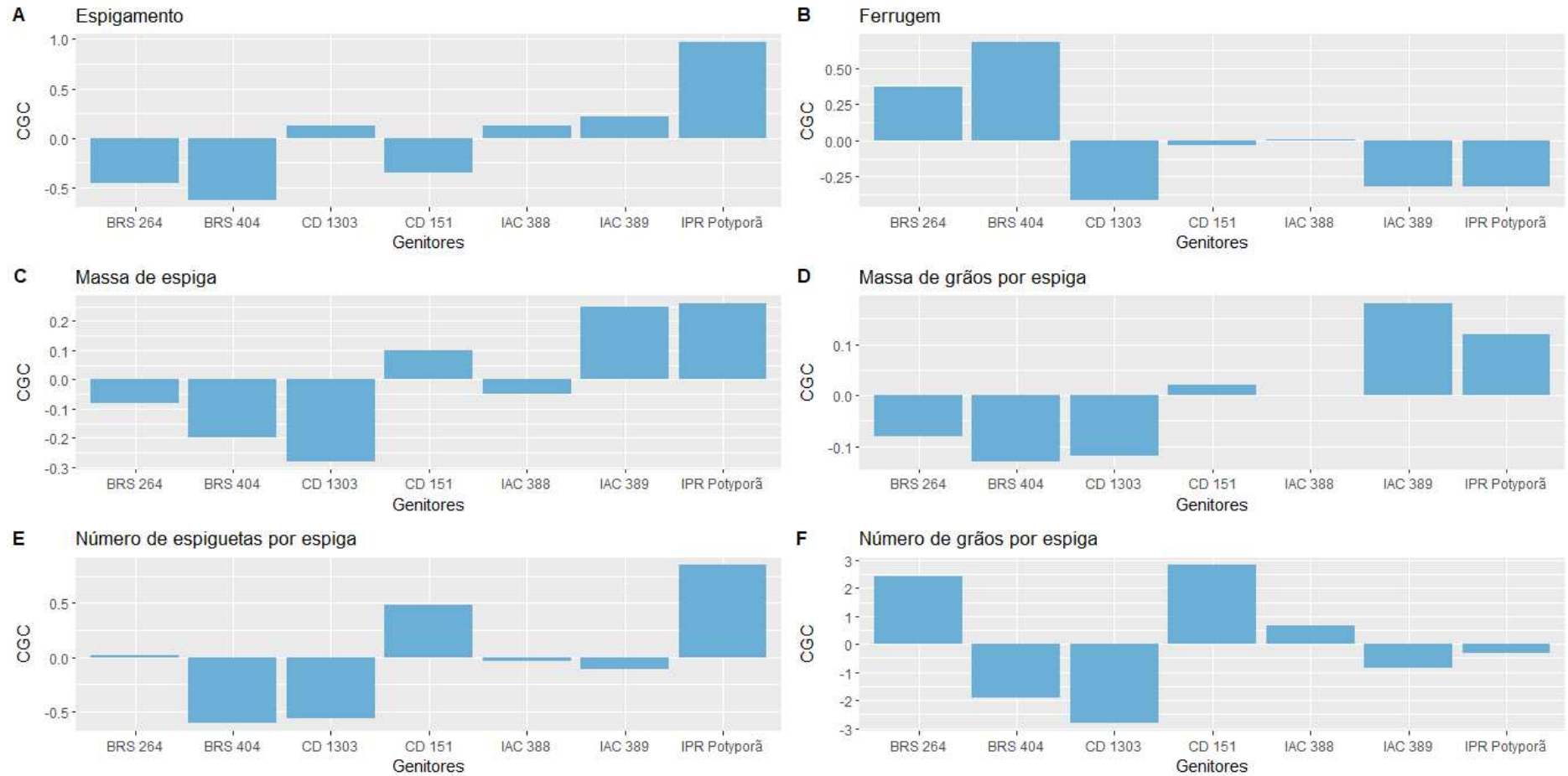
As estimativas dos efeitos médios da CGC I são apresentadas na Figura 1. Valores elevados de CGC, positivos ou negativos, indicam que determinado genitor difere dos demais em relação a frequência de alelos favoráveis. Baixas magnitudes apontam para a não significância do efeito. Considerando as características relacionadas a ciclo e doença deseja-se estimativas altas e negativas. Assim, para a característica espigamento (Figura 1A), os genitores com menores estimativas de CGC foram BRS 404 (-0,62) e BRS 264 (-0,45). Esses resultados eram esperados, visto que as cultivares desenvolvidas pela EMBRAPA apresentam ciclo curto (CASAGRANDE et al. 2020). Considerando a característica Ferrugem (Figura 1B), as

menores estimativas do efeito de CGC foram observadas para CD 1303 (-0,41), IAC 389 (-0,32) e IPR Potyporã (-0,32), indicando a potencial utilização destes genitores em blocos de cruzamento visando a obtenção de populações resistentes à esta doença.

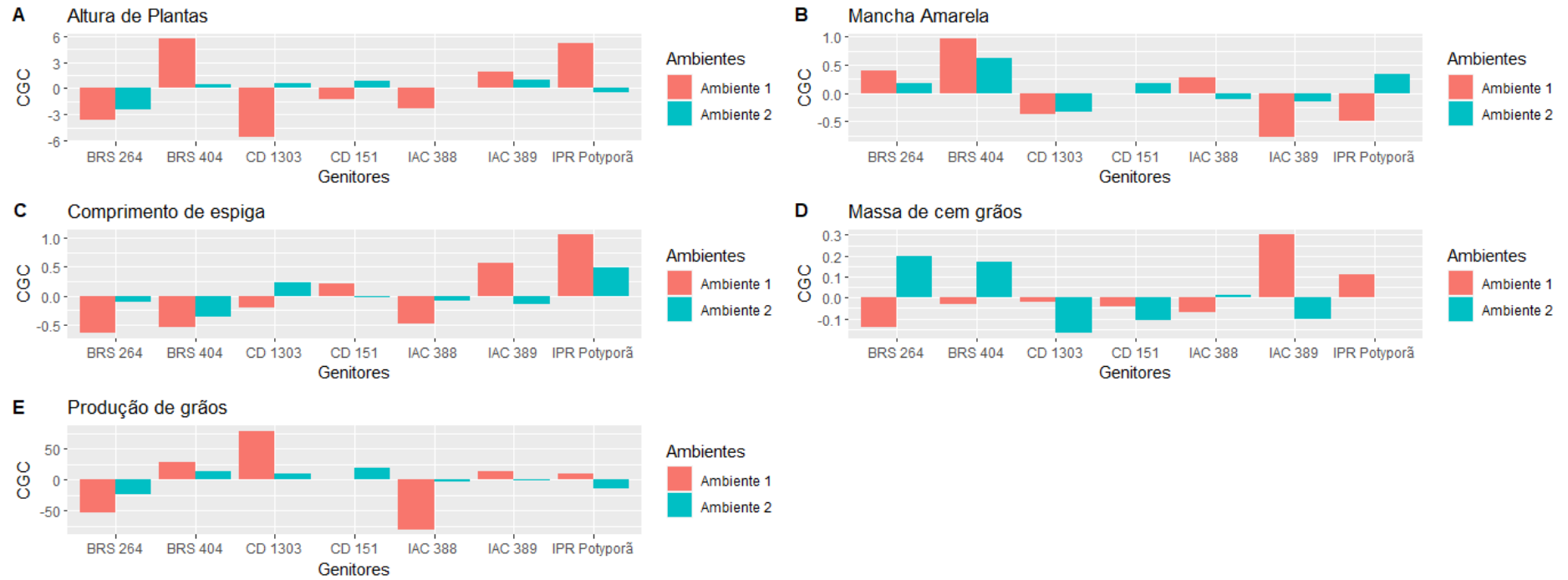
Para massa de espiga (Figuras 1C) as maiores estimativas de CGC I foram atribuídas aos genitores IAC 389 (0,25) e IPR Potyporã (0,26). Esses genitores também apresentaram melhor performance para massa de grãos por espiga (Figura 1D), com valores de 0,18 e 0,12 para IAC 389 e IPR Potyporã, respectivamente. Os genitores que mais contribuíram para o incremento médio no número de espiguetas por espiga (Figura 1E) foram CD 151 (0,48) e IPR Potyporã (0,85), enquanto para a característica número de grãos por espiga (Figura 1F) foram BRS 264 (2,41) e CD 151 (2,81).

A análise da CGC I nos dois ambientes, em decorrência da interação (Figura 2), mostra que os genitores que mais contribuíram para redução da altura de planta foram BRS 264, com valores de -4,48 e -2,44 nos ambientes 1 e 2, respectivamente, e CD 1303 (-5,60) no ambiente 1 (Figura 2A). Para mancha amarela (Figura 2B), os menores valores foram dos genitores IAC 389 (-0,78) e IPR Potyporã (-0,50), no ambiente 1, e CD 1303, com valores -0,37 e -0,33 nos ambientes 1 e 2, respectivamente.

Para o comprimento de espiga (Figura 2C) a maior CGC foi apresentada pelo genitor IPR Potyporã, com valores de 1,05 e 0,49 nos ambientes 1 e 2, respectivamente. Para massa de cem grãos (Figura 2E) o genitor IAC 389 (0,20) teve o maior efeito de CGC no ambiente 1, enquanto no ambiente 2, destacam-se BRS 264 (0,20) e BRS 404 (0,17). Por fim, para a característica produção de grãos, a maior estimativa de CGC no ambiente 1 foi do genitor CD 1303 (79,31). As estimativas deste efeito no ambiente 2 sugerem ser não significantes em virtude das baixas magnitudes.



**Figura 1.** Efeitos médios de CGC I de seis características avaliadas em dois ambientes. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.

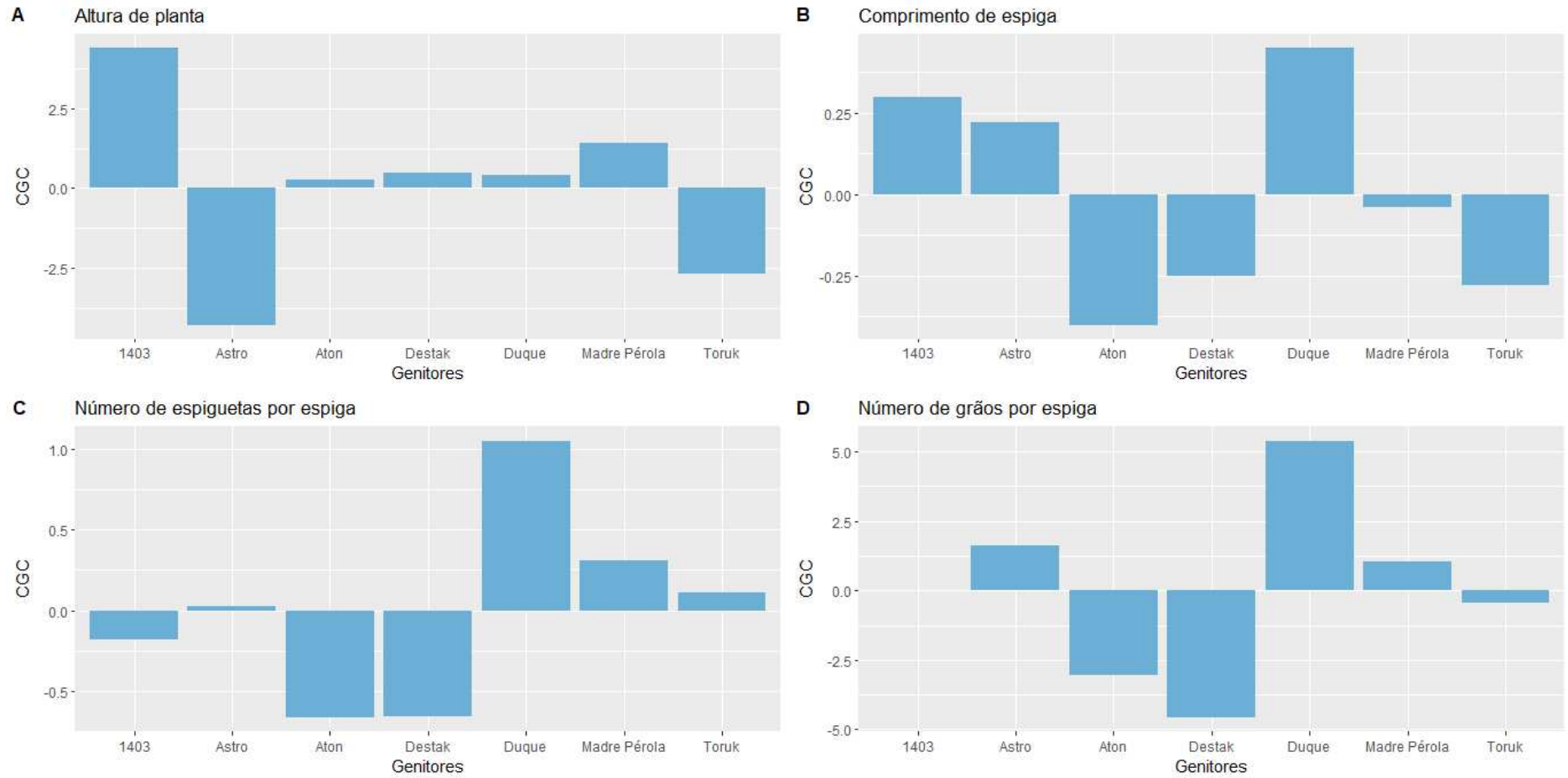


**Figura 2.** Efeitos de CGC I de cinco características, desdobrados nos ambientes 1 e 2. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.

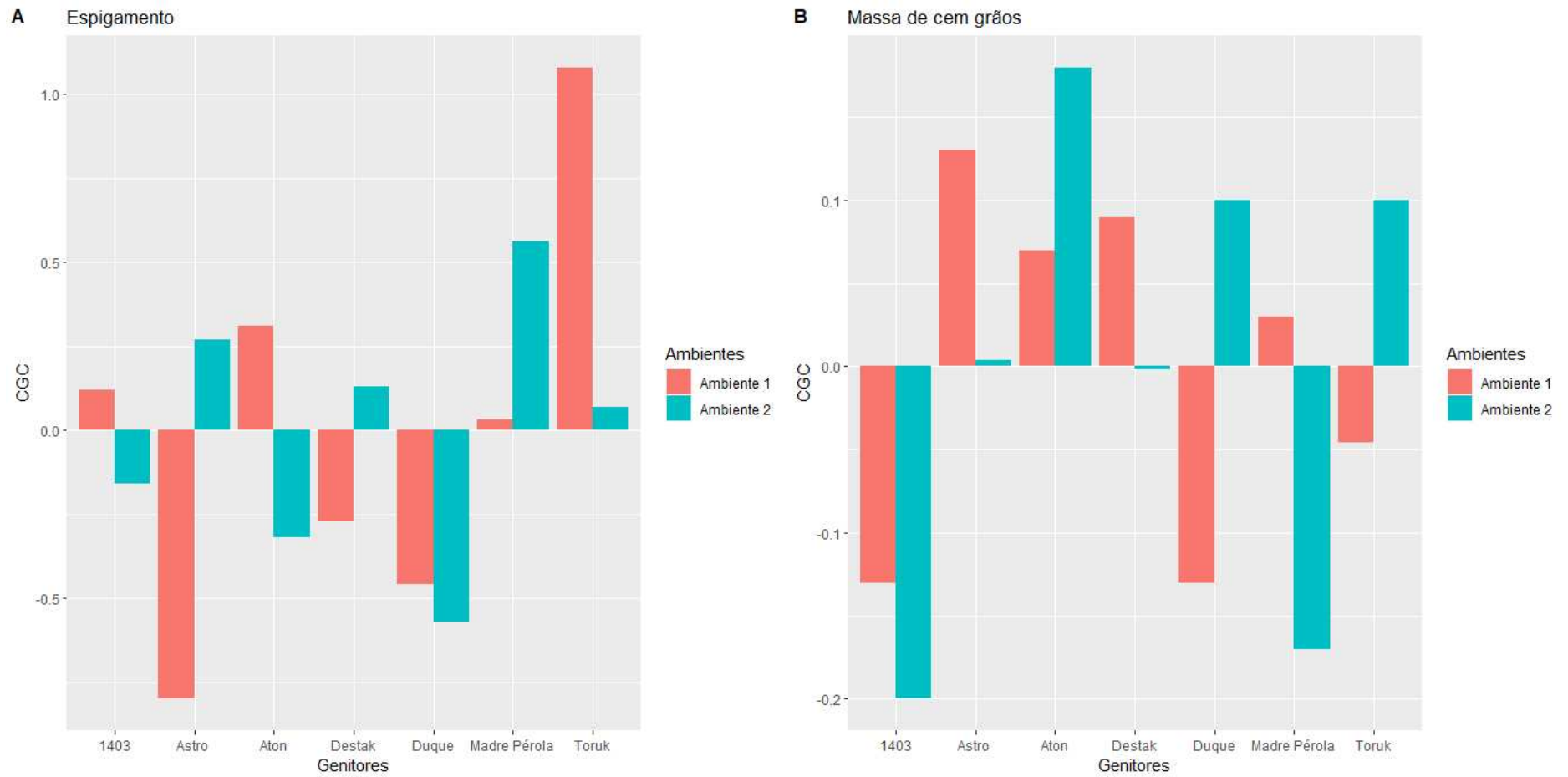
#### 4.7 Estimativas de CGC II × ambiente

As estimativas de CGC II mostram que, para a característica altura de planta (Figura 3A), os maiores contribuintes para redução da estatura em suas descendências são os genitores Astro (-3,03) e Toruk (-2,53). Considerando comprimento de espiga (Figura 3B), número de espiguetas por espiga (Figura 3C) e número de grãos por espiga (Figura 3D), as maiores estimativas de CGC foram apresentadas pelo genitor Duque, com valores 0,44, 1,06 e 5,39, respectivamente.

A interação do efeito de CGC II com o ambiente para a característica espigamento mostra que, no ambiente 1, as menores estimativas do efeito foram apresentadas pelos genitores Astro (-0,79) e Duque (-0,45), enquanto no ambiente 2, os menores valores do efeito foram dos genitores Aton (-0,32) e Duque (-0,57) (Figura 4A). Considerando a característica massa de cem grãos, as maiores estimativas da CGC no ambiente 1 foram observadas nos genitores Astro (0,13) e Destak (0,09), enquanto no ambiente 2, destacam-se Aton (0,17), Duque (0,10) e Toruk (0,10) (Figura 4B).



**Figura 3.** Efeitos médios de CGC II de quatro características em dois ambientes. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.



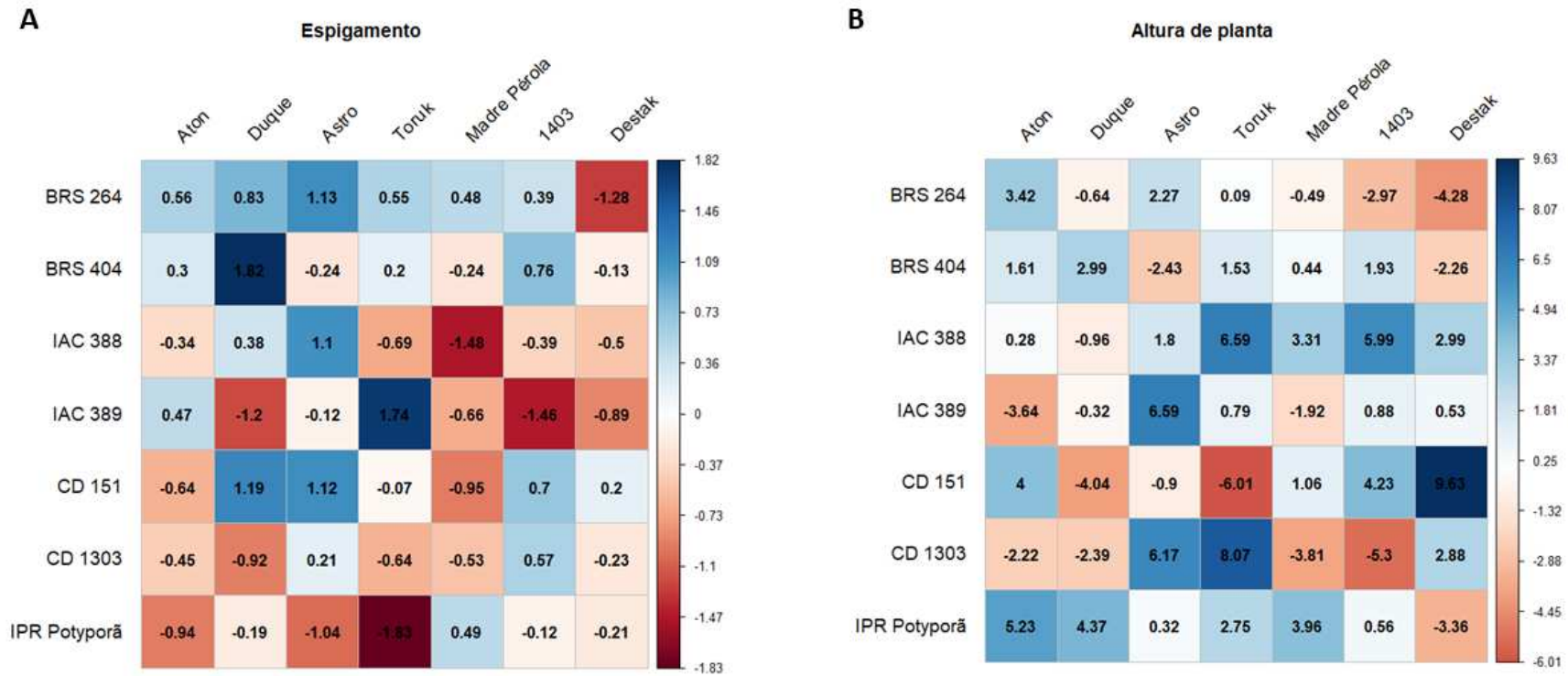
**Figura 4.** Efeitos de CGC II de duas características, desdobrados nos ambientes 1 e 2. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.

#### 4.8 Estimativas de CEC × ambiente

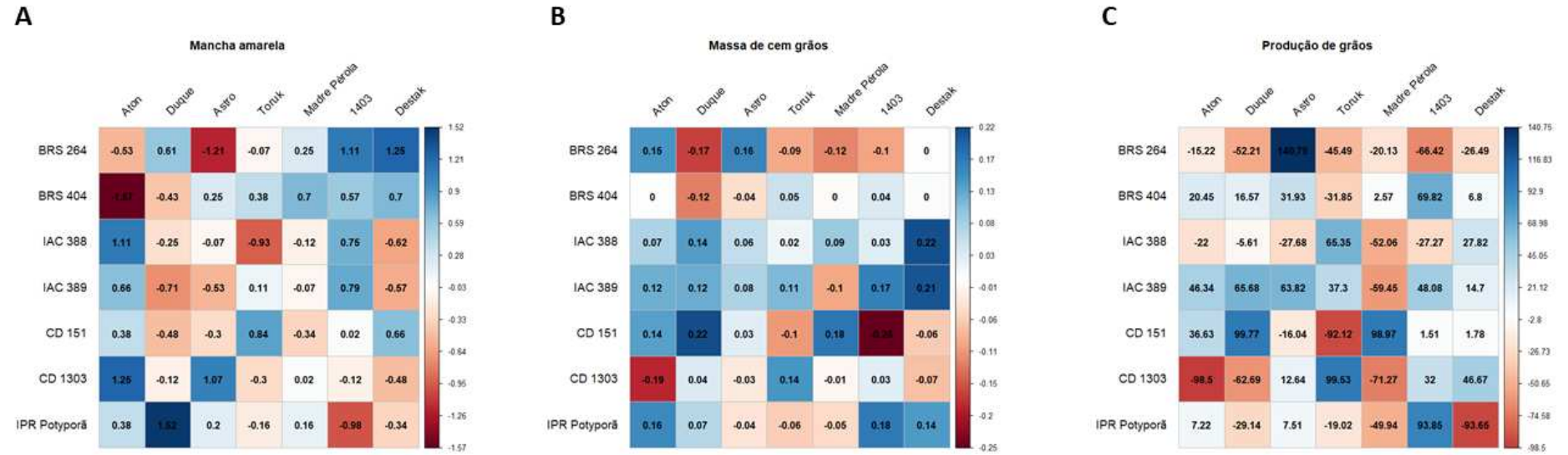
Assim como para CGC, a interpretação da CEC é relativa à sua magnitude e sentido. Deste modo, para as características relacionadas a ciclo, altura e doenças, o interesse maior reside nas estimativas altas e negativas deste efeito. Para produção e componentes de rendimento, desejamos valores altos e positivos. Entretanto, a premissa mais importante para seleção da melhor combinação é que pelo menos um dos genitores envolvidos no cruzamento apresente estimativa alta (positiva ou negativa) para CGC.

Analisando os efeitos médios de CEC para a característica espigamento (Figura 5A) devemos proceder com a seleção da população BRS 264/ Destak (-1,28). Considerando a característica altura de planta (Figura 5B) as melhores foram BRS 404/ Astro (-2,43) e CD 151/ Toruk (-6,01). Para a característica mancha amarela, as menores estimativas de CEC no ambiente 1 foram observadas para IAC 389/ Duque (-0,71) e IPR Potyporã/ 1403 (-0,98) (Figura 6A), e CD 1303/ 1403 (-1,05) no ambiente 2 (Figura 7A).

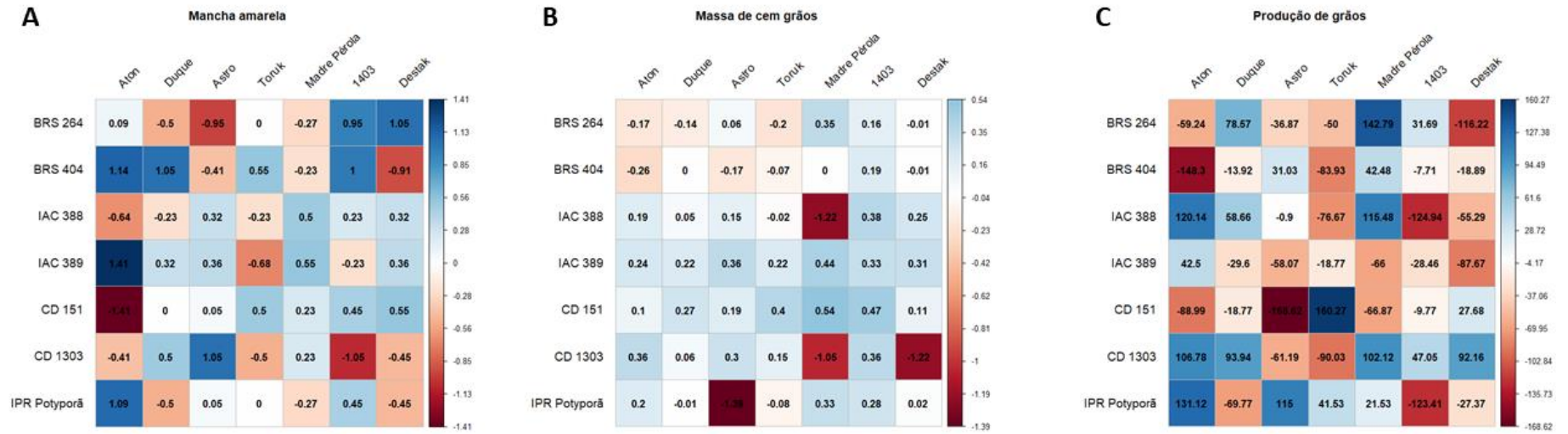
Considerando a característica massa de cem grãos, destacam-se no ambiente 1 as combinações IAC 389/ Destak (0,21), BRS 264/ Astro (0,16), e IPR Potyporã/ Aton (0,16) (Figura 6B). No ambiente 2 as maiores estimativas do efeito foram para BRS 264/ Madre Pérola (0,35), CD 1303/ Aton (0,36) e CD 151/ Toruk (0,4) (Figura 7B). Para a característica produção de grãos, considerando o ambiente 1, a melhor combinação é aquela que possui alta CEC e que envolve o genitor CD 1303, neste caso, é o cruzamento CD 1303/ Toruk (99,53) (Figura 6C). A seleção da combinação mais produtiva no ambiente 2 com base na CEC seria equivocada, uma vez que as CGC dos genitores neste ambiente foram de baixa magnitude.



**Figura 5.** Efeitos médios de CEC entre 14 genitores para duas características em dois ambientes. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.



**Figura 6.** Estimativas dos efeitos de CEC entre 14 genitores para três características avaliadas no ambiente 1. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.



**Figura 7.** Estimativas dos efeitos de CEC entre 14 genitores para três características avaliadas no ambiente 2. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2022.

#### 4.9 Perspectivas das populações de melhoramento

A análise dialélica parcial é uma estratégia eficiente para o estudo das capacidades combinatórias entre um número expressivo de genitores, como neste trabalho (LIMA et al., 2022). As estimativas dos parâmetros CGC e CEC na geração  $F_2$  deram segurança na realização de inferências a respeito do potencial dos genitores e das populações segregantes, corroborando com outros trabalhos (JOSHI et al., 2004; FAKTHONGPAN et al., 2016), além de permitir a condução de ensaios em dois ambientes e captar possíveis interações entre os efeitos gênicos e o efeito ambiental.

Uma importante informação obtida com a realização deste estudo foi a constatação da predominância dos efeitos aditivos em relação aos efeitos não aditivos para maioria das características, corroborando com os resultados obtidos por Valério et al. (2009), Pagliosa et al. (2017) e Hei et al. (2016). Essa informação permite inferir sobre a existência de alelos favoráveis passíveis de serem transmitidos às suas descendências. Quando os efeitos aditivos são pronunciados, maiores são as possibilidades de ganhos expressivos com a seleção, visto que estes efeitos são cumulativos ao longo das gerações e constituem a principal fonte de variabilidade genética a ser explorada pela maioria dos programas de melhoramento de autógamias (TEODORO et al., 2019).

Os desvios de dominância tornam-se de maior importância quando o objetivo do programa de melhoramento consiste no desenvolvimento de híbridos, em vista da exploração do fenômeno da heterose (WHITFORD et al., 2013). A heterose é definida como a superioridade média da  $F_1$  em relação à média de seus genitores (SHULL, 1948) e é função da complementariedade alélica, grau de dominância e interações epistáticas (MELCHINGER et al., 2007). Embora a heterose tenha sido constatada na cultura do trigo para a característica produção de grãos (LONGIN et al., 2013; ADHIKARI et al., 2019), quando o interesse maior reside na obtenção de linhagens, os efeitos aditivos são considerados mais importantes em relação aos desvios de dominância, sendo estes, complicadores do processo de seleção.

A obtenção das estimativas de CGC pode ser extremamente útil nas etapas iniciais de um programa de melhoramento, uma vez que as inferências a respeito dos melhores genitores passam pela interpretação deste parâmetro. Ademais, na ausência de efeitos significativos de CEC, a CGC pode ser utilizada como preditora

do comportamento de determinado genitor em combinações híbridas (PIMENTEL et al., 2013). Considerando o que foi conceituado até o momento, pode-se proceder com a seleção dos melhores genitores de cada grupo para o conjunto de características avaliadas.

Com relação ao ciclo, deve-se aproveitar as capacidades combinatórias dos genitores BRS 264 e BRS 404 (Grupo I), e Duque (Grupo II). Esses genitores, quando envolvidos em um dado cruzamento, contribuem para a redução do ciclo em suas descendências. Visando a redução da altura de planta, destacam-se os genitores CD 1303 e BRS 264 (Grupo I), Astro e Toruk (Grupo II). A obtenção de cultivares com baixa estatura é de interesse principalmente em sistemas de produção irrigado e que fazem uso de adubação nitrogenada em elevada quantidade. Além disso, a redução na altura de plantas de trigo pode estar associada com maior capacidade de resposta a ambientes com estresse hídrico (TAHMASEBI et al., 2014), o que torna interessante a inclusão desses genitores em blocos de cruzamento visando o desenvolvimento de cultivares adaptadas a regiões caracterizadas pela frequente incidência de escassez hídrica (PASINATO et al., 2018).

O desenvolvimento de cultivares resistentes às principais doenças no trigo, deve avaliar o aproveitamento das capacidades combinatórias dos genitores CD 1303 e IAC 389, ambos do Grupo I, para resistência a ferrugem e mancha amarela. Os genitores do grupo II também devem ser incluídos em futuros blocos de cruzamento visando o desenvolvimento de genótipos resistentes às principais doenças, tendo em vista que estes não diferem entre si com relação a frequência de alelos favoráveis para esta característica.

As características número de grãos por espiga e massa de grãos, são consideradas os principais componentes responsáveis pela produtividade de grãos, sendo frequentemente utilizadas na seleção indireta para incremento no rendimento final (SHAMUYARIRA et al., 2021). Neste sentido, atenção especial deve ser dada às capacidades combinatórias dos genitores IPR Potyporã e IAC 389 (Grupo I), e Duque (Grupo II). Para a característica produção de grãos o genitor CD 1303 se destacou em relação a todos os outros quanto a sua capacidade combinatória, o que sugere uma elevada frequência de alelos favoráveis para esta característica e potencial utilização deste genitor no programa de melhoramento de trigo tropical da UFV. Mezzomo et al. (2021) realizaram a predição potencial genético de 56 populações segregantes de

trigo tropical por meio da metodologia de Jinks e Pooni (1976) e concluíram que, de sete populações com maior potencial para obtenção de linhagens superiores quanto a produção de grãos, quatro possuíam a cultivar CD 1303 como genitor.

Para o desenvolvimento de linhagens superiores deve-se avaliar a inclusão dos genitores descritos anteriormente em blocos de cruzamento em virtude de suas capacidades geral de combinação. Entretanto, a informação proveniente a respeito das capacidades específicas de combinação considerando as características governadas por genes cujos *loci* exibem algum desvio de dominância também deve ser considerada. Neste caso, o interesse maior reside na obtenção de segregantes transgressivos capazes de originar linhagens superiores em relação às características desejadas (JOSHI et al., 2004). Assim, os cruzamentos que apresentaram as menores estimativas de CEC para ciclo, altura de planta e mancha amarela foram BRS 264/ Destak, CD 151/ Toruk e CD 1303/ 1403, respectivamente. Considerando produção de grãos destaca-se o cruzamento CD 1303/ Toruk.

Cruzamentos dialélicos são, muitas vezes, utilizados para originar populações com alta média e variabilidade. As informações geradas em decorrência das avaliações desses cruzamentos fornecem parâmetros genéticos que subsidiam a tomada de decisão a respeito da melhor estratégia para condução das populações segregantes. Neste trabalho, a superioridade dos efeitos aditivos em relação aos não-aditivos indica a possibilidade de utilização do método *Single Seed Descent* (SSD) para a condução das populações segregantes (KAMALUDDIN et al., 2007). Uma das vantagens da utilização do método SSD é que este fornece a máxima variância genética aditiva entre as populações, de modo que a seleção nas gerações avançadas será beneficiada pela maior variância genética aditiva existente (BORÉM; MIRANDA, 2013). A predominância dos efeitos aditivos confere também segurança na seleção de populações superiores já nas gerações iniciais (PIMENTEL et al., 2013). Como reflexo disto, teríamos otimização de tempo e recursos no programa de melhoramento de trigo da UFV, concentrando esforços na avaliação das populações realmente promissoras. Modificações nos métodos de condução das populações segregantes podem ser introduzidas, a depender dos objetivos do melhorista.

Quanto a capacidade específica de combinação, pode-se selecionar os melhores cruzamentos, já discutidos anteriormente, para originar segregantes transgressivos em relação às características consideradas. Além disso, cruzamentos

entre as populações selecionadas pode ser uma estratégia interessante em vista da obtenção de recombinantes superiores, sendo aplicável, por exemplo, num programa de seleção recorrente. Essa estratégia permitiria a quebra de possíveis ligações existentes entre genes, promoção da recombinação e concentração de alelos favoráveis no *pool* gênico (JOSHI et al., 2004), possibilitando o melhoramento contínuo das características com manutenção simultânea da variabilidade genética existente. Após sucessivos ciclos de seleção, pode-se proceder com a inclusão de novos genitores para a ampliação da variabilidade, concomitante ao deslocamento da média no sentido desejado.

## 5 CONCLUSÕES

Os genitores com maior frequência de alelos favoráveis são: BRS 264 e BRS 404 (Grupo I), Astro e Duque (Grupo II) para ciclo; CD 1303 e BRS 264 (Grupo I), Astro e Toruk (Grupo II) para altura de plantas; CD 1303 e IAC 389 do grupo I e todos os sete genitores do grupo II para resistência a doenças; IPR Potyporã e IAC 389 (Grupo I), e Duque (Grupo II) para componentes de rendimento; e CD 1303 para produção de grãos.

As populações com maior potencial para originar progênes superiores são: BRS 264/ Destak, CD 151/ Toruk, CD 1303/ 1403 e CD 1303/ Toruk para ciclo, altura de planta, mancha amarela e produção de grãos, respectivamente.

## 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABRAHA, M.T.; SHIMELIS, H.; SOLOMON, T; HAILU, A. Genotype-by-environment interaction and selection of elite wheat lines under variable rainfall conditions in northern Ethiopia. **Journal of Crop Improvement**, v.33, n.6, p.797-813, 2019.

ADHIKARI, A.; IBRAHIM, A.M.H.; RUDI, J.C.; BAENZINGER, P.S.; SARAZIN, J.B. Estimation of heterosis and combining abilities of U.S. winter wheat germplasm for hybrid development in Texas. **Crop Science**, p.1-16, 2020.

AGAHI, K.; AHMADI, J.; OGHAN, H. A.; FOTOKIAN, M. H.; ORANG, S. F. Analysis of genotype x environment interaction for seed yield in spring oilseed rape using the AMMI model. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.20, n.1, p.1-8, 2020.

BARROSO, P.A.V.; HOFFMANN, L.V. **Métodos de predição do comportamento de populações de melhoramento**. 1.ed. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2003. 38p.

BAKER, R.J. Issues in diallel analysis. **Crop Science**, v.18, n.4, p.533-536.

BENIN, G.; STORCK, L.; MARCHIORO, V.S.; FRANCO, F.A.; SCHUSTER, I. Precisão experimental de ensaios de trigo em regiões homogêneas de adaptação. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.4, p.365-372, 2013.

BEDŌ, Z.; LÁNG, L. Wheat Breeding: Current Status and Bottlenecks. In MOLNAR, M.; CEOLONI, C.; DOLEZEL, J. **Alien Introgression in Wheat: Cytogenetics, Molecular Biology and Genomics**. Martonvásár: Springer International Publishing, 2015. cap. 3, p. 77-101.

BENIN, G.; SILVA, G.O.; PAGLIOSA, E.S.; LEMES, C.; SIGNORINI, A.; BECHE, E.; CAPELIN, M.A. Combining ability of wheat genotypes estimated by multivariate analysis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.1145-1151, 2009.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.de.; OLIVEIRA, A.C.de. Parental Selection Strategies in Plant Breeding Programs. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v.10, p.211-222, 2007.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V.; **Melhoramento de Plantas**. 6.ed. Viçosa: UFV, 2013. 523p.

BORNHOFEN, E.; BENIN, G.; STORCK, L.; WOYANN, L.G.; DUARTE, T.; STOCO, M.G; MARCHIORO, S. V. Statistical methods to study adaptability and stability of wheat lines. *Bragantia*, v.76, n.1, p.1-10, 2017

BHULLAR, G.S.; GILL, K.S.; KHEHRA, A.S. Combining ability analysis over F1-F5 generations in diallel crosses of bread wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v.55, p.77-80, 1979.

CAIERÃO, E.; SCHEEREN, P.L.; SILVA, M.S.; CASTRO, R.L. History of wheat cultivars released by Embrapa in forty years of research. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.14, n.4, p.216-223, 2014.

CASAGRANDE, C.R.; MEZZOMO, H.C.; CRUZ, C.D.; BORÉM, A.; NARDINO, M. Choosing parent tropical wheat genotypes through genetic dissimilarity based on REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** v.20, n.3, p.1-10, 2018.

CERESINI, P.C.; CASTROAGUDIN, V.L.; RODRIGUES, F.A.; RIOS, J.A.; AUCIQUE-PEREZ, C.E.; MOREIRA, S.I.; CROLL, D.; ALVES, E.; CARVALHO, G.; MACIEL, J.L.N; McDONALD, B.A. Wheat blast: from its origins in South America to its emergence as a global threat. **Molecular Plant Pathology**, v.20, n2, p. 155–72, 2019.

COELHO, I.F.; ALVES, R.S.; ROCHA, J.A.S.C; PEIXOTO, M.A.; TEODORO, L.P.R.; TEODORO, P.A.; PINTO, J.F.N.; REIS, E.F.; BHERING, L.L. Multi-trait multi-environment diallel analyses for maize breeding. **Euphytica**, 216:144, 2020.

CONAB, 2021. **Análise mensal, trigo.** Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuário-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-mensal-de-trigo>> Acesso em 05 dez. 2021.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4.ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C.D. Genes software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 38, n. 4, p.547-552, 2016.

DE MORI, C. Aspectos econômicos da produção e utilização. In BORÉM, A.; SCHEEREN, P.L. **Trigo do plantio à colheita.** UFV: Viçosa, 2015. p. 11-34.

DHILLON, B.S. Partial diallel crosses in multi environment. **Biometrical Journal**, v. 20, n. 3, p.279-283, 1978.

EASTERLY, A.C.; GARST, N.; BELAMKAR, V.; IBRAHIM, A.M.H.; RUDD, J.C.; SARAZIN, JB.; BAENZIGER, P.S. Evaluation of hybrid wheat yield in Nebraska. **Crop Science**, v.60, p.1210-1222, 2020.

EMBRAPA. **Informações técnicas para trigo e triticales: safra 2020.** Embrapa Trigo, 2020. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1123960/informacoes-tecnicas-para-trigo-e-triticales-safra-2020>>. Acesso em: 02 mar. de 2021.

FAKTHONGHPHAN, J.; GRAYBOSCH, R.A.; BAEZINGER, P.S. Combining ability for tolerance to pre-harvest sprouting in common wheat (*Triticum aestivum* L.). **Crop Science**, v.56, p.1025-1035, 2016.

FELDMAN, M.; LUPTON, F. G. H.; MILLER, T. E. Wheats. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. **Evolution of crop plants**. Harlow: Longman, 1995. p. 184-192.

FELLAHI, Z.E.A.; HANNACHI, A. BOUZERZOUR, H.; BOUTEKRABT, A. Line × tester mating design analysis for grain yield and yield related traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **International Journal of Agronomy**, v.6, p.1–9, 2013.

FELLAHI, Z.E.A.; HANNACHI, A.; BOUZERZOUR, H.; DREISIGACKER, S.; YAHYAOU, A.; SEHGAL, D. Genetic analysis of morpho-physiological traits and yield components in F<sub>2</sub> partial diallel crosses of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **Revista Facultad Nacional de Agronomía**, v.70, p.8237-8250, 2017.

GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v.22, p.439-452, 1966.

GODDARD, R.; STEED, A.; CHINOY, C. et al. Dissecting the genetic basis of wheat blast resistance in the Brazilian wheat cultivar BR 18-Terena. **BMC Plant Biology**, v.20, p.1-15, 2020.

GOWDA, M.; LONGIN, C.F.H.; LEIN, V.; REIF, J.C. Relevance of specific versus general combining ability in winter wheat. **Crop Science**, v.52, p.2494-2500, 2012.

GRIFFING, B. Concept of general and specific ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, n. 4, p. 462- 93, 1956.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B.; **Quantitative genetics in maize breeding**. 3.ed. New York: Springer, 2010. 663p.

HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, v.39, p.789-809, 1954.

HAZARD, B.; TRAFFORD, K.; LOVEGROVE, A.; GRIFFTS, S.; UAUY, C.; SHEWRY, P. Strategies to improve wheat for human health. **Nature Food**, v.1, p.475-480, 2020.

HEI, N.; HUSSEIN, S.; LAING, M. Heterosis and combining ability of slow rusting stem rust resistance and yield and related traits in bread wheat. **Euphytica**, v.207, p.501-514, 2016.

HUANG, S.; SIRIKHACHORNKIT, A.; SU, X.; FARIS, J. D., GILL, B. S.; HASELKORN, R. Genes encoding plastid acetyl-CoA carboxylase and 3-phosphoglycerate kinase of the Triticum/ Aegilops complex and the evolutionary history of polyploid wheat. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 99, p. 8.133-8.138, 2002.

HUANG, M.; CHEN, L.; CHEN, Z.Q. Diallel analysis and heterosis for yield and yield components in rice by using positive loci. **Euphytica**, v.205, p.1-14, 2015.

JAVAID, A.; MASOOD, S.; MINHAS, N.M. Analysis of combining ability in wheat (*Triticum aestivum* L.) using F2 generation. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, v.4, p.1303-1305, 2001.

JINKS, J.L.; POONI, H.S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived single seed descent. **Heredity**, v.36, p.243-266.

JOSHI, S.K.; SHARMA, S.N.; SINGHANIA, D.L.; SAIN, R.S. Combining ability in the F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> generations of diallel cross in hexaploidy wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). **Hereditas**, v.141, p.115-121, 2004.

KAMALUDDIN; SINGH, R.M.; PRASAD, L.C.; ABDIN, M.Z.; JOSHI, A.K. 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.

KAMARA, M.M.; IBRAHIM, K.M.; MANSOUR, E.; KHEIR A.M.S.; GERMOUSH, M.O.; EL-MONEIM, D.A.; MOTAWEI, M.I.; ALHUSAYS, A.Y.; FARID, M.A.; REHAN, M. Combining ability and gene action controlling grain yield and its related traits in bread wheat under heat stress and normal conditions. **Agronomy**, v.11, p.1-27, 2021.

LADO, B.; BARRIOS, P.B.; QUINCKE, M.; SILVA, P.; GUTIÉRREZ, L. Modeling genotype × environment interaction for genomic selection with unbalanced data from a wheat breeding program. **Crop Science**, v.56, p.2165-2179, 2016.

LAMARI, L.; BERNIER, C.C. Evaluation of wheat lines and cultivars to tan spot (*Pyrenophora Tritice-Repentis*) based on lesion type. **Canadian Journal of Plant Pathology**, v.11, p.49-56, 1989.

LIMA, G.W.; SILVA, C.M.e.; MEZZOMO, H.C.; CASAGRANDE, C.R.; OLIVOTO, T.; BORÉM, A.; NARDINO, M. Genetic diversity in tropical wheat germplasm and selection via multi-trait index. **Agronomy Journal**, 2022.

LONGIN, C.F.H.; GOWDA, M.; MÜHLEISEN, J.; EBMEYER, E.; KAZMAN, E.; SCHACHSCHNEIDER, R.; SCHACHT, J.; KIRCHHOFF, M.; ZHAO, Y.; REIF, J.C. Hybrid wheat: quantitative genetic parameters and consequences for the design of breeding programs. **Theoretical and Applied Genetics**, v.126, p.2791–2801, 2013.

MACIEL, J.L.N.; DANELLI, A.L.D.; BOARETTO, C.; FORCELINI, C.A. Diagramatic scale for the assessment of blast on wheat spikes. **Summa Phytopathologica**, v.39, p. 162-166, 2013

McINTOSCH, R.A.; WELLINGS, C.R.; PARK, R.F. **Wheat Rusts: An Atlas of Resistance Genes**. Melbourne: CSIRO Publishing, 1995. 200p.

McVETTY, P.B.E. & EVANS L.E. Breeding methodology in wheat. II. Productivity, harvest index, and height measured on F2 spaced plants for yield selection in spring wheat. **Crop Science**, v.20, n.5, p.587-589, 1980.

MELCHINGER, A.E.; UTZ, H.F.; PIEPHO, H.P.; ZENG, Z.B.; SCHÖN, C.C. The role of epistasis in the manifestation of heterosis: a systems-oriented approach. **Genetics**, v.177, n.3, p.1815-1825, 2007.

MEZZOMO, H.C.; CASAGRANDE, C.R.; SOUSA, D.J.P.S.; BORÉM, A.; SILVA, F.F.e.; NARDINO, M. 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.

MIA, M.S.; LIU, H.; WANG, X.; LU, Z.; YAN, G. Response of wheat to post-anthesis water stress, and the nature of gene action as revealed by combining ability analysis. **Crop & Pasture Science**, v.68, p.534-543, 2017.

MOURA, L.M.; ANJOS, R.S.R.; BATISTA, R.O.; VALE, N.M.V.; CRUZ, C.D.; CARNEIRO, J.E.S.; MACHADO, J.C.; CARNEIRO, P.C.S. Combining ability of common bean parents in different seasons, locations and generations. **Euphytica**, v.214, p.181-194, 2018.

MULBAH, Q.S.; SHIMELIS, H.S.; LAING, M.D. Combining ability and gene action of three components of horizontal resistance against rice blast. **Euphytica**, v.206, p.805-814, 2015.

MWADZINGENI, L.; SHIMELIS, H.; TSILO, T.J. Combining ability and gene action controlling yield and yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under drought-stressed and nonstressed condition. **Plant Breeding**, v.1, p.1-12, 2018.

NAGAR, S.S; KUMAR, P.; VISHWAKARMA, SR.; GUPTA, V. Diallel analysis of some grain yield traits in wheat. **Wheat and Barley Research**, v.10, p.45-51, 2018.

NARDINO, M.; BARROS, W.S.; OLIVOTO, T.; CRUZ, C.D.; SILVA, F.F.e.; PELEGRIN, A.J.de.; SOUZA, V.Q.de.; CARVALHO, I.R.; SZARESKI, V.J.; OLIVEIRA, A.C.; MAIA, L.C.da.; KONFLANZ, V.A. Multivariate diallel analysis by factor analysis for establish mega-traits. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v.92, p.1-19.

OLIVEIRA, J. P.; CHAVES, L. C.; DUARTE, J. B.; BRASIL, E. M.; FERREIRA JÚNIOR, L. T.; RIBEIRO, K. O. Teor de proteína no grão em população de milho de 47 alta qualidade protéica e seus cruzamentos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 34, n. 1, n. 1, p. 45–51, 2004.

PADEREWSKI, J., GAUCH JR, H. G., MADRY, W. & GACEK, E. AMMI analysis of four-way genotype × location × management × year data from a wheat trial in Poland. **Crop Science**, v.56, n.5, p.2157-2164, 2016.

PAGLIOSA, E.S.; BENIN, G.; BECHE, E.; SILVA, C.L.; MILIOLI, A.S.; TONATTO, M. Identifying superior spring wheat genotypes through diallel approaches. **Australian Journal of Crop Science**, v.11, p.112-117, 2017.

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

PELEGRIN, A.J.; NARDINO, M.; CARVALHO, I.R.; SZARESKI, V.I.; FERRARI, M.; CONTE, G.G.; OLIVEIRA A.C.; SOUZA, V.Q.; MAIA, L.C. Combining ability as a criterion for wheat parents selection. **Functional Plant Breeding**, v.2, n.1, p.1-11.

PIANA, C.F.B.; CARVALHO, F.I.F. Trigo. In BARBIERI, R.L.; STUMPF, E.R.T. **Origem e evolução das plantas cultivadas**. Brasília: Embrapa, 2008, p. 821-852.

PIMENTEL, A.J.B. **Seleção genitores e predição do potencial genética de populações segregantes de trigo**. 2010. 34 p. Teses (Doutorado). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

PIMENTEL, A.J.B.; SOUZA, M.A.de.; CARNEIRO, P.C.S.; ROCHA, J.R.A.S.C.; MACHADO, J.C.; RIBEIRO, G. Partial diallel analysis in advanced generations for selection of wheat segregating populations. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.12, p.1555-1561, 2013.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: FALQ, 2009. 451p.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing (version 4.0.2) [Software]. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2020.

RESENDE, M.D.V.de; ALVES, R.S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding**, v.2, n.2, p.1-31, 2020.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.V. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.

ROCHA, F.da.; STINGHEN, J.C.; GEMELI, M.S.; COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F. Diallel analysis as a toll when selecting parentes for beans. **Revista Ciência Agronômica**, v.45, p.74-81, 2014.

SANTOS, E.A.; ALMEIDA, A.A.F.; AHNERT, D.; BRANCO, M.C.S.; VALLE, R.R.; BALIGAR, V.C. Diallel analysis and growth parameters as selection tools for drought tolerance in young *Theobroma cacao* plants. **Plos One**, v.11, n.8, p.1-22, 2016.

SCHEEREN, P.L.; CAIERÃO, E. Cultivares. In: BORÉM, A.; SCHEEREN, P.L. **Trigo do plantio à colheita**. UFV: Viçosa, 2015. p. 91-119.

SHAMUYARIRA, K.W.; SHIMELIS, H.; MATHEW, I.; ZENGENI, R.; CHAPLOT, V. A meta-analysis of combining ability effects in wheat for agronomic traits and drought adaptation: implications for optimizing biomass allocation. **Crop Science**, p.1-18, 2018.

SHERLOSKEY, A.; MARCHIORO, V.S.; FRANCO, F.A.; BRACCINI, A.L.; SHUSTER, I. Genetic variability of Brazilian wheat germplasm obtained by high-density SNP genotyping. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.18, n.4, p.399-408, 2018.

SHULL, G.H. What is "heterosis"? **Genetics**, v.33, p.439-446.

SILVA, C.M.e.; MEZZOMO, H.C.; CASAGRANDE, C.R.; LIMA, G.W.; OLIVOTO, T.; NARDINO, M. Selection of tropical wheat lines based on classical and modern parameters of adaptability and stability. **Bulgarian Journal of Agricultural Science**, v.27, n.5, p.933-941, 2020.

SILVA, H.D.; FERREIRA, D.F.; PACHECO, C.A.P. Avaliação de quatro alternativas de análise de experimentos em látice quadrado, quanto à estimação de componentes de variância. **Bragantia**, v. 59, n.1, p.117-123, 2000.

SOUSA, C. N. A. de; ROSA, O. de S. Multiplicar o grão. **Ciência Hoje**, v. 3, p. 46-52, 1985.

STACK, R. W; McMULLEN, M. P. **A visual scale to estimate severity of fusarium head blight in wheat**. North Dakota State University of Agriculture and Applied

Science; USDA, 1995. 2 p. Folder. PP-1095.

TADASSE, W.; SANCHEZ-GARCIA, M.; ASSEFA, S.G.; AMRI, A.; BISHAW, Z.; OGBONNAYA, F.C.; BAUM, M. **Crop Breeding, Genetics and Genomics**, v.1, p. 1-28, 2019.

TAHMASEBI, S.; HEIDARI, B.; PAKNIYAT, H.; KAMALI, J.; REZA, M. Independent and combined effects of heat and drought stress in the Seri M82 9 Babax bread wheat population. **Plant Breeding**, v.133, p.702–711, 2014.

TEODORO, L.P.R.; BHERING, L.L.; GOMES, B.E.L.; CAMPOS, C.N.S.; BAIIO, F.H.R.; GAVA, R.; SILVA JÚNIOR, C.A.; TEODORO, P.A. Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. **PolsOne**, v.14, n.12, p.1-13, 2019.

TERRILE, I.I.; MIRALLES, D.J.; GONZÁLES, F.G.; Fruiting efficiency in wheat (*Triticum aestivum* L.): trait response to different growing conditions and its relation to spike dry weight at anthesis and grain weight at harvest. **Field Crops Research**, v.201, p.86-96, 2017.

USDA, 2021. **Grain: World Markets and Trade**. Disponível em: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/grain-wheat.pdf>> Acesso em 23 set. 2021.

VALÉRIO, I.P.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; SOUZA, V.Q.; BEIN, G.; SCHIMDT, A.M.S.; RIBEIRO, G.; NORBERG, R.; LUCH, H. Combining ability of wheat genotypes in two models of diallel analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.9, p.100-107, 2009.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade brasileira de genética, 1992. 496p.

VIANA, J.M.S.; CRUZ, C.D.; CARDOSO, A.A. Theory and analysis of partial diallel crosses. **Genetics and Molecular Biology**, v.22, p. 591-599, 1999.

WHITFORD, R.; FLEURY, D.; REIF, J.C.; GARCIA, M.; OKADA, T.; KORZUN, V.; LANGRIDGE, P. Hybrid breeding in wheat: technologies to improve hybrid wheat seed production. **Journal of Experimental Botany**, v.64, n.18, p.5411-5428, 2013

WÜRSCHUM, T.; LEISER, W.L.; LANGER, S.M.; TUCKER, M.R.; LONGIN, C.F.H. Phenotypic and genetic analysis of spike and kernel characteristics in wheat reveals long-term genetic trends of grain yield components. **Theoretical and Applied Genetics**, v.131, p.2071-2084, 2018.

ZADOKS, J.C.; CHANG, T.T.; KONZAK, C.F.; A decimal code for the growth stages of cereals. **Weed Research**, v.14, p.415-421, 1974.