

**HENRIQUE CALETTI MEZZOMO**

**ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE TRIGO  
TROPICAL**

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

Orientador: Maicon Nardino

Coorientador: Aluizio Borém de Oliveira

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2023**

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

T

M617e  
2023 Mezzomo, Henrique Caletti, 1995-  
Estratégias para seleção de populações segregantes de trigo  
tropical / Henrique Caletti Mezzomo. – Viçosa, MG, 2023.  
1 tese eletrônica (47 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Maicon Nardino.  
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Agronomia, 2023.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2023.304>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. *Triticum aestivum* - Seleção. 2. Modelos multiníveis  
(Estatísticas). 3. Trigo - Rendimento. I. Nardino, Maicon, 1988-  
II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de  
Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia.  
III. Título.

CDD 22. ed. 633.112

**HENRIQUE CALETTI MEZZOMO**

**ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE TRIGO  
TROPICAL**

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

APROVADA: 27 de fevereiro de 2023.

Assentimento:



Documento assinado digitalmente  
HENRIQUE CALETTI MEZZOMO  
Data: 26/05/2023 09:37:40-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Henrique Caletti Mezzomo**  
Autor



Documento assinado digitalmente  
MAICON NARDINO  
Data: 26/05/2023 13:07:57-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Maicon Nardino**  
Orientador

## AGRADECIMENTOS

Agradeço a todos que de alguma forma contribuíram para a conclusão deste estudo e, de uma maneira especial, agradeço:

- À minha família, por ser a base de minha vida. De forma muito especial aos meus pais, José Carlos Mezzomo e Cristina Ângela Caletti Mezzomo, e a meu irmão Jessé Caletti Mezzomo, pela total dedicação, paciência e auxílio nos caminhos percorridos, além do apoio e incentivo durante toda a trajetória;

- À minha namorada, Letícia, pelo apoio, dedicação e companheirismo, por estar sempre ao meu lado como suporte e ambiente de paz;

- À Universidade Federal de Viçosa (UFV), ao Centro de Ciências Agrárias ao Programa de Pós-graduação em Agronomia pela oportunidade de realização do doutorado;

- Ao Departamento de Agronomia da UFV pela infraestrutura, espaço e funcionários disponibilizados para as realizações dos experimentos e análises;

- À Cooperativa Agropecuária do Alto Paranaíba (COOPADAP), em especial ao Eng. Agr. José Renato Eides pela parceria e confiança;

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

- Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudo;

- Aos meus orientadores, Prof. Dr. Aluizio Borém e Prof. Dr. Maicon Nardino pela amizade, ensinamentos, compreensão e paciência ao longo deste período;

- Aos colegas do Programa Trigo UFV, em especial a velha guarda, Caique, Gabriel, Victor e João Paulo pelos auxílios nos trabalhos, companheirismo e amizade ao longo destes anos; aos amigos de longa data, Cleiton e Skarlet.

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

**Muito obrigado!**

*... o trigo manipulou o Homo sapiens para o seu próprio bem...*

**Yuval Noal Harari**

## RESUMO

MEZZOMO, Henrique Caletti, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2023. **Estudo para seleção de populações segregantes de trigo tropical.** Orientador: Maicon Nardino. Coorientador: Aluizio Borém de Oliveira.

A seleção de populações segregantes é determinante para o lançamento de cultivares superiores. A necessidade de reunir fenótipos de diversas variáveis de interesse dificulta o processo de identificação. Logo, esta tese se propõe em estudar diferentes estratégias de seleção de populações segregantes aplicadas a trigo. Para tal, em dois momentos foram aplicadas diferentes estratégias, inicialmente avaliaram-se 56 populações de F<sub>2</sub> de trigo sob a metodologia de Jinks e Pooni e em um segundo momento avaliaram-se as 56 populações em geração F<sub>2</sub> e F<sub>3</sub> sob quatro diferentes estratégias de seleção: modelo univariado e unigeração; modelo multivariado e unigeração; modelo univariado e multigeração; e modelo multivariado e multigeração. No primeiro trabalho, os resultados mostraram que o uso da variância genética associada ao valor genotípico individual (BLUP) foi superior ao uso da variância e dos valores fenotípicos tradicionais; ainda selecionou-se as populações CD 1303/BRS 254, CD 1303/Tbio Duque, CD 1303/Tbio Ponteiro, BRS 264/Tbio Aton, Tbio Ponteiro/Tbio Aton, e Tbio Sossego/CD 1303. Já no segundo trabalho, as estratégias que envolveram no modelo gerações de forma independente propiciou maiores ganhos. Ainda, a estratégia envolvendo modelo univariado e unigeração, propiciou o maior ganho. Dentro das estratégias, as populações 1D, 1G, 1H, 2D, 2E, 2F, 2G e 3H foram selecionadas.

**Palavras-chave:** *Triticum aestivum* (L.). Modelos mistos. Produtividade de grãos.

## ABSTRACT

MEZZOMO, Henrique Caletti, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2023. **Study for selection of segregating populations of tropical wheat.** Advisor: Maicon Nardino. Co-adviser: Aluizio Borém de Oliveira.

The selection of segregating populations is crucial for the release of superior cultivars. The need to gather phenotypes of different traits of interest complicates the identification process. Therefore, this thesis proposes to study different selection strategies for segregating populations applied to wheat. For this purpose, different strategies were applied in two moments: initially, 56 wheat F<sub>2</sub> populations were evaluated using the Jinks and Pooni methodology and, in a second moment, the 56 populations in F<sub>2</sub> and F<sub>3</sub> generations were evaluated using four different selection strategies: univariate and unigeneration model; multivariate and unigeneration model; univariate and multigeneration model; and multivariate and multigeneration model. In the first study, the results showed that the use of genetic variance associated with individual genotypic value (BLUP) was superior to the use of variance and traditional phenotypic values; populations CD 1303/BRS 254, CD 1303/Tbio Duque, CD 1303/Tbio Ponteiro, BRS 264/Tbio Aton, Tbio Ponteiro/Tbio Aton, and Tbio Sossego/CD 1303 were also selected. In the second work, the strategies that involved generations in the model independently provided greater gains. Still, the strategy involving the univariate and unigeneration model provided the greatest gain. Within the strategies, populations 1D, 1G, 1H, 2D, 2E, 2F, 2G and 3H were selected.

**Keywords:** *Triticum aestivum* (L.). Mixed models. Grain yield

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figure 1 – Pattern of density distribution of grain yield per plant in 56 tropical wheat F2 populations .....	20
Figure 2 – Genotypic value (BLUP) of plants above the mean of three F2 populations of tropical wheat selected by the method of Jinks and Pooni (1976).....	24
Figure 3 – Genotypic value (BLUP) of plants above the mean of three F2 populations of tropical wheat selected by the method of Jinks and Pooni (1976).....	25
Figura 1 – Valores médios de 56 populações F2 e F3 e oito genitores para as variáveis dias para espigamento (A) e produtividade de grãos (B).....	36
Figura 2 – Ganho de seleção em % na seleção para o índice distância genótipo-ideótipo multitraço (MGIDI) entre 56 populações de trigo para as diferentes estratégias.....	37
Figura 3 – Classificação de genótipos e genótipos selecionados (em vermelho) em ordem crescente para o índice distância genótipo-ideótipo multitraço (MGIDI) entre 56 populações de trigo para as diferentes estratégias (A, B, C e D). .....	38
Figura 4 – Coeficiente Kappa entre as diferentes estratégias de seleção. ....	41

## LISTA DE TABELAS

Table 1 – Descriptive analysis containing number of plants evaluated (n° of pl), maximum (Max), minimum (Min) and mean phenotypic values, standard deviation (SD), skewness and kurtosis for the production per plant (g pl-1) of 56 F2 populations of tropical wheat .....	17
Table 2 – Average genetic value per plant (g pl <sup>-1</sup> ), genetic variance ( $\sigma^2$ ), heritability (h <sup>2</sup> ), Z value for L=12.14 g pl-1 and their respective probabilities of extraction of superior lines (P, %), for the grain production trait per plant of tropical wheat F <sub>2</sub> populations .....	21
Tabela 1 – Descrição dos genitores utilizados em esquema dialélico 8 × 8.....	30
Tabela 2 – parâmetros estimados a partir das análises REML/BLUP univariada e bivariada para as variáveis dias para o espigamento (DE, dias) e produtividade de grãos (PG, kg ha <sup>-1</sup> ) de populações F <sub>2</sub> e F <sub>3</sub> e progenitores. ....	33

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO GERAL .....</b>	<b>10</b>
<b>2. CAPÍTULO 1: MIXED MODEL-BASED JINKS AND POONI METHOD TO PREDICT SEGREGATING POPULATIONS IN WHEAT BREEDING .....</b>	<b>13</b>
2.1. Abstract.....	13
2.2. Introduction.....	13
2.3. Material and Methods .....	14
2.3.1. Crossing of F <sub>1</sub> populations.....	14
2.3.2. Field experiment.....	15
2.3.3. Statistical analysis .....	15
2.4. Results and Discussion.....	17
2.4.1. Descriptive analysis .....	17
2.4.2. Jinks and Pooni methodology .....	20
2.4.3. Selection of superior plants .....	23
2.5. Conclusions.....	25
2.6 Acknowledgments .....	26
2.7. References .....	26
<b>3. CAPÍTULO 2: ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM POPULAÇÕES DE TRIGO ....</b>	<b>29</b>
3.1 Resumo.....	29
3.2 Introdução .....	29
3.3. Material e Métodos .....	30
3.3.1. Material genético e configurações experimentais.....	30
3.3.2. Fenotipagem.....	31
3.3.3. Avaliação das estratégias de seleção .....	31
3.3.4. Seleção de populações .....	34
3.3.5. Softwares .....	34
3.4. Resultados.....	35
3.4.1. Efeito das estratégias para seleção.....	35
3.4.2. Seleção de populações dentro das estratégias .....	36
3.5. Discussão.....	38
3.5.1. Efeito de população .....	38
3.5.2. Uso de diferentes estratégias .....	39
3.5.3. Seleção de populações precoces de trigo de alto rendimento .....	40
3.6. Conclusão.....	41
3.7. Referências .....	42
<b>4. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....</b>	<b>45</b>
<b>5. REFERÊNCIAS .....</b>	<b>45</b>

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

O trigo é uma importante cultura cerealífera, cultivado tanto em países desenvolvidos quanto em países em desenvolvimento. A área total cultivada em 2022/2023 ultrapassou 220 milhões de hectares. As regiões desenvolvidas são responsáveis por 50% da produção global de trigo e uma área total colhida de 53%. Nas regiões em desenvolvimento, o trigo representa 35% das calorias de cereais consumidas, em comparação com 74% em regiões desenvolvidas. Cerca de 70% do trigo produzido mundialmente é usado para alimentação humana, 20% é usado pecuária e o restante é utilizado no setor industrial e outras finalidades (Ukr Agro Consult, 2022). Na safra de 2022/2023 a produção mundial de trigo foi de 781,31 milhões de toneladas (Statista, 2023). O Brasil está entre os 20 maiores produtores de trigo do mundo, com uma produção estimada em 9,20 milhões de toneladas em 2022 (Conab, 2022), o que representa 1,20% da produção mundial, no entanto também ocupa posição de destaque entre os maiores importadores da cultura, importando cerca de 4 milhões de toneladas anualmente.

Nos últimos anos a indústria foi afetada, inicialmente pela pandemia de COVID-19 e em um segundo momento por conflitos bélicos envolvendo dois importantes produtores mundiais de trigo, Rússia e Ucrânia. Em todo o mundo devido a algumas preocupações, incluindo questões da cadeia de suprimentos e expectativas de indústrias que não conseguiriam operar de forma constante durante a pandemia. As interrupções comerciais provocadas por esses fatos causaram um aumento nos preços de muitas commodities agrícolas e ressaltaram a importância de ser autossuficiente na agricultura para muitos países, incluindo o Brasil. No Brasil, a região Central apresenta grande potencial para a expansão da triticultura além das zonas subtropicais tradicionalmente exploradas. Segundo Pasinato et al. (2018) a região do cerrado brasileiro destaca-se devido à proximidade com importantes mercados consumidores, disponibilidade de vastas áreas agricultáveis, aptidão edafoclimática para produção de trigo, além da oportunidade de incremento e diversificação de renda para os agricultores da região.

Os programas de melhoramento possuem um papel fundamental no desenvolvimento de cultivares produtivas, adaptadas as condições ambientais e com características que atendam às exigências para a industrialização (Nagar et al. 2018). Uma importante decisão dentro de programas de melhoramento de plantas é a seleção de populações segregantes a serem trabalhadas, pois nestas populações é preciso concentrar alelos favoráveis para as características de interesse, o que permite a derivação de linhagens superiores. (Hallauer, Carena e Miranda Filho 2010). Feita uma opção equivocada neste momento, implica em dificuldades dentro dos

passos seguintes do programa de melhoramento, acarretando em desperdício de tempo e recursos (Oliboni et al. 2013).

A fim de tornar a escolha destas populações com maior certame, evitando equívocos, a academia ao longo do período propôs diferentes metodologias capazes de selecionar as melhores populações. Entre as elas, destaca-se a metodologia proposta por Jinks e Pooni (1976), baseada na premissa que para qualquer característica quantitativa, os valores médios fenotípicos das linhagens  $F_{\infty}$  de um cruzamento entre duas linhagens homozigóticas seguem uma distribuição normal. Assim é possível calcular a probabilidade de ocorrência de linhagens com valor médio que supere determinado padrão. Metodologia anteriormente utilizada para seleção de populações segregantes em gerações precoces, com exemplos em soja (Lima et al. 2012), feijão (Rocha et al. 2013) e arroz (Morais Júnior et al. 2015). Outra metodologia amplamente utilizada é a análise dialélica, utiliza-se com a finalidade de explicar o potencial dos genitores em gerar progênies superiores, associado à magnitude da ação dos genes aditivos e não aditivos. Utilizado anteriormente em trigo (Pelegrin et al. 2020) milho (Xavier et al. 2020) e soja (Castro et al. 2022).

As limitações dessas metodologias se dá de maneira teórico-prático, Pimentel et al. (2013) relata dificuldades operacionais para avaliação das plantas individualmente em trigo e estimativas de variâncias negativas. Diante deste problema, o método da máxima verossimilhança restrita (REML) pode ser uma alternativa a metodologia usual de mínimos quadrados, para a estimação dos componentes de variâncias, o método REML possui translação invariante, e não dificilmente fornecerá estimativas de componentes de variância fora do espaço paramétrico, não tornando as estimativas viesadas (Resende e Alves 2020).

Outra problemática ocorre a partir de que a seleção das melhores populações é realizada após avaliação de um conjunto de características da população para a definição da superioridade da população. No entanto, na maioria das pesquisas, cada variável é analisada de maneira individual, o que pode tornar o processo equivocados, uma vez que as características agronômicas, em sua maioria são correlacionadas.

Alternativamente a estas metodologias, diferentes autores propõem adaptações variadas, a fim de sanar tais empecilhos. Em análise dialélica, Ledo, Ferreira e Ramalho (2003) apresentaram a análise de variância multivariada para os cruzamentos dialélicos, com o intuito de fornecer meios mais eficientes para a seleção de genótipos superiores. Nardino et al. (2020) propuseram a análise dialélica com definição das mega variáveis a posteriori, considerando as correlações entre as variáveis, por meio da análise de fatores. Autores também propõem

combinações de estratégias, tal como Viana et al. (2010), que em estudo compararam a precisão e a eficiência na seleção de famílias por meio do uso de BLUP uni e multicaracterísticas, e métodos BLUE/ANOVA. Já Viana et al. (2011) estudaram a importância relativa do desempenho *per se* de populações na seleção de progênies endogâmicas usando melhor predição linear imparcial bi-característica, em milho pipoca.

Diante disso, encara-se a necessidade de entender as diferentes metodologias propostas para seleção de populações segregantes, em especial em trigo, e adaptar estratégias capazes de selecionar com precisão as populações, economizando tempo e recursos ao longo do processo. Para tal, o objetivo desse trabalho foi em um primeiro capítulo avaliar o potencial genético de 56 populações F2 de trigo tropical para derivação de linhagens superiores e selecionar as plantas com desempenho superior por meio da metodologia de Jinks e Pooni (1976) via REML/BLUPi. Já no segundo capítulo o objetivo foi examinar a importância do uso da análise multivariada e multigeração e selecionar populações de trigo que sejam simultaneamente precoces e produtivas.

## 2. CAPÍTULO 1: MIXED MODEL-BASED JINKS AND POONI METHOD TO PREDICT SEGREGATING POPULATIONS IN WHEAT BREEDING

### 2.1. Abstract

The improvement of superior wheat cultivars depends on the identification of promising segregating populations to derive superior lines. A lattice model (8×8) involving 56 F<sub>2</sub> populations and eight parents was conducted in the 2020 cropping season, and grain yield per plant was evaluated for every F<sub>2</sub> population, with further analysis of the population potential by Jinks and Pooni method via REML/BLUP. A total of 5,410 F<sub>2</sub> plants were evaluated in this study. The results showed that the use of genetic variance associated with the individual genotypic value (BLUP) was superior compared with the use of variance and traditional phenotypic values. The F<sub>2</sub> populations, CD 1303/BRS 254, CD 1303/Tbio Duque, CD 1303/Tbio Ponteiro, BRS 264/Tbio Aton, Tbio Ponteiro/Tbio Aton, and Tbio Sossego/CD 1303 had the highest likelihood of deriving superior lines.

**Keywords:** *Triticum aestivum* L; quantitative genetics; plant selection.

### 2.2. Introduction

Brazil has a wheat deficit of approximately six million tons (CONAB 2021). However, the country has the potential to expand its wheat production, especially in the Brazilian Cerrado region (Pasinato et al. 2018); hence, cultivars adapted to the climatic conditions of that region need to be developed (Pereira et al. 2019).

One of the challenges of breeding programs is the formation of segregating populations with the potential to derive superior lines since they depend on the concentration of favorable alleles in the parents involved (Fasahat et al. 2016) and on the early evaluation of the populations obtained, which allows selection of those with potential and discarding the least promising populations, saving time and resources from the breeding program. The method by Jinks and Pooni (1976) is a possible tool for evaluating the potential of segregating populations in early generations in soy (Lima et al. 2012), beans (Rocha et al. 2013), and rice (Morais Júnior et al. 2015).

However, one of the challenges of the method proposed by Jinks and Pooni (1976) is that it estimates variances based on the evaluation of individual plants, which can culminate in negative variance estimates (Pimentel et al. 2013). Considering this problem, the restricted

Artigo publicado no periódico *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 21(4): e38352143, 2021. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332021v2n4a52>

maximum likelihood (REML) method can be an alternative to the least-squares method. For variance component estimates, the REML method is translation-invariant; it does not provide variance component estimates outside the parametric space and does not provide biased estimates. Additionally, the best linear unbiased prediction (BLUP) method provides the genotypic value of individual plants even under unbalanced conditions, based on the mean performance of the population and their respective parents (Resende and Alves 2020).

In that context, the REML/BLUP method has been extensively used in studies of quantitative genetics (Silva et al. 2013), genetic diversity (Casagrande et al. 2020), and diallel analysis (Laviola et al. 2018), as well as the method by Jinks and Pooni (Morais Júnior 2014). However, the analysis and selection of promising segregating wheat populations using the variance components of REML and the genetic effects of BLUP using the methodology by Jinks and Pooni (1976) to derive superior lines has not been documented.

Therefore, the objectives of this study were to evaluate the genetic potential of 56 tropical wheat F<sub>2</sub> populations in 5,410 plants, derive superior lines, and select plants with superior performance through the method by Jinks and Pooni (1976) via REML/BLUP.

## **2.3. Material and Methods**

### **2.3.1. Crossing of F<sub>1</sub> populations**

To obtain the experimental material, eight tropical wheat cultivars were crossed in a complete diallel crossing scheme. Cultivars from three different breeding programs were selected for good agronomic performance variables, including grain yield, health, and plant architecture, combined with quality traits of wheat such as gluten strength, in addition to being adaptable to cultivation in the Brazilian Cerrado region. The cultivars used were: CD 1303 (Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola-COODETEC), BRS 254, BRS 264, and BRS 394 (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA), and four cultivars from Biotrigo Genética (Tbio Aton, Tbio Duque, Tbio Ponteiro, and Tbio Sossego). Hybridization was conducted between August and October 2019. In February 2020, F<sub>1</sub> seeds obtained from each crossing were multiplied to generate the F<sub>2</sub> populations. Both activities were conducted in the greenhouse at the Department of Agronomy at the Federal University of Viçosa, Minas Gerais State, Brazil.

### 2.3.2. Field experiment

A total of 5,410 F<sub>2</sub> plants were evaluated in the field during the 2020 winter cropping season, in the field at the Department of Agronomy of the Federal University of Viçosa (lat 20° 45' 14" S, long 42° 52' 55" W, and altitude of 648 m), Viçosa, Minas Gerais State, Brazil. The 56 F<sub>2</sub> combinations and 8 parents were evaluated in the field using a lattice model (8 × 8) with 2 replicates. The experimental plot consisted of three rows of 3 m with an intra-row spacing of 0.2 m. Ten seeds were sown per meter following the pedigree method by McVetty and Evans (1980). In each plot, individual plants were harvested, threshed, and the grain yield per plant (g pl<sup>-1</sup>) was determined.

The experiment was conducted under sprinkler irrigation. Basic and cover fertilization were applied for soil correction based on soil chemical analyses and according to the crop's nutritional needs. Control of weeds, insects, and pests was done using chemicals according to the recommendations for wheat cultivation in Brazil (Embrapa 2020).

### 2.3.3. Statistical analysis

Initially, the 56 density plots were evaluated using the phenotypic data and considering each F<sub>2</sub> hybrid population to visualize the distribution behavior of the trait on grain yield per plant. The following statistical parameters were calculated from the data: number of observations (number of pl, count); maximum, minimum, and mean value in g pl<sup>-1</sup>; standard deviation (SD); coefficient of skewness according to Bowley (1920) (SK); and kurtosis (K).

The data for individual plants from the 56 populations and 8 parents were submitted to mixed model analysis to estimate genetic parameters via restricted maximum likelihood (REML) and predict genotypic values through the best linear unbiased prediction (BLUP). Initially, the following model was used to estimate the parameters for each population:

$$(1) \quad y = X\beta + Z_1u_1 + Z_2u_2 + e_1$$

where  $y$  is the vector of the phenotypic data observed,  $X$  and  $\beta$  are the incidence matrix and the corresponding vector of fixed effects, respectively (general mean of the crossing in each sub-block),  $Z_1$  and  $Z_2$  are the matrices of random effects,  $u_1$  is the vector of random effects of crossing  $u_1N(0, I\sigma_{u_1}^2)$ ,  $u_2$  is the vector of random effects of the plot  $u_2N(0, I\sigma_{u_2}^2)$ , and  $e_1$  is the vector of residual random effects  $eN(0, I\sigma_e^2)$ .

Subsequently, the following model was used to fit the parents:

$$(2) \quad y = X\beta + Z_3u_3 + Z_4u_4 + e_2$$

where  $y$  is the vector of phenotypic data of the parents,  $\beta$  is the fixed effect vector of the general mean of the parents in each sub-block,  $u_3$  is the vector of random genetic effects of the parents  $u_3 \sim N(0, I\sigma_{u_3}^2)$ ,  $u_4$  is the vector of random effects of the plot  $u_4 \sim N(0, I\sigma_{u_4}^2)$ , and  $e_2$  is the vector of residual random effects  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ . The terms  $X, Z_3$ , and  $Z_4$  constitute the incidence matrices of the aforementioned effects.

Finally, the individual genetic values of plants (BLUP) were obtained using the following model:

$$(3) \quad y = X\beta + Z_5\mu_5 + Z_6\mu_6 + e_3$$

where  $y$  is the vector of the phenotypic data observed,  $\beta$  is the vector of replicate effects (fixed),  $\mu_5$  is the vector of the genotypic random effects of genotypes (populations and parents)  $\mu_5 \sim N(0, I\sigma_{\mu_5}^2)$ ,  $\mu_6$  is the vector of the plot random effects and  $\mu_6 \sim N(0, I\sigma_{\mu_6}^2)$ , and  $e_3$  is the vector of residual random effects  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ .  $X, Z_5$  and  $Z_6$  are the incidence matrices of the respective effects.

The mean genetic variance of the crossing ( $\sigma_{\mu_1}^2$ ) obtained by Model 1 is given by

$$(4) \quad \sigma_{\mu_1}^2 = (1 - F_{ST})\sigma_{a0}^2$$

where  $F_{ST}$  is the inbreeding coefficient for the generation of populations, and  $\sigma_{a0}^2$  is the original additive genetic variance of the parent population, given by  $\sigma_{a0}^2 = \sigma_p^2/2$ , where  $\sigma_p^2$  is the genetic variance of the parents.

Heritability ( $\hat{h}^2$ ) was estimated by the following equation:

$$(5) \quad \hat{h}^2 = \sigma_{\mu_1}^2 / \sigma_{e_1}^2$$

where,  $\sigma_{e_1}^2$  is the residual variance.

After obtaining the variance and genotypic values (BLUPs), the probability of extracting line (P) from each population was estimated using the method by Jinks and Pooni (1976), with the probability corresponding to the direct area of a given value of  $Z$  in the abscissa of the normal distribution. Then, measured through the  $Z$  table that contains the probabilities  $P(Z \geq z)$  of the standard normal distribution, with  $Z$  being obtained by:

$$(6) \quad Z = \frac{\bar{L} - \bar{F}}{\sqrt{\sigma_g^2}}$$

where  $\bar{L}$  corresponds to the standard genotypic value mean, corresponding to the mean grain yield per plant of the 56  $F_2$  populations evaluated plus  $1.5 \times \sigma_g$ , that is, 12.14 g pl<sup>-1</sup>, obtained through equation (3);  $\sigma_g$  is the genotypic standard deviation of the 56  $F_2$  populations obtained through equation (3);  $\bar{F}$  is the mean grain yield per plant estimated for each  $F_2$  population,

which corresponds to the mean of all possible lines in the  $F_{\infty}$  generation in a model without dominance, as long as they are conducted without selection; and  $\hat{\sigma}_g^2$  is the estimate of genetic variance between plants of the  $F_2$  generation of each population individual, obtained through Equation (2).

In sequence, out of the  $F_2$  populations that obtained a probability (P) equal to or greater than 45%, plants with a genotypic value higher than the mean of the populations previously selected were selected. Analyses were performed using the software Selegen (Resende 2016) and ggplot2 (Wickham 2016) package in the R (R Core Team 2020) environment.

## 2.4. Results and Discussion

### 2.4.1. Descriptive analysis

The descriptive statistics of the 5,410 plants of the  $F_2$  populations based on phenotypic data are shown in Table 1. The number of plants evaluated ranged from 76 to 130, depending on the final stand of the plants at the end of the crop cycle. The highest yield (35.33 g pl<sup>-1</sup>) was recorded in an  $F_2$  plant originating from the crossing of BRS 254/Tbio Ponteiro. The phenotypic mean of the  $F_2$  populations was 9.81 g pl<sup>-1</sup>, which was higher than the 5.72 g pl<sup>-1</sup> reported by Pimentel et al. (2010) when measuring yield in individual  $F_3$  plants of tropical wheat.

Table 1 – Descriptive analysis containing number of plants evaluated (n° of pl), maximum (Max), minimum (Min) and mean phenotypic values, standard deviation (SD), skewness and kurtosis for the production per plant (g pl<sup>-1</sup>) of 56  $F_2$  populations of tropical wheat

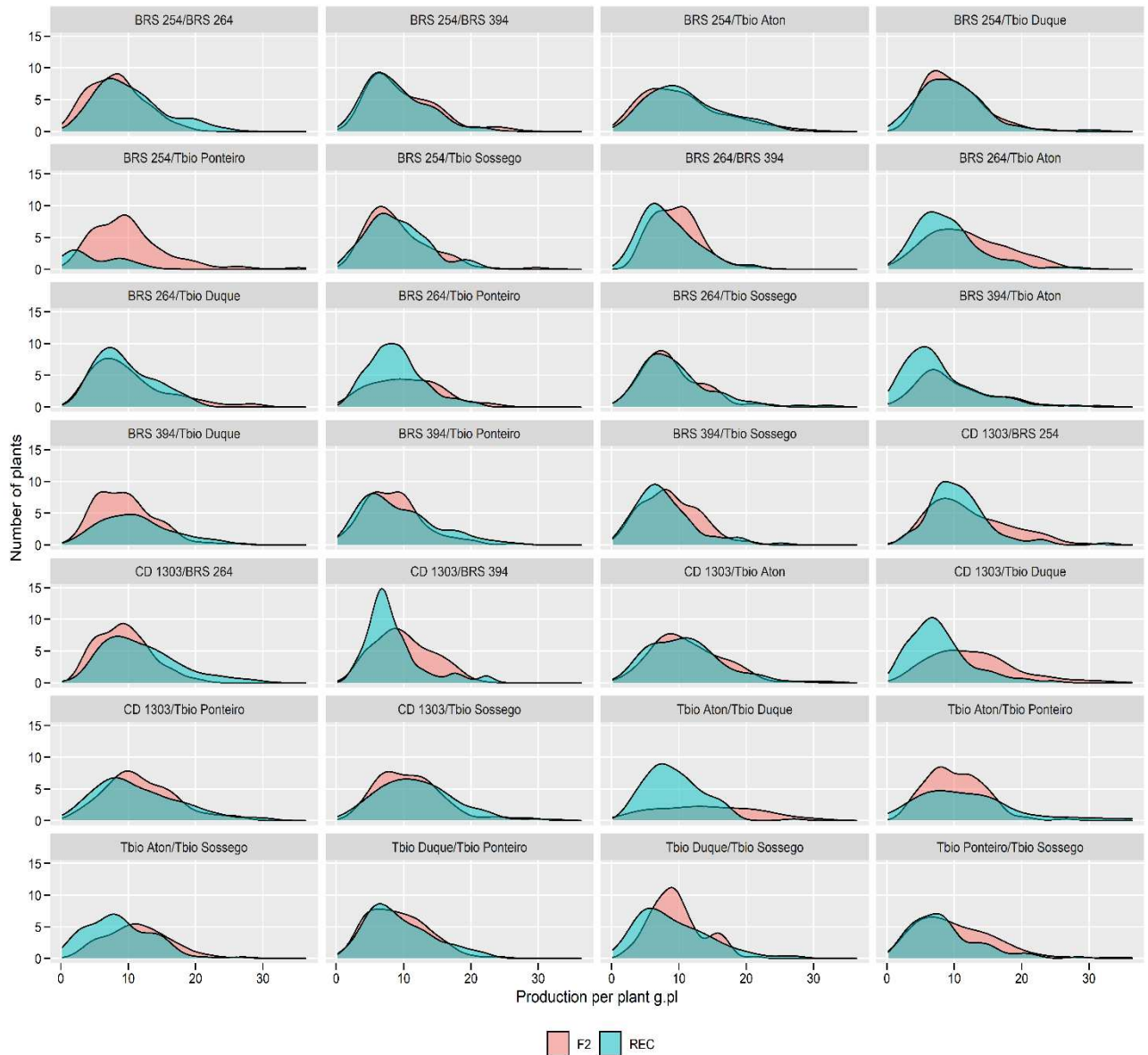
Crossings	n° of pl	Max	Min	Mean	SD	Skewness	Kurtosis
CD 1303/BRS 254	97	29.330	3.200	12.150	5.700	0.226	-0.135
CD 1303/BRS 264	99	20.500	2.980	9.313	3.877	-0.009	-0.019
CD 1303/BRS 394	113	20.590	2.310	9.638	4.164	0.243	-0.535
CD 1303/Tbio Aton	98	31.520	1.270	11.417	5.263	0.125	1.474
CD 1303/Tbio Duque	81	32.270	3.380	12.516	6.025	0.193	1.008
CD 1303/Tbio Ponteiro	108	32.970	2.390	12.106	5.482	0.127	1.476
CD 1303/Tbio Sossego	108	29.410	2.910	11.200	5.385	-0.023	1.929
BRS 254/CD 1303	111	32.510	2.580	10.201	4.658	0.005	4.595
BRS 254/BRS 264	109	18.820	0.890	7.942	3.924	-0.199	-0.206
BRS 254/BRS 394	130	25.490	2.390	9.193	4.835	0.357	1.035
BRS 254/Tbio Aton	99	28.690	1.950	10.398	5.935	-0.062	0.302
BRS 254/Tbio Duque	110	23.690	3.120	9.675	4.098	0.107	0.469
BRS 254/Tbio Ponteiro	111	35.330	1.730	9.979	5.515	-0.133	4.208
BRS 254/Tbio Sossego	97	29.720	1.940	9.122	4.756	0.267	2.839
BRS 264/CD 1303	101	28.860	1.600	11.696	5.553	0.149	0.614
BRS 264/BRS 254	105	24.120	0.740	9.838	5.099	0.258	0.138
BRS 264/BRS 394	115	21.980	3.080	9.278	3.666	0.048	0.466
BRS 264/Tbio Aton	97	25.100	1.750	11.916	5.695	0.094	-0.610
BRS 264/Tbio Duque	87	28.710	2.960	10.052	5.681	0.255	1.569

BRS 264/Tbio Ponteiro	66	23.490	1.880	10.394	5.067	0.072	-0.272
BRS 264/Tbio Sossego	86	23.740	1.200	8.993	4.448	0.121	0.978
BRS 394/CD 1303	112	22.800	2.210	8.324	4.181	0.246	2.415
BRS 394/BRS 254	96	22.320	1.260	8.847	4.412	0.244	0.320
BRS 394/BRS 264	97	21.210	1.540	8.448	4.096	0.214	0.675
BRS 394/Tbio Aton	63	31.250	2.160	10.178	5.866	0.434	1.941
BRS 394/Tbio Duque	97	26.300	2.050	9.565	4.444	-0.105	1.382
BRS 394/Tbio Ponteiro	92	26.610	0.470	8.607	4.616	-0.057	2.027
BRS 394/Tbio Sossego	98	20.390	0.540	8.636	4.151	0.155	-0.102
Tbio Aton/CD 1303	113	26.970	1.750	10.811	5.262	-0.117	0.311
Tbio Aton/BRS 254	102	24.050	1.470	10.872	5.469	0.108	-0.381
Tbio Aton/BRS 264	101	28.320	1.050	8.966	4.840	0.022	2.491
Tbio Aton/BRS 394	100	28.030	0.670	7.744	5.275	0.227	1.938
Tbio Aton/Tbio Duque	49	29.960	1.870	14.111	7.238	0.020	-0.782
Tbio Aton/Tbio Ponteiro	110	26.630	2.990	9.920	4.466	0.264	0.789
Tbio Aton/Tbio Sossego	67	27.170	2.590	11.507	4.866	0.070	0.574
Tbio Duque/CD 1303	116	24.590	1.270	8.515	4.826	0.080	0.928
Tbio Duque/BRS 254	111	30.070	1.310	8.965	4.733	0.063	2.875
Tbio Duque/BRS 254	118	19.710	1.640	8.840	4.227	0.287	-0.208
Tbio Duque/BRS 394	64	24.720	2.760	11.158	5.178	-0.167	-0.052
Tbio Duque/Tbio Aton	108	27.090	1.810	9.256	4.306	0.194	1.478
Tbio Duque/Tbio Ponteiro	98	24.320	0.810	9.181	4.429	0.100	0.387
Tbio Duque/Tbio Sossego	105	21.340	2.100	9.291	3.930	0.027	0.024
Tbio Ponteiro/CD 1303	110	29.750	0.460	11.467	6.271	0.169	0.335
Tbio Ponteiro/BRS 254	26	12.350	0.200	4.846	3.815	0.543	-1.164
Tbio Ponteiro/BRS 264	113	20.730	1.580	9.069	4.021	-0.117	0.558
Tbio Ponteiro/BRS 394	99	26.250	2.060	9.252	5.509	0.243	0.296
Tbio Ponteiro/Tbio Aton	81	36.380	0.230	11.770	7.419	0.116	1.779
Tbio Ponteiro/Tbio Duque	95	22.070	1.410	9.464	4.856	0.244	-0.078
Tbio Ponteiro/Tbio Sossego	93	34.410	2.210	10.225	5.932	0.176	2.239
Tbio Sossego/CD 1303	103	31.820	0.750	11.977	5.680	-0.072	0.765
Tbio Sossego/BRS 254	103	21.060	1.380	8.971	4.427	0.124	0.128
Tbio Sossego/BRS 264	90	32.220	1.630	9.584	5.431	0.037	3.500
Tbio Sossego/BRS 394	89	25.120	1.120	7.944	4.515	0.137	2.140
Tbio Sossego/Tbio Aton	85	26.220	1.080	8.707	4.875	0.077	0.840
Tbio Sossego/Tbio Duque	102	27.000	0.840	8.958	5.387	0.216	1.041
Tbio Sossego/Tbio Ponteiro	76	28.490	1.600	8.616	5.234	0.033	2.120

The phenotypic distribution patterns were verified for skewness and kurtosis (Table 1).  $F_2$  populations showed almost normal patterns; the distributions showed weak skewness both on the right ( $0 < SK < 1$ ) and left ( $-1 < SK < 0$ ), although with stronger skewness to the right, that is, with a longer tail on the right, with values concentrated on the left of the mean. The highest skewness value on the right was observed in the BRS 394/Tbio Aton population (0.43). Most populations presented kurtosis characterized as platykurtic ( $K < 3$ ), that is, the phenotypic data of the populations were less concentrated around the mean. Only the BRS 254/CD 1303, BRS 254/Tbio Ponteiro, and Tbio Sossego/BRS 264 presented leptokurtosis ( $K > 3$ ). With the aim of genetic improvement, populations with asymmetric curves to the left (concentration of individuals above the average) were sought to increase the probability of deriving superior lines, highlighting populations with higher values of asymmetry on the left, including BRS 254/BRS264, BRS 254/Tbio Ponteiro, Tbio Aton/CD 1303, and Tbio Duque/BRS 394.

Based on Figure 1, it is possible to visualize the variability of the distribution patterns of F<sub>2</sub> populations of tropical wheat between the F<sub>2</sub> generations and their reciprocals. The visualized variability indicates that the distribution pattern between F<sub>2</sub> populations and their respective reciprocals are similar, with greater visual discrepancies present in the BRS 254/Tbio Ponteiro, BRS 264/Tbio Aton, BRS 394/Tbio Duque, CD 1303/BRS 394, CD 1303/Tbio Duque, and Tbio Aton/Tbio Ponteiro populations. Such variation in performance can be indicative of a reciprocal effect, with the consequence for the adoption of the cultivar to be used as the maternal or paternal parent (Rocha et al. 2014); however, it is based on visual verification of performance through graphical analysis, requiring a significance test for the reciprocal effect. These effects may be due to the nuclear genes (maternal effect) and cytoplasmic genes (non-maternal effect) (Barata et al. 2019). Easterly et al. (2020), who studied 650 F<sub>1</sub> combinations of wheat, reported an insignificant reciprocal effect in grain yield. Pelegrin et al. (2020), who studied F<sub>2</sub> populations of wheat with a partial diallel crossing design (5 × 5), reported a significant reciprocal effect for the trait grain weight per plant.

Figure 1 – Pattern of density distribution of grain yield per plant in 56 tropical wheat F2 populations



F2: crosses and REC: reciprocal.

## 2.4.2. Jinks and Pooni methodology

The probability of extracting superior lines was calculated using the method by Jinks and Pooni (1976) (Table 2). The probability ranged from 0.00 (Tbio Ponteiro/BRS 254) to 49.64 (CD 1303/Tbio Ponteiro). Six populations (CD 1303/BRS 254, CD 1303/Tbio Duque, CD 1303/Tbio Ponteiro, BRS 264/Tbio Aton, Tbio Ponteiro/Tbio Aton, and Tbio Sossego/CD 1303) recorded probabilities greater than 45%. These populations stood out for the extraction of superior lines with productive potential. The Jinks and Pooni (1976) method has proven its

efficiency in other studies involving grain crops, such as rice (Morais Júnior et al. 2015) and beans (Rocha et al. 2013).

Pimentel et al. (2013) highlighted that when estimates of genetic components are obtained through evaluations in individual plants, the results are biased due to the high volume of errors associated with negative genetic variance estimates being possible. Furthermore, errors associated with measurements on individual plants are inevitable as they are not homogeneous at the time of sampling, and each plant can interact exclusively with the environment (Westneat et al. 2015). In this context, techniques such as the REML/BLUP method that estimate the genetic values of individual plants and minimize tendencies should be adopted.

Table 2 – Average genetic value per plant ( $g\ pl^{-1}$ ), genetic variance ( $\sigma_g^2$ ), heritability ( $\hat{h}^2$ ), Z value for  $\bar{L}=12.14\ g\ pl^{-1}$  and their respective probabilities of extraction of superior lines (P, %), for the grain production trait per plant of tropical wheat F<sub>2</sub> populations

Parents	n° of pl	Mean	$\sigma_g^2$	$\hat{h}^2$	Z	P (%) <sup>1</sup>
CD 1303	15	9.198	1.137	-	-	-
BRS 254	15	5.707	1.290	-	-	-
BRS 264	15	8.781	0.990	-	-	-
BRS 394	15	4.004	0.494	-	-	-
Tbio Aton	15	6.141	1.650	-	-	-
Tbio Duque	15	7.189	8.104	-	-	-
Tbio Ponteiro	15	7.664	1.332	-	-	-
Tbio Sossego	15	5.893	0.734	-	-	-
Mean	15	6.822	-	-	-	-
Crossings		Mean	$\sigma_g^2$	$\hat{h}^2$	Z	P (%) <sup>1</sup>
CD 1303/BRS 254		12.108	3.938	0.125	0.020	49.202
CD 1303/BRS 264		8.717	1.976	0.125	2.440	0.734
CD 1303/BRS 394		9.619	2.266	0.125	1.680	4.648
CD 1303/Tbio Aton		11.417	3.594	0.125	0.380	35.197
CD 1303/Tbio Duque		12.239	4.725	0.125	-0.050	48.006
CD 1303/Tbio Ponteiro		12.307	3.699	0.119	-0.090	49.642
CD 1303/Tbio Sossego		11.073	3.636	0.125	0.560	27.877
BRS 254/CD 1303		10.243	2.836	0.124	1.130	12.924
BRS 254/BRS 264		7.908	2.071	0.124	2.940	0.164
BRS 254/BRS 394		9.177	3.033	0.125	1.700	4.457
BRS 254/Tbio Aton		10.837	4.081	0.125	0.650	25.785
BRS 254/Tbio Duque		9.621	2.683	0.124	1.540	6.178
BRS 254/Tbio Ponteiro		10.082	3.836	0.125	1.050	14.686
BRS 254/Tbio Sossego		9.130	2.836	0.125	1.790	3.673
BRS 264/CD 1303		11.673	3.908	0.125	0.240	40.517
BRS 264/BRS 254		9.820	3.294	0.125	1.280	10.027
BRS 264/BRS 394		9.276	1.774	0.125	2.150	11.578
BRS 264/Tbio Aton		11.912	4.146	0.125	0.110	45.621
BRS 264/Tbio Duque		10.638	4.186	0.125	0.730	23.270
BRS 264/Tbio Ponteiro		10.394	3.171	0.113	0.980	16.354
BRS 264/Tbio Sossego		8.909	2.341	0.125	2.110	1.743
BRS 394/CD 1303		8.422	2.182	0.125	2.520	10.587

BRS 394/BRS 254	8.938	2.420	0.125	2.060	1.970
BRS 394/BRS 264	8.380	2.131	0.125	2.580	0.494
BRS 394/Tbio Aton	10.104	4.116	0.125	1.000	15.866
BRS 394/Tbio Duque	9.671	2.982	0.124	1.430	7.636
BRS 394/Tbio Ponteiro	8.617	2.669	0.090	2.160	1.539
BRS 394/Tbio Sossego	8.523	2.100	0.125	2.500	0.621
Tbio Aton/CD 1303	10.797	3.626	0.125	0.710	23.885
Tbio Aton/BRS 254	10.872	3.489	0.125	0.680	24.825
Tbio Aton/BRS 264	8.994	2.970	0.125	1.830	3.363
Tbio Aton/BRS 394	7.913	3.394	0.125	2.290	1.101
Tbio Aton/Tbio Duque	13.842	4.688	0.125	-0.790	21.476
Tbio Aton/Tbio Ponteiro	9.916	2.691	0.122	1.360	8.692
Tbio Aton/Tbio Sossego	12.474	2.822	0.125	-0.200	42.074
Tbio Duque/CD 1303	8.670	2.845	0.125	2.060	1.970
Tbio Duque/BRS 254	9.202	3.241	0.125	1.630	5.155
Tbio Duque/BRS 264	8.858	2.769	0.125	1.970	2.442
Tbio Duque/BRS 394	11.694	3.544	0.125	0.240	40.517
Tbio Duque/Tbio Aton	9.265	2.905	0.125	1.690	4.551
Tbio Duque/Tbio Ponteiro	9.034	2.700	0.105	1.890	2.938
Tbio Duque/Tbio Sossego	9.283	2.487	0.125	1.810	3.515
Tbio Ponteiro/CD 1303	11.459	5.083	0.124	0.300	38.209
Tbio Ponteiro/BRS 254	4.675	1.370	0.107	6.380	0.001
Tbio Ponteiro/BRS 264	9.066	2.167	0.102	2.090	1.831
Tbio Ponteiro/BRS 394	9.325	3.625	0.106	1.480	6.944
Tbio Ponteiro/Tbio Aton	11.974	6.685	0.125	0.060	47.608
Tbio Ponteiro/Tbio Duque	9.642	2.878	0.107	1.470	7.078
Tbio Ponteiro/Tbio Sossego	10.099	4.377	0.117	0.980	16.354
Tbio Sossego/CD 1303	11.963	4.107	0.125	0.090	46.414
Tbio Sossego/BRS 254	9.155	2.361	0.125	1.940	2.619
Tbio Sossego/BRS 264	9.689	3.532	0.125	1.300	9.680
Tbio Sossego/BRS 394	7.928	2.531	0.125	2.650	0.403
Tbio Sossego/Tbio Aton	8.747	3.008	0.125	1.960	2.500
Tbio Sossego/Tbio Duque	8.849	4.112	0.125	1.620	5.262
Tbio Sossego/Tbio Ponteiro	8.646	3.165	0.125	1.960	2.500
Mean	9.853				

<sup>1</sup> highlighted probabilities: selected populations.

The REML/BLUP method stands out for its ability to provide the genetic value (BLUP) of each plant even under unbalanced conditions by assuming central estimates of genetic value, that is, normally distributed with the true genetic value being central, making it an unbiased predictor. Thus, selection between and within populations is allowed to increase the prediction success. REML, in turn, is translation-invariant, besides being iterative, providing estimates of non-negative variance components for restricting the parametric space, which is an unbiased method once a sufficient number of observations are used (Resende and Alves 2020). Thus, the REML/BLUP methodology is ideal for estimating genetic parameters and predicting genetic values. The genetic variance estimated in the present study did not present negative values (Table 2), that is, within the parametric space, differently from what occurs in contrast to the methodology by Jinks and Pooni (1976), based on phenotypic data using the least-squares technique. Previous studies have reported the superiority of biometric techniques based on the REML/BLUP methodology compared to those based on least squares, such as selection indexes

(Entringer et al. 2016), diallel analysis (Laviola et al. 2018), and genetic diversity (Casagrande et al. 2020).

### 2.4.3. Selection of superior plants

The genotypic value (BLUP) of plants above the mean of six F<sub>2</sub> populations of tropical wheat selected by the method by Jinks and Pooni (1976) ( $P > 45\%$ ) are shown in Figures 2 and 3. The mean of genetic values of the six selected populations was 12.81 g pl<sup>-1</sup> which was 30.05% more than the means of the other F<sub>2</sub> populations and 87.83% more than the means of the parents. The CD 1303/Tbio Duque population had 55 plants with means higher than 12.81 g pl<sup>-1</sup>, with the population with the highest number of individuals above the mean, followed by the CD 1303/Tbio Ponteiro population with 40 individuals with values above the mean. The other populations had 39 (CD 1303/BRS 254) and 31 (Tbio Ponteiro/Tbio Aton) individuals above the mean. Although the selection of segregating populations in the F<sub>2</sub> generation should be treated sparingly because of previously reported heterosis effects on productivity (Bailey et al. 1980, Jiang et al. 2017), these populations have promising performances when analyzing the Jinks and Pooni probability (P%) value together with their genotypic means. The greater number of selected populations in which the cultivar CD 1303 (four populations) participated as parents regardless of the large number of descendants selected in these populations are indications that this parent has a high number of favorable alleles for the grain yield trait; thus, lines from these plants have a high potential for use in tropical wheat breeding programs. For the selection of individuals based on the genetic value in this study, the individual BLUP is more reliable than the selection based on phenotypic values. This is because BLUP depends on the genetic merit of the population to predict the individual genetic value (Cowling 2013).

Using the REML/BLUP methodology proved to be efficient in generating genetic variances within the proposed parametric space with consequent reliable individual genetic effects (BLUPi) for the selection of wheat plants in the F<sub>2</sub> generation, considering that the individual evaluation of plants undergoes strong environmental influence, distorting the results of previous studies using least squares. Thus, the use of the methodology by Jinks and Pooni (1976) associated with the REML/BLUP methodology demonstrates the potential for use in improving wheat, intending to select superior individual plants in early generations.

Figure 2 – Genotypic value (BLUP) of plants above the mean of three F2 populations of tropical wheat selected by the method of Jinks and Pooni (1976).

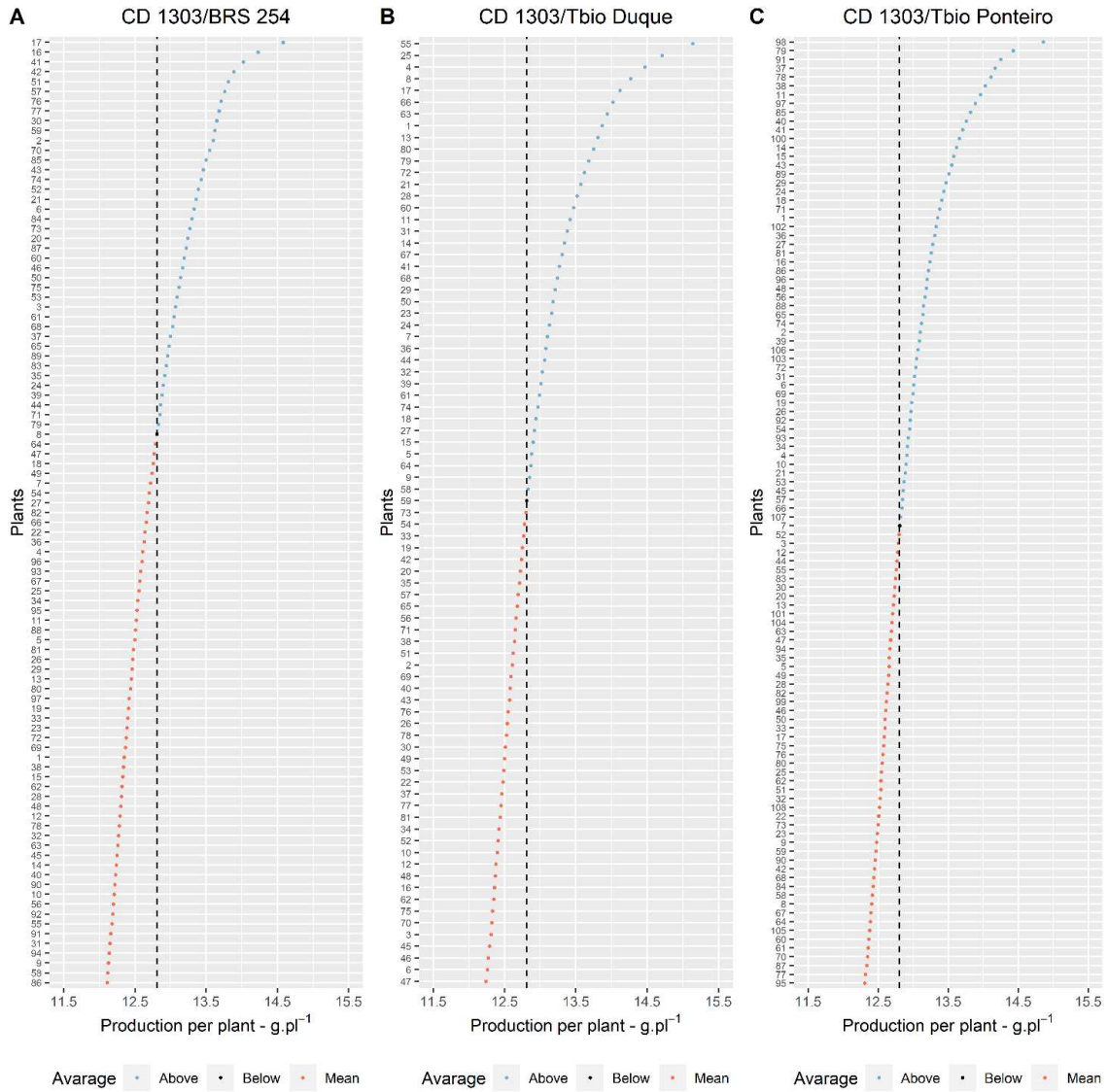
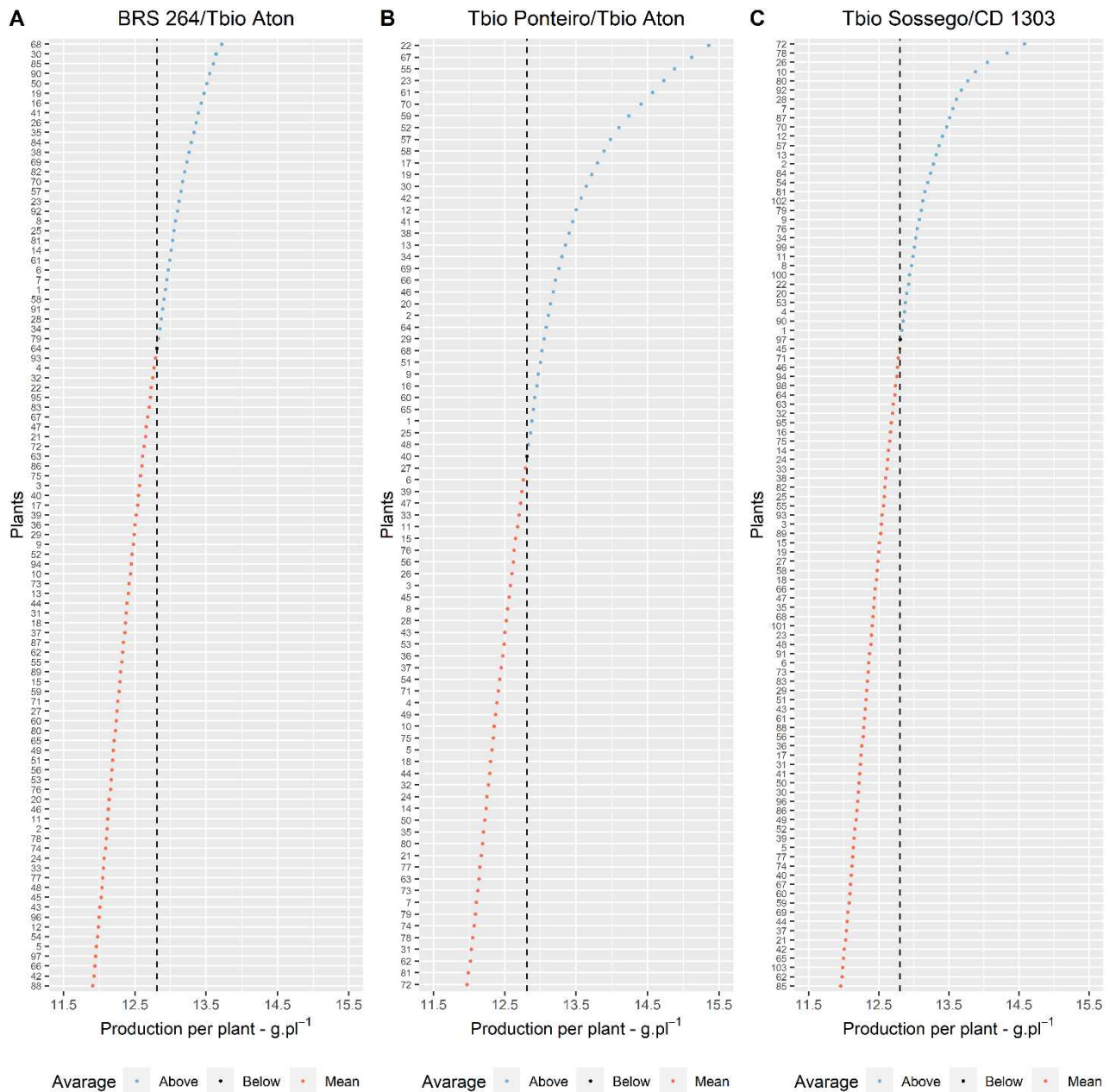


Figure 3 – Genotypic value (BLUP) of plants above the mean of three F2 populations of tropical wheat selected by the method of Jinks and Pooni (1976).



## 2.5. Conclusions

The method by Jinks and Pooni (1976), when using the genetic variance of REML with the individual genotypic value (BLUP), is an efficient alternative for selecting the most promising populations in tropical wheat.

The F<sub>2</sub> populations CD 1303/BRS 254, CD 1303/Tbio Duque, CD 1303/Tbio Ponteiro, BRS 264/Tbio Aton, Tbio Ponteiro/Tbio Aton, and Tbio Sossego/CD 1303 have the potential to derive superior lines of tropical wheat.

## 2.6 Acknowledgments

This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Finance Code 001. We would like to thank Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e (CNPq) and Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais for the financial aid and scholarships granted.

## 2.7. References

BAILEY, T. B.; QUALSET, C. O. JR.; COX, D. F. Predicting heterosis in wheat. **Crop Science**, v. 20, p. 339-342, 1980. <https://doi.org/10.2135/cropsci1980.0011183X002000030012x>

BARATA, N. M.; SCAPIM, C. A.; GUEDES, T. A.; JANEIRO, V.; PINTO, R. J. B.; SOTO, R. I. C.; KUKI, M. C. A new partial diallel model adapted to analyze reciprocal effects in grain yield of maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, p. 22-30, 2019. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n1a04>

BOWLEY, A. L. **Elements of statistics**. Scribner, New York, 336 p., 1920.

CASAGRANDE, C. R.; MEZZOMO, H. C.; CRUZ, C. D.; BORÉM, A.; NARDINO, M. Choosing parent tropical wheat genotypes through genetic dissimilarity based on REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, e329129316, 2020. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n3a50>

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento (2021) **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. Available at <<https://www.conab.gov.br/ingo-agro/safra/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Accessed on March 21, 2021.

COWLING, W. A. A sustainable plant breeding. **Plant Breeding**, v. 12, p. 1-9, 2012. <https://doi.org/10.1111/pbr.12026>

EASTERLY, A. C.; GARST, N.; BELAMKAR, V.; IBRAHIM, A. M. H.; RUDD, J. C.; SARAZIN, J. B.; BAEZINGER, P. S. Evaluation of hybrid wheat yield in Nebraska. **Crop Science**, v. 60, p. 1210-1222, 2020. <https://doi.org/10.1002/csc2.20019>

Embrapa. **Informações técnicas para trigo e triticale: 13ª Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale**. Embrapa Trigo, Passo Fundo, 25p., 2020.

ENTRINGER, G. G.; VETTORAZZI, J. C. F.; SANTOS, E. A.; PEREIRA, M. G.; VIANA, A. P. Genetic gain estimates and selection of S1 progenies based on selection indices and REML/BLUP in super sweet corn. **Australian Journal of Crop Science**, v. 10, p. 411-417, 2016. <https://doi.org/10.21475/ajcs.2016.10.03.p7248>

FASAHAT, P.; RAJABI, A.; RAD, J. M.; DERERA, J. Principles and utilization of combining ability in plant breeding. **Bimotetrics & Biostatistics International Journal**, v. 4, p. 1-22, 2016. <https://doi.org/10.15406/bbij.2016.04.00085>

JIANG, Y.; SCHMIDT, R.; ZHAO, Y.; REIF, J. C. A quantitative genetic framework highlights the role of epistatic effects for grain-yield heterosis in bread wheat. **Nature Genetics**, v. 49, p. 1741-1746, 2017. <https://doi.org/10.1038/ng.3974>

JINKS, J. L.; POONI, H. S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived single seed descent. **Heredity**, v. 36, p. 243-266, 1976. <https://doi.org/10.1038/hdy.1976.30>

LAVIOLA, B. G.; TEODORO, P. E.; PEIXOTO, L. A.; BHERING, L. L. Parental selection in diallel crosses of *Jatropha curcas* using mixed models. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 40, e35008, 2018. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v40i1.35008>

LIMA, W. F.; PRETE, C. E. C.; RIBEIRO, A. S.; TOLEDO, J. F. F. Resistência da soja à ferrugem-asiática avaliada pela análise da produtividade de grãos. **Summa Phytopathology**, v. 38, p.73-78, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0100-54052012000100012>

MCVETTY, P. B. E.; EVANS, L. E. Breeding methodology in wheat. II. Productivity harvest index, and height measured on F<sub>2</sub> spaced plants for yield selection in spring wheat. **Crop Science**, v. 20, p. 587-589, 1980. <https://doi.org/10.2135/cropsci1980.0011183X002000050010x>

MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G.; MORAIS, O. P.; CASTRO, A. P.; BRESEGHELLO, F.; UTUMI, M.; PEREIRA, J. A.; WRUCK, F. J.; FILHO, J. M. C. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, v. 72, p. 297-305, 2015. <https://doi.org/10.1590/0103-9016-2014-0137>

PASINATO, A.; CUNHA, G. R.; FONTANA, D. C.; MONTEIRO, J. E. B. A.; NAKAI, A. M.; OLIVEIRA, A. F. Potential area and limitations for the expansion of rainfed wheat in the Cerrado biome Central Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 54, p. 779-790, 2018. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000700001>

PELEGRIN, A. J.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; SZARESKI, V. J.; FERRARI, M.; CONTE, G. G.; OLIVEIRA, A. C.; SOUZA, V. Q.; MAIA, L. C. Combining ability as a criterion for wheat parents selection. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, p. 35-45, 2020.

PEREIRA, J. F.; CUNHA, G. R.; MORESCO, E. R. Improved drought tolerance in wheat is required to unlock the production potential of the Brazilian Cerrado. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, p. 217-225, 2019. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n2r30>

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A. RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. A. S. C. R.; RIBEIRO, G. Estimaco de parâmetros genéticos e predico

Artigo publicado no periódico Crop Breeding and Applied Biotechnology, 21(4): e38352143, 2021. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332021v2n4a52>

de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, p. 882-890, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2014001100007>

PIMENTEL, A. J. B.; RIBEIRO, G.; SOUZA, M. A.; MOURA, L. M.; ASSIS, J. C.; MACHADO, J. C. (2013) Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. **Bragantia**, v. 72, p. 113-121, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052013005000026>

R CORE TEAM (2020) R: a language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. Available at <<https://www.r-project.org/>>. Accessed on March 12, 2021.

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

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, p. 1-31, 2020.

ROCHA, F.; STINGHEN, J. C.; GEMELI, M. S.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F. Análise dialéctica como ferramenta na seleção de genitores em feijão. **Ciência Agronômica**, v. 45, p. 74-81, 2014.

ROCHA, G. S.; CARNEIRO, J. E. S.; REZENDE JÚNIOR, L. S.; PEREIRA E SILVA, V. M.; MENEZES JÚNIOR, J. A. N.; CARNEIRO, P. C. S.; CECON, P. R. Effect of environments on the estimated genetic potential of segregating common bean populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.13, p. 241-248, 2013. <https://doi.org/10.1590/S1984-70332013000400004>

SILVA, F. F.; VIANA, J. M. S.; FARIA, V. R.; RESENDE, M. D. V. Bayesian inference of mixed models in quantitative genetics of crop species. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 126, p. 1749-1761, 2013. <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2089-6>

WESTNEAT, D. F.; WRIGHT, J.; DINGEMANSE, N. J. The biology hidden inside residual within-individual phenotypic variation. **Biological Reviews**, v. 90, p. 729-743, 2015. <https://doi.org/10.1111/brv.12131>

WICKHAM, H. **ggplot2: elegant graphics for data analysis**. Springer-Verlag, New York, 213p, 2016.

## 3. CAPÍTULO 2: ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM POPULAÇÕES DE TRIGO

### 3.1 Resumo

A seleção de populações segregantes é o ponto chave em programas de melhoramento de plantas. Estas devem reunir fenótipos favoráveis para múltiplos caracteres alvo, o que dificulta a identificação das populações com elevado potencial. Assim, esta pesquisa tem como objetivo selecionar populações potenciais de trigo com precocidade e produtividade de grãos pelas abordagens multivariadas e multigeração. Para atingir esses objetivos, 54 populações de trigo nas gerações F2 e F3 foram testadas em dois ambientes e avaliadas as variáveis dias para espigamento e produtividade de grãos, sob elas quatro estratégias de análise foram impostas: Estratégia I: modelo univariado para cada geração; Estratégia II: modelo univariado e multigeração; Estratégia III: modelo multivariado para cada geração; Estratégia IV: modelo multivariado e multigeração. Nesse cenário, as estratégias que envolveram no modelo univariado multi-gerações (ambientes) propiciou maiores ganhos, estratégias I e III. Ainda, a estratégia I, envolvendo modelo univariado, propiciou o maior ganho. Já dentro das estratégias, as populações 1D, 1G, 1H, 2D, 2E, 2F, 2G e 3H foram selecionadas por diferentes estratégias, sendo as mais promissoras para derivação de linhagens precoces e com produtividade de grãos.

**Palavras-chave:** *Triticum aestivum* L.; multivariado; precocidade; BLUP

### 3.2 Introdução

Bem como outras espécies autógamas de interesse comercial, o trigo (*Triticum aestivum* L) visa o identificar genótipos superiores. Para desenvolver as melhores cultivares, programas de melhoramento de trigo tem buscado produzir populações segregantes, que concentrem alelos favoráveis (Fasahat et al. 2016). Logo, um grande número de populações e indivíduos são gerados a cada ciclo, resultando em processos laboriosos de avaliações e seleções (Resende et al. 2016). A seleção das melhores populações é realizada após avaliação de um conjunto de variáveis da população para a definição da superioridade da população. No entanto, na maioria das pesquisas, cada variável é analisada de maneira individual e considerados independentes, o que pode tornar o processo equivocado. A fim de evitar viés na seleção e obter valores genéticos com maior acurácia, pode-se optar pelo uso da metodologia Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) multivariado, proposto por Henderson e Quaas (1976). Essa análise tende a apresentar

maior precisão, porquê considera simultaneamente uma maior quantidade de dados e usa as correlações genéticas e residuais entre as variáveis.

O BLUP multivariado tem sido utilizado em culturas perenes com resultados consistentes e favoráveis (Viana et al. 2010). Recentemente tem sido abordado em culturas anuais, tal como milho (Viana et al. 2011), cana-de-açúcar (Carvalho et al. 2020), sorgo granífero (Souza et al. 2019) e soja (Volpato et al. 2019). Souza et al. (2019) destacaram que o BLUP multivariado resultou em maior ganho de seleção predito para as três variáveis avaliadas no trabalho e, portanto, podem ser aplicados com eficiência na genética seleção de sorgo granífero. Nesse sentido, esta pesquisa teve como objetivo selecionar populações potenciais de trigo com precocidade e alta produtividade de grãos pelas abordagens multivariadas e multigeração.

### 3.3. Material e Métodos

#### 3.3.1. Material genético e configurações experimentais

Cinquenta e seis populações de trigo pertencentes ao Programa de Melhoramento de Trigo da Universidade Federal de Viçosa foram obtidas a partir de cruzamentos envolvendo oito cultivares em esquema de dialelo completo, conforme esquema (tabela 1), visando precocidade e produtividade de grãos. As populações F<sub>1</sub> foram formadas em 2019, multiplicadas em casa de vegetação no verão de 2020, as populações F<sub>2</sub> foram avaliadas a campo no inverno de 2020 e posteriormente, as populações na geração F<sub>3</sub> avaliadas em campo no verão de 2021.

Tabela 1 – Descrição dos genitores utilizados em esquema dialélico 8 × 8.

Código		Cultivar	Obtentor	Pedigree	Lançamento
♀	♂				
1	A	CD 1303	Coodetec	CD 150// BRS 177	2016
2	B	BRS 254	Embrapa	Buck Buck/Chiroca//Tui	2005
3	C	BRS 264	Embrapa	Embrapa 22*3/Anahac 75	2005
4	D	BRS 394	Embrapa	Embrapa 22//CM 106793	2014
5	E	TBIO Aton	Biotrigo	TBIO Mestre/Fuste//TBIO Mestre	2018
6	F	TBIO Duque	Biotrigo	Toruk#3/Celebra//Noble	2018
7	G	TBIO Ponteiro	Biotrigo	Fuste/TBIO Mestre	2017

Inicialmente a geração F<sub>2</sub> foi avaliada no campo experimental Diogo Alves de Melo do Departamento de Agronomia da UFV, Viçosa – MG, Brasil. As 56 combinações F<sub>2</sub> e oito progenitores foram avaliados em campo no delineamento experimental látice quadrado (8 × 8) com duas repetições. A parcela experimental foi composta por três linhas de 3 m com espaçamento entre linhas de 0,2 m, com densidade de semeadura de 10 sementes metro<sup>-1</sup>. O solo foi preparado de forma convencional. O experimento foi conduzido sob irrigação por aspersão.

As sementes F<sub>3</sub> colhidas do experimento anterior, foram avaliadas em experimento de campo em São Gotardo – MG, na área experimental pertencente a Cooperativa Agropecuária do Alto Paranaíba (COOPADAP) (19°14'54"S lat, 46°05'52"O lon, 1114 m de altitude) na safra de verão de 2021. As 56 combinações F<sub>3</sub> e oito progenitores foram avaliadas em campo usando delineamento experimental látice quadrado (8 × 8) com duas repetições. A parcela experimental foi composta por cinco linhas de 5 m com espaçamento entre linhas de 0,2 m e densidade de semeadura de 350 sementes m<sup>-2</sup>. A semeadura foi realizada em sistema de semeadura direta. O experimento foi conduzido sem irrigação. Para ambos experimentos, a fertilização e a aplicação de agroquímicos seguiu as recomendações para o cultivo de trigo no Brasil (Embrapa 2020).

### 3.3.2. Fenotipagem

As seguintes variáveis foram avaliadas: dias para o espigamento (DE), avaliada em dias, da fase 10 (primeira folha após o coleótilo) até a fase 54 (metade das inflorescências emergidas da bainha da folha bandeira) de Zadoks, Chang e Konzak (1974) e produtividade de grãos (PG), em kg ha<sup>-1</sup>, após todas as plantas da parcela serem colhidas, foram trilhadas e então pesadas em balança de precisão.

### 3.3.3. Avaliação das estratégias de seleção

Seguiu-se o procedimento de *Residual Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction* (REML/BLUP) em que adotou-se quatro diferentes estratégias, modelo univariado para cada geração (Estratégia I); modelo univariado e multigeração (Estratégia II); modelo multivariado para cada geração (Estratégia III); e modelo multivariado e multigeração (Estratégia IV), conforme modelos:

Estratégia I:

Modelo univariado e unigeração

$$y = X_{\beta} + Z_g + W_b + e$$

Onde  $y$  é o vetor de valores fenotípicos dos genótipos;  $\beta$  é o vetor de efeitos fixos das repetições, adicionado a média geral;  $g$  é o vetor de efeitos genotípicos dos genótipos (assumido como aleatório); onde  $g \sim N(0, I \otimes \sigma_g^2)$ ;  $b$  é o vetor de efeitos de blocos incompletos (assumido como aleatório), onde  $b \sim N(0, I \otimes \sigma_b^2)$ ; e  $e$  é o vetor de erros, onde  $e \sim N(0, I \otimes \sigma_r^2)$ .  $X$ ,  $Z$  e  $W$  são as matrizes de incidência para os efeitos  $\beta$ ,  $g$  e  $b$ .

Estratégia II:

Modelo multivariado e unigeração

$$y_1 = X_{\beta_1} + Z_{g_1} + W_{b_1} + e_1$$

Onde  $y_1$  é o vetor de respostas multivariadas associada a cada genótipo;  $\beta_1$  é o vetor de efeitos fixos das repetições, adicionado a média geral;  $g_1$  é o vetor de efeitos genotípicos dos genótipos associado a cada variável (assumido como fixo),  $g_1 \sim N(0, I \otimes \sigma_g^2)$ ,  $b_1$  é o vetor de efeitos de blocos incompletos (assumido como aleatório);  $b_1$  é o vetor de efeitos de blocos incompletos (assumido como aleatório),  $b_1 \sim N(0, I \otimes \sigma_b^2)$  e  $e_1$  é o vetor de erros, onde  $e \sim N(0, I \otimes \sigma_r^2)$ .  $X$ ,  $Z$  e  $W$  são as matrizes de incidência para os efeitos  $\beta_1$ ,  $g_1$  e  $b_1$ .

Estratégia III:

Modelo univariado e multigeração:

$$y_2 = X_{\beta_2} + Z_{g_2} + T_{\gamma} + W_{b_2} + e_2$$

Onde  $y_2$  é o vetor de respostas fenotípicas a cada genótipo;  $\beta_2$  é o vetor de efeitos fixos das repetições, adicionado a média geral;  $g_2$  é o vetor de efeitos genotípicos (assumido como aleatório),  $g_2 \sim N(0, I \otimes \sigma_g^2)$ ;  $\gamma$  é o vetor de efeitos da interação genótipo  $\times$  geração (assumido como aleatório),  $\gamma \sim N(0, I \otimes \sigma_{\gamma}^2)$ ;  $b_2$  é o vetor de efeitos de blocos incompletos (assumido como aleatório),  $b_2 \sim N(0, I \otimes \sigma_b^2)$  e  $e_2$  é o vetor de erros,  $e \sim N(0, I \otimes \sigma_r^2)$ .  $X$ ,  $Z$ ,  $T$  e  $W$  são as matrizes de incidência para os efeitos  $\beta_2$ ,  $g_2$ ,  $\gamma$  e  $b_2$ .

Estratégia IV:

Modelo multivariado e multigeração

$$y_3 = X_{\beta_3} + Z_{g_3} + T_{\gamma_1} + W_{b_3} + e_3$$

Onde  $y_3$  é o vetor de respostas multivariadas associada a cada genótipo;  $\beta_3$  é o vetor de efeitos fixos das repetições, adicionado a média geral;  $g_3$  é o vetor de efeitos genotípicos dos genótipos associado a cada variável (assumido como aleatório),  $g_3 \sim N(0, I \otimes \sigma_g^2)$ ;  $\gamma$  é o vetor de efeitos da

interação genótipo  $\times$  geração (assumido como aleatório),  $\gamma_1 \sim N(0, I \otimes \sigma_\gamma^2)$ ;  $b_2$  é o vetor de efeitos de blocos incompletos (assumido como aleatório),  $b_3 \sim N(0, I \otimes \sigma_b^2)$  e  $e_2$  é o vetor de erros,  $e \sim N(0, I \otimes \sigma_e^2)$ .  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$ ,  $\mathbf{T}$  e  $\mathbf{W}$  são as matrizes de incidência para os efeitos  $\beta_3, g_3, \gamma_1 e b_3$ .

A análise de desvio foi constatado via teste de razão de verossimilhança (LRT), considerando o valor da distribuição de qui-quadrado a 5% de significância. Os componentes de variância estimados via reml são apresentados na tabela 2.

Tabela 2 – parâmetros estimados a partir das análises REML/BLUP univariada e bivariada para as variáveis dias para o espigamento (DE, dias) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>) de populações F<sub>2</sub> e F<sub>3</sub> e progenitores.

Efeito	Estratégia I			
	F <sub>2</sub>		F <sub>3</sub>	
	DE	PG	DE	PG
$\sigma_b^2$	0,31	12.762,68	8,74e-7*	1.206,97*
$\sigma_g^2$	21,70*	104.267,57	30,01*	13.019,84*
$\sigma_e^2$	6,65	227.483,60	3,09*	25.503,31
$h^2$	0,76	0,30	0,91	0,33
$h$	0,87	0,55	0,95	0,57

Efeito	Estratégia II	
	F <sub>2-3</sub>	
	DE	PG
$\sigma_{b:ger}^2$	0,21*	7.668,44
$\sigma_g^2$	15,78*	9.177,48*
$\sigma_{g:ger}^2$	10,24*	48.512,53*
$\sigma_e^2$	4,89	126.598,51
$h^2$	0,51	0,05
$h$	0,71	0,22

Efeito	Estratégia III	
	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>
	DE:PG	
$\sigma_b^2$	6,00e-7	6,00e-7*
$\sigma_{corDE:PG}^2$	-0,07	0,18
$\sigma_{gDE}^2$	21,00*	30,00*
$\sigma_{gPG}^2$	110.000,00*	1.217,67*
$\sigma_e^2$	1,00*	1,00*
$\sigma_{eDE:DE}^2$	6,60	3,09
$\sigma_{eDE:PG}^2$	-200,00	1,07
$\sigma_{ePG:PG}^2$	230.000,00	26.778,37
$h^2$	0,32	0,32
$h$	0,57	0,57

Efeito	Estratégia IV
--------	---------------

	F <sub>2-3</sub>
	DE:PG
$\sigma_{b:ger}^2$	0,29*
$\sigma_{corDE:PG}^2$	0,19*
$\sigma_{gDE}^2$	15,87*
$\sigma_{gPG}^2$	25.231,24*
$\sigma_{g:ger}^2$	9,94*
$\sigma_e^2$	1,00
$\sigma_{eDE:DE}^2$	4,92
$\sigma_{eDE:PG}^2$	-172,89
$\sigma_{ePG:PG}^2$	166.617,30
$h^2$	0,13
<b>h</b>	<b>0,36</b>

Estratégia I: modelo univariada para cada geração; Estratégia II: modelo univariado e multigeração; Estratégia III: modelo multivariado para cada geração; Estratégia IV: modelo multivariado e multigeração.

$\sigma_b^2$ : variância de bloco;  $\sigma_g^2$ : variância genotípica;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_{b:ger}^2$ : variância de bloco dentro de geração;  $\sigma_g^2$ : variância genotípica;  $\sigma_{g:ger}^2$ : variância genotípica dentro de geração;  $\sigma_{corDE:PG}^2$ : variância de correlação entre DE e PG;  $\sigma_{gDE}^2$ : variância de DE;  $\sigma_{gPG}^2$ : variância de PG;  $\sigma_{eDE:DE}^2$ : variância residual de DE dentro de DE;  $\sigma_{eDE:PG}^2$ : variância de DE dentro de PG;  $\sigma_{ePG:PG}^2$ : variância de PG dentro de PG;  $h^2$ : herdabilidade; h: acurácia seletiva.

### 3.3.4. Seleção de populações

O *multi-trait genotype-ideotype distance index* (MGIDI), proposto por (Olivoto e Nardino 2021), o qual calcula as pontuações dos genótipos a partir de uma análise fatorial, foi utilizado para classificar os genótipos com base em informações de múltiplas variáveis, no caso, os BLUPs para as variáveis DE e PG em cada geração. O ganho de seleção em porcentagem, GS (%), foi calculado para cada variável, considerando uma proporção de seleção de 25%. A concordância entre as estratégias foi avaliado pela matriz de confusão entre as populações selecionadas por cada estratégia, seguindo o coeficiente kappa proposto por Cohen (1960).

### 3.3.5. Softwares

O software ASReml-R *version* 4.1 (Butler et al. 2018) foi usado para a análise de desvio e predição dos valores genéticos para as quatro estratégias. No software R (R Core Team 2020) foi realizada o ajuste do índice de seleção MGIDI com protocolo fornecido por Olivoto e Nardino (2021) no pacote metan (Olivoto e Lúcio 2020), também foi realizado o índice kappa, pelo pacote irr (Gamer, Lemon e Singh 2022), além da confecção das figuras por meio do pacote ggplot2 (Wickham 2016).

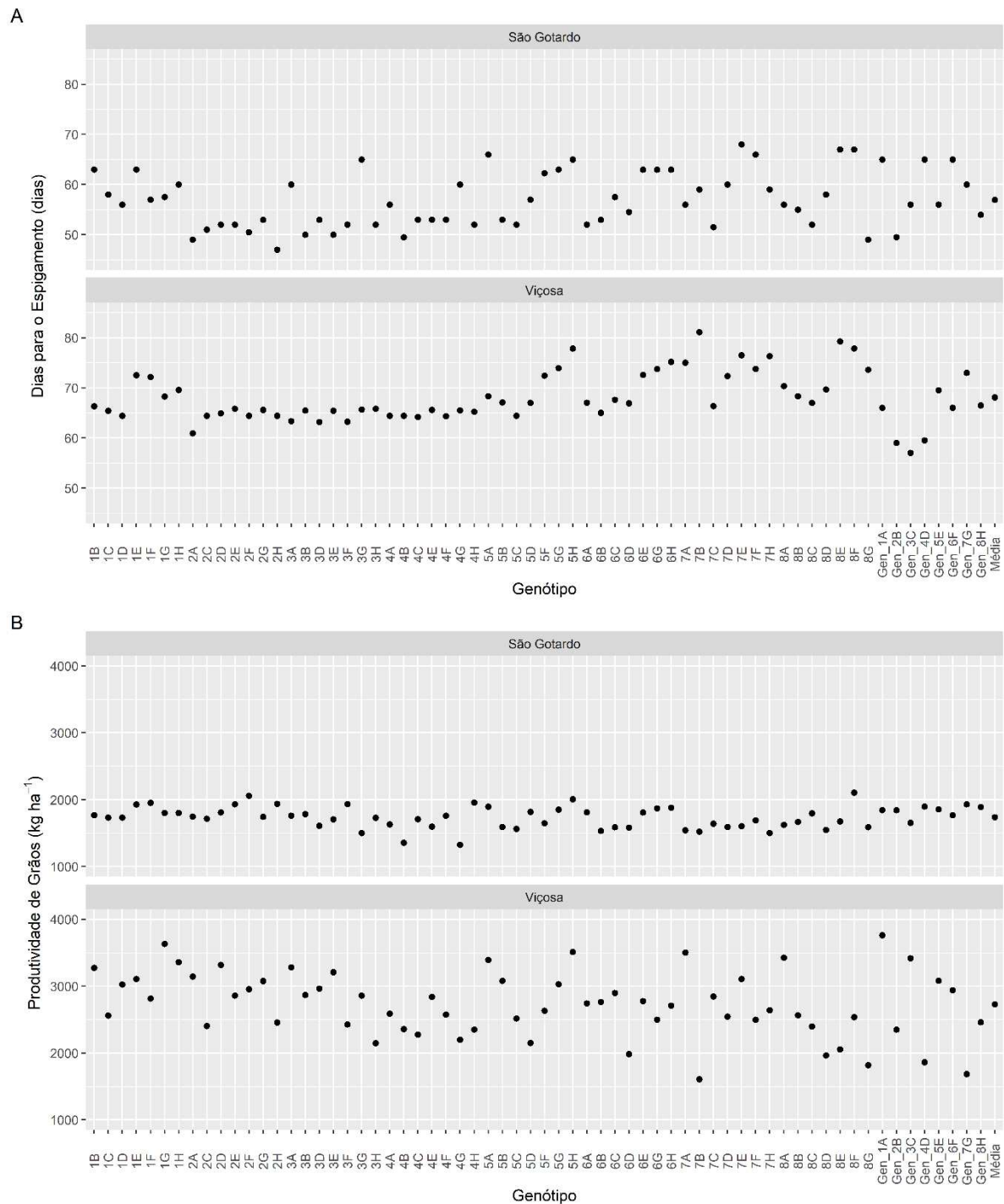
### **3.4. Resultados**

#### **3.4.1. Efeito das estratégias para seleção**

O desempenho das populações é apresentado separadamente em cada geração na figura 1, nota-se que em geração F<sub>2</sub>, no município de Viçosa – MG, as populações de trigo foram mais produtivas, contudo mais tardias em comparação a geração F<sub>3</sub>, com uma média produtiva de 2.729,31 kg ha<sup>-1</sup> e 68,35 dias para o espigamento, enquanto, em geração F<sub>3</sub> (São Gotardo – MG), a média de produtividade de grãos foi de 1.747,32 kg ha<sup>-1</sup> e 57,45 dias.

De acordo com teste da razão de verossimilhança, apresentado na tabela 2, todas as estimativas de variâncias analisadas apresentaram efeitos significativos em todas as estratégias abordadas, seja, variância genética univariada ou multivariada, ou então, unigeração ou multigeração, com exceção para a variável produtividade de grãos na geração F<sub>2</sub> na estratégia I.

Figura 1 – Valores médios de 56 populações F2 e F3 e oito genitores para as variáveis dias para espigamento (A) e produtividade de grãos (B).

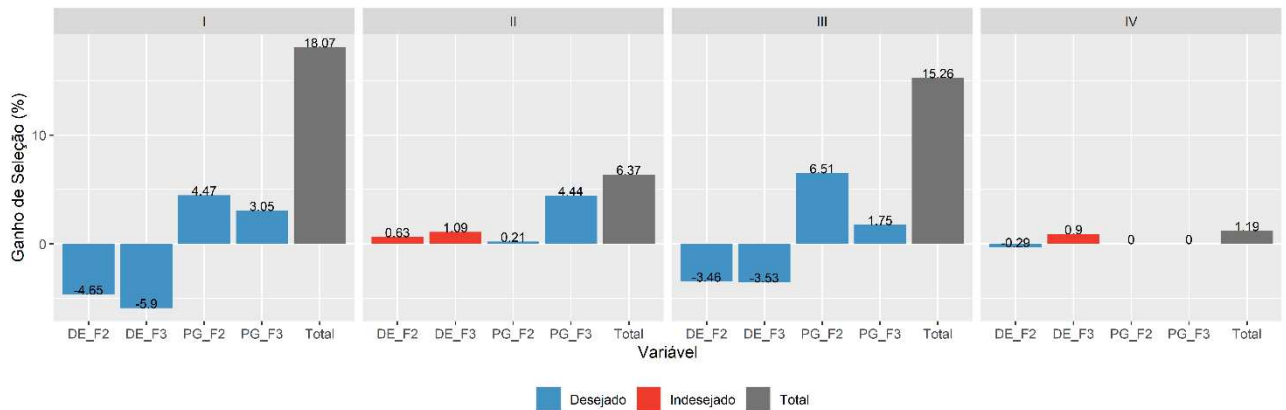


### 3.4.2. Seleção de populações dentro das estratégias

A figura 2 demonstra a comparação entre as estratégias adotadas com base nos ganhos genéticos preditos obtidos pelo índice MGIDI. De acordo com a estratégia I e III, a seleção e recombinação das 17 populações superiores levaria a ganhos desejáveis para todas as variáveis, enquanto que ao adotara-se a estratégia II, levaria a ganhos indesejáveis para a variável DE em

geração F<sub>2</sub> e F<sub>3</sub>. Por outro lado, na estratégia IV os ganhos previstos são indesejáveis para uma variável (DE\_F<sub>3</sub>) e nulo para outras duas variáveis (PG\_F<sub>2</sub> e PG\_F<sub>3</sub>).

Figura 2 – Ganho de seleção em % na seleção para o índice distância genótipo-ideótipo multitraço (MGIDI) entre 56 populações de trigo para as diferentes estratégias



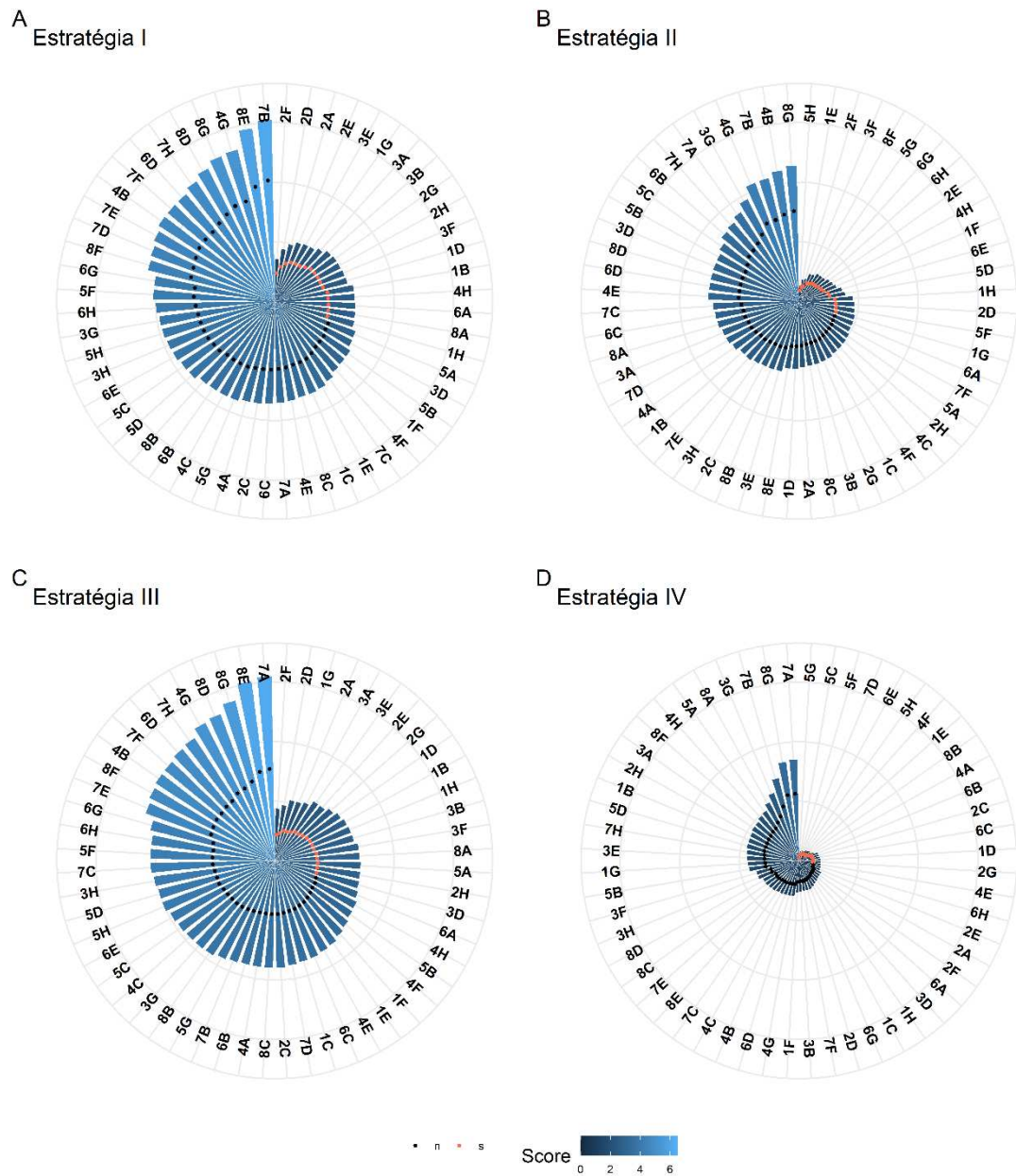
Estratégia I: modelo univariado para cada geração; Estratégia II: modelo univariado e multigeração; Estratégia III: modelo multivariado para cada geração; Estratégia IV: modelo multivariado e multigeração. DE\_F2: dias para espigamento em geração F<sub>2</sub>; DE\_F3: dias para espigamento em geração F<sub>3</sub>; PG\_F2: produtividade de grãos em geração F<sub>2</sub>; PG\_F3: produtividade de grãos em geração F<sub>3</sub>.

Ganhos mais expressivos foram observados para a variável dias para o espigamento, com redução de até 5,90% (DE\_F<sub>3</sub>) em relação à média original, obtida na estratégia I. Já para a variável produtividade de grãos, a maior porcentagem de ganho foi obtida na estratégia III, sendo de 6,51% (PG\_F<sub>2</sub>). Ao considerarmos a soma em módulo dos ganhos de seleção em porcentagem, as estratégias revelaram ganhos de 18,07; 6,37; 15,26; e 1,19%, estratégia I, II, III e IV, respectivamente.

As 17 populações superiores foram selecionadas dentro de todas as quatro estratégias. A maior associação entre estratégias com base nas populações selecionadas é observado entre a estratégia I e III, com coeficiente kappa de 0,83 (perfeita) (Figura 3). As demais associações são consideradas fracas ( $0,00 < k < 0,20$ ) e insignificante ( $k < 0,00$ ).

Na figura 4, a classificação das 56 populações de acordo com o índice MGIDI. Populações com um gradiente de cores menos intenso apresentaram maior probabilidade de originar linhagens de plantas simultaneamente precoces e produtivas. Como visto pela moderada/baixa coincidência entre as estratégias, a classificação das populações alterou-se dependendo da estratégia.

Figura 3 – Classificação de genótipos e genótipos selecionados (em vermelho) em ordem crescente para o índice distância genótipo-ideótipo multitraço (MGIDI) entre 56 populações de trigo para as diferentes estratégias (A, B, C e D).



Estratégia I: modelo univariado para cada geração; Estratégia II: modelo univariado e multigeração; Estratégia III: modelo multivariado para cada geração; Estratégia IV: modelo multivariado e multigeração.

### 3.5. Discussão

#### 3.5.1. Efeito de população

Diante do cenário atual, o mercado tem demanda para genótipos precoces e produtivos, de tal forma que a cultura do trigo não foge à essa regra. Wang et al. (2019) explanaram que o ideótipo

de trigo deva ser com floração precoce, maior período de enchimento de grãos, maior eficiência no uso da radiação e tamanho de grão maior. Essa exigência permite que os agricultores intensifiquem o uso de suas terras, acelerando o ciclo do trigo, com menor tempo de exposição a riscos biológicos e climáticos.

Mediante análises, durante os séculos XX e XXI, houve aumento da produtividade de grãos, devido ao contínuo melhoramento genético da espécie, dependente do trabalho de equipes multidisciplinares de pesquisadores que desejam incorporar novas tecnologias para complementar programas de melhoramento (Beche et al. 2014), ainda que no século XXI o incremento de produtividade de grãos em trigo foi reduzido significativamente, Lo Valvo, Miralles e Serrago (2019) relataram um progresso de  $0,18\% \text{ ano}^{-1}$  em trigo argentino e Beche et al. (2014)  $0,92\% \text{ ano}^{-1}$  em cultivares brasileiras. A estagnação da produtividade de grãos é perceptível em quase todas as culturas de interesse comercial, podendo estar atrelada a efeitos de mudanças climáticas e interesses socioeconômicos dos governos (Ray et al. 2012). Segundo Van Rooke, Purcell e Samerón (2015), os baixos incrementos na produtividade de grãos podem estar relacionados com a alta complexidade que esta variável está envolvida, ainda relaciona-se a avaliações em condições de avaliações não representativas, resultando em forte interação genótipo  $\times$  ambiente. Logo, novas metodologias, que aprimorem a estratégia de seleção dos melhores genótipos devem ser investigadas, com o intuito de minimizar esses efeitos e aumentar a possibilidade de seleção de genótipos que atendam a demanda produtiva.

### **3.5.2. Uso de diferentes estratégias**

Diversas variáveis possuem relevância comercial e compõem interesses em programas de melhoramento de trigo, tal como resistência a diferentes doenças, elevado rendimento de grãos e qualidade industrial (Scheeren e Caierão 2015). A avaliação de populações/famílias nas diferentes fases do programa de melhoramento é de suma importância, principalmente, aquelas avaliações que englobam diferentes ambientes ou que carregam consigo histórico de avaliações com o avanço das gerações dentro do programa. Logo, entende-se a necessidade de identificar técnicas que assegurem as informações contidas, uma vez que a previsão precisa dos valores genéticos aditivos de indivíduos ou populações sob seleção, o que é desejável em qualquer programa de melhoramento (Henderson 1974).

As estratégias II e IV sumarizam as variáveis avaliadas ao utilizarmos a técnica de multivariada. Handerson (1974) afirma que a obtenção dos valores genotípicos torna-se mais precisa por meio do uso da técnica de BLUP. No entanto, há um viés na seleção de variáveis

correlacionadas, a fim de evitar este tipo de viés e obter previsões mais precisas usa-se a metodologia de BLUP multivariado, a qual tende a ser mais precisa, uma vez que considera simultaneamente uma maior quantidade de dados, entre eles as correlações genéticas e residuais entre as variáveis (Henderson e Quaas 1976). Em casos que há correlação entre as variáveis, a análise multivariada apresenta vantagens (Piepho et al. 2008), no presente trabalho, independente do trabalho, a correlação entre dias para espigamento e produtividade de grãos foi considerada nula, o que pode ter reduzido a vantagem das metodologias II e IV, resultando em menores ganhos para as variáveis.

A estratégia III por sua vez, ao considerar o fator geração no modelo, confunde-se efeito de geração e ambiente, empregando avaliação dos materiais sob condições. A variação entre gerações é perceptível ao observar os *box-plots* contidos na Figura 1, em Viçosa as populações obtiveram maiores produtividades de grãos com duração de ciclo mais longo ao compararmos com São Gotardo, esta uma cidade de clima tropical com estação seca (Aw), segundo Koppen-Geiger e 1083 m de altitude, encontrando-se no bioma cerrado brasileiro.

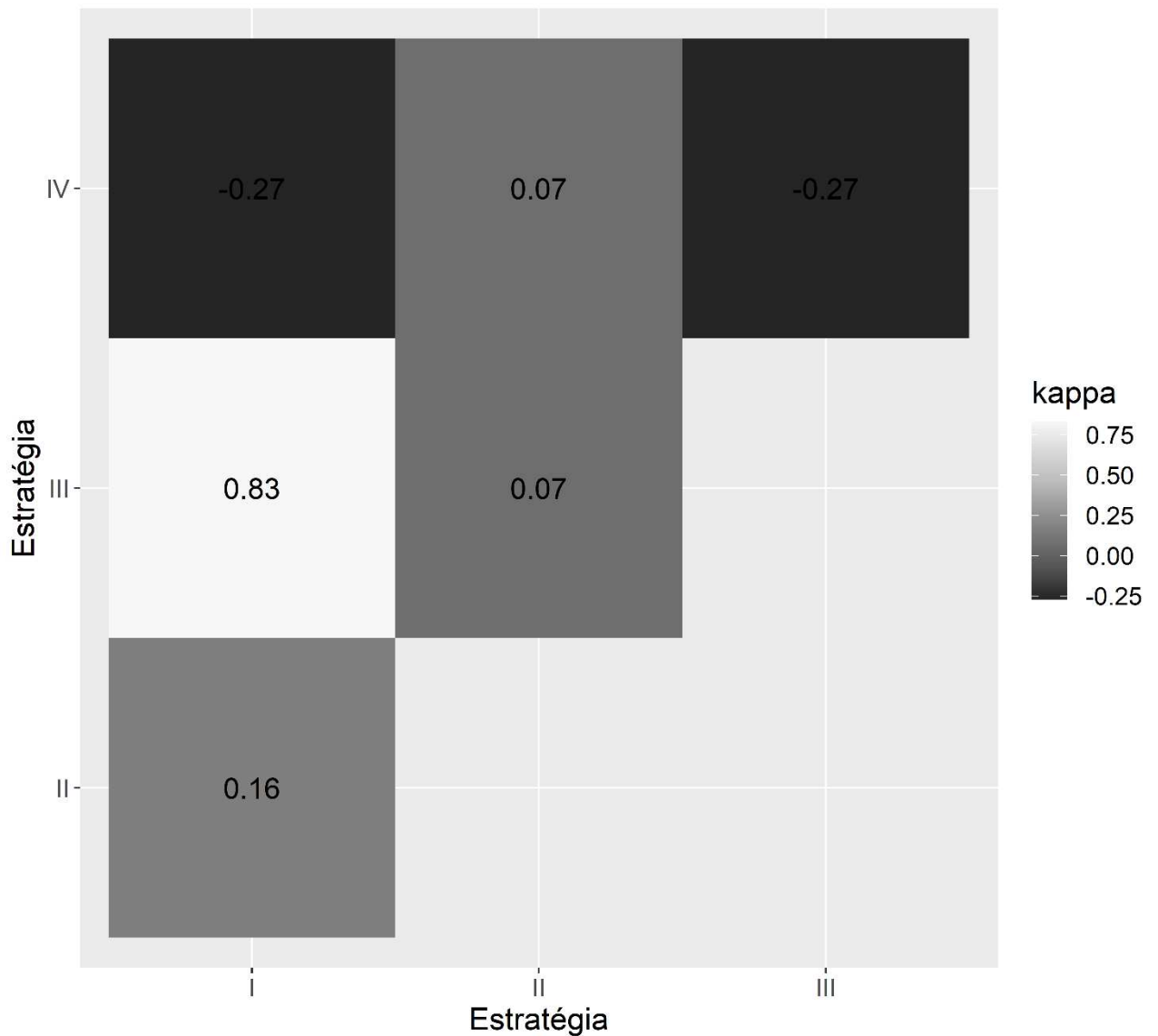
Estas diversas interações dentro das estruturas avaliadas, propicia que as populações tenham diferentes desempenhos em cada ambiente (geração), resultando em reordenação do ranqueamento obtido pelo índice de seleção MGIDI. De tal maneira que a seleção em ambientes diferentes pode reduzir a acurácia de seleção quando envolve modelos multigeração, dessa forma, percebe-se que a seleção dentro de ambientes alvo é preterível, principalmente dada a forte interação genótipo  $\times$  ambiente, que nesse caso confunde-se com a geração.

### **3.5.3. Seleção de populações precoces de trigo de alto rendimento**

A maior coincidência de populações selecionadas se deu entre a estratégia I e III, com índice Kappa de 0,83, sendo ainda, as duas únicas estratégias com ganhos desejáveis em todas as variáveis avaliadas (Figura 4). Em igualdade, ambas as estratégias consideram no modelo as gerações separadamente, o que pode ter ajudado no processo de seleção, uma vez que os ambientes foram altamente contrastantes, causando ruído na seleção.

Dentre as 56 populações, 38 diferentes populações foram selecionadas por uma, duas ou três estratégias. As populações 1D, 1G, 1H, 2D, 2E, 2F, 2G e 3H foram selecionadas em três estratégias, sendo as populações mais promissoras para derivação de linhagens precoces e altamente produtivas. Dentre elas ainda, a população 2F foi ranqueada como número um nas estratégias I e II.

Figura 4 – Coeficiente Kappa entre as diferentes estratégias de seleção.



Estratégia I: modelo univariado para cada geração; Estratégia II: modelo univariado e multigeração; Estratégia III: modelo multivariado para cada geração; Estratégia IV: modelo multivariado e multigeração.

### 3.6. Conclusão

A obtenção de genótipos superiores é dependente da seleção daqueles que reúnam uma série de variáveis desejáveis. Portanto, melhorar o fenótipo dessas variáveis nos indivíduos depende da expressão ambiental e de vários genes envolvidos no controle dessas variáveis. Nesse cenário, as estratégias que envolveram no modelo gerações de forma independente propiciou maiores ganhos, estratégias I e III. Ainda, a estratégia I, envolvendo modelo univariado, propiciou o maior ganho absoluto. Já dentro das estratégias, as populações 1D, 1G,

1H, 2D, 2E, 2F, 2G e 3H foram selecionadas por diferentes estratégias, sendo as mais promissoras para derivação de linhagens precoces e produtivas.

### 3.7. Referências

BECHE, E.; BENIN, G.; DA SILVA, C. L.; MUNARO, L. B.; MARCHESE, J. A. Genetic gain in yield and changes associated with physiological traits in Brazilian wheat during the 20th century. **European Journal Agronomy**, v. 61, p. 49-59, 2014. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2014.08.005>

BUTLER, D. G.; CULLIS, B. R.; GILMOUR, A. R.; GOGEL, B. J.; THOMPSON, R. ASReml-R reference manual Version 4. VSN International, Hemel Hempstead, UK, 2018.

CARVALHO, I. R.; SZARESKI, V. J.; SILVA, J. A. G.; NUNES, A. C. P.; ROSA, T. C.; BARBOSA, M. G.; MAGANO, D. A.; CONTE, G. G.; CARON, B. O.; SOUZA, V. Q. Multivariate best linear unbiased predictor as a tool improve multi-trait selection in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 55, e00518, 2020. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2020.v55.00518>

COHEN, J. A coefficient of agreement for nominal scales. **Educational and Psychological Measurement**, v. 20, p. 37-46, 1960. <https://doi.org/10.1177/001316446002000104>

EMBRAPA. **Informações técnicas para trigo e triticale: 13ª Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 256p, 2020.

FASAHAT, P.; RAJABI, A.; RAD, J. M.; DERERA, J. Principles and utilization of combining ability in plant breeding. **Biometrics & Biostatistics International Journal**, v. 4, p. 00085, 2016. <https://doi.org/10.15406/bbij.2016.04.00085>

GAMER, M.; LEMON, J.; SINGH, P. **Package irr: various coefficients of interrater reliability and agreement**. CRAN.R – project, 2022

HENDERSON, C. R. General flexibility of linear model techniques for sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 57, p. 963-972, 1974. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(74\)84993-3](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(74)84993-3)

HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. (1976) Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v. 43, p. 1188-1197, 1976. <https://doi.org/10.2527/jas1976.4361188x>

LO VALVO, P. J.; MIRALLES, D. J.; SERRAGO, R. A. Genetic progress in Argentine bread wheat varieties released between 1918 and 2011: Changes in physiological and numerical yield components. **Field Crops Research**, v. 221, p. 314-321, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2017.08.014>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. “metan: An R package for multi-environment trial analysis.” **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, p. 783-789, 2020. doi:10.1111/2041-210X.13384.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M. MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. **Bioinformatics**, v. 37, p. 1383–1389, 2021. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa981>

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, p. 209-228, 2008. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>

R Core Team. (2020). **R: A language and environment for statistical computing (version 4.0.2)**. [Software.] R Foundation for Statistical Computing.

RAY, D. K.; RAMANKUTTY, N.; MUELLER, N. D.; WEST, P. C.; FOLEY, J. A. Recent patterns of crop yield growth and stagnation. **Nature Communications**, v. 3, p. 1293, 2012. <https://doi.org/10.1038/ncomms2296>

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa. 561 p, 2007.

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

SCHEEREN, P. L.; CAIERÃO, E. **Cultivares**. In Borém A, Scheeren PL (Ed.). Trigo do plantio à colheita. Viçosa: UFV. 260 p, 2015.

SOYZA, N. O.; ALVES, R. S.; TEODORO, P. E.; SILVA, L. A.; TARDIN, F. D.; TARDIN, A. B.; RESENDE, M. D. V.; BHERING, L. L. Single- and multiple-trait BLUP in genetic selection of parents and hybrids of grain sorghum. **Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias**, v. 51, p. 1-12, 2019.

Van Roekel RJ, Purcell LC, Salmerón M (2015) Physiological and management factors contributing to soybean potential yield. *Field Crops Res*, 182: 86-97. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2015.05.018>

VIANA, J. M. S.; ALMEIDA, R. V.; FARIA, V. R.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F. Genetic evaluation of inbred plants based on BLUP of breeding value general combining ability. **Crop and Pasture Science**, v. 62, p. 515-522, 2011. <https://doi.org/10.1071/CP11016>

VIANA, J. M. S.; SOBREIRA, F. M.; RESENDE, M. D. V.; FARIA, V. R. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breeding**, v. 129, p. 599-604, 2010. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2009.01745.x>

VOLPATO, L.; ALVES, R. S.; TEODORO, P. E.; RESENDE, M. D. V.; NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A. C. C.; LUDKE, W. H.; SILVA, F.L.; BORÉM, A. Multi-trait multi-environment models in the genetic selection of segregating soybean progeny. **PLoS ONE**, v. 14, p. e0215315, 2019. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0215315>

WANG, B.; FENG, P.; CHEN, C.; LIU, D. L.; WATERS, C.; YU, Q. Designing wheat ideotypes to cope with future changing climate in South-Eastern Australia. **Agricultural Systems**, v. 170, p. 9-18, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2018.12.005>

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis**. Springer-Verlag: New York, 2016.

ZADOKS, J. C.; CHANG, T. T.; KONZAK, C. F. A decimal code for the growth stages of cereals. **Weed Research**, v. 14, p. 415–421, 1974. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3180.1974.tb01084.x>

#### 4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

As considerações podem ser tomadas dividindo-as conforme os capítulos. Primeiramente com base na metodologia de Jinks e Pooni mostrou-se eficiente na seleção de populações segregantes de trigo tropical, uma vez que utiliza a variância genética juntamente com o valor genotípico individual; neste sentido, a partir da metodologia de Jinks e Pooni, com base em produtividade de grãos, selecionou seis populações dentre as 56 estudadas, sendo elas: CD 1303/BRS 254, CD 1303/TBIO Duque, CD 1303/TBIO Ponteiro, BRS 264/TBIO Aton, TBIO Ponteiro/TBIO Aton, TBIO Sossego/CD 1303.

Em um segundo momento, via quatro estratégias de seleção, aquelas que envolveram na modelagem a geração de forma independente, ou seja, unigeração, apresentaram melhores resultados no cenário utilizado, inclusive tendo maior ganho de seleção. Já dentro das populações selecionou-se as populações CD 1303/BRS 394 (1D), CD 1303/TBIO Ponteiro (1G), CD 1303/TBIO Sossego (1H), BRS 254/BRS 394 (2D), BRS 254/TBIO Aton (2E), BRS 254/TBIO Duque (2F), BRS 254/TBIO Ponteiro (2H), BRS 264/TBIO Sossego (3H), sendo as mais promissoras para derivação de linhagens precoces e produtivas.

De maneira geral o uso de valores genotípicos mostra-se eficiente no uso para seleção de populações segregantes de trigo, agregando confiabilidade dentro das estratégias estudadas. Ainda, diferentes estratégias de seleção devem ser adotadas e estudadas conforme particularidades e objetivos no processo de seleção, uma vez, que se leva em consideração as variáveis alvos, o tempo despendido e a facilidade de manejo. Dentro das populações selecionadas destaca-se a população CD 1303/TBIO Ponteiro (1G), selecionada tanto pela metodologia de Jinks e Pooni, quanto dentro das estratégias adotadas no capítulo 2.

#### 5. REFERÊNCIAS

CASTRO, E. M.; VON PINHO, E. V. R.; NUNES, P. S. O.; SANTOS, H. O.; LEITE, M. E.; LIMA, A. E. Genetic control of soybean seed quality using partial diallel. **Journal of Seed Science**, v. 44, p. e202244015, 2022. <http://dx.doi.org/10.1590/2317-1545v44253577>

CONAB. **Análise mensal, trigo**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuário-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-mensal-de-trigo>> Acesso em 02 abr. 2023.

HALLAUER, A. R.; CARENA, J. M.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer. 500 p, 2010.

JINKS, J. L.; POONI, H. S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived single seed descent. **Heredity**, v. 36, p. 243-266, 1976 <https://doi.org/10.1038/hdy.1976.30>

LEDO, C. A. S.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P. Multivariate analysis of variance for diallel crosses. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 27, p. 1214-1221, 2003. <https://doi.org/10.1590/S1413-70542003000600002>

LIMA, W. F.; PRETE, C. E. C.; RIBEIRO, A. S.; TOLEDO, J. F. F. Resistência da soja à ferrugem-asiática avaliada pela análise da produtividade de grãos. **Summa Phytopathol**, v. 38, p. 73-78, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0100-54052012000100012>

MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELHO, P. G.; MORAIS, O. P.; CASTRO, A. P.; BRESEGHELLO, F.; UTUMI, M.; PEREIRA, J. A.; WRUCK, F. J.; FILHO, J. M. C. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, v. 72, p. 297-305, 2015. <https://doi.org/10.1590/0103-9016-2014-0137>

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

NARDINO, M.; BARROS, W. S.; OLIVOTO, T.; CRUZ, C. D.; SILVA, F. F.; PELEGRIN, A. J.; SOUZA, V. Q.; CARVALHO, I. R.; SZARESKEI, V. J.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C.; KONFLANZ, V. A. Multivariate diallel analysis by fator analysis for establish mega-traits, **Revista da Academia Brasileira de Ciências**, v. 92, p. e20180874, 2020. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202020180874>

OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J. T. V.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; OLIBONI, D. F. Diallelic analysis in assessing the potential of maize hybrids to generate base-populations for obtaining lines. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 34, p. 7-18, 2013. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2013v34n1p7>

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

PELEGRIN, A. J.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; SZARESKEI, V. J.; FERRARI, M.; CONTE, G. G.; OLIVEIRA, A. C.; SOUZA, V. Q.; MAIA, L. C. Combining ability as a criterion for wheat parents selection. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, p. 35-45, 2020. <http://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v2n1a4>

PIMENTEL, A. J. B.; RIBEIRO, G.; SOUZA, M. A.; MOURA, L. M.; ASSIS, J. C.; MACHADO, J. C. Comparison of methods for selection of parents and segregating populations applied to wheat breeding. **Bragantia**, v. 72, p. 113-121, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052013005000026>

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, Bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 3, p. 121-152, 2020. <http://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v2n2a1>

ROCHA, G. S.; CARNEIRO, J. E. S.; REZENDE JÚNIOR, L. S.; PEREIRA E SILVA, V. M.; MENEZES JÚNIOR, J. A. N.; CARNEIRO, P. C. S.; CECON, P. R. Effect of environments

on the estimated genetic potential of segregating common bean populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 241-248, 2013 <https://doi.org/10.1590/S1984-70332013000400004>

STATISTA. **Wheat: production volume worldwide 1990/1991 – 2022/2023**. Disponível em <<https://www.statista.com/statistics/267268/production-of-wheat-worldwide-since-1990/>> Acesso em 02 abr. 2023.

UKR AGRO CONSULT. **TOP-20 wheat producing countries in 2022**. Disponível em <<https://ukragroconsult.com/en/news/top-20-wheat-producing-countries-in-2022/>> Acesso em 02 abr. 2023.

VIANA, J. M. S.; SOBREIRA, F. M.; RESENDE, M. D. V.; FARIA, V. R. Multi-trait BLUP in half-sib selection annual crops. **Plant Breeding**, v. 129, p. 599-604, 2010. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2009.01745.x>

VIANA, J. M. S.; ALMEIDA, R. V.; FARIA, V. R.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F. Genetic evaluation of inbred plants based on BLUP of breeding value general combining ability. **Crop and Pasture Science**, v. 62, p. 515-522, 2011. <https://doi.org/10.1071/CP11016>

XAVIER, L. F. S.; PESTANA, J. K.; SEKIYA, A.; KRAUSE, M. D.; MOREIRA, R. M. P.; FERREIRA, J. M. Partial diallel and potential of super sweet corn inbred lines  $bt_2$  to obtain hybrids. **Horticultura Brasileira**, v. 37, p. 278-284, 2019. <https://doi.org/10.1590/S0102-053620190305>