

**VICTOR SILVA SIGNORINI**

**POTENCIAL AGRONÔMICO DE LINHAGENS DE TRIGO PARA A REGIÃO  
TROPICAL**

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

Orientador: Maicon Nardino

**VIÇOSA – MINAS GERAIS  
2022**

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

T

S578p  
2022

Signorini, Victor Silva, 1994-  
Potencial agrônômico de linhagens de trigo para a região  
tropical / Victor Silva Signorini. – Viçosa, MG, 2022.  
1 dissertação eletrônica (44 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Maicon Nardino.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Agronomia, 2022.

Referências bibliográficas: f. 40-44.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2022.301>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Trigo - Melhoramento genético. 2. Melhoramento de  
cultivos agrícolas. 3. Análise multivariada. I. Nardino, Maicon,  
1988-. II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de  
Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia.  
III. Título.

CDD 22. ed. 633.11

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

VICTOR SILVA SIGNORINI

POTENCIAL AGRONÔMICO DE LINHAGENS DE TRIGO PARA A REGIÃO  
TROPICAL

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

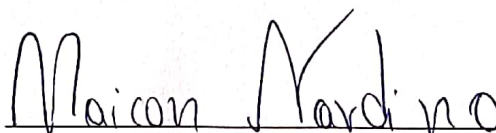
APROVADA: 22 de fevereiro de 2022

Assentimento:



---

Victor Silva Signorini  
Autor



---

Maicon Nardino  
Orientador

## **AGRADECIMENTOS**

À minha mãe Beatriz Maria Fonseca Silva pelo apoio incondicional durante toda a minha trajetória.

Ao meu pai Alexandre Signorini de Paula por ser minha grande referência e guia.

Aos colegas do PROGRAMA TRIGO-UFV pelo aprendizado, companheirismo e auxílio durante as atividades.

Ao professor Maicon Nardino pela orientação, ensinamentos, paciência e liderança.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico (CNPq) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pelo fomento às pesquisas desenvolvidas.

À Universidade Federal de Viçosa e à nação brasileira pela oportunidade de aprender, estudar e vivenciar momentos especiais em uma instituição pública de qualidade.

## RESUMO

SIGNORINI, Victor Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2022. **Potencial de linhagens de trigo do programa de melhoramento da UFV.** Orientador: Maicon Nardino.

Atualmente, a triticultura brasileira tem se expandido para regiões de clima tropical, mais notadamente para o bioma Cerrado. De acordo com dados recentes da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), no ano de 2021, a produção nacional atendeu a 62% da demanda interna de trigo, evidenciando a dependência de importação do grão. A expansão para novas fronteiras pode ser alcançada através do melhoramento genético, com formação da população-base e seleção de genótipos adaptados às condições tropicais. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho agrônômico e selecionar linhagens do PROGRAMA TRIGO-UFV para compor o Ensaio Preliminar de Linhagens (EPL), bem como de realizar um estudo de diversidade genética dos candidatos. Foram realizados dois experimentos nas safras de inverno de 2020 e 2021, entre junho e outubro, na Unidade Experimental de Pesquisa e Extensão Professor Diogo Alves de Mello da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa-MG. Foram avaliadas 111 linhagens  $F_{4:6}$  e 88 genótipos  $F_{4:7}$ , e 10 e 12 testemunhas, em delineamento em látice simples  $11 \times 11$  e triplo  $10 \times 10$ . Os caracteres avaliados foram: altura de planta (AP, cm), espigamento (ESP, dias), resistência à ferrugem e mancha amarela (FE e MA, nota de doença), massa de cem grãos (MCG, g), peso do hectolitro (PH,  $\text{kg } 100\text{L}^{-1}$ ) e rendimento de grãos (RG,  $\text{kg ha}^{-1}$ ). Os dados foram submetidos à análise de variância, e os genótipos foram selecionados com base no índice da distância genótipo-ideótipo. A diversidade genética foi analisada pela análise de componentes principais. Em ambas as safras foram selecionadas 15 linhagens. Os ganhos preditos para as variáveis foram de -1,09%, -1,71%, 15,29%, 17,08%, 4,66%, 1,23%, 21,99% na geração  $F_{4:6}$  e -2,08%, -1,29%, 36,18%, 8,41%, 5,71%, 1,37% e 23,67% na geração  $F_{4:7}$ . Os dois componentes principais da ACP acumularam 59,23% da variância dos dados originais, indicando alta complexidade do conjunto de dados. Conclui-se que a seleção simultânea de caracteres foi eficiente em proporcionar ganhos satisfatórios nas variáveis em estudo, e as linhagens do PROGRAMA TRIGO-UFV possuem grande potencial de desempenho na região tropical brasileira.

Palavras-chave: Melhoramento do trigo. Índice de seleção. Análise multivariada.

## ABSTRACT

SIGNORINI, Victor Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2022. **Potential of wheat lines from UFV breeding program.** Advisor: Maicon Nardino.

The Brazilian triticulture nowadays is marked by the expansion into regions with a tropical climate, most notably to the Cerrado biome. According to the National Supply Company (CONAB) latest data, the national production supplied 62% of Brazil's consumption demand, denoting Brazilian dependence on imports. This expansion is enabled by the wheat breeding process, generating diverse base populations and selection of genotypes adapted to tropical conditions. This study aims to evaluate the agronomic performance and select wheat lines developed by UFV Wheat Breeding Program, to posterior composition of a Preliminary Lines Trial, as well as an exploratory analysis of the genetic diversity of the candidates. The field experiments were conducted in two different environments, during 2020 and 2021 winter seasons, between June and October, at the Professor Diogo Alves de Mello experimental area of the Federal University of Viçosa (UFV), Viçosa, MG, Brazil. 111 F<sub>4:6</sub> and 88 F<sub>4:7</sub> lines were evaluated with 10 and 12 commercial cultivars, in a simple lattice design 11×11 and triple lattice design 10×10, respectively. The traits measured were: plant height (AP, cm), heading date (ESP, number of days), wheat leaf rust and wheat tan spot resistance (FE and MA, disease note), hundred grain weight (MCG, g), hectoliter weight (PH, kg 100L<sup>-1</sup>) and grain yield (GY, kg ha<sup>-1</sup>). The data were submitted to analysis of variance, and the genotypes were selected with the genotype-ideotype distance index. The genetic diversity was assessed through the principal component analysis. It was selected 15 lines through the index. The predicted gains for the variables were -1,09%, -1,71%, 15,29%, 17,08%, 4,66%, 1,23%, 21,99% in 2020 and -2,08%, -1,29%, 36,18%, 8,41%, 5,71%, 1,37% e 23,67% in 2021. The two first principal components formed in the PCA explained 59,23% of the total variance, indicating high complexity of the original dataset. In conclusion, the genotype-ideotype index was successful in achieving well distributed and desired gains between the traits evaluated, and the UFV Wheat Program Breeding lines has great potential in Brazil's central region.

Keywords: Wheat breeding. Selection indices. Multivariate analysis.

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

<b>Figura 1.</b> <i>Boxplots</i> das variáveis analisadas no experimento..	27
<b>Figura 2.</b> Gráfico de radar com os genótipos selecionados na safra 2020.	34
<b>Figura 3.</b> Gráfico de radar com os genótipos selecionados na safra 2021.	35
<b>Figura 4.</b> Gráfico de dispersão das linhagens, testemunhas e genitores nos componentes principais 1 e 2 da geração 2022.	37
<b>Figura 5.</b> Gráfico de dispersão das linhagens, testemunhas e genitores nos componentes principais 1 e 2 da geração 2021.	38

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Relação dos tratamentos com a devida identificação da população de origem por experimento .....	21
<b>Tabela 2.</b> Peso, valores ótimos, limites inferiores e superiores para cada variável adotados no índice distância genótipo-ideótipo.....	25
<b>Tabela 3.</b> Análise de variância e parâmetros genéticos de genótipos de trigo para os sete caracteres em estudo na safra 2020, com tratamentos ajustados .....	30
<b>Tabela 4.</b> Análise de variância e parâmetros genéticos de genótipos de trigo para os sete caracteres em estudo na safra 2021, com tratamentos ajustados .....	30
<b>Tabela 5.</b> Genótipos de trigo selecionados na safra 2020 pelo índice da distância genótipo-ideótipo, teste de Dunnett (5%) e ganho de seleção (GS%).....	31
<b>Tabela 6.</b> Genótipos de trigo selecionados na safra 2021 pelo índice da distância genótipo-ideótipo, teste de Dunnett (5%) e ganho de seleção (GS%).....	31
<b>Tabela 7.</b> Autovalores, proporção da variância e proporção acumulada dos componentes principais formados na safra 2020.....	36
<b>Tabela 8.</b> Autovalores, proporção da variância e proporção acumulada dos componentes principais formados na safra 2021 .....	36
<b>Tabela 9.</b> Contribuição das variáveis para os três primeiros componentes principais formados nos experimentos .....	37
<b>Tabela 10.</b> Matriz de dissimilaridade entre os genótipos na safra 2020 selecionados a partir da distância euclidiana.....	39
<b>Tabela 11.</b> Matriz de dissimilaridade entre os genótipos na safra 2021 selecionados a partir da distância euclidiana.....	39

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO .....	9
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	10
2.1. Triticultura – origem, botânica e importância .....	10
2.2. Melhoramento genético de trigo.....	12
2.3. Componentes de variância, parâmetros genéticos e seleção .....	14
2.4. Estratégias de seleção .....	18
2.5. Análise multivariada via componentes principais .....	19
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	20
3.1. Material genético e condução experimental .....	20
3.2. Caracteres avaliados .....	21
3.3. Análises estatísticas .....	22
3.4. Seleção de linhagens.....	23
3.5. Análise multivariada via componentes principais .....	25
3.6. Softwares utilizados.....	27
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	27
4.1. Análise descritiva dos dados .....	27
4.2. Análises estatísticas e biométricas.....	28
4.3. Genótipos selecionados .....	30
4.4. Componentes principais .....	35
5. CONCLUSÃO .....	39
6. REFERÊNCIAS .....	40

## 1. INTRODUÇÃO

A triticultura no Brasil é um setor da produção agrícola de elevada importância e possui grande potencial de desenvolvimento. Historicamente, o Brasil é considerado um grande consumidor de trigo, e encontra-se na lista dos cinco maiores importadores do mundo, considerando a média de importação desde 1993 (Faostat, 2021). No ano de 2021, o Brasil teve a maior produção de trigo desde 2014, atendendo a 62% da demanda nacional. Atualmente também se observa um considerável aumento da área cultivada, com acréscimo de 16,3% do ano de 2020 para 2021, com notável crescimento nos estados do Goiás e Bahia (CONAB, 2021). Esta expansão para as áreas centrais do Brasil impõe a cultura do trigo a ambientes distintos das tradicionais regiões tritícolas brasileiras, como exemplo os estados do Rio Grande do Sul e Paraná, maiores produtores nacionais do grão.

Na região central do Brasil, o bioma predominante é o Cerrado, que corresponde a uma zona tropical com inverno seco, de acordo com o sistema de Köppen (Alvares, 2013). A ocorrência de temperaturas elevadas e possível restrição hídrica no inverno sujeita a cultura do trigo à eventuais estresses abióticos, e algumas doenças possuem elevada patogenicidade nesta região, como a mancha amarela e brusone (Maciel et al., 2020). Neste contexto, o melhoramento genético é fundamental para a sustentabilidade da triticultura nessas áreas de menor latitude do Brasil, com a exploração da diversidade genética existente para desenvolvimento de cultivares adaptadas à região.

Desenvolver genótipos que apresentam características satisfatórias, superiores aos já cultivados, e adaptados a diferentes ambientes, é uma tarefa desafiadora para o melhorista. Os índices de seleção são ferramentas eficientes para superar a complexidade na seleção de múltiplas características no trigo, uma vez que é requerida alta produtividade, resistência a estresses bióticos e abióticos, e produção de grãos que apresentem qualidade tecnológica e nutricional; de forma que possibilitam ganhos equilibrados entre os caracteres de interesse (Mezzomo, 2020; Wells e Kofoid, 1986).

No processo de seleção, é comum a obtenção de linhagens-elite, ou linhagens com características específicas que são importantes para uma cultivar moderna; porém não possuem bom desempenho para algum caráter, seja em relação a produção, a adaptação ou ao aproveitamento pela indústria moageira. Estas linhagens podem ser utilizadas como genitores em hibridações com potencial de gerarem uma população com alta frequência de alelos favoráveis e diversidade genética (Borém e Miranda, 2013). À vista disso, estudos de

diversidade entre os genótipos candidatos em um programa de melhoramento é imprescindível para o direcionamento estratégico de possíveis recombinações, e uma alternativa para a investigação da divergência genética em um conjunto de genótipos é via análise de componentes principais (Cruz et al., 2012).

Para o lançamento de uma cultivar na região do Cerrado, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) requer a realização de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), conduzidos em três locais por dois anos, ou dois locais por três anos, em cultivos em sequeiro ou irrigado (BRASIL, 2008). Dessa forma, é importante que genótipos que possuem bom desempenho agrônomo sejam previamente selecionados, e há carência de trabalhos na literatura que estudam a seleção em gerações avançadas em trigo (Meier et al., 2019).

Com isso, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial agrônomo e selecionar linhagens superiores de trigo em duas safras, bem como realizar o estudo da diversidade genética para direcionamento de futuros cruzamentos e recombinações entre os genótipos selecionados.

## 2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1. Triticultura – origem, botânica e importância

O trigo (*Triticum* spp. L.) foi o primeiro cereal a ser domesticado pela humanidade, e acredita-se possuir centro de origem na região sudoeste asiática, com ampla variabilidade genética na região do “Crescente Fértil” e arredores, com registros de cultivo de farro em 9000 a.C., o ancestral do trigo. Atualmente, as espécies cultivadas predominantemente são o trigo comum (*Triticum aestivum* L.) e o trigo duro (*T. durum* L.), que são alopoliploides descendentes de um ancestral diploide. Através de hibridação natural das espécies *T. turgidum* subsp. *dicoccoides*, um trigo tetraploide cultivado e *Aegilops tauschii*, uma gramínea diploide da Ásia Central, originou-se o *T. aestivum* L., a espécie estudada neste trabalho. Este processo evolutivo convergente favoreceu a diversidade genética do trigo, proporcionando adaptabilidade em vários ambientes distintos. Em conjunto com características importantes para o consumo humano, como grãos maiores e de fácil debulha, colmo resistente, produtividade, maior teor de proteína e aptidão para produção de pães, a dispersão geográfica do trigo comum foi ampla, tornando-se global. (Baezinger, 2016; Hancock, 2004; Mourad et al., 2019; Shewry, 2009).

O trigo comum é hexaploide ( $2n = 6x = 42$  cromossomos), e possui três genomas (AABBDD). Sua reprodução ocorre preferencialmente por autofecundação, sendo uma espécie

autógama e monoica, pertencente a família Poaceae. Seu sistema radicular é do tipo fasciculado, com presença de raízes seminais, permanentes e adventícias. Possui em média 5 a 6 folhas definitivas, constituídas pela bainha, lâmina, lígula e um par de aurículas que frequentemente apresentam pilosidade. A bainha da folha é aderida ao colmo, que é cilíndrico e oco, apresentando de quatro a sete entrenós. A emissão de afilhos é comum, que são novos colmos emitidos a partir da coroa, região meristemática na base do caule. Normalmente, cada afilho produz uma inflorescência a partir da diferenciação do meristema.

A inflorescência do trigo é tipo espiga composta, dística, constituída por espiguetas alternadas e opostas na base de sustentação, denominada ráquis. A espiguetas é formada por duas a nove flores também alternadas, que possuem glumas na base, e as flores são envolvidas pela lema na porção inferior, apresentando ou não arista, e pela pálea, protegendo os órgãos reprodutivos. O gineceu é constituído por um ovário, estilete e estigma plumoso e bipartido, e o androceu possui três filetes e anteras de coloração amarelada em maturação. A fecundação precede a extrusão das anteras, sendo um mecanismo que favorece a autogamia. O grão formado é do tipo cariopse, seco e indeiscente, com aproximadamente 7 mm de comprimento (Borém e Scheeren, 2015). Os estádios fenológicos do trigo, segundo Zadoks et al. (1974), são: germinação, crescimento da plântula, afilhamento, alongamento do colmo, emborrachamento, emergência da inflorescência (espigamento), antese, desenvolvimento do grão leitoso, desenvolvimento do grão em massa e maturação, subdividida em 99 fases.

Atualmente, o trigo é o segundo cereal mais produzido no mundo, totalizando 774 milhões de toneladas nas safras de 2020/2021, e o maior em área cultivada. Os maiores produtores mundiais, em ordem decrescente, são: União Europeia (138,4 milhões de toneladas); China (136,9 milhões de toneladas); Índia (109,52 milhões de toneladas); Rússia (74,500 milhões de toneladas) e Estados Unidos (44,79 milhões de toneladas) (USDA, 2021). A segurança alimentar mundial é dependente da triticultura, visto que possui papel essencial na dieta humana, onde aproximadamente 20% das calorias ingeridas mundialmente são derivadas do trigo (Faostat, 2021; Shiferaw, 2013).

No Brasil, a introdução do trigo foi feita ainda no século XVI, tornando-se pioneiro na exportação do grão (Borém e Scheeren, 2015). Todavia, o país hoje se encontra entre os sete principais importadores, registrando um valor de importação de mais de 1,317 bilhão de dólares em 2020. Em 2021, o Brasil importou aproximadamente 4,87 milhões de toneladas de trigo, sendo em sua maior parte de origem argentina, representando em torno de 86% do total comercializado no ano (Abitrigo, 2021). A produção nacional registrada da safra 2021/22 foi

de aproximadamente 7,811 milhões de toneladas, atendendo a cerca de 62% da demanda interna (Conab, 2021). Com a desvalorização do real devido à crise causada pela pandemia, a importação tornou-se mais onerosa, valorizando o trigo nacional (Klein, 2020). Este panorama refletiu em um aumento significativo de área cultivada, com destaque para o Brasil Central, que engloba predominantemente o bioma Cerrado. Seja em sistemas de alto emprego de tecnologia e em regime de irrigação, quanto em ambientes de sequeiro, a triticultura avança para os estados do Goiás e Bahia, com crescimento de mais de 100% na área cultivada, segundo o último levantamento da CONAB. Este avanço representa um desafio para a triticultura nacional, visto que engloba um conjunto de ambientes que são distintos dos estados tradicionalmente produtores do grão, o Rio Grande do Sul e o Paraná.

## **2.2. Melhoramento genético de trigo**

Um programa de melhoramento de trigo pode ser dividido em cinco etapas de desenvolvimento. A primeira é a definição do objetivo, como aumento de produtividade, tolerância a estresses abióticos, resistência a patógenos, entre outros. A segunda fase compreende-se pela identificação de germoplasma de interesse e incorporação de variabilidade genética para o programa, através da hibridação de genótipos contrastantes. A terceira envolve seleção e condução de populações superiores para obtenção de linhagens, e são aplicados distintos métodos para realização desta fase, de acordo com o objetivo, as limitações e os materiais disponíveis. A quarta etapa consiste na avaliação das linhagens obtidas, distribuídas em diferentes ambientes e anos, a fim determinar o comportamento em áreas de adaptação. Por fim, a quinta resume-se ao lançamento da cultivar desenvolvida (Baezinger, 2016; Borém e Miranda, 2013).

Dentre os recursos para condução das populações segregantes para o melhoramento de trigo no Brasil, destacam-se principalmente os métodos massal, genealógico, SSD (*Single Seed Descent*) e retrocruzamento. A seleção massal é um dos métodos mais antigos desempenhados pelo homem, e neste é realizada a seleção de um número elevado de indivíduos na população que apresentem fenótipo semelhante, sendo eliminados os tipos incomuns ou indesejados, e então são colhidos em conjunto para originar a progênie. É um método empregado principalmente para remover variações fenotípicas causadas por mudança de ambiente em cultivares e purificar linhagens. O método genealógico consiste na seleção de indivíduos superiores da população segregante F<sub>2</sub>, originando progênies que são avaliadas separadamente em linhas. As melhores progênies são submetidas a uma análise individual de plantas, e as que

apresentarem fenótipo superior são selecionadas e conduzidas. Esta segmentação permite o registro e conhecimento da genealogia das linhagens selecionadas, possibilitando determinar o grau de parentesco entre elas (Baezinger, 2016; Borém e Scheeren, 2015).

O método descendente de uma única semente, ou SSD, que como a denominação sugere, uma semente de cada planta é colhida aleatoriamente para se constituir a população seguinte. Após o aumento da homozigose, realiza-se a seleção de plantas superiores, e as progênes são avaliadas e encaminhadas para os ensaios preliminares de avaliação de linhagens. Como é obtido o aumento da homozigose separadamente da seleção, é possível a condução das populações em ambientes diferentes aos de onde a cultivar será lançada (Baezinger, 2016; Borém e Miranda, 2013).

O método dos retrocruzamentos baseia-se na introdução de um ou mais caracteres de interesse de uma cultivar doadora para uma cultivar recorrente, que é geralmente adaptada e produtiva. A cultivar doadora participa do primeiro cruzamento, e a progênie é cruzada novamente com o parental recorrente, havendo seleção das plantas que apresentem o(s) caráter(s) de interesse. Além dos métodos citados, a seleção recorrente também é utilizada na cultura do trigo. Todos os métodos, com suas especificidades, devem ser empregados estrategicamente, de acordo com os objetivos, limitações e disponibilidade de recursos, devendo ser levado em conta as vantagens e desvantagens de cada um deles (Baezinger, 2016; Borém e Miranda, 2013).

As cultivares de trigo modernas possuem um conjunto de características que proporcionam efetiva resposta em sistemas com emprego de tecnologia e recursos, como irrigação e fertilização adequadas, resultando em elevado potencial produtivo. A descoberta e incorporação dos genes do nanismo *Rht*, resultando em genótipos semianões, proporcionou um avanço na triticultura mundial, como ocorrido nos trabalhos desenvolvidos por Noman Bourlag no CIMMYT (Centro International de Mejoramiento de Maíz y Trigo) (Acquaah, 2007). Ganhos genéticos expressivos foram obtidos a partir da década de 70 no mundo (Foulkes et al., 2007), e no Brasil, um estudo com 187 cultivares lançadas entre os anos 1985 e 2014, demonstrou um ganho em produtividade de 56.2 kg ha<sup>-1</sup> (Woyann, 2019). Os fenótipos de menor estatura apresentam maior resistência ao acamamento, capacidade de afilamento, maior número de espigas por área, e maior produção de biomassa. Todavia, novos desafios ainda têm de ser superados para o avanço da triticultura, principalmente no Brasil. Alguns dos principais objetivos buscados por programas de melhoramento atualmente são: adaptação a estresses abióticos, como resistência a seca e ao calor (Tricker, 2018); resistência a doenças, como

brusone, mancha amarela e ferrugem (Kohli et al., 2011; Todorovska et al., 2009; Faris et al., 2013); e qualidade industrial (Hernández-Espinosa, 2018).

Para o sucesso do desenvolvimento de linhagens com potencial de serem superiores às cultivares modernas, é essencial o emprego de estratégias que explorem a diversidade genética do trigo e capitalize os efeitos de natureza aditiva. Um procedimento comum em plantas autógamas é a realização de diversos cruzamentos, resultando na obtenção de um elevado número de populações. Todo programa de melhoramento possui limitações em relação à capacidade de unidades experimentais a serem avaliadas, e a decisão do número de populações e o número de famílias em cada população a ser conduzido é um desafio para o melhorista. Contudo, segundo Bernardo (2003), a maneira mais eficiente de se obter resposta à seleção é com a escolha de genitores de valor genético conhecido, sendo possível a obtenção de resposta com diversos esquemas do binômio número de populações *versus* número de famílias de cada população gerada. Dessa forma, além do conhecimento do desempenho agrônômico das potenciais linhagens elite desenvolvidas por um programa de melhoramento, o estudo da diversidade genética é fundamental para o direcionamento de possíveis recombinações entre genótipos superiores divergentes.

### **2.3. Componentes de variância, parâmetros genéticos e seleção**

O sucesso do melhoramento genético vegetal é, em grande parte, devido à aplicação dos fundamentos da genética quantitativa, que busca a compreensão da herança de variações de natureza gradual entre indivíduos e o valor médio destes caracteres. A aplicação de ferramentas para análise da variância e a possibilidade de estimação de parâmetros genéticos relacionados a estes caracteres quantitativos proporcionam aos melhoristas informações importantes para a definição de estratégias de seleção e identificação de genótipos superiores, seja no desenvolvimento de linhagens, híbridos ou clones (Bernardo, 2020).

A decomposição da variância total (fenotípica,  $\sigma_f^2$ ) de um ensaio nos permite averiguar a fração da variação que é causada por um fator genético e por um fator ambiental. Métodos de estimação como a tradicional análise de variância (ANOVA), ou o método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), quando aplicados devidamente, fornecem estimativas confiáveis da variância genotípica ( $\sigma_g^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ). Estes são componentes da variância total observada em um experimento, e são associados aos efeitos aleatórios do modelo estatístico. O efeito de um fator pode ser conceituado como a dimensão na qual diferentes níveis deste fator em estudo, no caso genótipos, influenciam na variável de interesse, podendo ser fixo

ou aleatório. De acordo com Searle (2009), efeito de natureza aleatória é aquele atribuído a um conjunto (normalmente) infinito de níveis de um fator, no qual é computado a partir de uma amostra aleatória coletada do conjunto. Efeito de natureza fixa, por sua vez, é atribuído a um conjunto finito de níveis de um fator, sendo o efeito destes níveis o que o pesquisador pretende investigar, especificamente.

Com a estimação da variância genotípica de uma população, podemos obter parâmetros genéticos que nos permite realizar uma seleção efetiva. Os componentes da variância genotípica, a herdabilidade dos caracteres e as correlações entre os mesmos são exemplos de parâmetros de grande importância, e o processo estimação é dependente de delineamentos estatísticos e genéticos. Delineamentos genéticos são sistemas ordenados por uma estrutura estabelecida da relação de parentesco entre os fatores (indivíduos ou grupos de indivíduos) estudados, que possibilitam a estimativa dos componentes da variância genotípica. (Cruz et al., 2014).

A variância genotípica é composta pela soma da variância aditiva ( $\sigma_a^2$ ), variância devido aos desvios de dominância ( $\sigma_d^2$ ) e variância devido aos efeitos de natureza epistática ( $\sigma_i^2$ ). A variância aditiva é um importante componente, como citado anteriormente, por ser o principal determinante de propriedades genéticas observáveis da população de melhoramento e que possibilita resposta de seleção, principalmente quando realizada em gerações precoces. Sua estimação é facilitada, visto que é estabelecida de acordo com o grau de parentesco dos genótipos analisados. Com isso, em certas ocasiões, é possível particionar a variância genotípica total em parte aditiva e não aditiva (Falconer e Mackay, 1989).

Decompondo a variância fenotípica, é possível averiguarmos a importância relativa de seus componentes, ou seja, o quanto cada um é determinante para a variação total dos dados analisados. A herdabilidade é um parâmetro baseado na importância relativa do componente genotípico da variância total. Como  $\sigma_g^2$  é composto por uma porção herdável (aditiva) e outra não herdável, a herdabilidade é desmembrada em sentido restrito e amplo. Em sentido amplo, calculada através da razão entre a variância genotípica total pela fenotípica, aponta a magnitude na qual os fenótipos observados são determinados por fatores genéticos. Em sentido restrito, a herdabilidade é contabilizada pela razão entre a variância aditiva sobre a fenotípica, nos indicando a magnitude que os fenótipos observados são determinados pelos genes de seus parentais, ou poderão ser observados na próxima geração (Falconer e Mackay, 1989). Em plantas autógamas, a ação não aditiva dos genes, seja de dominância ou epistática, pode ser

assumida como não significativa (Moll e Stuber, 1974), principalmente na avaliação de gerações avançadas com alto nível de homozigose.

Para avaliarmos a qualidade do processo de estimativa dos parâmetros citados, a acurácia seletiva ( $r_{\hat{g}g}$ ) deve ser levada em conta, preferencialmente. Ao contrário dos parâmetros de coeficiente de variação experimental e genético, a acurácia é independente da espécie em estudo e de caracteres avaliados, podendo ser utilizada como referência em experimentos diversos. Por estar diretamente correlacionada com o valor de F do teste de hipóteses da ANOVA, a acurácia leva em conta o coeficiente de variação experimental, o número de repetições e o coeficiente de variação genotípico. (Resende e Alves, 2020).

A seleção artificial de genótipos superiores em um conjunto avaliado influencia em alterações nos parâmetros de média e variância da população em estudo, na maioria dos casos. Esta alteração é denominada resposta à seleção. Podemos compreendê-la determinando os valores fenotípicos observados ( $x$ ) e o valor genético ( $y$ ), onde a seleção atua diretamente em  $x$ , e desejamos obter a resposta em  $y$ . Dessa forma, é possível utilizarmos uma análise de regressão linear para obtermos a relação entre  $x$  e  $y$ . Considerando as médias em  $x$  e  $y$  pré-seleção como  $\mu_x$  e  $\mu_y$ , e as médias pós seleção como  $\mu'_x$  e  $\mu'_y$ , temos como resposta à seleção ( $RS$ ) a seguinte equação:

$$RS = \mu'_y - \mu_y = \beta \times (\mu'_x - \mu_x)$$

sendo  $\beta$  o coeficiente de regressão. A diferença dos valores observados pré e pós seleção  $\mu'_x - \mu_x$  é definido como diferencial de seleção ( $DS$ ). A média fenotípica dos valores dos genótipos selecionados é relacionada com a porcentagem de indivíduos da população inicial que o melhorista selecionará, e isso depende do conhecimento da distribuição destes valores em  $x$ , que é geralmente aproximada à distribuição normal. Dessa forma, o conhecimento da variância de  $x$  ( $\sigma_x^2$ ) é necessário para a predição da resposta à seleção. Se dividirmos  $DS$  pelo desvio padrão  $\sigma_x$ , obtemos o diferencial de seleção padronizado, que é denominado por intensidade de seleção ( $i$ ):

$$i = \frac{S}{\sigma_x}$$

Este valor pode ser calculado através de tabelas de distribuição normal e obtido pela fração da população original que será selecionada (Wricke e Weber, 1986).

Levando em conta o coeficiente de regressão  $\beta$ , que é definido como:

$$\beta = \frac{Cov(x, y)}{\sigma_x^2}$$

podemos reescrever a equação de resposta à seleção da seguinte maneira:

$$RS = \frac{Cov(x, y)}{\sigma_x^2} \times (\mu'_x - \mu_x)$$

dessa forma, obtemos a resposta à seleção não-padronizada:

$$RS_u = i \times \frac{Cov(x, y)}{\sigma_x}$$

e, por fim, a resposta à seleção padronizada, definida como a  $RS$  dividida pelo desvio padrão em  $y$ :

$$RS_u = i \times \frac{Cov(x, y)}{\sigma_x \sigma_y} = i \times \rho_{xy}$$

onde  $\rho_{xy}$  é o coeficiente de correlação. Esta é uma maneira generalizada de se obter a resposta à seleção. A covariância entre o fenótipo conhecido e o genótipo desconhecido  $Cov(x, y)$  pode ser assumida como a variância genética, sendo obtida então a seguinte equação de resposta à seleção:

$$RS_u = \frac{Cov(x, y)}{\sigma_x^2} \times DS = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} \times DS = i \times \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} \times \sigma_f$$

Esta resposta obtida através da equação mostrada é devidamente aplicável quando as unidades de seleção serão recombinadas para formarem a população melhorada não endogâmica. Em uma situação em que são avaliadas famílias, em plantas autógamas, onde o objetivo é avaliar o progresso genético entre gerações, é possível prever o ganho pela seguinte equação:

$$GS = DS \times \frac{(1 + F_k) \sigma_g^2}{\sigma_f^2}$$

sendo  $F_k$  o coeficiente de endogamia da geração onde foi realizada a abertura de linhas pela seleção de plantas na população (Cruz et al., 2014).

## 2.4. Estratégias de seleção

A seleção de genótipos superiores em um conjunto analisado pode ocorrer por meio de diferentes estratégias. É possível selecionar para um caráter desejado diretamente, obtendo a resposta direta. Esta medida, denominada seleção direta, leva em conta como critério de seleção somente a característica desejada, como rendimento de grãos, por exemplo. Havendo conhecimento do desempenho dos genótipos para outros caracteres, também é possível atingirmos ganhos indiretos destes na seleção de uma característica principal. Esta estratégia denomina-se seleção indireta, sendo muito utilizada quando há um caráter de difícil mensuração, ou de baixa herdabilidade, que é possui correlação genética com a característica desejada. Frequentemente observa-se elevada magnitude de ganho de seleção obtido através da seleção direta (Fellahi et al., 2020; Meier et al., 2019). Todavia, para os caracteres secundários, é comum ganhos insatisfatórios, principalmente devido à natureza da correlação entre os caracteres avaliados.

No processo de seleção, é fundamental a avaliação de diversos caracteres que são importantes para que um genótipo seja considerado superior aos demais, seja dos que constituem a população de melhoramento, seja das cultivares que são comercialmente cultivadas. Uma cultivar moderna deve responder às restrições edafoclimáticas dos ambientes em que é recomendada, à tecnologia empregada pelo produtor e às exigências da indústria e mercado consumidor. Portanto, a seleção múltipla de caracteres é uma maneira eficiente de se realizar a seleção, visto que se computa o desempenho dos genótipos avaliados com base em diversas características de maneira simultânea, a fim de se obter ganhos de seleção equilibrados para caracteres de importância econômica (Cruz et al., 2012).

Os índices de seleção foram desenvolvidos originalmente por Smith (1936) e Hazel (1943), sendo o primeiro direcionado ao melhoramento vegetal e o segundo ao melhoramento animal, com o objetivo de selecionar materiais com base em múltiplos caracteres. A junção destes caracteres em uma função linear define o valor do agregado genotípico ( $H$ ) de um candidato à seleção, expresso como:

$$H = \sum_{i=1}^t w_i g_i$$

onde  $t$  é o número de caracteres,  $g_i$  é o verdadeiro valor genético aditivo inobservável do candidato para o caráter  $i$ , e  $w_i$  é o peso econômico relativo do caráter  $i$ . Esta metodologia baseia-se na obtenção uma combinação linear de valores fenotípicos observáveis, ponderados

por seus respectivos coeficientes de importância, com o objetivo de prever o agregado genético e maximizar a resposta de seleção e ganhos genéticos em múltiplos caracteres (Céron-Rojas e Crossa, 2018).

Lin (1978) enunciou algumas limitações da aplicação dos índices clássicos de seleção. A primeira é pela mudança dos parâmetros devido à seleção propriamente dita. Quanto mais eficiente o índice, maior será o percentual de redução da variância genética nas gerações subsequentes. A segunda limitação é pela possível ocorrência de erros de amostragem e consequente efeito negativo na estimação dos parâmetros necessários para a aplicação do índice, enviesando o resultado e os ganhos estimados. A terceira é relacionada com os respectivos pesos econômicos de cada variável, sendo um desafio para muitos caracteres em se estipular um valor econômico relativo. Alguns índices propõem a não utilização de pesos econômicos, como o proposto por Elston (1963) e o de Mulamba e Mock (1978). Por fim, correlações genéticas negativas entre caracteres que são positivamente favoráveis a seleção é um possível empecilho que pode surgir no processo de aplicação dos índices, resultando na redução do progresso genético; além do problema pela presença de multicolinearidade entre as variáveis, que representa um impedimento na aplicação de índices que procedem a inversão da matriz de covariância fenotípica, como o índice clássico de Smith e Hazel.

Carvalho et al. (2002) propôs o índice de seleção baseado na distância euclidiana média entre o genótipo avaliado e um ideótipo determinado pelo melhorista a partir de um limite superior, inferior e valor ótimo para cada caráter avaliado no índice. Quanto maior a distância, maior será a pontuação computada no índice, e pior será a posição no ranqueamento de genótipos. Os caracteres também são ponderados por um coeficiente de peso econômico, permitindo manipular a importância relativa de cada variável avaliada.

Teixeira et al. (2017), aplicando quatro diferentes índices de seleção, obteve ganho total máximo pelo índice da distância genótipo-ideótipo, com valores percentuais satisfatoriamente distribuídos entre os caracteres computados no índice. Mezzomo et al. (2020) alcançou resultados similares, com maior soma total de ganhos na aplicação dos índices com base em soma de postos (Mulamba e Mock, 1978), e o da distância genótipo-ideótipo.

## **2.5. Análise multivariada via componentes principais**

A seleção no melhoramento genético ocorre normalmente a partir de um conjunto de dados com diversas variáveis, como enfatizado no item anterior. Existem algumas ferramentas estatísticas que possibilitam a redução do número de variáveis, mantendo as informações

geradas pelo conjunto de dados original, a fim de facilitar a interpretação. Uma das principais alternativas com esta finalidade é a análise por componentes principais (ACP). A ACP baseia-se na obtenção de combinações lineares entre as variáveis de um conjunto de dados, onde a primeira combinação, ou o primeiro componente principal formado retém a maior parte da variância original dos dados, e assim sucessivamente. Dessa forma, esta análise permite a interpretação da variação, ou da diferença entre os indivíduos avaliados em um determinado estudo que contém muitas variáveis (Anderson, 2003).

O número de componentes principais a serem levados em conta neste tipo de análise depende da variância total acumulada, onde é usual que integrem de 70 a 90% do conjunto de dados original. Todavia, o contexto do conjunto de dados, mais especificamente o número de variáveis, a variância apresentada por cada variável e o número de indivíduos, podem resultar em valores menores. Normalmente, os três primeiros componentes formados abrangem quase a totalidade da variância dos dados originais (Jolliffe, 2005). A observação dos dois primeiros componentes principais formados em um gráfico *biplot* permite uma visualização gráfica dos tratamentos avaliados, bem como os vetores de cada variável, a fim de se observar a influência de cada uma nos componentes e a divergência entre os tratamentos. Também é possível a confecção de um gráfico tridimensional com a inclusão do terceiro componente.

Para o melhoramento genético, a ACP permite não somente a avaliação da diversidade genética de um conjunto de genótipos, como também a importância de cada caráter estudado para a variação observada entre os materiais. Isso possibilita a possível exclusão de algumas variáveis que não influenciam na discriminação dos genótipos, com o objetivo de aumentar a eficiência no processo de avaliação (Cruz et al., 2012).

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1. Material genético e condução experimental**

O estudo foi realizado em duas safras, sendo a primeira semeada em 2020 e a segunda em 2021, na estação de inverno, em regime irrigado. Foram conduzidas nove diferentes populações derivadas de cruzamentos biparentais e conduzidas pelo método da população, com seleção das melhores plantas na geração  $F_4$ , e avaliadas nas gerações  $F_{4:6}$  (Safrá 2020) e  $F_{4:7}$  (Safrá 2021), respectivamente; além de um grupo de famílias de seleção recorrente (SR) obtidas pelo PROGRAMA TRIGO-UFV, sendo a primeira safra constituída de 111 linhagens e 10 testemunhas e a segunda safra de 88 linhagens e 12 testemunhas (Tabela 1).

**Tabela 1.** Relação dos tratamentos com a devida identificação da população de origem por experimento

Populações	Número de linhagens	
	Safra 2020	Safra 2021
A: BRS 254 × CD 122	8	4
B: BRS 254 × CD 117	29	21
C: CD 150 × VI 98053	16	13
D: CD 116 × CD 1104	14	10
E: BRS 254 × CD 1034	11	9
F: CD 151 × VI 98053	19	18
G: IAC 364 × CD 1039	2	2
H: BRS 264 × CD 196	5	4
I: BRS 264 × CD 150	3	3
Famílias SR	4	4
Testemunhas	10	12
Total	121	100

Os experimentos foram conduzidos na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão Professor Diogo Alves de Mello (20°45'14" S; 42°52'55" O; 648 m de altitude), do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, Minas Gerais, Brasil. O delineamento experimental utilizado na safra 2020 foi o látice quadrado simples, e na safra 2021 látice quadrado triplo. As testemunhas utilizadas foram selecionadas por serem cultivares recomendadas para cultivo no Cerrado (região IV de adaptação de trigo), além de alguns dos genitores das linhagens avaliadas, listadas a seguir: TBIO Aton, TBIO Duque, TBIO Toruk (Biotrigo Genética); MGS Brilhante (EPAMIG); ORS Feroz, ORS Senna, ORS Guardião (OR Sementes); e os genitores BRS 264, BRS 254 (Embrapa), CD 150, CD 151 e CD 1104 (COODETEC). Na safra 2020, as parcelas foram constituídas por duas linhas de 5m, espaçadas a 0,2m, e na safra 2021 três linhas de 3m, com o mesmo espaçamento entre linhas. A densidade populacional foi de 350 sementes/m<sup>2</sup>. A irrigação foi realizada com base na necessidade hídrica da cultura, através de aspersão convencional. Os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações de cultivo para a cultura do trigo, e as pragas e doenças incidentes foram controladas de acordo com o nível de dano econômico (Kuhnem, 2020).

### 3.2. Caracteres avaliados

Para a avaliação do desempenho agrônomo das linhagens, foram avaliados os seguintes caracteres: altura de planta (AP), mensurada através de régua em centímetros, do nível do solo até a altura de inserção da espiga; data de espigamento (ESP), contabilizada pelo número de dias da semeadura até a aparição da primeira espiga (fase 50 da escala fenológica de

Zadoks et al., 1974) em pelo menos 50% das plantas da unidade experimental; incidência de ferrugem foliar (FE) e mancha amarela (MA), utilizando nota de doença (1 para plantas extremamente suscetíveis a 5 para plantas resistentes), sendo aplicada a conversão das notas de acordo com Anjos et al. (2019); massa de cem grãos (MCG), obtida em gramas e mensurada em balança de precisão a partir de uma amostra aleatória de cem grãos; peso do hectolitro (PH), medida de acordo com as Regras para Análise de Sementes, em kg 100L<sup>-1</sup>; e rendimento de grãos (RG), obtido pela massa total de grãos da parcela, ajustada a 13% de umidade, convertida em kg ha<sup>-1</sup>.

### 3.3. Análises estatísticas

Os dados foram submetidos à análise de variância individual para cada safra, com o auxílio do software Genes (Cruz, 2006), de acordo com o modelo estatístico a seguir:

$$y_{i\ell(j)} = \mu + t_i + r_j + (b/r)_{\ell(j)} + e_{i\ell(j)}$$

onde  $y_{i\ell(j)}$  é o valor observado do tratamento  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, v = k^2$ ), no bloco incompleto  $\ell$  ( $\ell = 1, 2, \dots, k$ ), da repetição  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, r$ );  $\mu$  é a média geral do experimento, inerente a toda observação;  $t_i$  é o efeito fixo do tratamento  $i$ ;  $r_j$  é o efeito da repetição  $j$ ;  $e_{i\ell(j)}$  é o erro aleatório associado à observação  $y_{i\ell(j)}$ . A soma de quadrado de tratamentos foi desdobrada em soma de quadrados de linhagens e testemunhas, possibilitando o teste de significância para cada grupo e o contraste entre eles.

Os estimadores dos componentes de variância são calculados através das respectivas esperanças do quadrado médio, obtidos através das seguintes equações, de acordo com Silva et al. (1999):

$$\hat{\sigma}_e^2 = QMR$$

$$\hat{\phi}_g^2 = \frac{QMT - QMR}{r \frac{k}{k+1}}$$

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{\sum_i (\hat{\mu}_i - \hat{\mu})^2}{v - 1}$$

onde  $\hat{\sigma}_e^2$  é a variância residual;  $\hat{\phi}_g^2$  é o componente quadrático referente à variabilidade genotípica;  $QMR$  é o quadrado médio do erro efetivo;  $QMT$  é o quadrado médio do tratamento;

$\hat{\mu}_i$  é a média ajustada do  $i$ -ésimo tratamento, e  $\hat{\mu} = \frac{\sum_i \hat{\mu}_i}{v}$ . A estatística para testar a hipótese de nulidade ( $H_0: \hat{\phi}_g^2 = 0$ ) é realizada através do teste F, demonstrada a seguir:

$$F = \frac{QMT}{QMR}$$

onde F possui  $(v - 1)$  e  $(k - 1)(rk - k - 1)$  graus de liberdade.

A eficiência do látice é obtida através da seguinte equação:

$$EL = \frac{QMR_{DBC}}{EEF}$$

onde  $EL$  é a eficiência do látice;  $QMR_{DBC}$  é o quadrado médio do erro no delineamento em blocos ao acaso e  $EEF$  é o erro efetivo do látice.

O coeficiente de variação experimental (CVe) foi calculado de acordo com a equação a seguir:

$$Cve(\%) = \frac{\sqrt{EEF}}{\bar{X}} \times 100$$

em que  $\bar{X}$  é a média fenotípica observada para o caráter.

A herdabilidade média genotípica em sentido amplo ( $h^2_{mg}$ ) foi obtida através da razão entre o componente quadrático genotípico e a variância fenotípica do experimento através da seguinte fórmula:

$$h^2_{mg} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

Por fim, a acurácia seletiva foi calculada através da equação a seguir:

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{\left(1 - \frac{1}{F}\right)}$$

### 3.4. Seleção de linhagens

As melhores linhagens foram selecionadas em cada geração com base no índice de distância genótipo-ideótipo (DGI) (Carvalho et al., 2002). Foram calculados os valores máximo, mínimo e médio de cada caráter, para serem determinados os intervalos e valores ótimos almejados no processo de seleção.  $X_{ij}$  é o valor fenotípico médio do  $i$ -ésimo genótipo

em relação ao  $j$ -ésimo caráter,  $Y_{ij}$  é o valor fenotípico médio transformado e  $C_j$  é uma constante relativa à alteração da média para o genótipo que não se encontra dentro dos padrões requeridos. Logo,  $LI_j$  é o limite inferior apresentado pelo genótipo para o  $j$ -ésimo caráter, de acordo com o valor estipulado pelo melhorista;  $LS_j$  é o limite superior e  $VO_j$  é o valor ótimo. Dessa forma, se  $LI_j \leq X_{ij} \leq LS_j$ , então  $Y_{ij} = X_{ij}$ ; se  $X_{ij} < LI_j$ , então  $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LI_j - C_j$ ; se  $X_{ij} > LS_j$ , então  $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j + C_j$ . O valor de  $C_j$  garante que qualquer valor de  $X_{ij}$  dentro do intervalo de variação em torno do valor ótimo resultará em um  $Y_{ij}$  com magnitude próxima ao  $VO_j$ , diferentemente dos valores de  $X_{ij}$  que estiverem fora deste intervalo. Dessa forma, a transformação garante a depreciação dos valores fenotípicos que não estiverem dentro do intervalo. Os valores de  $Y_{ij}$  obtidos são padronizados e ponderados pelo peso determinado para cada caráter, resultando em valores de  $y_{ij}$ , da seguinte forma:

$$y_{ij} = \sqrt{a_j} \times \frac{Y_{ij}}{S(Y_j)}$$

onde  $S(Y_{ij})$  é o desvio-padrão da média fenotípica dos valores obtidos com a transformação; e  $a_j$  o peso econômico de cada caráter. Também são obtidos os valores ótimos padronizados e ponderados pelo mesmo processo:

$$VO_{ij} = \sqrt{a_j} \times \frac{VO_j}{S(Y_j)}$$

Os valores computados para o índice são então obtidos de acordo com a fórmula especificada abaixo:

$$I_{DGI} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (y_{ij} - VO_{ij})^2}$$

Seguem abaixo os respectivos pesos econômicos, valores ótimos e limites superior e inferior determinados para as variáveis avaliadas em cada geração (Tabela 2). Para as variáveis AP e ESP, o sentido de decréscimo de média é o favorável para seleção. Para as demais variáveis, é almejado o aumento dos valores. Foi aplicada uma intensidade de seleção equivalente a 12% e 15% para as safras 2020 e 2021, respectivamente, a fim de se obter 15 genótipos selecionados em cada experimento.

**Tabela 2.** Peso, valores ótimos, limites inferiores e superiores para cada variável adotados no índice distância genótipo-ideótipo

Variável	Peso	Safrá 2020			Safrá 2021		
		Ótimo	Lim. Inf.	Lim. Sup.	Ótimo	Lim. Inf.	Lim. Sup.
AP (cm)	1	71	71	86	77	77	92
ESP (dias)	1	54	54	58	55	55	59
FE (nota)	1	3,5	1,7	3,5	3,4	1,7	3,4
MA (nota)	1	3,3	1,5	3,3	2,1	1,0	2,1
MCG (g)	1	5,22	3,91	5,22	4,51	3,63	4,51
PH (kg 100L <sup>-1</sup> )	1	78,4	74	78,4	79,5	75,0	79,5
RG (kg ha <sup>-1</sup> )	2	5615	3365	5615	4352	2378,0	4352

AP: altura de planta; ESP: espigamento; FE: ferrugem; MA: mancha amarela; MCG: massa de cem grãos; PH: peso do hectolitro; RG: rendimento de grãos.

A predição do ganho de seleção foi calculada a partir da seguinte equação:

$$GS(\%) = \frac{\bar{X}_s - \bar{X}_0}{\bar{X}_0} \times h_{mg}^2 \times 100$$

### 3.5. Análise multivariada via componentes principais

Para a obtenção dos componentes principais, as médias fenotípicas  $X_{ij}$  foram padronizadas para possibilitar a combinação linear entre as variáveis originais. Logo, seja  $x_{ij}$  a média padronizada do  $i$ -ésimo genótipo para a  $j$ -ésima variável, e  $R$  a matriz de correlação fenotípica entre as variáveis do conjunto. O primeiro e o segundo componente principal  $CP_1$  e  $CP_2$  são compostos pelas seguintes combinações lineares (Cruz et al., 2012):

$$CP_1 = a_1x_{i1} + a_2x_{i2} + a_3x_{i3} + a_4x_{i4} + a_5x_{i5} + a_6x_{i6} + a_7x_{i7}$$

$$CP_2 = b_1x_{i1} + b_2x_{i2} + b_3x_{i3} + b_4x_{i4} + b_5x_{i5} + b_6x_{i6} + b_7x_{i7}$$

$$\sum_{j=1}^7 a_j^2 = \sum_{j=1}^7 b_j^2 = 1$$

$$\sum_{j=1}^7 a_j b_j = 0$$

A maior variância é apresentada pelo primeiro componente formado  $CP_1$ , e tomando-o como exemplo, sua variância é calculada por:

$$V(CP_1) = a'Ra$$

em que  $a'$  é um vetor  $1 \times n$  de elementos  $a_j$  ( $j = 1, 2, 3, \dots, 7$ ), obtido para que a variância de  $CP_1$  seja maximizada. Dessa forma, impõe-se a restrição  $a'a = 1$  no conjunto de soluções de  $a$ . Expressando  $V(CP_1)$  pela função  $\omega_1$ , e aplicando o multiplicador  $\lambda_1$  de Lagrange para encontrar o ponto extremo da função restrita  $\omega_1$ , tem-se:

$$\omega_1 = a'Ra + \lambda_1(1 - a'a)$$

Realizando a diferenciação da função  $\omega_1$ , e denominando  $\delta\omega_1/\delta a = \phi$ , encontra-se:

$$(R - \lambda_1 I)a = \phi$$

A solução deste sistema deve obedecer à condição de que  $a \neq \phi$ . Com isso, a determinante de  $R - \lambda_1 I$  deve ser nula, para que o sistema se torne indeterminado e a solução satisfaça a restrição imposta. Como  $\lambda_1$  são os valores que transformam a matriz  $R$  em uma matriz singular,  $\lambda_1$  são os autovalores de  $R$  e  $a$  é o autovetor associado.

Para  $CP_1$ , o autovalor  $\lambda_1$  deve ser o maior dos  $n$  autovalores estimados, pois, pré-multiplicando  $\phi$  por  $a'$ , verifica-se que:

$$a'Ra - a'a\lambda_1 = 0$$

como  $a'a = 1$ , logo:

$$\lambda_1 = a'Ra = V(CP_1)$$

Por  $a$  ser um vetor utilizado para maximizar  $V(CP_1)$ , essa condição determina que  $\lambda_1$  assume o valor máximo entre os elementos do conjunto de autovalores de  $R$ , justificando a maior variância para o primeiro componente principal. Para o segundo componente principal  $CP_2$ , a obtenção do autovalor  $\lambda_2$ , o segundo maior, e do seu autovetor associado  $b$  é estimado de maneira análoga à descrita acima, assim como dos demais componentes principais estimados.

A medida de dissimilaridade entre os genótipos foi realizada com base na distância euclidiana a partir da distância gráfica entre as linhagens pelos seus respectivos escores nos primeiros componentes principais formados, de acordo com a equação a seguir:

$$dcp_{ii1} = \sqrt{(Y_{i1} - Y_{i'1})^2 + (Y_{i2} - Y_{i'2})^2}$$

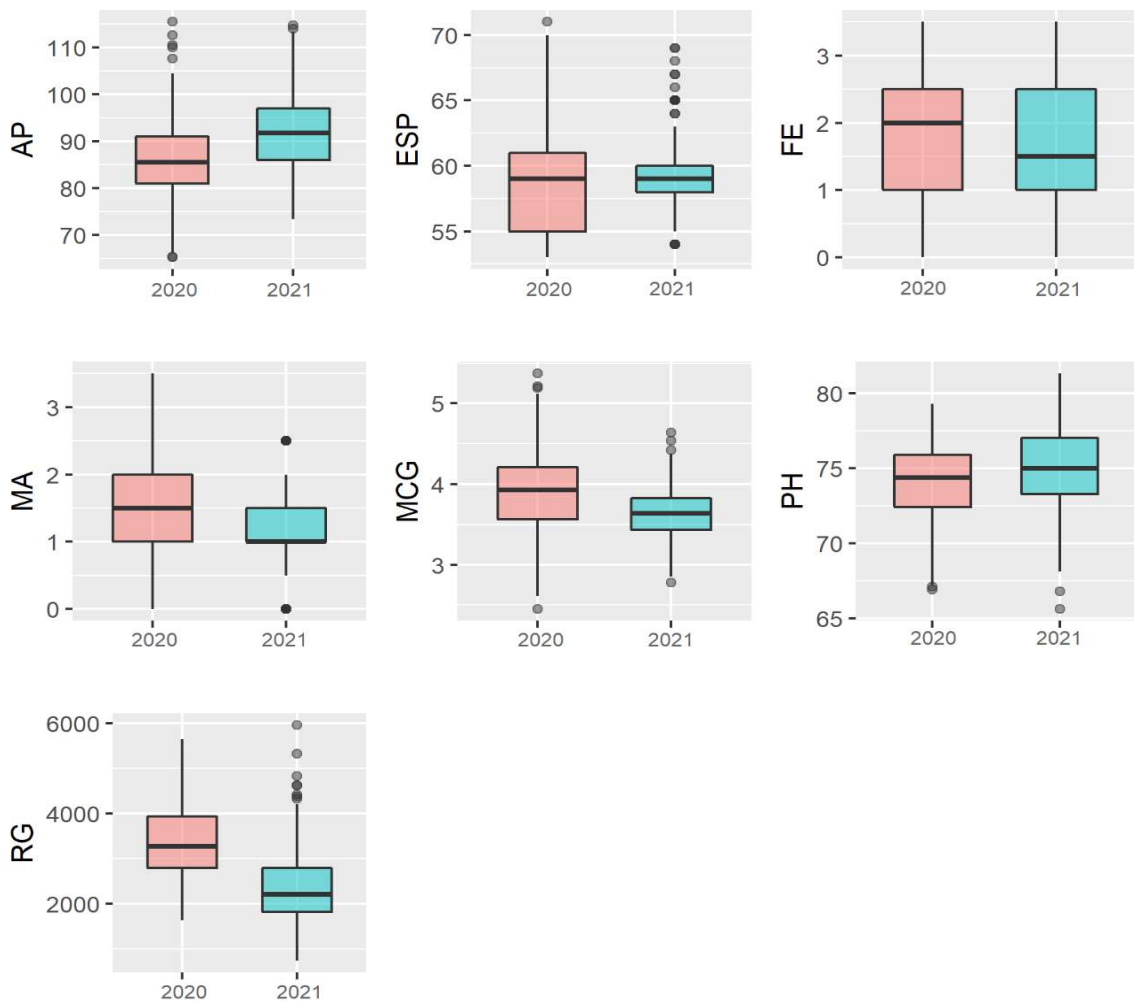
### 3.6. Softwares utilizados

Foi realizada a análise descritiva e multivariada com o auxílio do software R (R Development Core Team, 2020), e para a confecção dos gráficos de *boxplot*, radar e componentes principais foram utilizados os pacotes *tidyverse()* (Wickham et al., 2019), *fmsb()* (Nakazawa et al., 2019) e *ggplot2()* (Wickham et al., 2011), respectivamente. A análise de variância foi feita através do software Genes (Cruz, 2013), bem como a aplicação do índice de seleção genótipo-ideótipo.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Análise descritiva dos dados

Os resultados da análise descritiva podem ser visualizados na Figura 1. Observa-se que a amplitude interquartílica é maior na safra 2020 para a maioria variáveis, possivelmente devido



**Figura 1.** *Boxplots* das variáveis analisadas no experimento. AP: altura de planta, ESP: espigamento, FE: ferrugem, MA: mancha amarela, MCG: massa de cem grãos, PH: peso do hectolitro e RG: rendimento de grãos.

maior variabilidade de linhagens presente no primeiro experimento. Os resultados também indicam maior média para rendimento de grãos (RG) e massa de cem grãos (MCG) na safra 2020. A ausência de linhagens que foram selecionadas e não compuseram o ensaio em 2021, em conjunto com as condições ambientais de colheita, realizada em período que houve ocorrência de chuvas, justificam a diminuição na média para rendimento de grãos.

#### **4.2. Análises estatísticas e biométricas**

As análises de variância individuais (Tabelas 3 e 4) indicaram efeito significativo de genótipo a 1% de probabilidade para todas as variáveis em nível de linhagens, em ambos os experimentos. Em nível de testemunhas, na safra 2020, a variabilidade genotípica foi não significativa para as variáveis MA e MCG, e significativa a 5% de probabilidade para PH e 1% para o restante das variáveis. Na safra 2021, a não significância a nível de testemunhas foi observada somente para a variável MA. O contraste L x T foi não significativo na safra 2020 para as variáveis AP, PH e RG, e na safra 2021 foi significativo para todas as variáveis a 1% de probabilidade, exceto para AP, que apresentou efeito significativo de genótipo a 5% de probabilidade para esta variável. Estes resultados expressam que há variabilidade genética que pode ser explorada no conjunto de genótipos avaliados no experimento.

O processo de estimação e interpretação dos componentes de variância são fundamentais no processo de seleção, pois possibilitam ao melhorista averiguar, diante da variabilidade total observada, qual a magnitude desta é devido à fatores genéticos. Além disso, a decomposição da variância nos permite a obtenção de parâmetros importantes na avaliação dos experimentos e na predição de ganhos de seleção, como a razão entre os coeficientes de variação genético e experimental, herdabilidade, acurácia seletiva, entre outros (Ramalho et al., 1993; Borém e Miranda, 2013).

De acordo com a classificação de Resende e Alves (2020), a acurácia seletiva apresentou valores altos a muito altos em ambos os experimentos, variando de 0,75 para MA na safra 2021 até 0,96 para ESP na mesma geração, e a mesma classificação se aplica para os níveis de herdabilidade. Segundo estes autores, valores de acurácia acima de 0,70 devem ser buscados no processo de seleção de genótipos superiores, e este parâmetro deve ser levado em conta em conjunto com os coeficientes de variação genético e experimental para avaliação da precisão experimental.

A avaliação do ciclo, mais especificamente a fase de espigamento, apesar de ser controlada por múltiplos genes e influenciada por condições ambientais como temperatura e

duração do dia (Zhang et al., 2009), é precisa devido à facilidade de identificação deste estádio fenológico e alta influência genética, justificando os valores mais elevados de acurácia seletiva (0,84 em 2020 e 0,96 em 2021).

A razão  $CVg/CVe$  foi maior que a unidade para as variáveis AP, ESP, FE, PH e RG na safra 2020 e para as variáveis ESP, FE, MCG e PH na safra 2021. De acordo com Cruz et al. (2012), valores maiores que a unidade para este parâmetro indicam situação favorável para a seleção, com obtenção de ganhos expressivos. As demais variáveis apresentaram valores próximos a 1, salvo pela MA na safra 2021 (0,65). Este panorama reforça a estratégia de se aplicar a seleção múltipla de caracteres, visto que algumas das importantes variáveis avaliadas possuem difícil avaliação, como MA, ou são muito influenciadas por fatores ambientais, como RG.

Os coeficientes de variação experimental apresentaram magnitudes que indicam, no geral, boa precisão experimental, exceto para RG na safra 2021. Neste experimento, a época de colheita coincidiu com incidência de chuvas, o que possivelmente influenciou em menor uniformidade de colheita. Para as variáveis de doença FE e MA, foram encontrados os valores absolutos mais elevados de  $CVe$  em ambas as gerações (34,05% e 41,16% na safra 2020 e 30,04% e 40,98% na safra 2021, respectivamente). Na literatura, é comum a obtenção de valores mais elevados deste parâmetro para caracteres que analisam severidade de doenças. Mitter et al. (2006) analisou um germoplasma de trigo com objetivo de encontrar resistência à podridão da coroa (*Fusarium pseudograminearum*) em casa de vegetação, e foram encontrados valores de  $CVe$  entre 47,2% e 70%; e mesmo com o aumento progressivo de repetições, o coeficiente de variação não apresentou diminuição. Vazquez et al. (2012), analisando resistência da cultivar de trigo ‘Stephens’ a ferrugem amarela (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) em vários ambientes, obtiveram valores de  $CVe$  de 23% a 81%.

**Tabela 3.** Análise de variância e parâmetros genéticos de genótipos de trigo para os sete caracteres em estudo na safra 2020, com tratamentos ajustados

FV	GL	QM						
		AP	ESP	FE	MA	MCG	PH	RG
Bloco/Rep	20	117,69	13,10	0,432	0,39	0,27	4,89	405161,90
Tratamentos	120	88,05**	16,90**	1,07**	1,12**	0,34**	10,09**	1195632,73**
Linhagens (L)	110	88,72**	10,74**	1,01**	1,05**	0,34**	10,45**	1233008,13**
Testemunhas (T)	9	84,26**	38,62**	0,93**	0,58 <sup>ns</sup>	0,19 <sup>ns</sup>	6,41*	870963,20**
L x T	1	48,19 <sup>ns</sup>	498,90**	8,73**	13,31**	1,97**	3,64 <sup>ns</sup>	6365,24 <sup>ns</sup>
Erro efetivo	100	24,48	5,13	0,35	0,39	0,13	2,90	273672,47
$h_{mg}^2$		0,72	0,70	0,67	0,65	0,61	0,71	0,77
$r_{gg}$		0,85	0,84	0,82	0,81	0,78	0,84	0,88
$CVe$		5,75	3,88	34,05	41,16	9,28	2,30	15,58
$CVg/CVe$		1,14	1,07	1,01	0,97	0,88	1,11	1,30
Eficiência do Látice		153,46	117,82	100,99	99,84	110,20	105,67	103,25

FV: Fontes de variação; GL: graus de liberdade; QM: quadrados médios; \*\*: significativo a  $p < 0,01$ ; \* : significativo a  $p < 0,05$ ; <sup>ns</sup>: não significativo. AP: altura de planta, ESP: espigamento, FE: ferrugem, MA: mancha amarela, MCG: massa de cem grãos, PH: peso do hectolitro e RG: rendimento de grãos.

**Tabela 4.** Análise de variância e parâmetros genéticos de genótipos de trigo para os sete caracteres em estudo na safra 2021, com tratamentos ajustados

FV	GL	QM						
		AP	ESP	FE	MA	MCG	PH	RG
Bloco/Rep	27	130,26	3,98	0,40	0,23	5,83	2,56	696835,52
Tratamentos	99	111,85**	15,88**	1,83**	0,42**	0,24**	16,43**	1023598,72**
Linhagens (L)	87	105,69**	9,80**	1,68**	0,38**	0,20**	16,97**	819876,43**
Testemunhas (T)	11	153,33**	43,67**	2,61**	0,26 <sup>ns</sup>	0,53**	7,87**	2497912,21**
L x T	1	191,68*	239,98**	7,12**	5,24**	0,56**	62,12**	2529989,98**
Erro efetivo	171	31,82	1,22	0,25	0,19	0,02	2,79	350431,99
$h_{mg}^2$		0,72	0,92	0,86	0,56	0,91	0,83	0,66
$r_{gg}$		0,85	0,96	0,93	0,75	0,95	0,91	0,81
$CVe$		6,14	1,86	30,04	40,98	4,15	2,23	24,89
$CVg/CVe$		0,92	2,00	1,45	0,65	1,79	1,28	0,80
Eficiência do Látice		133,88	123,10	103,62	100,96	114,33	98,91	107,65

FV: Fontes de variação; GL: graus de liberdade; QM: quadrados médios; \*\*: significativo a  $p < 0,01$ ; \* : significativo a  $p < 0,05$ ; <sup>ns</sup>: não significativo. AP: altura de planta, ESP: espigamento, FE: ferrugem, MA: mancha amarela, MCG: massa de cem grãos, PH: peso do hectolitro e RG: rendimento de grãos.

### 4.3. Genótipos selecionados

A aplicação do índice de distância genótipo-ideótipo para as safras 2020 e 2021, com intensidade de 12% e 15% respectivamente, possibilitou a seleção de 15 genótipos em cada geração (Tabelas 5 e 6).

**Tabela 5.** Genótipos de trigo selecionados na safra 2020 pelo índice da distância genótipo-ideótipo, teste de Dunnett (5%) e ganho de seleção (GS%)

Genótipos selecionados	AP	ESP	FE	MA	MCG	PH	RG
36F_CD 151 × VI 98053	84 <sup>ab</sup>	55 <sup>b</sup>	2,5 <sup>ab</sup>	2 <sup>ab</sup>	4,52*	76,8 <sup>ab</sup>	3780 <sup>ab</sup>
39D_CD 116 × CD 1104	90 <sup>ab</sup>	55 <sup>b</sup>	2,0 <sup>ab</sup>	2 <sup>ab</sup>	4,27*	75,8 <sup>ab</sup>	5149*
64F_CD 151 × VI 98053	76 <sup>ab</sup>	56 <sup>b</sup>	2,1 <sup>ab</sup>	2 <sup>ab</sup>	4,29 <sup>b</sup>	75,0 <sup>ab</sup>	3863 <sup>ab</sup>
8A_BRS 254 × CD 122	79 <sup>ab</sup>	58 <sup>b</sup>	1,5 <sup>ab</sup>	1,5 <sup>ab</sup>	4,36*	74,3 <sup>ab</sup>	4843 <sup>a</sup>
67C_CD 150 × VI 98053	71 <sup>a</sup>	54 <sup>b</sup>	2,0 <sup>ab</sup>	1,75 <sup>ab</sup>	4,16 <sup>b</sup>	75,0 <sup>ab</sup>	3824 <sup>a</sup>
6K_FAMÍLIA 86 SR	86 <sup>ab</sup>	57 <sup>b</sup>	2,0 <sup>ab</sup>	1,75 <sup>ab</sup>	4,24 <sup>b</sup>	76,6 <sup>ab</sup>	4218 <sup>a</sup>
15B_BRS 254 × CD 117	84 <sup>ab</sup>	55 <sup>b</sup>	1,3 <sup>ab</sup>	1 <sup>ab</sup>	4,20*	77,5 <sup>ab</sup>	5228*
16B_BRS 254 × CD 117	83 <sup>ab</sup>	59 <sup>b</sup>	2,8 <sup>ab</sup>	2,75 <sup>ab</sup>	3,89 <sup>ab</sup>	71,8 <sup>ab</sup>	4775 <sup>a</sup>
73F_CD 151 × VI 98053	87 <sup>ab</sup>	60 <sup>ab</sup>	2,8 <sup>ab</sup>	2,5 <sup>ab</sup>	4,05 <sup>ab</sup>	73,7 <sup>ab</sup>	4240 <sup>a</sup>
57C_CD 150 × VI 98053	93 <sup>ab</sup>	57 <sup>b</sup>	2,2 <sup>ab</sup>	1,75 <sup>ab</sup>	4,73*	76,4 <sup>ab</sup>	3791 <sup>a</sup>
16D_CD 116 × CD 1104	89 <sup>ab</sup>	58 <sup>ab</sup>	2,1 <sup>ab</sup>	2 <sup>ab</sup>	3,74 <sup>ab</sup>	76,0 <sup>ab</sup>	4705 <sup>a</sup>
60B_BRS 254 × CD 117	96 <sup>ab</sup>	58 <sup>ab</sup>	2,3 <sup>ab</sup>	2 <sup>ab</sup>	4,41*	74,8 <sup>ab</sup>	4536 <sup>a</sup>
11B_BRS 254 × CD 117	84 <sup>ab</sup>	61 <sup>ab</sup>	2,7 <sup>ab</sup>	2,75 <sup>ab</sup>	4,19 <sup>b</sup>	73,3 <sup>ab</sup>	3948 <sup>a</sup>
33E_BRS 254 × CD 1034	88 <sup>ab</sup>	55 <sup>b</sup>	1,7 <sup>ab</sup>	1,5 <sup>ab</sup>	4,26*	78,0 <sup>ab</sup>	3970 <sup>a</sup>
12C_CD 150 × VI 98053	81 <sup>ab</sup>	57 <sup>b</sup>	2,0 <sup>ab</sup>	1,5 <sup>ab</sup>	3,95 <sup>ab</sup>	74,6 <sup>ab</sup>	3992 <sup>a</sup>
TEST_ TBIO ATON	83,2 <sup>a</sup>	66,5 <sup>a</sup>	2,8 <sup>a</sup>	2,5 <sup>a</sup>	3,5 <sup>a</sup>	74,9 <sup>a</sup>	4177,5 <sup>a</sup>
PAI_BRS 254	87,0 <sup>b</sup>	57,0 <sup>b</sup>	1,0 <sup>b</sup>	1,3 <sup>b</sup>	3,7 <sup>b</sup>	74,3 <sup>b</sup>	2877,5 <sup>b</sup>
Ganho de Seleção (GS%)	-1,09	-1,71	15,29	17,08	4,66	1,23	21,99

<sup>a</sup>: diferença não significativa com testemunha TBIO ATON (p<0,05); <sup>b</sup>: diferença não significativa com testemunha BRS 254 (p<0,05); \*: diferença significativa em relação à ambas as testemunhas (p<0,05).

AP: altura de planta, ESP: espigamento, FE: ferrugem, MA: mancha amarela, MCG: massa de cem grãos, PH: peso do hectolitro e RG: rendimento de grãos.

**Tabela 6.** Genótipos de trigo selecionados na safra 2021 pelo índice da distância genótipo-ideótipo, teste de Dunnett (5%) e ganho de seleção (GS%)

Genótipos selecionados	AP	ESP	FE	MA	MCG	PH	RG
14B_BRS 254 X CD 117	96 <sup>ab</sup>	57 <sup>ab</sup>	2,6 <sup>ab</sup>	1,1 <sup>ab</sup>	4,21 <sup>a</sup>	77,6 <sup>ab</sup>	3160 <sup>ab</sup>
47C_CD 150 X VI 98053	92 <sup>ab</sup>	58 <sup>ab</sup>	2,2 <sup>ab</sup>	1,2 <sup>ab</sup>	3,78 <sup>b</sup>	78,1 <sup>ab</sup>	3095 <sup>ab</sup>
8A_BRS 254 X CD 122	93 <sup>ab</sup>	61 <sup>ab</sup>	1,9 <sup>b</sup>	1,0 <sup>ab</sup>	4,15 <sup>a</sup>	77,3 <sup>ab</sup>	3405 <sup>ab</sup>
5C_CD 150 X VI 98053	91 <sup>ab</sup>	58 <sup>ab</sup>	2,1 <sup>ab</sup>	0,8 <sup>ab</sup>	3,61 <sup>b</sup>	76,2 <sup>ab</sup>	3939 <sup>ab</sup>
53A_BRS 254 X CD 122	92 <sup>ab</sup>	59 <sup>ab</sup>	1,6 <sup>b</sup>	1,0 <sup>ab</sup>	3,99 <sup>b</sup>	78,1 <sup>ab</sup>	3123 <sup>ab</sup>
25F_CD 151 X VI 98053	90 <sup>ab</sup>	60 <sup>ab</sup>	2,7 <sup>ab</sup>	1,3 <sup>ab</sup>	3,62 <sup>b</sup>	77,4 <sup>ab</sup>	2988 <sup>ab</sup>
36F_CD 151 X VI 98053	86 <sup>ab</sup>	57 <sup>ab</sup>	2,4 <sup>ab</sup>	1,2 <sup>ab</sup>	4,00 <sup>b</sup>	76,0 <sup>ab</sup>	2362 <sup>b</sup>
29E_BRS 254 X CD 1034	95 <sup>ab</sup>	58 <sup>ab</sup>	2,7 <sup>ab</sup>	1,0 <sup>ab</sup>	3,88 <sup>b</sup>	75,1 <sup>ab</sup>	2964 <sup>ab</sup>
61C_CD 150 X VI 98053	82 <sup>ab</sup>	60 <sup>ab</sup>	2,8 <sup>ab</sup>	1,7 <sup>ab</sup>	3,70 <sup>b</sup>	74,5 <sup>ab</sup>	2454 <sup>b</sup>
62C_CD 150 X VI 98053	80 <sup>ab</sup>	56 <sup>*</sup>	2,0 <sup>b</sup>	1,0 <sup>ab</sup>	3,58 <sup>b</sup>	74,9 <sup>ab</sup>	2753 <sup>ab</sup>
63F_CD 151 X VI 98053	97,0 <sup>ab</sup>	58,3 <sup>ab</sup>	0,8 <sup>b</sup>	0,7 <sup>ab</sup>	3,39 <sup>b</sup>	70,2 <sup>*</sup>	2125 <sup>b</sup>
38F_CD 151 X VI 98053	89,9 <sup>ab</sup>	59 <sup>ab</sup>	3,1 <sup>ab</sup>	1,7 <sup>ab</sup>	3,66 <sup>b</sup>	77,30 <sup>ab</sup>	2271 <sup>b</sup>
20C_CD 150 X VI 98053	92,0 <sup>ab</sup>	58 <sup>ab</sup>	2,6 <sup>ab</sup>	1,1 <sup>ab</sup>	3,88 <sup>b</sup>	78,20 <sup>ab</sup>	2356 <sup>b</sup>
3F_CD 151 X VI 98053	98,6 <sup>ab</sup>	57 <sup>ab</sup>	1,5 <sup>b</sup>	0,8 <sup>ab</sup>	4,11 <sup>a</sup>	74,43 <sup>ab</sup>	3557 <sup>ab</sup>

1C_CD 150 X VI 98053	90,6 <sup>ab</sup>	62 <sup>ab</sup>	2,9 <sup>ab</sup>	1,6 <sup>ab</sup>	3,76 <sup>b</sup>	75,80 <sup>ab</sup>	2493 <sup>b</sup>
TEST_ORG GUARDIAO	83,8 <sup>a</sup>	59 <sup>a</sup>	3,3 <sup>a</sup>	1,8 <sup>a</sup>	4,52 <sup>a</sup>	77,1 <sup>a</sup>	4375 <sup>a</sup>
PAI_BRS 264	94,8 <sup>b</sup>	59,3 <sup>b</sup>	2,0 <sup>b</sup>	1,0 <sup>b</sup>	3,7 <sup>b</sup>	75,2 <sup>b</sup>	3430,5 <sup>b</sup>
Ganho de Seleção (GS%)	-2,08	-1,29	36,18	8,41	5,71	1,37	23,67

<sup>a</sup>: diferença não significativa com testemunha TBIO ATON ( $p < 0,05$ ); <sup>b</sup>: diferença não significativa com testemunha BRS 254 ( $p < 0,05$ ); \*: diferença significativa em relação à ambas as testemunhas ( $p < 0,05$ ). AP: altura de planta, ESP: espigamento, FE: ferrugem, MA: mancha amarela, MCG: massa de cem grãos, PH: peso do hectolitro e RG: rendimento de grãos.

Dentre as nove populações que compuseram os ensaios, no primeiro experimento foram selecionadas linhagens das populações BRS 254 × CD 117 (4 linhagens); CD 151 × VI 98053 (3 linhagens); CD 150 × VI 98053 (3 linhagens); CD 116 × CD 1104 (2 linhagens); BRS 254 × CD 122 (1 linhagem); BRS 254 × CD 1034 (1 linhagem); BRS 254 × CD 122 (1 linhagem); além da linhagem do grupo de seleção recorrente 86 SR (1 linhagem). No segundo experimento foram selecionadas linhagens das populações CD 150 × VI 98053 (6 linhagens); CD 151 × VI 98053 (5 linhagens); BRS 254 × CD 122 (2 linhagens); BRS 254 × CD 117 (1 linhagem); BRS 254 × CD 1034 (1 linhagem). As populações CD 150 × VI 98053 e CD 151 × VI 98053 demonstraram grande potencial para derivação de linhagens com bom desempenho agrônomico, visto que cada uma proveu no mínimo 20% das linhagens selecionadas em ambos os experimentos.

A seleção das testemunhas para o teste de Dunnett (5%) foi realizada com base na recomendação das cultivares para o cultivo na região do Cerrado. A cultivar TBIO Aton possui ciclo e estatura média (Biotrigo Genética, 2020), e a cultivar BRS 254 possui ciclo precoce e estatura média (Embrapa, 2005a). A cultivar ORS Guardiã possui ciclo médio a precoce e estatura baixa (OR Sementes, 2021), e a cultivar BRS 264 possui ciclo precoce e altura média (Embrapa, 2005b).

O teste de Dunnett (5%) indicou superioridade dos genótipos 39D\_CD 116 × CD 1104 e 15B\_BRS 254 × CD 117 na safra 2020 em relação às testemunhas para RG. Sete genótipos selecionados também apresentaram superioridade para MCG em relação às testemunhas no mesmo experimento. O espigamento dos selecionados nesta safra também indica precocidade de ciclo, visto que onze genótipos foram significativamente mais precoces que a cultivar TBIO Aton e não diferiram da BRS 254.

Na safra 2021, observamos também desempenho competitivo das linhagens selecionadas em relação às testemunhas. A linhagem 62C\_CD 150 X VI 98053 apresentou ciclo

significativamente mais precoce que as testemunhas, e não diferiu para rendimento de grãos, destacando-se como genótipo potencial para lançamento.

Os genótipos 36F\_CD 151 × VI 98053 e 8A\_BRS 254 × CD 122 foram selecionados em ambos os experimentos. Os genótipos 39D\_CD 116 × CD 1104, 15B\_BRS 254 X CD 117, 16B\_BRS 254 × CD 117, 57C\_CD 150 × VI 98053, 16D\_CD 116 × CD 1104, 60B\_BRS 254 × CD 117 e 11B\_BRS 254 × CD 117, totalizando 7 selecionados na safra 2020, não compuseram o ensaio no ano seguinte.

Obter ganhos satisfatórios em todas as variáveis avaliadas em um processo de seleção múltipla é desafiador. Meier et al. (2019), ao aplicar o índice com base em soma de postos (Mulamba & Mock) e o índice clássico (Smith & Hazel), obteve ganhos de seleção equilibrados, porém positivos de 3,34% e 3,96% para altura de plantas, o que é especialmente indesejado em condições de cultivo irrigado (Mezzomo, 2020). Com o propósito de diminuir a suscetibilidade do trigo ao acamamento, são buscados genótipos de baixa estatura, sendo interessante o decréscimo deste caráter.

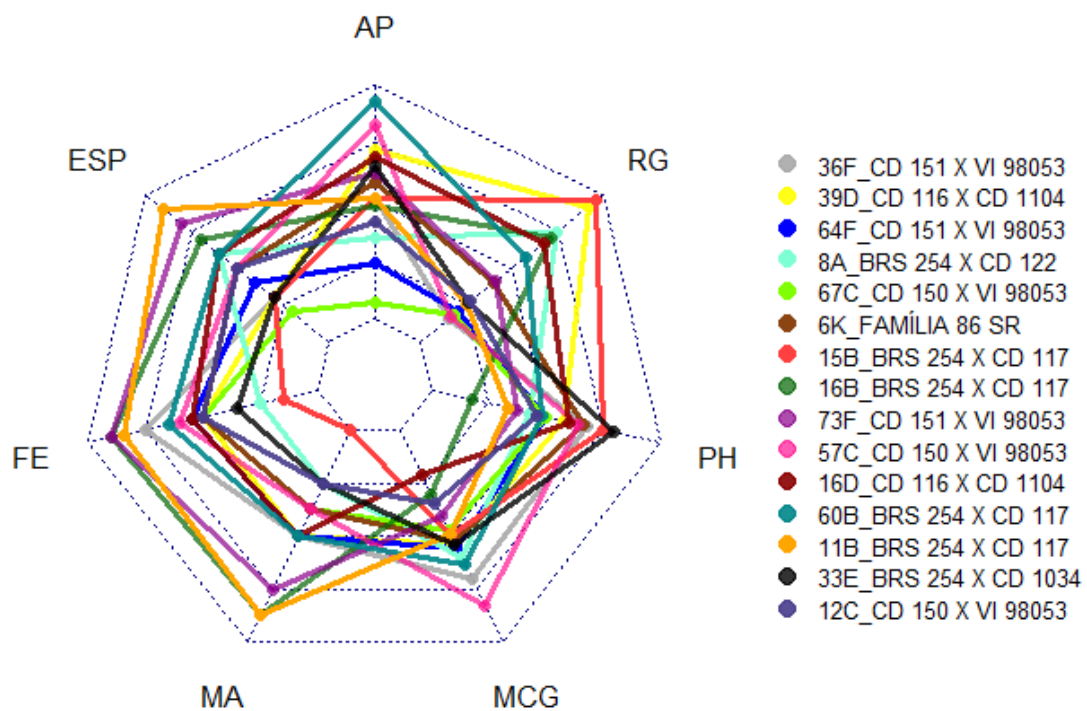
Fellahi et al. (2018) também demonstra em seus resultados a consistência na aplicação de índices de seleção em trigo em proporcionar ganhos equilibrados entre as variáveis, com inclusão de caracteres fisiológicos. A seleção direta proporciona maiores ganhos absolutos para a variável escolhida, mas, em contrapartida, normalmente resulta em ganhos indesejados para caracteres secundários de interesse do melhorista.

Para a avaliação da soma de ganhos, é importante a separação entre as variáveis com interesse em acréscimo das com interesse em decréscimo, possibilitando uma análise mais concisa, como se observa em Olivoto e Nardino (2021). Esse trabalho expõe um novo índice de distância genótipo-ideótipo multi-caráter (MGIDI) com resultados promissores, apresentando ganhos satisfatórios para todos os caracteres avaliados na seleção de genótipos de trigo. Este índice, baseado em análise de fator, propõe aplicação e interpretação facilitadas, uma vez que não há problemas na avaliação de caracteres correlacionados, situação de comum ocorrência em processos de seleção.

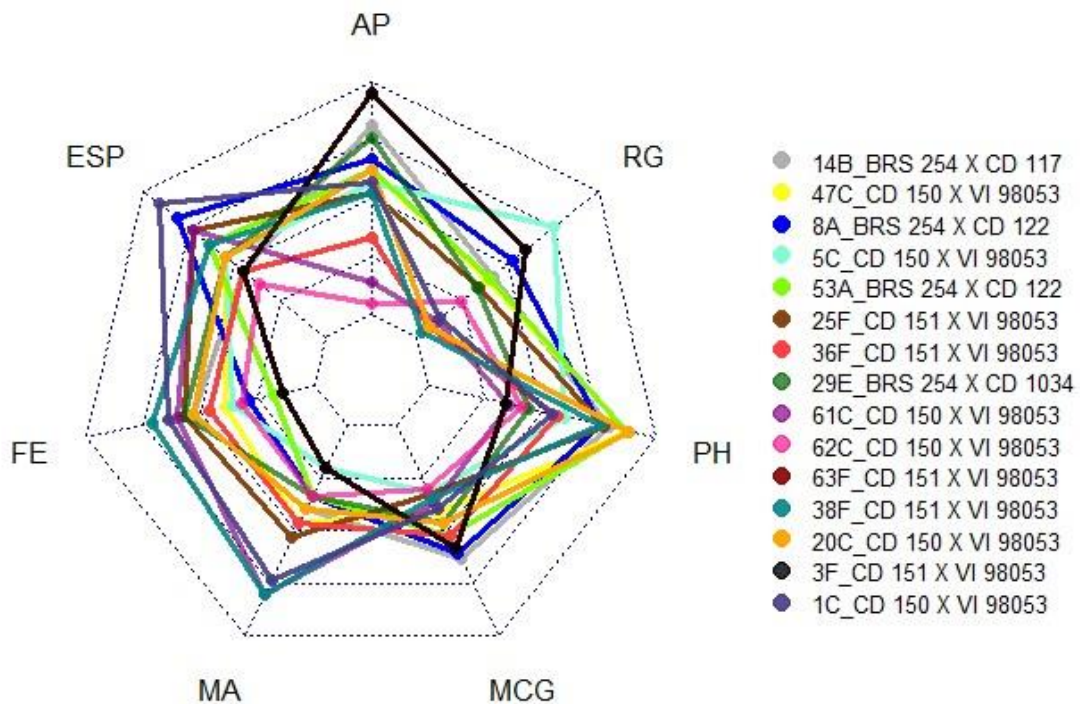
O índice de distância genótipo-ideótipo (DGI) foi eficiente em possibilitar ganhos desejados para todas as variáveis em ambas as gerações, visto que a redução dos caracteres AP e ESP foi almejada no processo de seleção, a fim de selecionar um genótipo que possua baixa estatura e precocidade, em conjunto com o acréscimo da média das demais variáveis. Um

expressivo ganho para FE (36,18%) foi obtido na safra 2021 e para RG em ambas os experimentos (21,99% e 23,67%).

É possível observar as médias fenotípicas dos genótipos selecionados em um gráfico de radar, a fim de se obter um panorama comparativo geral sobre o desempenho dos genótipos e as características de cada um para cada variável avaliada, nas safras 2020 (Figura 2) e 2021 (Figura 3).



**Figura 2.** Gráfico de radar com os genótipos selecionados na safra 2020.



**Figura 3.** Gráfico de radar com os genótipos selecionados na safra 2021.

#### 4.4. Componentes principais

Com base nos resultados obtidos pelo método de componentes principais, foram obtidos os autovalores e porcentagens da variância explicada por cada um dos sete componentes principais formados pelo conjunto de dados nas safras 2020 (Tabela 7) e 2021 (Tabela 8). Os dois primeiros componentes principais acumularam 59,23% e 54,83% da variância do conjunto de dados original. O grande número de variáveis avaliadas decresce a capacidade de se explicar níveis acima de 80% da variância total em apenas dois componentes. Ajmal et al. (2013) realizou análise multivariada via componentes principais em germoplasma de trigo, avaliando 7 caracteres em 50 linhagens, e obteve a retenção de 70,58% da variação total no terceiro componente principal formado. Casagrande et al. (2020) realizou um estudo de importância de caracteres em um conjunto de 32 linhagens de trigo em Ensaio Preliminar de Linhagens (EPL) e 12 nove cultivares comerciais através da análise de componentes principais, obtendo aproximadamente 80% da variação total também no terceiro componente principal.

**Tabela 7.** Autovalores, proporção da variância e proporção acumulada dos componentes principais formados na safra 2020

Componente Principal	Autovalores ( $\lambda$ )	Proporção da variância (%)	Proporção acumulada (%)
CP1	2,35	33,61	33,61
CP2	1,79	25,63	59,23
CP3	0,98	14,04	73,30
CP4	0,74	10,58	83,85
CP5	0,68	9,67	93,52
CP6	0,37	5,30	98,81
CP7	0,08	1,19	100

**Tabela 8.** Autovalores, proporção da variância e proporção acumulada dos componentes principais formados na safra 2021

Componente Principal	Autovalores ( $\lambda$ )	Proporção da variância (%)	Proporção acumulada (%)
CP <sub>1</sub>	2,11	30,07	30,07
CP <sub>2</sub>	1,73	24,76	54,83
CP <sub>3</sub>	1,21	17,21	72,04
CP <sub>4</sub>	0,68	9,75	81,79
CP <sub>5</sub>	0,50	7,14	88,92
CP <sub>6</sub>	0,48	6,82	95,74
CP <sub>7</sub>	0,30	4,26	100

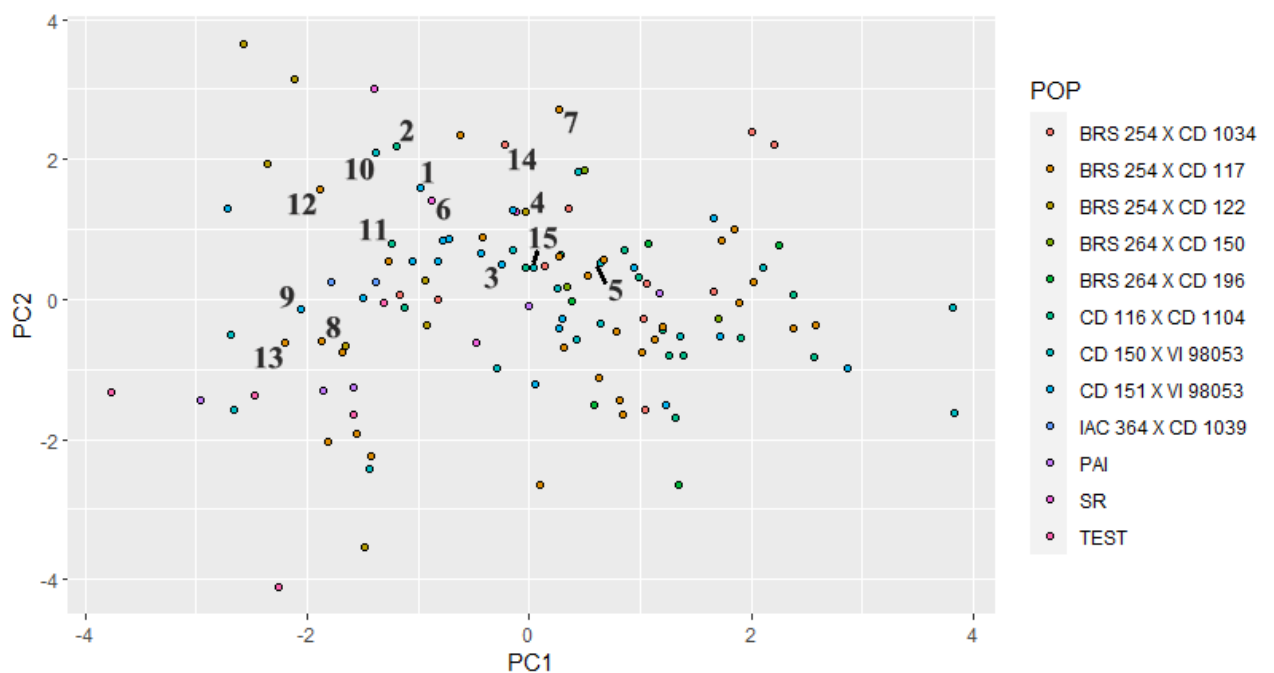
A contribuição das variáveis para cada componente principal nos dois experimentos é apresentada na Tabela 9. Na safra 2020, as variáveis que mais contribuíram para o CP<sub>1</sub> foram FE e MA, com o mesmo valor de contribuição (-0,57). Na safra 2021, as variáveis de produção PH (0,49), RG (0,47) e MCG (0,47) tiveram maior importância no primeiro componente formado, seguido pela FE (0,41). Este padrão foi similarmente observado para o segundo componente da safra 2020, onde as variáveis MCG (0,53), PH (0,47) e RG (0,42) foram as variáveis de maior importância para a CP<sub>2</sub>. Em 2021, as variáveis de maior contribuição para a CP<sub>2</sub> foram MA (0,56) e ESP (0,54). Para o terceiro componente principal formado, em ambos os experimentos a variável AP foi a de maior contribuição, em sentidos opostos (-0,66 e 0,69, respectivamente).

**Tabela 9.** Contribuição das variáveis para os três primeiros componentes principais formados nos experimentos

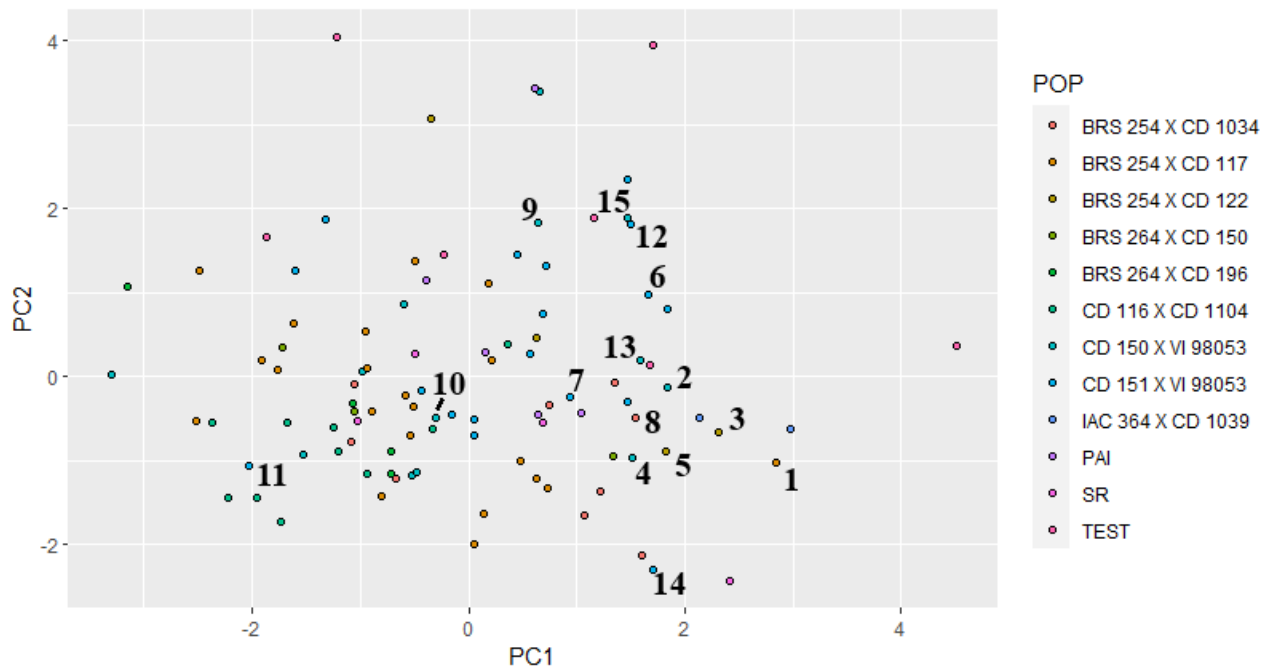
Variáveis	CP <sub>1</sub>		CP <sub>2</sub>		CP <sub>3</sub>	
	2020	2021	2020	2021	2020	2021
AP	-0,33	0,29	0,30	-0,23	-0,66	0,69
ESP	-0,36	0,03	-0,37	0,54	-0,54	0,45
FE	-0,57	0,41	-0,19	0,37	0,38	-0,42
MA	-0,57	0,25	-0,25	0,56	0,31	-0,10
MCG	-0,17	0,47	0,53	-0,33	0,02	-0,12
PH	-0,19	0,49	0,47	0,10	0,27	0,28
RG	-0,23	0,47	0,42	-0,29	-0,0006	-0,20

AP: altura de planta, ESP: espigamento, FE: ferrugem, MA: mancha amarela, MCG: massa de cem grãos, PH: peso do hectolitro e RG: rendimento de grãos.

Foram plotadas as coordenadas de cada genótipo nos dois primeiros componentes principais para possibilitar a visualização da divergência genética do conjunto dos genótipos analisadas no estudo em ambos os experimentos (Figuras 4 e 5). Os genótipos selecionados foram identificados de acordo com sua respectiva posição no ranqueamento do índice de seleção genótipo-ideótipo. Esta visualização da divergência é importante para melhoristas na tomada de decisão de possíveis cruzamentos e recombinações, visto que é importante proceder a hibridização em linhagens de bom desempenho e que são geneticamente divergentes (Borém e Miranda, 2013).



**Figura 4.** Gráfico de dispersão das linhagens, testemunhas e genitores nos componentes principais 1 e 2 da geração 2022.



**Figura 5.** Gráfico de dispersão das linhagens, testemunhas e genitores nos componentes principais 1 e 2 da geração 2021.

A matriz de dissimilaridade entre os genótipos selecionados em cada safra está indicada nas tabelas 10 e 11. Nas colunas, a identificação de acordo com a população foi omitida para melhor visualização do resultado. Percebe-se alta divergência entre as linhagens 15B com as linhagens 16B e 11B presentes na safra 2020, que são derivadas da mesma população. Este valor encontrado pode indicar que o cruzamento BRS 254 × CD 117 proporcionou a obtenção de uma população com elevada variância aditiva e complementariedade entre os genitores, sendo possível explorar a variabilidade genética encontrada para seleção de genótipos distintos. Os resultados desta mesma safra indicaram também elevada dissimilaridade entre os genótipos 11B e 33E. No ano de 2021, observamos elevada divergência entre a linhagem 63F e as demais linhagens, inclusive com genótipos derivados da mesma população. Este valor pode indicar boa capacidade de combinação em um estudo dialélico, despertando o interesse na seleção desta linhagem como genitora em um esquema de cruzamentos. A utilização de variáveis fenotípicas para a análise em questão pode não representar precisamente a diversidade genética do conjunto de genótipos, sendo recomendada a estimação dos valores genotípicos pelo método do melhor preditor linear não-viesado (BLUP) (Casagrande et al., 2020).

**Tabela 10.** Matriz de dissimilaridade entre os genótipos na safra 2020 selecionados a partir da distância euclidiana

	39D	64F	8A	67C	6K	15B	16B	73F	57C	16D	60B	11B	33E	12C
36F_CD 151 X VI 98053	0.63	1.30	1.00	1.94	0.19	1.68	2.35	2.04	0.64	0.83	0.91	2.53	0.98	1.51
39D_CD 116 X CD 1104		1.93	1.48	2.48	0.83	1.55	2.86	2.49	0.21	1.39	0.92	2.99	0.97	2.11
64F_CD 151 X VI 98053			0.78	0.89	1.11	2.27	1.95	1.92	1.94	1.04	1.96	2.26	1.70	0.29
8A_BRS 254 X CD 122				1.00	0.87	1.49	2.60	2.46	1.58	1.29	1.88	2.87	0.97	0.80
67C_CD 150 X VI 98053					1.77	2.23	2.73	2.78	2.56	1.90	2.74	3.06	1.90	0.61
6K_FAMÍLIA 86 SR						1.74	2.23	1.95	0.83	0.71	1.01	2.43	1.04	1.32
15B_BRS 254 X CD 117							3.93	3.69	1.77	2.44	2.44	4.16	0.70	2.26
16B_BRS 254 X CD 117								0.49	2.72	1.52	2.17	0.34	3.25	2.17
73F_CD 151 X VI 98053									2.33	1.25	1.73	0.50	2.99	2.18
57C_CD 150 X VI 98053										1.29	0.72	2.84	1.17	2.15
16D_CD 116 X CD 1104											1.01	1.72	1.74	1.32
60B_BRS 254 X CD 117												2.23	1.78	2.22
11B_BRS 254 X CD 117													3.46	2.49
33E_BRS 254 X CD 1034														1.76

**Tabela 11.** Matriz de dissimilaridade entre os genótipos na safra 2021 selecionados a partir da distância euclidiana

	47C	8A	5C	53A	25F	36F	29E	61C	62C	63F	38F	20C	3F	1C
14B_BRS 254 X CD 117	1.35	0.64	1.33	1.02	2.33	2.06	1.40	3.61	3.19	4.88	3.14	1.75	1.71	3.23
47C_CD 150 X VI 98053		0.72	0.92	0.78	1.11	0.92	0.48	2.30	2.17	3.99	1.97	0.41	2.18	2.05
8A_BRS 254 X CD 122			0.86	0.54	1.77	1.45	0.79	3.02	2.62	4.37	2.62	1.13	1.74	2.70
5C_CD 150 X VI 98053				0.33	1.96	0.93	0.48	2.95	1.87	3.55	2.79	1.18	1.34	2.87
53A_BRS 254 X CD 122					1.88	1.11	0.49	2.99	2.16	3.87	2.73	1.13	1.40	2.81
25F_CD 151 X VI 98053						1.42	1.47	1.33	2.44	4.22	0.85	0.77	3.27	0.94
36F_CD 151 X VI 98053							0.67	2.11	1.26	3.08	2.14	0.80	2.19	2.20
29E_BRS 254 X CD 1034								2.51	1.85	3.63	2.31	0.70	1.81	2.39
61C_CD 150 X VI 98053									2.52	3.96	0.86	1.89	4.27	0.82
62C_CD 150 X VI 98053										1.83	2.93	2.02	2.69	2.97
63F_CD 151 X VI 98053											4.57	3.85	3.94	4.59
38F_CD 151 X VI 98053												1.61	4.12	0.08
20C_CD 150 X VI 98053													2.50	1.69
3F_CD 151 X VI 98053														4.19

## 5. CONCLUSÃO

O índice de seleção baseado na distância genótipo-ideótipo resultou em ganhos favoráveis para todas as variáveis avaliadas, evidenciando a eficiência do método da seleção simultânea de caracteres por meio dessa metodologia para a obtenção de ganhos de seleção equilibrados.

Os genitores CD 150 e CD 151 apresentaram complementariedade nos cruzamentos com o genitor VI 98053, onde as populações geradas proporcionaram grande número de linhagens selecionadas no processo. Na safra 2020, seis dos quinze genótipos selecionados possuíam a linhagem VI 98053 como genitora, e na safra 2021 onze dos quinze genótipos selecionados, combinados com os genitores CD 150 e CD 151.

A análise de componentes principais na safra 2021 indicou elevada importância dos caracteres produtivos para a variabilidade existente no conjunto de genótipos, demonstrando a relevância destas variáveis no processo de seleção de linhagens em situação de elevada homozigose.

Os desempenhos das linhagens selecionadas do PROGRAMA TRIGO-UFV foram satisfatórios em relação às testemunhas avaliadas pelo teste de Dunnet. A linhagem 39D\_CD 116 × CD 1104 apresentou maior produtividade em relação a ambas as testemunhas, e a linhagem 62C\_CD 150 X VI 98053 apresentou precocidade em relação também as duas testemunhas avaliadas, reforçando o interesse em futuras avaliações diante do elevado potencial para lançamento de cultivar.

## 6. REFERÊNCIAS

ABITRIGO. **Evolução mensal e annual do preço do trigo, consumo, produção e estoque mundial de trigo**. São Paulo: Abitrigo, 2021. Disponível em: <http://www.abitrigo.com.br/categoria-estatisticas/trigo/>. Acesso em: 31 jan. 2021.

ACQUAAH, G. **Principles of plant genetics and breeding**. 1. ed. Victoria: Blackwell Publishing, 2007. ISBN 1-4051-3646-4.

AJMAL, S. U. et al. Multivariate analysis of genetic divergence in wheat (*Triticum aestivum*) germplasm. **Pak. J. Bot.**, v. 45, n. 5, p. 1643-1648, 2013.

ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, [S.L.], v. 22, n. 6, p. 711-728, 1 dez. 2013.

ANDERSON, T. W. **An Introduction to Multivariate Statistical Analysis**. 3. ed. New Jersey: John Wiley & Sons, 2003. 713 p. ISBN 0-471-36091-0.

BAEZINGER, S. Wheat Breeding and Genetics. **Reference Module in Food Science**, Lincoln, dez 2016.

BERNARDO, R. Parental selection, number of breeding populations, and size of each population in inbred development. **Theoretical and applied genetics**, v. 107, n. 7, p. 1252-1256, 2003.

BERNARDO, R. Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. **Heredity**, v. 125, n. 6, p. 375-385, 2020.

BIOTRIGO GENÉTICA (Passo Fundo, RS). **Portfólio**: TBIO Aton. Passo Fundo, 2022. Disponível em: [https://biotrigo.com.br/cultivares/portfolio/tbio\\_aton\\_-\\_cerrado/54](https://biotrigo.com.br/cultivares/portfolio/tbio_aton_-_cerrado/54). Acesso em: 5 abr. 2022.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2013.

BORÉM, A; SCHEREEN, P. L. **Trigo: do plantio à colheita**. 1. ed. Viçosa: UFV, 2015. cap. 2, p. 11-34. ISBN 978-85-7269-522-0.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instrução normativa nº 58, de 19 de novembro de 2008. Valor de cultivo e uso de trigo**. Diário Oficial da República Federativa do Brasil, 25 nov. 2008.

CARVALHO, C. G. P. et al. Selection based on distances from ideotype. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, n. 2, 2002.

CASAGRANDE, Cleiton Renato et al. Choosing parent tropical wheat genotypes through genetic dissimilarity based on REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, 2020.

CÉRON-ROJAS, J. J.; CROSSA, J. **Linear selection indices in modern plant breeding**. Springer Nature, 2018.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético** - ISBN 9788572694339. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2014. v. 2. 514p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** (volume 1). 4ª Ed. Viçosa: UFV. 2012.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

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

EMBRAPA (Brasília, DF). **Soluções tecnológicas**: Trigo - BRS 254. Brasília, 2005. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-solucoes-tecnologicas/-/produto-servico/718/trigo---brs-254>. Acesso em: 5 abr. 2022.

EMBRAPA (Brasília, DF). **Soluções tecnológicas**: Trigo - BRS 264. Brasília, 2005. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-solucoes-tecnologicas/-/produto-servico/718/trigo---brs-254>. Acesso em: 5 abr. 2022.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, p. 85-97, 1963.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4. ed. Edinburgh: Longman Scientific & Technical, 1989. 433 p. ISBN 0-582-016428.

FAO (Itália). FAOSTAT. **Food and agriculture data**. Italia: Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2021. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data>. Acesso em: 31 jan. 2022.

FARIS, J. D.; LIU, Zhaohui; XU, Steven S. Genetics of tan spot resistance in wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 126, n. 9, p. 2197-2217, 2013.

FELLAHI, Z. E. A.; HANNACHI, A.; BOUZERZOUR, H. Analysis of direct and indirect selection and indices in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) segregating progeny. **International Journal of Agronomy**, v. 2018, 2018.

FOULKES, M. J. et al. Genetic progress in yield potential in wheat: recent advances and future prospects. **The Journal of Agricultural Science**, v. 145, n. 1, p. 17, 2007.

HANCOCK, J. F. **Plant Evolution and the Origin of Crop Species**. Second Edition. ed. Michigan: Cabi Publishing, 2004. 307 p. ISBN 0 85199 685 X.

HAZEL, L. N. The genetic basic for constructing selection indexes. **Genetics**, vol. 28, p. 476-490, 1943.

HERNÁNDEZ-ESPINOSA, N. et al. Milling, processing and end-use quality traits of CIMMYT spring bread wheat germplasm under drought and heat stress. **Field Crops Research**, v. 215, p. 104-112, 2018.

JOLLIFFE, I. Principal component analysis. **Encyclopedia of statistics in behavioral science**, 2005.

KLEIN, M. A. **Trigo com boas perspectivas para 2020**. Embrapa Trigo. Plant production, 15 maio 2020. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-noticias/-/noticia/52395260/artigo-trigo-com-boas-perspectivas-para-2020>> Acesso em: 13 jul. 2020.

KOHLI, M. M. et al. Pyricularia blast-a threat to wheat cultivation. **Czech Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 47, n. Special Issue, p. S00-4, 2011.

KUHNEM, P. *et al.* **Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale: Informações técnicas para trigo e triticale: safra 2020**. ISBN: 978-65-00-04025-8. 1. ed. Passo Fundo, RS: Biotrigo Genética, 2020. *E-book*: 255 p.7

LIN, C. Y. Index selection for genetic improvement of quantitative characters. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 52, n. 2, p. 49-56, 1978.

MACIEL, J. L. N. et al. Doenças da cultura do trigo no Brasil. **Embrapa Trigo-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2020.

MEIER, C. *et al.* Selection gain and interrelations between agronomic traits in wheat F5 genotypes. **Revista Ceres**, [S.L.], v. 66, n. 4, p. 271-278, ago. 2019. FapUNIFESP (SciELO).

MEZZOMO, H. C. et al. Association between physiological and agronomic traits and selection of tropical wheat. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v. 24, n. 2, p. 167-177, 2021.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO (Brasil). CONAB. **Histórico mensal de trigo**. Brasil: CONAB, nov. 2021. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuario-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-mensal-de-trigo>. Acesso em: 31 jan. 2022.

MITTER, V. et al. A high-throughput glasshouse bioassay to detect crown rot resistance in wheat germplasm. **Plant Pathology**, v. 55, n. 3, p. 433-441, 2006.

MOLL, R. H.; STUBER, C. W. Quantitative genetics—empirical results relevant to plant breeding. In: **Advances in agronomy**. Academic Press, 1974. p. 277-313.

MOURAD, A. M. et al. Recent Advances in Wheat (*Triticum* spp.) Breeding. In: AL-KHAYRI, J. M. et al. **Advances in Plant Breeding Strategies: Cereals**. Suíça: Springer Nature, 2019. v. 5, cap. 15, p. 559-603.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potencial of the Eto Blanco Maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, vol. 7, p. 40- 51, 1978.

NAKAZAWA, Minato; NAKAZAWA, Maintainer Minato. Package ‘fmsb’. See <https://cran.r-project.org/web/packages/fmsb/fmsb.pdf>, 2019.

OLIVOTO, Tiago; NARDINO, Maicon. MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments. **Bioinformatics**, v. 37, n. 10, p. 1383-1389, 2021.

R DEVELOPMENT CORE TEAM R: **A language and environment for statistical computing** (R Foundation for Statistical Computing, 2020).

RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Genética Quantitativa em Plantas Autógamas: Aplicações ao Melhoramento Genético**. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, Charles E. **Variance components**. John Wiley & Sons, 2009.

SHEWRY, P. R. Wheat. **Journal of experimental botany**, v. 60, n. 6, p. 1537-1553, 2009.

SHIFERAW, B. et al. Crops that feed the world 6. Past successes and future challenges to the role played by maize in global food security. **Food security**, v. 3, n. 3, p. 307-327, 2011.

SILVA, H. D. et al. Analysis of experiments in square lattice with emphasis on variance components. i. Individual analysis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, p. 1811-1822, 1999.

SMITH, H. F. A. A discriminat function for plant selection. **Annals of Eugenics**, vol. 7, p. 240-250, 1936.

TEIXEIRA, F. G. et al. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, 2017.

TODOROVSKA, E. et al. Biotic stress resistance in wheat—breeding and genomic selection implications. **Biotechnology & Biotechnological Equipment**, v. 23, n. 4, p. 1417-1426, 2009.

TRICKER, P. J. et al. The physiological and genetic basis of combined drought and heat tolerance in wheat. **Journal of experimental botany**, v. 69, n. 13, p. 3195-3210, 2018.

- VAZQUEZ, M. D. et al. Genetic analysis of adult plant, quantitative resistance to stripe rust in wheat cultivar 'Stephens' in multi-environment trials. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 1, p. 1-11, 2012.
- WELLS, W. C.; KOFOID, K. D. Selection Indices to Improve an Intermating Population of Spring Wheat 1. **Crop science**, v. 26, n. 6, p. 1104-1109, 1986.
- WICKHAM, Hadley. ggplot2. **Wiley interdisciplinary reviews: computational statistics**, v. 3, n. 2, p. 180-185, 2011.
- WICKHAM, Hadley et al. Welcome to the Tidyverse. **Journal of open source software**, v. 4, n. 43, p. 1686, 2019.
- WOYANN, L. G. et al. Genetic gain over 30 years of spring wheat breeding in Brazil. **Crop Science**, v. 59, n. 5, p. 2036-2045, 2019.
- ZADOKS, J. C., Chang, T. T. & Konzak, C.F. (1974). A decimal code for the growth stages of cereals. **Weed Research**, 14, 415-421.
- ZHANG, K. et al. Detection of quantitative trait loci for heading date based on the doubled haploid progeny of two elite Chinese wheat cultivars. **Genetica**, v. 135, n. 3, p. 257-265, 2009.