

RAFAEL TOBIAS LANG FRONZA

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE TRIGO TROPICAL COM O USO DE MATRIZ
PEDIGREE ADITIVA E ADITIVA × ADITIVA**

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

Coorientador: Kaio Olimpio das Graças Dias

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2023**

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

T

F936s
2023
Fronza, Rafael Tobias Lang, 1999-
Seleção de famílias de trigo tropical com uso de matriz pedigree
aditiva e aditiva x aditiva / Rafael Tobias Lang Fronza. - Viçosa, MG,
2023.
1 dissertação eletrônica (45 f.): il. (algumas color.).
Inclui anexo.
Orientador: Maicon Nardino
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2023.
Inclui bibliografia.
DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2023.310>
Modo de acesso: World Wide Web.

1. Trigo - Seleção; 2. Análise de variância; 3. Alimentos -
Aditivos; I. Nardino, Maicon II. Universidade Federal de Viçosa..
Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em
Fitotecnia III. Título

CDD 22. ed. 633.112


RAFAEL TOBIAS LANG FRONZA

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE TRIGO TROPICAL COM O USO DE MATRIZ
PEDIGREE ADITIVA E ADITIVA × ADITIVA**


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: 24 de fevereiro de 2023.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente
 RAFAEL TOBIAS LANG FRONZA
Data: 24/05/2023 07:41:02-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Rafael Tobias Lang Fronza
Autor

Documento assinado digitalmente
 MAICON NARDINO
Data: 24/05/2023 13:50:45-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Maicon Nardino
Orientador

AGRADECIMENTOS

Aos meus familiares, por todo apoio durante estes anos de estudo longe de casa, e pelos momentos em família, com muita amizade e companheirismo.

Ao Programa Trigo, pelo aprendizado já agregado, companheirismo e amizades contraídas e pelo auxílio de todos durante as atividades.

Ao professor Maicon Nardino, pela orientação em todas as etapas, amizade, ao desafio a mim oportunizado, pela paciência e liderança do grupo.

Ao professor Kaio Olimpico das Graças Dias pela coorientação, amizade, auxílio nas etapas de nossas pesquisas e por todo apoio, confiança e ideias proporcionadas nos momentos de conversa e discussão ao longo do mestrado.

Aos amigos e companheiros de república, pela estadia, ajuda, momentos de descontração e auxílio no desenvolvimento pessoal.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realizar a pós-graduação, pelo ensino de qualidade e espaço concedido para a realização dos experimentos.

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), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão das bolsas de estudos.

RESUMO

FRONZA, Rafael Tobias Lang Fronza, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2023. **Seleção de famílias de trigo tropical com o uso de matriz pedigree aditiva e aditiva × aditiva**. Orientador: Maicon Nardino. Coorientador: Kaio Olimpio das Graças Dias.

O objetivo desse trabalho consiste em avaliar o uso da matriz pedigree aditiva e epistática (aditiva × aditiva) na seleção de famílias $F_{2:3}$ de trigo tropical. O experimento foi composto por 880 progênies $F_{2:3}$ de trigo tropical, formando 56 famílias oriundas de populações conduzidas por meio do método genealógico provenientes de um dialelo envolvendo as cultivares BRS 254, BRS 264 e BRS 394 (EMBRAPA), CD 1303 (COODETEC) Tbio Aton, Tbio Ponteiro, Tbio Duque e Tbio Sossego (Biotrigo Genética). Os caracteres avaliados foram: altura de plantas (cm), comprimento de espiga (cm), número de grãos por espiga (unidade) e grãos por espiguetas (unidade), rendimento de grãos (ton ha^{-1}) e massa de 100 grãos (gramas). Os dados foram analisados a partir de três modelos: Modelo 1: sem a informação de *pedigree* de famílias; Modelo 2: com a matriz de *pedigree* aditiva; e Modelo 3 com a matriz de *pedigree* aditiva e epistática (aditiva × aditiva). Para a estimação da matriz de *pedigree* aditiva e aditiva × aditiva foi utilizado as informações de genealogia das cultivares envolvidas no dialelo. Foram estimados parâmetros estatísticos a fim de analisar a parametrização dos valores preditos, através do valor do Critério de informação Akaike (AIC) e a significância dos modelos pelo teste da razão de verossimilhança (LRT). Foram estimados os componentes de variância genotípico (σ_g^2), aditivo (σ_A^2), aditivo × aditivo (σ_{AA}^2) e residual (σ^2), respectivos para cada modelo, e a partir deles foram estimados os parâmetros de herdabilidade no sentido restrito (h^2), acurácia (H) e o coeficiente de variação experimental (CVe) (%). Com os valores genéticos preditos foram feitas as seleções entre e dentro das famílias utilizando o índice MGIDI para cada modelo, analisando os ganhos de seleção respectivos e o índice de coincidência entre os modelos. As famílias apresentaram tanto efeito aditivo quanto epistático para a maioria das características avaliadas, possibilitando a seleção para famílias com potencial de serem utilizadas como genitores e também para avançarem de geração dentro do programa de melhoramento.

Palavras-chave: Efeito aditivo e aditivo × aditivo. Seleção de famílias. Componentes de variância.

ABSTRACT

FRONZA, Rafael Tobias Lang Fronza, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2023. **Selection of tropical wheat families using additive and additive \times additive pedigree matrix.** Advisor: Maicon Nardino. Co-adviser: Kaio Olimpio das Graças Dias.

The objective of this work is to evaluate the use of the additive and epistatic pedigree matrix (additive \times additive) in the selection of $F_{2:3}$ families of tropical wheat. The experiment consisted of 880 $F_{2:3}$ progenies of tropical wheat, forming 56 families from learned families conducted through the genealogical method from a diallel involving the cultivars BRS 254, BRS 264 and BRS 394 (EMBRAPA), CD 1303 (COODETEC) Tbio Aton, Tbio Ponteiro, Tbio Duque and Tbio Sossego (Biotrigo Gentica). The evaluated characters were: plant height (cm), spike length (cm), number of grains per spike (unit) and grains per spikelet (unit), grain yield (ton ha^{-1}) and mass of 100 grains (grams). Data were analyzed using three models: Model 1: without family pedigree information; Model 2: computing the additive pedigree matrix; and Model 3 computing the additive and epistatic pedigree matrix (additive \times additive). To estimate the additive and additive \times additive pedigree matrix was used as information on the genealogy of the cultivars involved in the diallel. Statistical parameters were estimated in order to analyze the parameterization of the predicted values, through the value of the Akaike Information Criterion (AIC) and the significance of the models by the likelihood ratio test (LRT). The genotypic (σ_g^2), additive (σ_A^2), additive \times additive (σ_{AA}^2) and residual (σ^2) components of variance were estimated, respectively for each model, and from them the parameters of heritability in the strict sense (h^2), accuracy (H) and the coefficient of experimental variation (CVE) (%). With the predicted breeding values, selections were made between and within the families using the MGIDI index for each model, analyzing the respective selection gains and the coincidence index between the models. Families showed both additive and epistatic effects for most of the traits evaluated, allowing the selection of families with the potential to be used as parents and also to advance generations within the breeding program.

Keywords: Additive and additive \times additive effect. Selection of families. Variance components.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Esquema representativo das fases de hibridação, seleção de progênies e condução a campo das famílias de trigo	15
Figura 2 – Demonstração da distribuição das parcelas e blocos do experimento	16
Figura 3 – Resumo da genealogia das cultivares de trigo incluídas no dialelo completo	18
Figura 4 – Matriz de parentesco aditivo e epistática (aditivo × aditivo) entre as cultivares utilizadas no dialelo completo e como testemunhas no experime	21
Figura 5 - Índice de seleção (MGIDI) para as famílias selecionadas e não selecionadas	27

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Média (fenotípica) dos genitores e das famílias, amplitude da média, teste de parametrização AIC dos modelos analisados e teste de significância LRT	23
Tabela 2 - Componentes de variância e parâmetros genéticos e estatístico obtidos, respectivamente, para cada modelo genético-estatístico e variável analisada.....	24
Tabela 3 - Sentido de seleção, fator de contribuição do caractere, média original e média das famílias selecionadas (\overline{X}_0 , \overline{X}_5) e ganho de seleção obtidos para cada caractere através dos modelos estatísticos analisados	29
Tabela 4 - Sentido de seleção, fator de contribuição do caractere, média original e das progênies selecionadas (\overline{X}_0 , \overline{X}_5) e ganho de seleção obtidos para cada caractere através dos modelos estatísticos analisados	30
Tabela 5 - Índice de coincidência de seleção entre os diferentes métodos	31

LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

AIC - Critério de informação Akaike do inglês "*Akaike Information Criterion*".

AL – Altura de plantas.

ANOVA – Análise de Variância.

BLUP – Melhor preditor linear não viesado do inglês "*Best linear unbiased prediction*".

CE - Comprimento de espiga.

CIMMYT - Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo do inglês "*International Maize and Wheat Improvement Center*".

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento.

COODETEC - Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola.

CVe - Coeficiente de variação experimental.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

GRIS – Sistema de informação de recursos genéticos de trigo e triticales do inglês "*Genetic Resources Information System for Wheat and Triticale*".

GS – Ganho de Seleção.

IC – Índice de Coincidência.

LRT - Teste da razão de verossimilhança do inglês "*Likelihood Ratio Tests*".

M1 – Modelo 1.

M100 – Massa de 100 grãos.

M2 – Modelo 2.

M3 – Modelo 3.

MGIDI - Índice de distância genótipo-ideótipo multivariado do inglês "*Multi-trait Genotype-Ideotype Distance Index*".

NG - Número de grãos por espiga.

NGE - Número de grãos por espiguetas.

REML - Máxima verossimilhança residual.

RG - Rendimento de grãos.

USDA - Departamento de Agricultura dos Estados Unidos do inglês "*United States Department of Agriculture*".

VIR - Nikolai Ivanovich Vavilov - Instituto Pan-Russo de Recursos Genéticos de Plantas do inglês "*Nikolai Ivanovich Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources*".

LISTA DE SÍMBOLOS

H - Acurácia seletiva.

σ_A^2 - Componente de variância aditivo.

σ_{AA}^2 - Componente de variância aditivo \times aditivo.

σ_g^2 - Componente de variância genotípico.

σ^2 - Componente de variância residual.

h^2 - Herdabilidade no sentido restrito.

\bar{X}_o - Média original.

\bar{X}_s - Média dos selecionados.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	11
ARTIGO 1	12
1. INTRODUÇÃO.....	13
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	15
2.1. Obtenção das populações e famílias	15
2.2. Manejo do Experimento.....	16
2.3. Caracteres Avaliados	16
2.4. Análises Estatísticas.....	17
2.4.1. Obtenção das genealogias e matrizes aditiva (A) e aditiva × aditiva (AA)	17
2.4.2. Modelos genético-estatísticos e parâmetros estatísticos	18
2.4.3. Índice de seleção	20
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	21
3.1. Matrizes de parentesco aditivo e aditivo × aditivo	21
3.2. Parâmetros Estatísticos	22
3.3. Seleção de Famílias	26
4. CONCLUSÃO.....	32
5. REFERÊNCIAS	33
6. ANEXO A – Genealogia expandida das cultivares testemunhas	39

INTRODUÇÃO GERAL

A cultura do trigo (*Triticum aestivum* L.) é um dos principais cereais cultivados no mundo, com uma produção na safra de 2021/22 de 779 milhões de toneladas (USDA, 2022). Nesta mesma safra, o Brasil representou 1% da produção mundial, produzido 7,7 milhões toneladas do grão (CONAB, 2023). Com relação à safra 2022/23, a produção estimada foi de 9,7 milhões de toneladas, um aumento de 27,2% em comparação com a safra anterior, devido ao aumento da área cultivada e da produtividade das cultivares. Porém, mesmo com o aumento na produção, o Brasil importou cerca de seis milhões de toneladas, em 2022, para suprir o consumo interno do mercado, com a produção atendendo 62% da demanda interna.

Em programas de melhoramento, muitas estratégias são utilizadas para elevar a produtividade da cultura do trigo. Na região do Cerrado, as principais estratégias de melhoramento se concentram na seleção de genótipos com adaptação a ambientes de estresse hídrico no sistema de cultivo de sequeiro (PEREIRA et al., 2019). Além da tolerância ao déficit hídrico temos o estresse por altas temperaturas, que afetam, principalmente, a produtividade de grãos (NARDINO et al., 2022; PASINATO et al., 2018).

A seleção de famílias/progênes no melhoramento de plantas, tem sido realizada por muitos melhoristas a partir da obtenção dos valores genotípicos (BLUP - *Best linear unbiased prediction*), sendo que para prever é necessário estimativas fidedignas dos componentes de variância. Em comparação com o método da análise de variância (ANOVA), com o método da máxima verossimilhança residual (REML), é possível realizar a análise de dados desbalanceados e em delineamentos não ortogonais, por exemplo, blocos aumentados. Além destas vantagens, os modelos mistos permitem o uso de informações de parentesco (pedigree), os quais aumentam a precisão da estimativa dos componentes de variância e a predição dos valores genéticos (PIEPHO et al., 2008; RESENDE & ALVES, 2021).

Além da inclusão dos efeitos aditivos através da matriz de parentesco, a epistasia aditiva \times aditiva também pode ser incluída nos modelos genético-estatísticos, deixando-o mais robusto. Seu efeito pode aumentar ou diminuir as contribuições da variância aditiva total, implicando em alterações na predição dos valores genéticos dos caracteres fenotípicos, que determinam se a resposta da seleção praticada tende a acelerar ou amortecer as mudanças da variação aditiva (MONNAHAN & KELLY, 2015).

Diante dos fatos supracitados, o objetivo desse trabalho consiste em avaliar o uso da matriz *pedigree* aditiva e epistática (aditiva \times aditiva) na seleção de famílias F2:3 de trigo.

ARTIGO 1

Seleção de famílias de trigo com base em valores genéticos aditivos e epistáticos (aditivo × aditivo)

Resumo

O objetivo deste trabalho foi selecionar famílias e progênies $F_{2:3}$ de trigo com o uso de *pedigree* aditivo e aditivo × aditivo. O experimento foi composto por 880 progênies $F_{2:3}$ de trigo tropical, formando 56 famílias oriundas de populações conduzidas por meio do método genealógico provenientes de um dialelo envolvendo as cultivares BRS 254, BRS 264 e BRS 394 (EMBRAPA), CD 1303 (COODETEC) Tbio Aton, Tbio Ponteiro, Tbio Duque e Tbio Sossego (Biotrigo Genética). Os caracteres avaliados foram: estatura de plantas (cm), comprimento de espiga (cm), número de grãos por espiga (unidade) e grãos por espiguetas (unidade), rendimento de grãos (ton ha^{-1}) e massa de 100 grãos (gramas). Os dados foram analisados em três modelos genético-estatísticos: Modelo 1: sem a informação de parentesco de famílias; Modelo 2: computando a matriz de parentesco aditiva; e Modelo 3: incluindo a matriz de parentesco aditiva e epistática (aditiva × aditiva). Os resultados evidenciaram que a inclusão das matrizes aditiva e epistática possibilitaram captar diferentes efeitos genéticos das famílias de trigo, resultando em efeitos genéticos significativos para a maioria das características. A seleção revelou famílias com potencial de serem utilizadas como genitoras e blocos de cruzamento, BRS 254/CD-1303, Tbio Ponteiro/BRS 394, BRS 394/Tbio Ponteiro, CD 1303/BRS 264 e CD 1303/BRS 254, com valor genético superior para ser avançado de geração, BRS 254/Tbio Aton, Tbio Aton/Tbio Duque, BRS 394/Tbio Aton, Tbio Sossego/ BRS 264 e Tbio Duque/ Tbio Aton e com ambas as características, sendo a BRS 254/CD-1303, BRS 394/Tbio Ponteiro, Tbio Sossego/BRS 264, Tbio Aton/BRS 394, BRS 394/Tbio Aton. O uso da matriz *pedigree* aditiva e epistática (aditiva × aditiva) possibilitou a seleção de famílias para diferentes objetivos dentro do programa de melhoramento, tanto para avançar de geração quanto para ser incluído em blocos de cruzamento.

Palavras chave: *Triticum aestivum* L., pedigree, BLUP aditivo e aditivo × aditivo.

1. INTRODUÇÃO

Em programas de melhoramento, muitas estratégias são utilizadas para elevar a produtividade da cultura do trigo, a fim de aumentar a produção do grão, podendo diminuir a necessidade de importação. Na região do Cerrado, as principais estratégias de melhoramento se concentram na seleção de genótipos com adaptação a ambientes de estresse hídrico no sistema de cultivo de sequeiro (PEREIRA et al., 2019). Além da tolerância ao déficit hídrico temos o estresse por altas temperaturas, que afetam várias características fenotípicas do trigo, entre as principais, a produtividade de grãos (NARDINO et al., 2022; PASINATO et al., 2018).

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

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

A eficiência do uso de modelos mistos no melhoramento de plantas anuais tem sido comprovada em diversas culturas como: arroz (BORGES et al., 2010), cana de açúcar (LUCIUS et al., 2014), trigo (CASAGRANDE et al., 2020; CASAGRANDE et al., 2023; NARDINO et al., 2022), algodão (RESENDE et al., 2014), mamona (VIVAS et al., 2014) entre outros.

Dentro dos modelos mistos, os componentes de variância podem ser estimados a partir da máxima verossimilhança residual (REML) desenvolvido por Patterson e Thompson (1971), a qual é superior ao método de análise de variância (ANOVA) na presença de dados desbalanceados e em delineamentos não ortogonais, por exemplo, blocos aumentados. Além destas vantagens, os modelos mistos permitem o uso de informações de parentesco (pedigree), os quais aumentam a precisão da estimativa dos componentes de variância, parâmetros genéticos e a predição dos valores genéticos (PIEPHO et al., 2008; RESENDE & ALVES, 2021).

O BLUP associado a matriz de parentesco (matriz A) permite a predição dos efeitos genéticos aditivos. Quanto maior a correlação genética de um genótipo de interesse com genótipos relacionados, mais informações podem ser obtidas, pois, o uso da matriz A prova ser tão bem-sucedido por corrigir os padrões de fluxo de informação genética de geração em geração, mesmo com desequilíbrio causado a partir das seleções (PIEPHO et al., 2008).

A matriz A, dessa forma, se torna acessível a todos os programas de melhoramento, por ser estimada através da genealogia dos genótipos avaliados, sendo necessário recorrer aos ancestrais que participaram na formação dos genitores envolvidos nos dialelos, obtendo o coeficiente médio de parentesco entre as famílias avaliadas e seus progenitores.

Na cultura do trigo, Kim e Ward (1997) foram os pioneiros na utilização das informações de pedigree entre dois genótipos, auxiliando na identificação de grupos parentais promissores e combinações a serem exploradas. Em outros estudos com a cultura, o coeficiente de parentesco aumentou a precisão das predições dos BLUP, pois, ao utilizarem as relações de parentesco entre os genótipos no modelo, o erro padrão dos valores preditos foi menor quando comparado aos modelos sem estas informações (GIANCASPRO et al., 2019).

Segundo Crossa et al. (2006), a matriz A em avaliações de multi-ambientes auxilia na predição e associação dos ambientes para a modelagem dos efeitos de linhagem e interação dos

genótipos por ambientes, no momento em que nem todas as linhagens são avaliadas em cada ambiente. Os autores ainda relataram que estas melhorias nas análises fazem com que a resposta da seleção empregada seja melhorada, ainda mais nas gerações iniciais dos programas de melhoramento, pois, quando dois genótipos são correlacionados geneticamente suas respostas agrônômicas também devem ser relacionadas, pelo menos em partes.

Os modelos mistos além da decomposição da variação genética em termos aditivos, ele permite também a utilização dos efeitos de dominância e epistáticos. Desta forma, conhecendo-se a genealogia das populações e as famílias avaliadas, podem-se construir as matrizes de parentesco genético aditivo (A) (HENDERSON, 1976) e de dominância (D) (COCKERHAM, 1954; HENDERSON, 1985), sendo inclusas no sistema de equações de modelos mistos.

Avaliar a epistasia (aditiva \times aditiva) também é de suma importância, pois, provoca efeitos nos componentes de variância dos caracteres avaliados. Com epistasia, os efeitos estimados dos alelos e suas contribuições na variância aditiva mudam devido as alterações das frequências dos genótipos epistáticos na população, ou seja, a contribuição do locus depende das frequências alélicas e das frequências do alelo de todos os outros loci segregantes. (MONNAHAN & KELLY, 2015; WADE & GOODNIGHT, 1998).

O efeito aditivo \times aditivo pode aumentar ou diminuir as contribuições da variância aditiva total, implicando na predição dos valores genéticos dos caracteres fenotípicos avaliados, que determinam se a resposta da seleção praticada tende a acelerar ou amortecer as mudanças da variação aditiva (HANSEN, 2013; MONNAHAN & KELLY, 2015).

Diante dos fatos supracitados, o objetivo desse trabalho consiste em selecionar famílias e progênies $F_{2:3}$ de trigo com o uso de *pedigree* aditivos e aditivos \times aditivos.

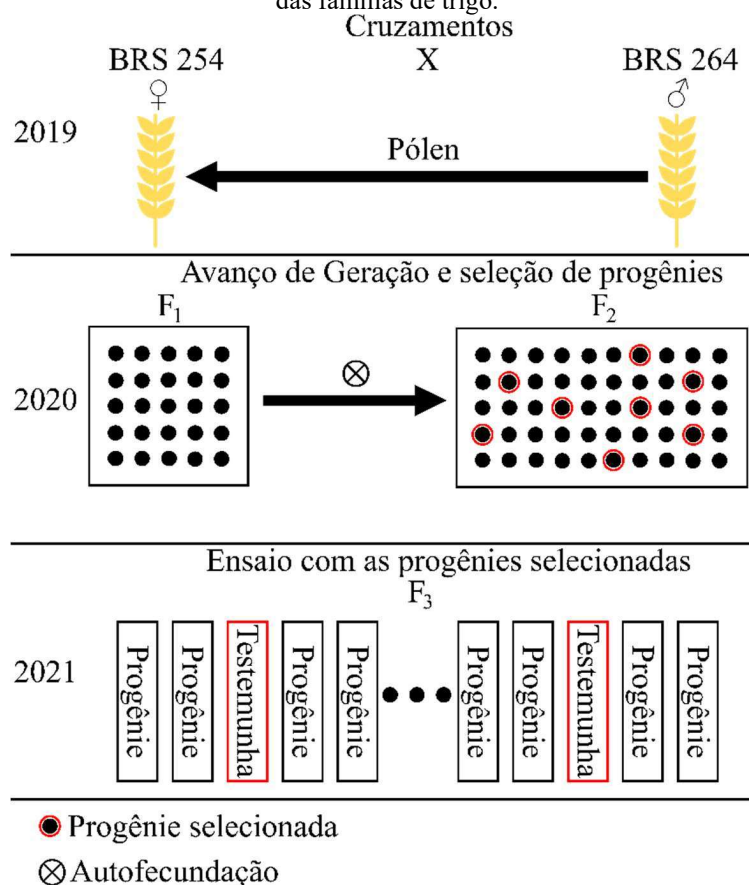
2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado no Campo Experimental Professor Diogo Alves de Mello, no campus da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, Minas Gerais (20°45'14" S; 42°52'55" W, a 648 m de altitude) no ano de 2021.

2.1. Obtenção das populações e famílias

As populações foram geradas no mês de xxxxx de 2019, provenientes de um dialelo completo contendo oito genitores (Figura 1), BRS 254, BRS 264 e BRS 394 (EMBRAPA), CD 1303 (COODETEC) Tbio Aton, Tbio Ponteiro, Tbio Duque e Tbio Sossego (Biotrigo Genética), totalizando 56 cruzamentos. Os cruzamentos se foram realizados em casa de vegetação, entre os meses de abril a agosto.

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

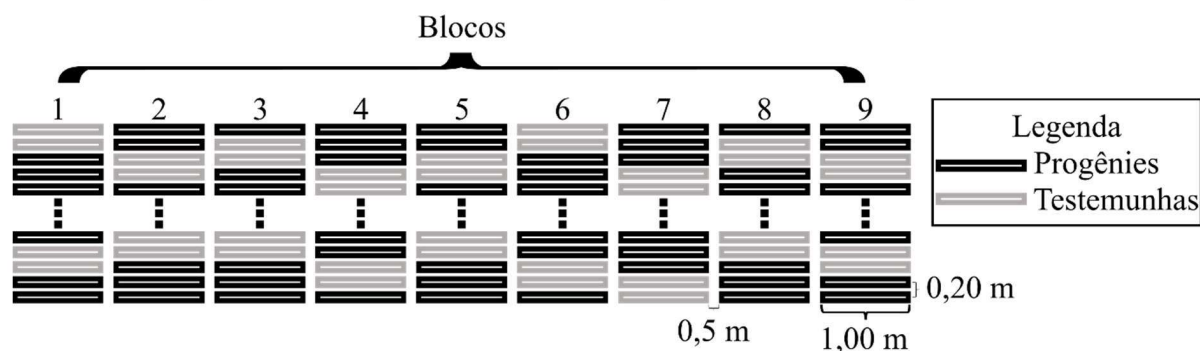


Em 2020 foi feito o avanço de geração da F₁ em casa de vegetação nos meses de fevereiro a maio. Com as sementes obtidas com o avanço de geração da F₁ as populações segregantes F₂ foram semeadas em campo nos meses de maio/junho de 2020. Foram avaliadas aproximadamente 90 plantas por população, totalizando 5040 plantas avaliadas, sendo selecionadas as 880 progênies (F_{2:3}), as quais foram avaliadas neste experimento.

2.2. Manejo do Experimento

As famílias/progênes $F_{2:3}$ foram semeadas no mês de junho de 2021, em ambiente irrigado sob delineamento de blocos aumentados contendo nove blocos (Figura 2), cada qual com 105 parcelas, repetindo somente as testemunhas intercalares (BRS 254, BRS 264, BRS 394, CD 1303, Tbio Aton, Tbio Ponteiro, Tbio Duque e Tbio Sossego), com isso o experimento foi composto por 945 parcelas.

Figura 2 – Demonstração da distribuição das parcelas e blocos do experimento.



Para a semeadura foi feito o preparo do solo a partir da gradagem e posterior demarcação das linhas com semeadura, com espaçamento de 0,20 m. A semeadura foi realizada de forma manual, onde cada parcela foi formada por uma linha de um metro linear e com a densidade de semeadura de 350 plantas/m². O manejo de fertilidade, aplicação de nitrogênio em cobertura e controle fitossanitário foi realizado de acordo com as recomendações de cultivo para a cultura do trigo e o nível de dano econômico (KUHNEM et al., 2020).

2.3. Caracteres Avaliados

Durante o período vegetativo as características avaliadas foram: altura de plantas (AL, cm), compreendendo a medida entre a base da planta até o ápice da espiga, excluindo-se as aristas e o comprimento de espiga (CE, cm), sendo a distância entre a base e o ápice da espiga, sem as aristas, mensurando dez plantas aleatórias dentro de cada parcela.

No momento em que as plantas se situaram no estágio de maturação fisiológica foi realizada a coleta de dez espigas por parcela, a fim de avaliar o número de grãos por espiga (NG, unidades) e número de grãos por espigueta (NGE, unidades).

A colheita se procedeu logo após a coleta das espigas, corrigindo a umidade dos grãos para 13% e em seguida foram analisadas a massa de 100 sementes (M100, g), por meio de uma amostra aleatória, e com o peso total foi estimado o rendimento de grãos (RG, ton ha⁻¹).

2.4. Análises Estatísticas

As análises estatísticas foram realizadas através das seguintes etapas:

1ª etapa - Estimação e obtenção das matrizes de parentesco aditiva e aditiva × aditiva;

2ª etapa - Ajuste de modelos genético estatísticos;

3ª etapa - Seleção de famílias e progênies;

4ª etapa - Índice de coincidência entre os modelos.

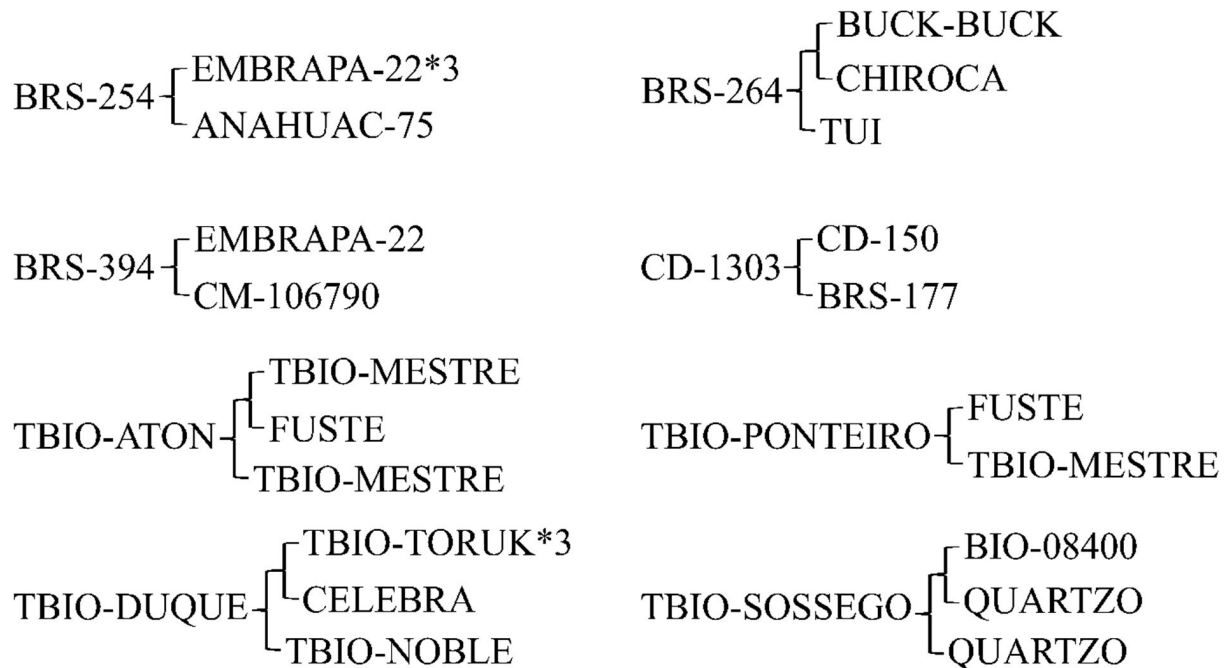
Todas as etapas foram realizadas a partir de pacotes estatísticos no *software* R (R CORE TEAM, 2020), utilizando a interface RStudio (RSTUDIO TEAM, 2020).

2.4.1. Obtenção das genealogias e matrizes aditiva (A) e aditiva × aditiva (AA)

As genealogias das cultivares foram buscadas na plataforma GRIS (*Genetic Resources Information System for Wheat and Triticale*) disponível no site: <http://wheatpedigree.net>, além de poderem ser obtidas na plataforma Wheat Atlas disponível no site: <http://wheatatlas.org/visualizations>. Ambas plataformas são gerenciadas pelo Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) e pelo Nikolai Ivanovich Vavilov - Instituto Pan-Russo de Recursos Genéticos de Plantas (VIR) (GRIS).

A partir da genealogia (Figura 3, resumo, Anexo A, genealogia expandida), a matriz aditiva (A) foi estimada pelo método de Henderson (1976), sendo o trigo uma espécie alohexaplóide ($2n = 42$ cromossomos) contendo três genomas A, B e D (AABBDD) (PUHL et al., 2021), apresentando dois cromossomos homólogos. A matriz foi estimada por meio do pacote AGHmatriz (AMADEU et al., 2016), sendo utilizado o máximo de gerações envolvidas na formação das cultivares BRS 254 (24 gerações), BRS 264 (24 gerações) e BRS 293 (25 gerações), CD 1303 (31 gerações) Tbio Aton (34 gerações), Tbio Ponteiro (33 gerações), Tbio Duque (37 gerações) e Tbio Sossego (33 gerações).

Figura 3 - Resumo da genealogia das cultivares de trigo incluídas no dialelo completo.



Fórmula de Henderson (1976):

i) Para indivíduos ith em que os dois genitores são conhecidos (p e q),

$$a_{ti} = a_{it} = 0,5(a_{ip} + a_{iq}) \text{ para } i = 1, \dots, t - 1$$

$$a_{tt} = 1 + 0,5a_{pq}$$

ii) Onde somente um dos genitores é conhecido (p),

$$a_{ti} = a_{it} = 0,5a_{ip} \text{ para } i = 1, \dots, t - 1$$

$$a_{tt} = 1$$

iii) Nenhum dos pais conhecidos,

$$a_{ti} = a_{it} = 0 \text{ para } i = 1, \dots, t - 1$$

$$a_{tt} = 1$$

A matriz epistática (aditiva \times aditiva, AA) foi estimada a partir da matriz aditiva por meio do produto de Hadamard ($A\#A$) (HENDERSON, 1985). As figuras de coeficiente de parentesco aditivo e aditivo \times aditivo foram feitos pelo pacote ComplexHeatmap (GU, 2022).

2.4.2. Modelos genético-estatísticos e parâmetros estatísticos

Os dados das características avaliadas foram analisados a partir de três modelos genético-estatísticos, onde inicialmente foi determinado o efeito de bloco, como fixo ou aleatório, foi utilizado o critério de AIC proposto por Verbyla, (2019). Para isso foi ajustado dois modelos, um usando o bloco como efeito fixo e o outro como efeito aleatório. O modelo com o menor AIC foi utilizado para as análises seguintes.

Modelo 1:

$$y_{ij} = \mu + \underline{G}_i + b_j + e_{ij}$$

Onde, y_{ij} é o valor fenotípico de cada parcela; μ é a constante; \underline{G}_i é o efeito aleatório de progênie com $G \sim N(0, I \sigma_g^2)$; b_j é o efeito fixo de bloco; e e_{ij} é o efeito residual $e \sim N(0, I \sigma_e^2)$. I é a matriz identidade;

Modelo 2:

$$y_{ij} = \mu + \underline{G}_{1i} + b_j + e_{ij}$$

Onde, y_{ij} é o valor fenotípico de cada parcela; μ é a constante; \underline{G}_{1i} é o efeito aleatório de progênie com $G \sim N(0, A\sigma_A^2)$; b_j é o efeito fixo de bloco; e e_{ij} é o efeito residual $e \sim N(0, I \sigma_e^2)$. A é a matriz de parentesco aditiva;

Modelo 3:

$$y_{ij} = \mu + \underline{G}_{1i} + \underline{G}_{2i} + b_j + e_{ij}$$

Onde, y_{ij} é o valor fenotípico de cada parcela; μ é a constante; \underline{G}_{1i} é o efeito aleatório de progênies com $G \sim N(0, A\sigma_A^2)$; \underline{G}_{2i} é o efeito aleatório de progênie, com $G \sim N(0, AA\sigma_{AA}^2)$; b_j é o efeito de bloco; e e_{ij} é o efeito residual $e \sim N(0, I \sigma_e^2)$. AA é a matriz de parentesco aditiva \times aditiva.

Os modelos foram analisados pelo pacote asreml (GILMOUR et al., 1995; KENWARD & ROGER, 1997). Para testar a significância dos efeitos genéticos foi feito o teste LRT contrastando o modelo 1, com efeito genotípico, com o modelo 1 reduzindo, retirando o efeito genotípico e, também, o contraste do modelo 2, com a inclusão da matriz *pedigree* aditiva, com o modelo 3, contendo a matriz *pedigree* aditiva e aditiva \times aditiva.

A partir dos modelos foram estimados os componentes de variância associados, coeficiente de variação experimental (*CVe*) (%), herdabilidade no sentido restrito (h^2) e acurácia seletiva (H).

$$CVe (\%) = \frac{\sqrt{QMR}}{\bar{X}_0} \times 100,$$

sendo QMR e \bar{X}_0 , respectivos a cada modelo;

$$h^2 = \sigma_A^2 / (\sigma_{AA}^2 + \sigma_A^2 + \sigma^2/r),$$

sendo σ^2 , σ_A^2 e σ_{AA}^2 , respectivos ao modelo 3;

$$H = \sqrt{\frac{\sigma_g^2 \text{ ou } \sigma_A^2}{(\sigma_g^2 \text{ ou } \sigma_A^2 + \frac{\sigma^2}{r})}},$$

sendo σ_g^2 para a acurácia do modelo 1, σ_A^2 para a acurácia do modelo 2 e σ^2 respectivo para cada modelo;

$$H = \sqrt{\frac{(\sigma_{AA}^2 + \sigma_A^2)}{\sigma_{AA}^2 + \sigma_A^2 + \frac{\sigma^2}{r}}},$$

sendo σ^2 , σ_A^2 e σ_{AA}^2 , respectivos ao modelo 3;

2.4.3. Índice de seleção

Para a seleção das famílias e progênies foi utilizado os valores genéticos preditos pelos três modelos, submetendo ao índice de seleção MGIDI (OLIVOTO & NARDINO, 2021), a partir do pacote metan (OLIVOTO & LÚCIO, 2020). Para estimar o índice é necessário de quatro etapas:

- 1ª Etapa – Reescalonar as variáveis para uma escala de 0 a 100;
- 2ª Etapa – Realizar a análise de fatores para agrupar as características correlacionadas, reduzindo a dimensionalidade dos dados dos dados.
- 3ª Etapa – Definição do ideótipo baseado em valores desejados de cada característica;
- 4ª Etapa – Calcular a distância entre cada genótipo ao ideótipo estipulado e estimar o índice de distância genótipo-ideótipo multi-característica (MGIDI) da seguinte forma:

$$MGIDI_i = \sqrt{\sum_{j=1}^f (i_j - F_j)^2},$$

sendo $MGIDI_i$ é o índice de distância genótipo-ideótipo multivariado para i th genótipos; F_{ij} é o escore do i th genótipos no j th fator ($i = 1, 2, \dots, g; j = 1, 2, \dots, f$), sendo g e f o número do genótipo e fator, respectivamente, e F_j é o escore do ideótipo.

A seleção foi realizada com o sentido de aumentar a média do rendimento de grãos, número de grãos por espiga e espiguetas e massa de 100 grãos e, diminuir o comprimento de espigas. Para cada variável foi estabelecido um peso de seleção, ou seja, a prioridade de cada variável para a seleção, podendo variar de zero (nenhuma prioridade de seleção) até um (prioridade máxima de seleção), sendo para rendimento de grãos (0,9), número de grãos por espiga (0,9) e espiguetas (0,7), massa de 100 grãos (0,9) e comprimento de espiga (0,5), sendo selecionado 30% das famílias e dentro de cada família 50% das progênies.

O ganho de seleção (GS) das famílias foi calculado pela fórmula:

$$GS (\%) = \frac{(\bar{X}_s - \bar{X}_o)}{\bar{X}_o} \times 100,$$

sendo \bar{X}_s é a média das famílias/progênies selecionadas, \bar{X}_o é a média de todas as famílias/progênies.

Para avaliar a coincidência de seleção feita pelos diferentes modelos foi submetido ao cálculo de índice de coincidência (HAMBLIN & ZIMMERMANN, 1986), a partir do pacote metan (OLIVOTO & LÚCIO, 2020).

$$IC = \frac{(A) - (C)}{(M) - (C)},$$

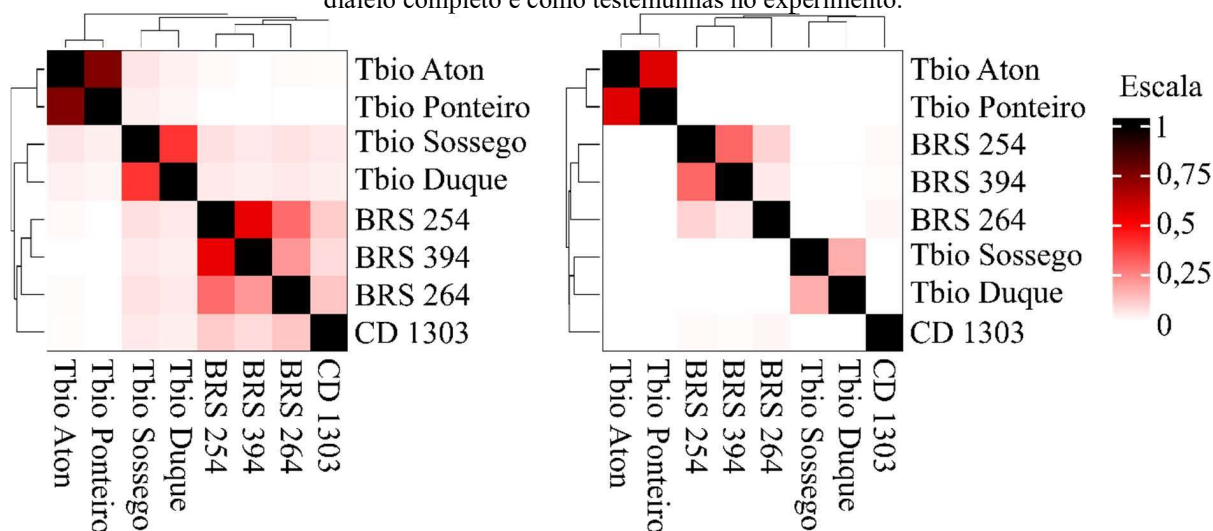
sendo A é o número de genótipos selecionado em comum aos diferentes modelos; C é o número esperado dos genótipos selecionados aleatoriamente; M é o número de genótipos selecionados de acordo com a pressão de seleção.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Matrizes de parentesco aditivo e aditivo × aditivo

A matriz de parentesco aditivo estimada (Figura 4) apresentou média de parentesco de 0,110, o maior parentesco aditivo foi de 0,750 entre as cultivares Tbio Aton e Tbio Ponteiro, sendo as mais aparentadas, pois, a Tbio Ponteiro é uma das cultivares formadoras da Tbio Aton (Figura 2), resultando em alta relação aditiva entre as cultivares. Já as cultivares menos aparentadas são a Tbio Ponteiro e BRS 394, com parentesco aditivo de 0,006, onde o menor grau de relacionamento está associado a um ancestral em comum muito distantes na genealogia das cultivares, visto que foram incluídas mais de 20 gerações para estimar as matrizes.

Figura 4 - Matriz de parentesco aditivo e epistática (aditivo × aditivo) entre as cultivares utilizadas no dialelo completo e como testemunhas no experimento.



Entre as cultivares da EMBRAPA, BRS 254 e BRS 394, foi observado grau de parentesco de 0,545. Isso se deve ao fato de que as cultivares possuem a EMBRAPA-22 como ancestral comum, sendo a cultivar utilizada no cruzamento para a formação dessas cultivares. Já entre as cultivares da Biotrigo Genética, em especial, Tbio Sossego e Tbio Duque, o coeficiente de parentesco foi de 0,400, pois, em suas genealogias está presente a cultivar Quartzo, importante cultivar utilizada para a formação de várias outras cultivares, como TBIO Noble e TBIO Sintonia (Biotrigo Genética), LG Cromo e LG Fortaleza (Limagrain) e ORS 1405 e ORS Madrepérola (OR Sementes) (KUHNEM et al., 2020).

A matriz de parentesco *pedigree* aditiva entre as cultivares é bem expressivo, demonstrando a utilização de ancestrais com grau de parentesco comum. Com isso, ao utilizar as mesmas cultivares incluídas nos blocos de cruzamento do dialelo completo como testemunhas no experimento, conseguimos captar a variação aditiva dos genitores diretamente ligada às progênes/famílias. Da mesma forma, a matriz de parentesco epistática captou relações de similaridade entre os genitores utilizados na formação das populações no dialelo.

O parentesco observado com a estimativa das matrizes *pedigree* aditiva e epistática entre genitores que são cultivares comerciais de trigo é esperado, uma que melhoristas de trigo tem adotado a estratégia de gerar recombinantes a partir de genitores elite complementares. Assim, ao cruzar genótipos com bom rendimento e complementares, aumentamos a probabilidade de

alçar genes cumulativos para as características (Reynolds et al., 2017). Os autores ainda destacam que com o emprego da matriz *pedigree* na escolha de candidatos para a recombinação tende a maximizar a diversidade genética entre os pais elite.

A complementariedade dos genitores para caracteres de interesse torna possível o desenvolvimento e obtenção de populações e famílias com desempenhos superiores em relação aos pais, podendo serem usadas como linhagens elites ou mesmo gerando novas cultivares (ARRONES et al., 2020). Assim, para que os ganhos proporcionados pela habilidade de combinação dos genitores seja efetiva, a fração do efeito aditivo provocado pelos alelos em fixação se faz necessária (FALCONER & MACKAY, 1996).

A inclusão dos efeitos de interação epistática aditiva \times aditiva pode ser considerada quando a estratégia for selecionar e avançar famílias com alto valor comercial, que é medido pelo efeito genético geral, através da soma dos efeitos aditivos e aditivo \times aditivo (BURGUEÑO et al., 2007). Os autores relatam que os efeitos aditivos podem auxiliar na seleção de genótipos para blocos de cruzamentos futuros e com o valor comercial selecionar para o avanço de geração e/ou recomendação novas cultivares.

3.2. Parâmetros Estatísticos

Os resultados dos parâmetros (Tabela 1) demonstram para a média dos caracteres valores similares entre os genitores e as médias das famílias, respectivamente, para produtividade de grãos (2,41 e 2,34), altura de plantas (87,32 e 87,97), comprimento de espigas (10,32 e 10,40), número de grãos (50,89 e 48,49), número de grãos por espiga (2,87 e 2,79) e peso de 100 grãos (3,27 e 3,35).

A amplitude de variação dentro das famílias, observa-se a possibilidade de se obter ganhos de seleção para todos os caracteres que apresentaram efeito genotípico significativo no teste de LRT, como produtividade de grãos variação de 2,15 ton ha⁻¹, comprimento de espigas com 2,92 cm, grãos por espiga 11,29 unidades, grãos por espigeta 0,51 unidades e para peso de 100 grãos a amplitude de 0,74 g.

Tabela 1 - Média (fenotípica) dos genitores e das famílias, amplitude da média, teste de parametrização AIC dos modelos analisados e teste de significância LRT.

Caracteres	Média		Amplitude Famílias	AIC			LRT	
	Genitores	Famílias		M1	M2	M3	M1/M1r	M3/M2
RG	2,41	2,34	(1,39-3,54)	951,23	1000,20	947,57	49,18**	54,64**
AL	87,32	87,97	(72,73-98,58)	5529,33	5512,79	5512,35	-9,93E-06 ^{ns}	2,44*
CE	10,32	10,40	(9,00-11,92)	1013,81	939,49	937,27	16,29**	4,22**
NG	50,89	48,49	(43,08-54,37)	4689,01	4679,72	4672,45	16,31**	7,27**
NGE	2,87	2,79	(2,55-3,06)	-1354,97	-1357,03	-1364,92	12,56**	7,89**
M100	3,27	3,35	(3,01-3,75)	-878,28	-883,54	-883,54	1,80*	-5,51E-07 ^{ns}

M1/M1r – Contraste entre os modelos com e sem efeito aleatório de genótipo; M3/M2 – Contraste entre os modelos aditivo × aditivo e aditivo; **, *: Significativo a 1,0, e 5,0 %, respectivamente, pelo teste LRT; Variáveis: PG – Produtividade de grãos; AL – Altura de plantas; CE – Comprimento de espiga; NG – número de grãos; NGE – Número de grãos por espiga; M100 – Massa de 100 sementes.

O critério AIC indica o modelo mais eficiente para a minimização do quadrado médio do erro da predição (VRIEZE, 2012), assim, o modelo mais parametrizado é o de menor valor de AIC. Com relação ao emprego da matriz de parentesco, para os caracteres produtividade de grãos, altura de plantas, comprimento de espiga e número de grãos por espiga o terceiro modelo foi o mais ajustado, a qual foram incluídos os efeitos genéticos da matriz de parentesco aditiva e epistática (aditiva × aditiva).

As variáveis altura de plantas, comprimento de espiga e número de grãos por espiga apresentaram melhor ajuste para o modelo 2, em relação ao modelo 1, demonstrando que os padrões aditivos captados pelo modelo tornam as predições mais ajustadas, ou seja, as propriedades relativas aos genótipos relacionados mostraram tornar o modelo mais ajustado (BERNARDO, 2002; NUNES et al., 2008).

Ao obter melhor ajuste do modelo com uso da matriz *pedigree*, conseqüentemente reduzimos o quadrado médio do erro da predição (BERNARDO, 2014; LIKHACHEV, 2017). Portanto, ao associar as informações de *pedigree* no modelo, além de maximizar as informações e conhecimentos sobre as famílias, possibilita também obtenção de predições de forma acurada, principalmente para caracteres de baixa herdabilidade (SLATER et al., 2014).

Por mais que o uso da matriz *pedigree*, permitiu a melhora da parametrização dos dados, se faz necessário a análise da significância do efeito genético incluído no modelo, ou, seja, se foi ou não significativo. Para isso, foram feitos os testes de significância de LRT, contrastando-se os modelos.

A maioria dos caracteres apresentaram diferença estatística para o efeito de genótipo exceto para a altura de plantas, que ao incluir o efeito de genótipo no modelo não se obteve diferenças significativas. Já ao analisar o efeito epistático, somente para massa de 100 grãos não se obteve efeito epistático aditivo × aditivo significativo, indicando que o principal efeito genético que determina o fenótipo do caracter é proveniente do efeito aditivo. Em outros estudos foram relatados possibilidade de existência de interação aditiva para peso de grãos, com aumentos maiores na expressão do caráter (ZHANG et al., 2018).

Para todos os demais caracteres o modelo com a matriz aditiva e aditiva × aditiva foram significativos. Outros estudos em trigo demonstraram que os efeitos da epistasia estão presente no controle genético de vários caracteres relacionados à questões fisiológicas e de desempenho agrônomo como altura de plantas, rendimento de biomassa, produtividade de grãos e palha (XU et al., 2013; LI et al., 2014; MARZOOGHIAN et al., 2014).

Ao analisar a significância dos efeitos, também foram estimados os componentes de variância com a finalidade de analisar qual efeito promove a variabilidade genética. Para o melhoramento o principal foco é estimar e obter os componentes de variância genotípicos, que

podem ser usados na avaliação da variabilidade genética presente nas famílias/progênes e em todo e qualquer tipo de genótipo estudado, revelando a possibilidade de seleção para os caracteres com componentes genotípicos significativos (PIMENTEL et al., 2014).

O componente de variância genotípico para o modelo 1 (Tabela 2) revelou significância para os caracteres produtividade de grãos, comprimento de espiga, número de grãos por espiga e espiguetas e peso de 100 grãos.

Tabela 2 - Componentes de variância e parâmetros genéticos e estatístico obtidos, respectivamente, para cada modelo genético-estatístico e variável analisada.

Modelos	Componente	RG	AL	CE	NG	NGE	M100
M1	σ_g^2	0,90	0,00 ^{ns}	0,19	9,92	0,01	0,01
	σ^2	0,17	137,54	0,86	49,49	0,07	0,12
M2	σ_A^2	0,01	11,28	0,31	4,79	0,01	0,00
	σ^2	1,01	128,72	0,82	55,96	0,08	0,13
M3	σ_{AA}^2	0,27	11,99	0,11	9,83	0,01	0,00 ^{ns}
	σ_A^2	1,58	4,09	0,21	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,004
	σ^2	0,17	122,33	0,78	50,15	0,07	0,13
M2	h^2	0,05	0,44	0,77	0,43	0,39	0,22
M3		0,84	0,14	0,51	0,00	0,00	0,22
M1	H	0,99	0,00	0,82	0,80	0,78	0,72
M2		0,23	0,66	0,88	0,66	0,62	0,47
M3		0,92	0,37	0,72	0,00	0,53	0,47
M1	CVe (%)	16,95	13,36	9,04	14,79	9,43	10,38
M2		41,23	12,92	8,95	15,73	9,97	10,80
M3		16,56	12,66	8,66	14,90	9,59	10,83

^{ns} componentes de variância sem efeito significativo pelo teste de Qui-quadrado, os sem sinal foram significativos; Variáveis: RG – Rendimento de grãos; AL – Altura de plantas; CE – Comprimento de espiga; NG – número de grãos; NGE – Número de grãos por espiga; M100 – Massa de 100 sementes; Componentes de variância: σ_g^2 – componente de variância genotípico; σ_A^2 – componente de variância genotípico aditivo; σ_{AA}^2 – componente de variância genotípico epistático; σ^2 – componente de variância residual; Parâmetros genéticos: h^2 – Herdabilidade no sentido restrito; H – acurácia; CV (%) – Coeficiente de variação experimental.

O componente de variância genotípico aditivo para o modelo 2 revelou significância para todos os caracteres produtividade de grãos, altura de planta, comprimento de espiga, número de grãos por espiga e espiguetas e peso de 100 grãos.

O componente de variância genotípico aditivo do modelo 3 revelou significância para os caracteres produtividade de grãos, altura de plantas, comprimento de espiga e peso de 100 grãos. Já o componente de variância genotípico epistático foi significativo para todos os caracteres, exceto peso de 100 grãos.

A inclusão do parentesco aditivo \times aditivo causou ganhos na razão entre o componente genotípico aditivo e componente residual para os caracteres altura de plantas e comprimento de espigas, demonstrando que a interação otimiza a fração aditiva no controle genético das características, visto que a epistasia interfere na contribuição correspondente dos princípios genéticos sobre a expressão do fenótipo (MELCHINGER et al., 2007; BARTON, 2017).

Analisando cada variável, o efeito aditivo ou o aditivo \times aditivo predominou na distribuição do efeito genotípico total, sendo a maior presença de epistasia para altura de plantas, número de grãos por espiga e grãos por espiguetas. Segundo Mackay (2014), a interação

epistática entre os locus contribuem, principalmente, com variância genética aditiva, transmitida de forma efetiva ao fenótipo do genótipo.

A epistasia pode resultar em deferentes efeitos sobre o fenótipo observado, aumentando média, quando as interações epistáticas entre os genes são positivas, elevando a variância aditiva e acelerando a resposta da seleção (HANSEN, 2013). Ainda segundo o autor, as interações epistáticas também podem reduzir a variância aditiva ou até mesmo gerar saldo nulo, com interações com efeito positivo e negativo se anulando, e até mesmo, provocar dinâmicas complexas com a possibilidade de polimorfismo e equilíbrios alternativos.

O aumento da proporção genotípica, causada pela inclusão do efeito epistático, influencia na predição dos valores genéticos, melhorando a parametrização dos dados para várias características, podendo potencializar a seleção das famílias no momento em que a precisão da seleção é melhorada (ZHAO et al., 2012).

Os parâmetros genéticos demonstram a qualidade dos dados, sendo fundamental para a obtenção de ganhos satisfatórios com a seleção. A qualidade dos dados pode ser analisada a partir das estimativas de herdabilidade no sentido amplo e restrito permitindo aos melhoristas a escolha da melhor estratégia de seleção dentro do programa de melhoramento, sendo que a herdabilidade no sentido restrito é a porção herdável do fenótipo (AL-NAGGAR et al., 2021).

A herdabilidade no sentido restrito obtida nos modelos 2 e 3 apresentou variações para cada caráter, com amplitudes para a produtividade de grãos (0,05, baixa, a 0,84, muito alta), altura de plantas (0,14, baixa, a 0,44, moderada), comprimento de espiga (0,51, alta, a 0,77, alta), número de grãos por espiga (0,00, baixa, a 0,43, moderada), número de grãos por espigueta (0,00, baixa, a 0,39, moderada) e peso de 100 grãos (0,22, moderada), mesmo com alguns caracteres possuindo baixa herdabilidade restrita,

No geral, quanto maior a herdabilidade no sentido restrito, maior é a partição da variação fenotípica explicada pela variância aditiva, ou seja, menor é a influência do ambiente e efeitos genéticos não aditivos sobre a resposta do caráter, indicando a possibilidade de realizar a seleção com ganhos herdáveis mesmo em gerações iniciais (MIRABELLA et al., 2015).

A inclusão da matriz pedigree aditiva e epistática possibilita ganhos na acurácia seletiva para herdabilidade de classe baixa a moderada, demonstrando a importância de utilizar métodos de seleção mais robustos. (RESENDE, 1997; RESENDE & ALVES, 2020).

A acurácia seletiva indica a eficiência da seleção realizada, podendo ser classificada como baixa, moderada, alta e muito alta (RESENDE & ALVES, 2020). Para a produtividade de grãos a acurácia variou de 0,23, baixa, a 0,99, muito alta, altura de plantas (0,00, baixa, a 0,66, moderada), comprimento de espiga (0,72, alta, a 0,88, alta), número de grãos por espiga (0,00, baixa, a 0,80, alta), número de grãos por espigueta (0,53, moderada, a 0,78, alta) e peso de 100 grãos (0,47, moderada a 0,72, alta), indicando boa acurácia para a maioria das variáveis.

A qualidade experimental pode ser mensurada pelo coeficiente de variação (CV%), além dos parâmetros de herdabilidades e acurácia. Mesmo sendo resultados de famílias F_{2:3} que ainda possuem certo grau de heterozigose, o coeficiente de variação experimental (CVe) apresentou-se próximo das faixas recomendadas (NARDINO et al., 2022b) para os caracteres, sendo para a produtividade de grão os menores valores foram encontrados para os modelos 3 e 1, respectivamente 16,56 % e 16,95 %, altura de plantas (12,66 %, modelo 3 a 13,36 %, modelo 1), comprimento de espiga (8,66%, modelo 3 a 9,04%, modelo 1), número de grãos por espiga (14,79 %, modelo 1 a 15,53%, modelo 2), número de grãos por espigueta (9,43%, modelo 1 a 9,97%, modelo 2) e peso de 100 grão (10,38%, modelo 1 a 10,83%, modelo 3).

Com a inclusão da epistasia a estimativa do CVe reduziu ou mesmo se manteve próximo do estimado pelo modelo com menor valor de coeficiente de variação. A partir do uso do efeito aditivo e aditivo × aditivo o modelo obteve o menor valor de coeficiente de variação para os caracteres produtividade de grãos, altura de plantas e comprimento de espiga. Este fato está

relacionado à maior captação das variâncias fenotípicas pelos componentes genotípicos, reduzindo o componente de variância residual (GONZÁLEZ-DIÉGUEZ et al., 2021).

3.3. Seleção de Famílias

A seleção entre famílias realizada pelo MGIDI (Figura 3) através dos diferentes modelos, demonstrou alterações das famílias selecionadas, cada qual sendo eficiente para diferentes objetivos dentro do programa de melhoramento.

Com os valores genéticos aditivos, objetiva-se a seleção de famílias formadas por progênes com efeitos aditivos positivos, que tendem a ter bom desempenho em cruzamentos (BURGUENO et al., 2007). Segundo os autores, também é possível utilizar os efeitos aditivos somados aos aditivos \times aditivos, visando a seleção de famílias com “valor comercial” superior, para dar segmento no decorrer do programa de melhoramento.

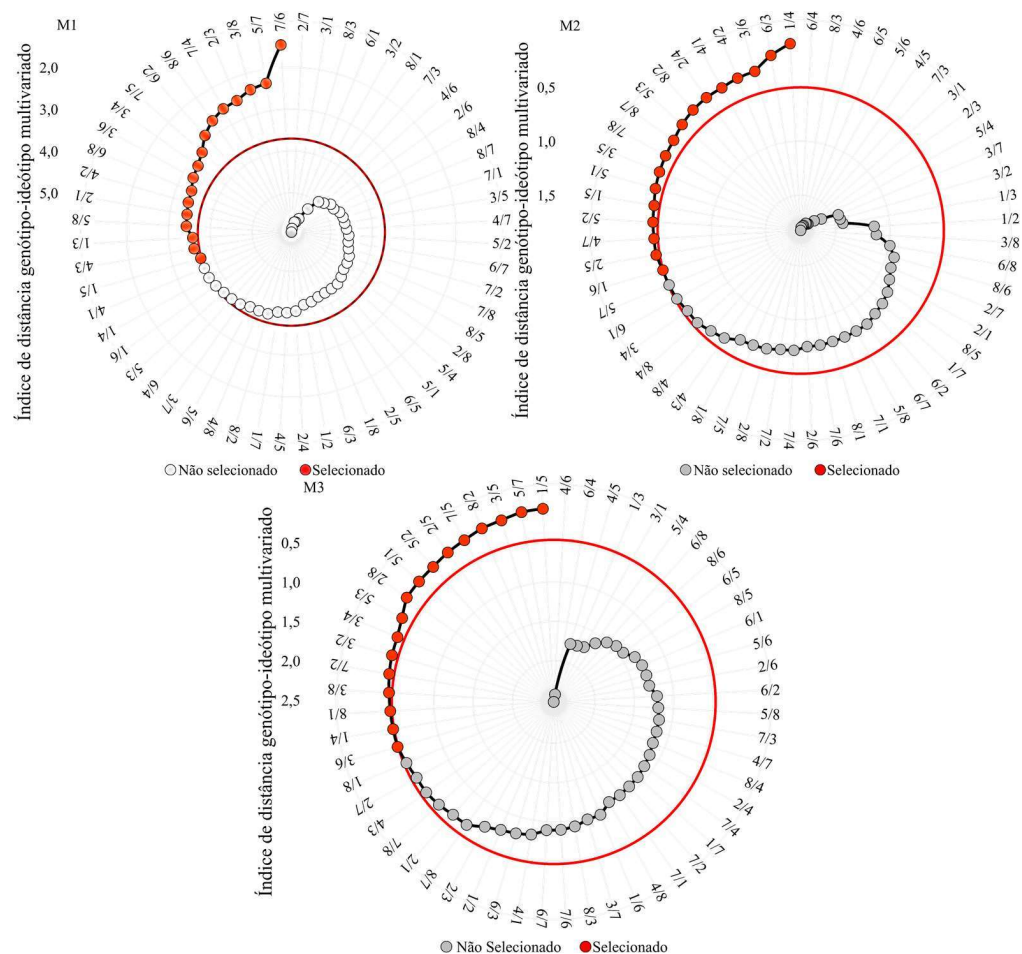
As famílias selecionadas pelo modelo aditivo foram a BRS 254/CD-1303, Tbio Ponteiro/BRS 394, BRS 394/Tbio Ponteiro, CD 1303/BRS 264, CD 1303/BRS 254, BRS 264/CD 1303, Tbio Sossego/BRS 264, Tbio Aton/BRS 394, Tbio Sossego/Tbio Duque, Tbio Duque/Tbio Sossego, BRS 394/Tbio Aton, Tbio Aton/BRS 254, BRS 254/Tbio Aton, Tbio Aton/BRS 264, CD 1303/Tbio Duque, BRS 264/Tbio Aton e BRS 254/Tbio Ponteiro, apresentando potencial de se obter progênes com bom desempenho em cruzamentos, com capacidade geral de combinação, permitindo ao melhorista explorar ganhos de seleção de forma eficiente em um sentido recorrente (GOWDA et al., 2012).

A identificação de famílias com potencial recombinante pode ser de interesse no sentido de seleção para a recombinação. Porém, a seleção pode ser feita, também, com o objetivo de identificar famílias com potencial de derivar linhagens elite.

Baseado no objetivo de selecionar famílias a fim de derivar linhagens elite, a seleção feita através dos efeitos aditivos mais aditivos \times aditivos, identificou-se que as famílias BRS 254/Tbio Aton, Tbio Aton/Tbio Duque, BRS 394/Tbio Aton, Tbio Sossego/BRS 264, Tbio Duque/Tbio Aton, BRS 264/Tbio Aton, Tbio Aton/BRS 264, Tbio Aton/BRS 254, BRS 264/Tbio Sossego, Tbio Aton/BRS 394, BRS 394/CD 1303, BRS 394/BRS 264, Tbio Duque/BRS 264, BRS 394/Tbio Sossego, Tbio Sossego/BRS 254, BRS 254/CD-1303 e BRS 394/Tbio Ponteiro, apresentaram efeitos genéticos superiores.

Ao analisar as duas seleções, já citadas, é possível identificar famílias com potencial de serem selecionadas para ambos objetivos ao mesmo tempo, ou seja, tanto para selecionar candidatos para a recombinação quanto para a formação de linhagens elite. Com isso, as famílias BRS 254/CD-1303, BRS 394/Tbio Ponteiro, Tbio Sossego/BRS 264, Tbio Aton/BRS 394, BRS 394/Tbio Aton, Tbio Aton/BRS 254, BRS 254/Tbio Aton, Tbio Aton/BRS 264, BRS 264/Tbio Aton foram identificadas em ambas as seleções, possibilitando a seleção de progênes com potencial para ambos os objetivos do programa de melhoramento.

Figura 5 - Índice de seleção (MGIDI) para as famílias selecionadas e não selecionadas pelos modelos M1, M2 e M3.



Código das cultivares: 1 – BRS 254, 2 – BRS – 264, 3 – BRS 394, 4 – CD-1303, 5 – Tbio Aton, 6 – Tbio Ponteiro, 7 - Tbio Duque, 8 – Tbio Sossego. Modelos: M1 – modelo 1, M2 – modelo 2, M3 – modelo 3.

A figura 4, demonstra que a seleção feita pelo modelo geral, modelo 1, conseguiu contrastar melhor as famílias selecionadas quando comparadas com a seleção feita pelos modelos 2 e 3, pois, a diferença da distância do genótipo-ideótipo entre a primeira e a última família selecionada foi superior a dois, enquanto para os modelos 2 e 3 a distância ficou abaixo de 0,5, indicando que ao incorporar as relações aditivas e aditivas \times aditivas no modelo, captamos as covariâncias existentes entre as famílias, causando a aproximação das famílias, principalmente, as que possuem maior parentesco (CROSSA et al., 2006).

A interação aditiva \times aditiva auxilia na associação de famílias, pois, ao contribuir para a variância aditiva, determina a correlação entre os genótipos aparentados e consecutivamente na resposta da seleção (HILL et al., 2008; CROW, 2010; HUANG & MACKAY, 2016).

As interações epistáticas podem influenciar na direcionalidade do efeito genético, de forma positiva ou negativa, gerando grandes mudanças nos efeitos dos genes e na dinâmica da seleção, no momento em que a aditividade é a principal fonte de variância genética ao longo das etapas do programa de melhoramento (HANSEN, 2013). Assim, associando os valores fenotípicos com as informações de *pedigree*, os efeitos genéticos das famílias são captados, fornecendo um processo de seleção preciso (SLATER et al., 2014).

A seleção feita através dos modelos, resultou em diferentes correlações entre as características, ocorrendo alterações no agrupamento das variáveis (Tabela 3), respectivas de cada modelo. O agrupamento das variáveis realizado por meio da análise de fatores evidenciou

as mudanças com relação ao agrupamento ao comparar o modelo 1 com os modelos em que foram incluídos os efeitos aditivos e epistáticos.

Tabela 3 - Sentido de seleção, fator de contribuição do caractere, média original e média das famílias selecionadas (\bar{X}_o , \bar{X}_s) e ganho de seleção obtidos para cada caractere através dos modelos estatísticos analisados.

Modelo 1 - M1					
Caracteres	Fator	\bar{X}_o	\bar{X}_s	GS	GS (%)
RG	FA3	2,36	2,62	0,26	11,11
CE	FA2	10,29	10,31	0,02	0,21
NG	FA1	47,68	47,90	0,23	0,47
NGE	FA1	2,77	2,78	0,01	0,19
M100	FA2	3,36	3,37	0,01	0,30
Modelo 2 – M2					
Caracteres	Fator	\bar{X}_o	\bar{X}_s	GS	GS (%)
RG	FA1	2,42	2,38	-0,03	-1,32
CE	FA1	10,25	10,24	-0,01	-0,13
NG	-	47,56	47,56	0,00	0,00
NGE	-	2,77	2,77	0,00	0,00
M100	FA1	3,35	3,36	0,01	0,15
Modelo 3 – M3					
Caracteres	Fator	\bar{X}_o	\bar{X}_s	GS	GS (%)
RG	FA1	2,45	2,44	-0,01	-0,57
CE	FA1	10,22	10,38	0,16	1,55
NG	FA1	48,12	48,70	0,59	1,22
NGE	FA1	2,79	2,81	0,02	0,71
M100	FA1	3,35	3,35	0,00	0,01

\bar{X}_o – Média original das famílias; \bar{X}_s – Média das famílias selecionadas; GS – Ganho de seleção; GS (%) – Ganho de seleção em percentual. RG – Rendimento de grãos; CE – Comprimento de espiga; NG – número de grãos; NGE – Número de grãos por espiga; M100 – Massa de 100 sementes; NG e NGE para modelo 2 não foram incluídos por apresentar efeitos aditivos nulos.

A análise de fatores formou três fatores no M1, sendo o fator um formado pelas características número de grãos por espiga e número de grãos por espiguetas, fator dois agrupando comprimento de espiga e massa de 100 grãos e o fator três ficando somente rendimento de grãos. Já para M2 e M3 não foi possível formar fatores, permanecendo todas as características em um único grupo, e em especial, no M2, o número de grãos por espiga e espiguetas ficaram fora do fator um, pela ausência de correlação com as demais características.

A redução dimensional das variáveis em fatores torna mais simples a interpretação e tomada de decisão do melhorista, facilitando a seleção das características no sentido desejado, pois, permitem a obtenção de pontuações de distância de genótipo-ideótipo livres de multicolinearidade (BERMUDEZ & PINHEIRO, 2020; OLIVOTO & NARDINO, 2021).

A seleção demonstrou que alterações nos ganhos obtidos entre os modelos. Para o rendimento de grãos os ganhos de seleção variaram de -1,32 %, M2, a 11,11%, M1, comprimento de espiga (-0,13, M2 a 1,55, modelo 3), número de grãos por espiga (0,00%, modelo 2 a 1,22%, modelo 3), número de grãos por espiguetas (0,00%, modelo 2 a 0,71%, modelo 3) e peso de 100 grãos (0,01%, modelo 3 a 0,30%, modelo 1).

A seleção realizada por meio da valores aditivos e aditivo \times aditivo proporcionou maiores ganhos para a maioria das características, exceto para rendimento de rendimento de grãos, onde os maiores ganhos ocorreram na seleção feita no M1.

A seleção das progênes dentro das famílias se procedeu após a primeira rodada de seleção, ou seja, somente foram incluídas na seleção as progênes das famílias selecionadas. Com isso, ao realizar a análise de fatores o agrupamento das características foi diferente em relação ao ocorrido na seleção entre famílias, sendo possível estabelecer mais de um fator para a seleção de cada modelo (Tabela 4), mantendo-se o mesmo ocorrido para o número de grãos por espiga e espiguetas na seleção feita no modelo 2.

Tabela 4 - Sentido de seleção, fator de contribuição do caractere, média original e das progênes selecionadas (\bar{X}_o , \bar{X}_s) e ganho de seleção obtidos para cada caractere através dos modelos estatísticos analisados.

Modelo 1					
Caracteres	Fator	\bar{X}_o	\bar{X}_s	GS	GS (%)
RG	FA2	2,60	2,82	0,22	8,48
CE	FA2	10,28	10,26	-0,03	-0,26
NG	FA1	47,86	48,17	0,31	0,64
NGE	FA1	2,78	2,79	0,02	0,57
M100	FA2	3,36	3,38	0,02	0,48
Modelo 2					
Caracteres	Fator	\bar{X}_o	\bar{X}_s	GS	GS (%)
RG	FA1	2,38	2,65	0,27	11,55
CE	FA2	10,16	10,15	-0,01	-0,06
NG	-	47,56	47,56	0,00	0,00
NGE	-	2,77	2,77	0,00	0,00
M100	FA1	3,35	3,34	-0,02	-0,45
Modelo 3					
Caracteres	Fator	\bar{X}_o	\bar{X}_s	GS	GS (%)
RG	FA3	2,41	2,58	0,17	7,02
CE	FA1	10,30	10,31	0,01	0,05
NG	FA1	48,66	48,95	0,29	0,60
NGE	FA2	2,82	2,82	0,01	0,30
M100	FA2	3,36	3,36	0,00	-0,01

\bar{X}_o – Média original das famílias; \bar{X}_s – Média das famílias selecionadas; GS – Ganho de seleção; GS (%) – Ganho de seleção em percentual. RG – Rendimento de grãos; CE – Comprimento de espiga; NG – número de grãos; NGE – Número de grãos por espiga; M100 – Massa de 100 sementes.

Os resultados da seleção das progênes indicam que para a maioria das características obteve-se ganhos genéticos consideráveis, demonstrando diversidade genética dentro das famílias, tanto para efeitos genético totais, quanto para efeitos aditivos e aditivos \times aditivos.

Conforme o ocorrido na seleção das famílias, os ganhos de seleção obtidos também apresentaram diferentes amplitudes para as características na seleção das progênes, com variações para rendimento de grãos (7,02%, M3 a 11,55%, M2), comprimento de espiga (-0,26, M1 a 0,05, M3), número de grãos por espiga (0,00%, M2 a 0,64%, M1), número de grãos por espiguetas (0,00%, M2 a 0,57%, M1) e peso de 100 grãos (-0,45%, M2 a 0,48%, M1).

O M3, epistático, obteve ganhos médios no sentido favorável para a maioria das características, exceto para massa de 100 grãos e comprimento de espiga. Com relação ao rendimento de grãos o M2 foi onde se obteve maiores ganhos com 11,55%, com M3 obtendo 7,02%, ambos com ganhos superiores na comparação entre a seleção de progênies e famílias.

As seleções, referente a cada modelo, resultaram diferentes ganhos de seleção, tanto na seleção das famílias de trigo, quanto nas progênies, indicando que nem todas as famílias ou progênies selecionadas no M1, foram selecionadas pelo M2 e M3, ou seja, ocorreu a mudança de ranking em cada modelo. Com isso, ao analisar se alguma família/progênie foi selecionada por mais de um modelo, podemos determinar a coincidência de seleção entre os modelos.

O índice de coincidência expressa o quanto os modelos selecionam em comum os mesmos genótipos. Quanto maior for o índice de coincidência entre dos modelos de seleção, maior será a concordância do número de selecionados entre eles (PEDROZO et al., 2009).

Na seleção das famílias (Tabela 5) foram obtidos índices de coincidência mais elevados do que na seleção feitas das progênies. Somente na seleção de famílias houve índices positivos, sendo eles entre o M3 com o M1 e M2, indicando que o número de genótipos selecionado em comum pelos modelos foi maior do que o número dos genótipos serem selecionados em comum de forma aleatória. Segundo Casagrande et al. (2022), ao comparar vários índices de seleção na cultura do trigo, para o índice aditivo obteve maiores coincidências com os índices de ranqueamento e multiplicativo, concluindo que quanto maior a coincidência entre os índices maior será a precisão da seleção.

Tabela 5 - Índice de coincidência de seleção entre os diferentes métodos.

	M1	M2	M3
M1	-	-0,18	0,08
M2	-0,23	-	0,33
M3	-0,08	-0,06	-

Valores acima da diagonal referem-se ao índice de coincidência da seleção sob as famílias e abaixo da diagonal da seleção feita sob as progênies. Modelos: M0 – modelo com os valores genéticos das variáveis referentes ao menor valor de AIC, M1 – modelo 1, M2 – modelo 2, M3 – modelo 3.

O efeito da epistasia proporcionou grandes alterações nos valores genéticos preditos, e consequentemente, na seleção das famílias e progênies. Os índices de coincidências positivos obtidos com o modelo aditivo \times aditivo, foi com o M2 (0,33) e M1 (0,08), na seleção de famílias, sendo negativo com as demais comparações. Com isso, demonstra-se a importância da epistasia no controle genético das características, causando efeitos significativos.

A coincidência de seleção entre os modelos, incluindo ou não efeitos aditivos e epistáticos, em estágios iniciais de programas de melhoramento tendem a ser menores do que as estimativas de coincidências obtidas em seleções praticadas em estágios mais avançados, com aumento de endogamia dos genótipos e intensidade de seleção (PEREIRA et al., 2017). Os autores ainda enfatizam que, mesmo em estágios iniciais de programas de melhoramento, utilizar informações de parentesco pode aumentar os ganhos genéticos de seleção e a precisão da obtenção dos valores genéticos, visando aumentar a acurácia estimada (DUARTE & VENCOVSKY, 2001; PIEPHO & MOHRING, 2006; NUNES et al., 2008).

4. CONCLUSÃO

O uso da matriz pedigree aditivo e epistático foi significativo para o rendimento de grãos, altura de plantas, comprimento de espiga, número de grãos e número de grãos por espiga.

O uso da matriz *pedigree* na seleção de famílias de trigo F_{2:3} possibilitou a seleção de famílias tanto para a formação de blocos de recombinação, BRS 254/CD-1303, Tbio Ponteiro/BRS 394, BRS 394/Tbio Ponteiro, CD 1303/BRS 264 e CD 1303/BRS 254, quanto para o avanço de geração, BRS 254/Tbio Aton, Tbio Aton/Tbio Duque, BRS 394/Tbio Aton, Tbio Sossego/ BRS 264 e Tbio Duque/ Tbio Aton.

As famílias BRS 254/CD-1303, BRS 394/Tbio Ponteiro, Tbio Sossego/BRS 264, Tbio Aton/BRS 394, BRS 394/Tbio Aton tem potencial de derivar progênies para serem utilizadas como genitoras e gerar linhagens superiores.

REFERÊNCIAS

- AL-NAGGAR, A. M. M.; AL-AZABB, K. F.; YOUNISC, A. S. M.; HASSANB, I. O.; BASYOUNYB, M. A. E.; AYAAD, M Li. Genetic parameters controlling the inheritance of glaucousness and yield traits in bread wheat. **Brazilian Journal of Biology**, v. 82, 2021.
- AMADEU, R. R. CELLON, C.; OLMSTEAD, J. W.; GARCIA, A. A. F., RESENDE JÚNIOR, M. F. R.; MUÑO, P. R. AGHmatrix: R package to construct relationship matrices for autotetraploid and diploid species: a blueberry example. **The plant genome**, v. 9, n. 3, p. plantgenome2016.01.0009, 2016.
- ARRONES, A.; VILANOVA, S.; PLAZAS, M.; MANGINO, G.; PASCUAL, L.; DÍEZ, M. J.; PROHENS, J.; GRAMAZIO, P. The dawn of the age of multi-parent MAGIC populations in plant breeding: novel powerful next-generation resources for genetic analysis and selection of recombinant elite material. **Biology**, v. 9, n. 8, p. 229, 2020.
- BARTON, N. H. How does epistasis influence the response to selection?. **Heredity**, v. 118, n. 1, p. 96-109, 2017.
- BERMUDEZ, F.; PINHEIRO, J. B. Selection to high productivity and stink bugs resistance by multivariate data analyses in soybean. **Bragantia**, v. 79, p. 250–259, 2020.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma press, 2002.
- BERNARDO, R. Genomewide selection when major genes are known. **Crop Science**, v. 54, n. 1, p. 68-75, 2014.
- BORGES, V.; SOARES, A.A.; REIS, M.S.; RESENDE, M.D.V.; CORNÉLIO, V.M.O.; LEITE, N.A.; VIEIRA, A.R. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, v.69, p.833 841, 2010.
- CASAGRANDE, C. R.; MEZZOMO, H. C.; SILVA, C. M. e; LIMA, G. W.; SOUZA, D. J. P. DE; BORÉM, A.; NARDINO, M. Selection indexes based on genotypic values applied to Brazilian tropical wheat breeding. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 8, p. 1-16, 2022.
- CASAGRANDE, C. R.; MEZZOMO, H. C.; CRUZ, C. D.; BORÉM, A. DE O.; NARDINO, M. Choosing parent tropical wheat genotypes through genetic dissimilarity based on REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, 2020.
- CASAGRANDE, C. R.; MEZZOMO, H. C.; SANTOS, C. V. DOS; SOUSA, D. J. P. DE; YAMANAKA, C. H.; OLIVOTO, T.; DIAS, K. O. DAS G. BORÉM, A. DE O.; NARDINO, M. New agricultural wheat frontier in Brazil: Envirotypes applied in the adaptability and stability of wheat genotypes in contrasting environments. **Research Square**, v. 1, n. 1, p. 1-30, 2023.

COCKERHAM, C. C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. **Genetics**, v. 39, n. 6, p. 859, 1954.

CONAB, 2023. **Acompanhamento da safra brasileira**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em: 16 de janeiro de 2023.

BURGUEÑO, J.; CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L.; TRETOWAN, R.; MCLAREN, G.; KRISHNAMACHARI, A. Modeling additive \times environment and additive \times additive \times environment using genetic covariances of relatives of wheat genotypes. **Crop science**, v. 47, n. 1, p. 311-320, 2007.

CROSSA, J.; BURGUEÑO, J.; CORNELIUS, P. L.; MCLAREN, G.; TRETOWAN, R.; KRISHNAMACHARI, A. Modeling genotype \times environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. **Crop science**, v. 46, n. 4, p. 1722-1733, 2006.

CROW, J. F. On epistasis: why it is unimportant in polygenic directional selection. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 365, n. 1544, p. 1241-1244, 2010.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. Estimation and prediction using linear mixed models: The ranking of means of genetic treatments. **Science in Agriculture**, v. 58, p.109–117, 2001.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. Essex. **UK: Longman Group**, cap. 16, 1996.

GIANCASPRO, A.; GIOVE, S. L.; ZACHEO, S. A.; BLANCO, A.; GADALETA, A. Genetic variation for protein content and yield-related traits in a durum population derived from an inter-specific cross between hexaploid and tetraploid wheat cultivars. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, p. 1509, 2019.

GILMOUR, A. R.; THOMPSON, R.; CULLIS, B. R. Average information REML: an efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. **Biometrics**, p. 1440-1450, 1995.

GONZÁLEZ-DIÉGUEZ, D.; LEGARRA, A.; CHARCOSSET, A.; MOREAU, L.; LEHERMEIER, C.; TEYSSÈDRE, S.; VITEZICA, Z. G. Genomic prediction of hybrid crops allows disentangling dominance and epistasis. **Genetics**, v. 218, n. 1, p. iyab026, 2021.

GOWDA, M.; LONGIN, C. F. H.; LEIN, V.; REIF, J. C. Relevance of specific versus general combining ability in winter wheat. **Crop science**, v. 52, n. 6, p. 2494-2500, 2012.

GU, Z. Complex heatmap visualization. **iMeta**, v. 1, n. 3, p. e43, 2022.

HAMBLIN, J.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Breeding Common Bean for Yield in Mixtures. In **Plant Breeding Reviews**. John Wiley & Sons, Inc., Hoboken, NJ, USA, p. 245-272, 1986.

HANSEN, T. F. Why epistasis is important for selection and adaptation. **Evolution**, v. 67, n. 12, p. 3501-3511, 2013.

HENDERSON, C. R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, p. 69-83, 1976.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased prediction of nonadditive genetic merits. **Journal of Animal Science**, v. 60, p. 111-117, 1985.

HILL, W. G.; GODDARD, M. E.; VISSCHER, P. M. Data and theory point to mainly additive genetic variance for complex traits. **PLoS genetics**, v. 4, n. 2, p. e1000008, 2008.

HUANG, W.; MACKAY, T. F. C. The genetic architecture of quantitative traits cannot be inferred from variance component analysis. **PLoS genetics**, v. 12, n. 11, p. e1006421, 2016.

KENWARD, Michael G.; ROGER, James H. Small sample inference for fixed effects from restricted maximum likelihood. **Biometrics**, p. 983-997, 1997.

KIM, H.S.; WARD, R.W. Genetic diversity in Eastern U.S. soft winter wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell.) based on RFLPs and coefficient of parentage. **Theoretical and Applied Genetics**, v.94, p.472-479, 1997.

KUHNEM, P. ROSA, A. C.; WAGNER, F.; ROSA, A. T. S. da. **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

LI, Z. K.; JIANG, X. L.; PENG, T.; SHI, C. L.; HAN, S. X.; TIAN, B.; ZHU, Z. L.; TIAN, J. C. Mapping quantitative trait loci with additive effects and additive x additive epistatic interactions for biomass yield, grain yield, and straw yield using a doubled haploid population of wheat (*Triticum aestivum* L.). **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 1, 2014.

LIKHACHEV, D. V. Selecting the right number of knots for B-spline parameterization of the dielectric functions in spectroscopic ellipsometry data analysis. **Thin Solid Films**, v. 636, p. 519-526, 2017.

LUCIUS, A. S. F.; DE OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J. C.; VERISSIMO, M. A. A. Desempenho de famílias de cana-de-açúcar em diferentes fases no melhoramento genético via REML/BLUP. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 35, n. 1, p. 101-112, 2014.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, L. C. de; ÁLVARES, V. de S.; MACIEL, V. T.; LIMA, A. C. de. Seleção de clones experimentais de cupuaçu para características agroindustriais via modelos mistos. **Revista Agro@ambiente On line**, v.5, p.35-43, 2011.

MACKAY, T. F. C. Epistasis and quantitative traits: using model organisms to study gene-gene interactions. **Nature Reviews Genetics**, v. 15, n. 1, p. 22-33, 2014.

MARZOOGHIAN, A. MOGHADDAM, M.; TOORCHI, M.; SHAKIBA, M. R. Investigation of genetic structure and gene action in bread wheat affected by salt stress. **International Journal of Biosciences**, v. 5, n. 6, p. 173-181, 2014.

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

MIRABELLA, N. E.; ABBATE, P. E.; RAMIREZ, I. A.; PONTAROLI, A. C. Genetic variation for wheat spike fertility in cultivars and early breeding materials. **The Journal of Agricultural Science**, v. 154, n. 1, p. 13-22, 2015.

MIRZAGHADERI, G.; MASON, A. S. Broadening the bread wheat D genome. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, p. 1295-1307, 2019.

MONNAHAN, P. J.; KELLY, J. K. Epistasis is a major determinant of the additive genetic variance in *Mimulus guttatus*. **PLoS genetics**, v. 11, n. 5, p. e1005201, 2015.

NARDINO, M.; PERIN, E. C.; ARANHA, B. C.; CARPES, S. T.; FONTOURA, B. H.; DE SOUSA, D. J. P.; DE FREITAS, D. S. Understanding drought response mechanisms in wheat and multi-trait selection. **PLoS one**, v. 17, n. 4, p. e0266368, 2022.

NARDINO, M. SILVA, F. F.; OLIVOTO, T.; BARROS, W. S.; DE CARVALHO, C. G.; SIGNORINI, V. S.; MEZZOMO, H. C.; CASAGRANDE, C. R. Meta-analysis of the experimental coefficient of variation in wheat using the Bayesian and Frequentist approaches. **Scientia Agricola**, v. 80, 2022.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, p. 73-78, 2008.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 6, p. 783-789, 2020.

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

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

PATTERSON, H. D; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.

PEDROZO, C. Â.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V. de; SILVA, F. L. da. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**, v.10, p.31-36, 2009.

PEREIRA, F. DE C.; BRUZI, A. T.; MATOS, J. W. DE; REZENDE, B. A.; PRADO, L. C.; NUNES, J. A. R. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. **Plant Breeding**, v. 136, n. 5, p. 679-687, 2017.

PEREIRA, J. F.; CUNHA, G. R. da; 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.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J. Selection in Cultivar Trials—Is It Ignorable? **Crop Science**, v. 46, p. 192–201, 2006.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; A. BÜCHSE. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1, p. 209-228, 2008.

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

PUHL, L. E.; CROSSA, J.; MUNILLA, S.; RODRÍGUEZ, P. P.; CANTET, R. J. C. Additive genetic variance and covariance between relatives in synthetic wheat crosses with variable parental ploidy levels. **Genetics**, v. 217, n. 2, p. iyaa048, 2021.

R CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. **Foundation for Statistical Computing**, 2020.

RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, B. L.; NUNES, J. A. R. Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. **International Scholarly Research Notices**, v. 2013, 2013.

RESENDE, M. D. V. de. Avanços da genética biométrica florestal. In: BANDEL, G.; VELLO, N.A.; MIRANDA FILHO, J.B. (Ed.). **Encontro sobre temas de genética e melhoramento: genética biométrica vegetal**. Anais, Esalq, Piracicaba. p.20-46. 1997

RESENDE, M. A. V. de; FREITAS, J. A.; LANZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; AZEVEDO, C. F. Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 44, n. 3, p. 334- 340, 2014.

RESENDE, M. D. V. de; ALVES, R. S. Genética: estratégias de melhoramento e métodos de seleção. In: **O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento**. Brasília, DF: Embrapa, 2021. cap. 3; p. 171-202.

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

REYNOLDS, Matthew P. et al. Strategic crossing of biomass and harvest index—source and sink—achieves genetic gains in wheat. **Euphytica**, v. 213, p. 1-23, 2017.

RSTUDIO TEAM. Integrated development environment for R. **RStudio, PBC: Boston, MA, USA**, 2020.

SELF, S. G.; LIANG, K. Asymptotic properties of maximum likelihood estimators and likelihood ratio tests under nonstandard conditions. **Journal of the American Statistical Association**, v. 82, n. 398, p. 605-610, 1987.

SLATER, A. T. WILSON, G. M.; COGAN, N. O. I.; FORSTER, J. W.; HAYES, B. J. Improving the analysis of low heritability complex traits for enhanced genetic gain in potato. **Theoretical and applied genetics**, v. 127, n. 4, p. 809-820, 2014.

USDA. **World Agricultural Production**. Circular Series. January. 2023.

VERBYLA, A. P. A note on model selection using information criteria for general linear models estimated using REML. **Australian & New Zealand Journal of Statistics**, v. 61, n. 1, p. 39-50, 2019.

VIVAS, M.; SILVEIRA, S. F.; VIVAS, J. M. S.; VIANA, A. P.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-dephoma via modelos mistos. **Bragantia**, v. 73, n. 4, p. 446-450, 2014.

VOJGANI, E.; POOK, T.; SIMIANER, H. Phenotype Prediction under Epistasis. In: **Epistasis**. Humana, New York, NY, p. 105-120, 2021.

VRIEZE, S. I. Model selection and psychological theory: a discussion of the differences between the Akaike information criterion (AIC) and the Bayesian information criterion (BIC). **Psychological methods**, v. 17, n. 2, p. 228, 2012.

WADE, Michael J.; GOODNIGHT, Charles J. Perspective: the theories of Fisher and Wright in the context of metapopulations: when nature does many small experiments. **Evolution**, v. 52, n. 6, p. 1537-1553, 1998.

WU, X.; CHANG, X.; JING, R. Genetic insight into yield-associated traits of wheat grown in multiple rain-fed environments. **PloS one**, v. 7, n. 2, p. e31249, 2012.

XU, Y. LI, S.; LI, L; ZHANG, X.; XU, H.; AN, D. Mapping QTL s for salt tolerance with additive, epistatic and QTL× treatment interaction effects at seedling stage in wheat. **Plant Breeding**, v. 132, n. 3, p. 276-283, 2013.

ZHANG, Y.; LI, D.; ZHANG, D.; ZHAO, X.; CAO, X.; DONG, L.; LIU, J.; CHEN, K.; ZHANG, H.; GAO, C.; WANG, D. Analysis of the functions of TaGW2 homoeologs in wheat grain weight and protein content traits. **The Plant Journal**, v. 94, n. 5, p. 857-866, 2018.

ZHAO, Y.; GOWDA, M.; LIU, W.; WÜRSCHUM, T.; MAURER, H. P.; LONGIN, F. H.; RANC, N.; REIF, J. C. Accuracy of genomic selection in European maize elite breeding populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 4, p. 769-776, 2012.

ANEXO A – Genealogia expandida das cultivares testemunhas

Legenda: BRS 254 (1), BRS 264 (2), BRS 394 (3), CD 1303 (4), Tbio Aton (5), Tbio Duque (6), Tbio Ponteiro (7), Tbio Sossego (8)

