

UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ  
DEPARTAMENTO ACADÊMICO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

LEOMAR GUILHERME WOYANN

**GANHO GENÉTICO E SELEÇÃO EM GERAÇÕES INICIAIS E EM  
LINHAGENS DE TRIGO POR MEIO DE MODELOS MISTOS**

TESE

PATO BRANCO

2018

**UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ  
DEPARTAMENTO ACADÊMICO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**LEOMAR GUILHERME WOYANN**

**GANHO GENÉTICO E SELEÇÃO EM GERAÇÕES INICIAIS E EM  
LINHAGENS DE TRIGO POR MEIO DE MODELOS MISTOS**

**TESE**

**PATO BRANCO**

**2018**

LEOMAR GUILHERME WOYANN

**GANHO GENÉTICO E SELEÇÃO EM GERAÇÕES INICIAIS E EM  
LINHAGENS DE TRIGO POR MEIO DE MODELOS MISTOS**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Câmpus Pato Branco, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Agronomia - Área de Concentração: Produção Vegetal.

Orientador: Prof. Dr. Giovani Benin

PATO BRANCO

2018

W938g

**Woyann, Leomar Guilherme**

**Ganho genético e seleção em gerações iniciais e em linhagens de trigo por meio de modelos mistos / Leomar Guilherme Woyann.**

**Pato Branco. UTFPR, 2018**

**80 f. : il. ; 30 cm**

**Orientador: Prof. Dr. Giovani Benin**

**Tese (Doutorado) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Pato Branco, PR, 2018.**

**Bibliografia: f. 56 - 64.**

**1. Seleção de plantas - Melhoramento genético. 2. Interação genótipo-ambiente 3. Modelos lineares (Estatística) I. Benin, Giovani, orient. II. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.**

**CDD (22. ed.) 630**

Ficha Catalográfica elaborada por  
Suélem Belmudes Cardoso CRB9/1630  
Biblioteca da UTFPR Campus Pato Branco

Ministério da Educação  
**Universidade Tecnológica Federal do Paraná**  
Câmpus Pato Branco  
Diretoria de Pesquisa e Pós-Graduação  
**Programa de Pós-Graduação em Agronomia**

**TERMO DE APROVAÇÃO**

**Título da Tese nº 034**

**GANHO GENÉTICO E SELEÇÃO EM GERAÇÕES INICIAIS E EM LINHAGENS  
DE TRIGO POR MEIO DE MODELOS MISTOS**

por

**LEOMAR GUILHERME WOYANN**

Tese apresentada às 8 horas 30 min. do dia 05 de março de 2018 como requisito parcial para obtenção do título de DOUTOR EM AGRONOMIA, Linha de Pesquisa – Melhoramento Genético Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção Vegetal) da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Câmpus Pato Branco. O candidato foi arguido pela Banca Examinadora composta pelos membros abaixo designados. Após deliberação, a Banca Examinadora considerou o trabalho APROVADO.

Banca examinadora:

**Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Betânia Brum de Bortoli**  
UTFPR

**Prof. Dr. Adão Robson Elias**  
UTFPR

**Prof. Dr. Marcos Toebe**  
UFSM

**Prof. Dr. Lindolfo Storck**  
UFSM

**Prof. Dr. Giovani Benin**  
UTFPR  
Orientador

**Prof. Dr. Moeses Andrigo Danner**  
Coordenador do PPGA

“O Termo de Aprovação, devidamente assinado, encontra-se arquivado na Coordenação do Programa”

A todos aqueles que de alguma forma me ajudaram/incentivaram a chegar até aqui.

Dedico

## AGRADECIMENTOS

Quero, inicialmente, agradecer à minha esposa Taciane Finatto pela compreensão e pelo amor. Você torna o caminho mais fácil! Em extensão, quero agradecer a existência do nosso filho Nicolas Finatto Woyann. Filho, teu sorriso nos faz lembrar que *la vie est belle*.

Agradeço à minha mãe e ao meu pai por terem me mostrado a importância do estudo. Muitas vezes precisamos ficar adultos para entender que “o estudo é a única coisa que ninguém tira da gente”.

Agradeço ao professor Dr. Giovani Benin pela orientação, pelos ensinamentos e pelas oportunidades de aprendizado. Em extensão, agradeço a todos os professores que participaram da minha formação.

Agradeço ao professor Dr. Jixiang Wu, da South Dakota State University, pela receptividade e pela disponibilidade em me orientar durante minha estada na SDSU.

Agradeço à UTFPR pela oportunidade, e à Capes pela bolsa de doutorado e pela bolsa de doutorado-sanduíche.

Agradeço ainda, mas com a mesma importância, todos os colegas de aula, e, principalmente, aos colegas do Laboratório de Melhoramento de Trigo e Soja pela amizade, companheirismo e pelos momentos felizes, pelas risadas e pelo conhecimento construído durante os anos de doutoramento.

Meu Muito Obrigado a todos!

"A ausência de evidência não significa evidência da ausência"

Carl Sagan



## RESUMO

Woyann, Leomar Guilherme. Ganho genético e seleção em gerações iniciais e em linhagens de trigo por meio de modelos mistos. 80 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção Vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco, 2018.

A cultura do trigo apresenta grande importância econômica no Brasil, sendo que o país produz, anualmente, cerca de 6 milhões de toneladas. Contudo, essa produção é suficiente para atender a aproximadamente 50% da demanda. Essa situação faz com que o Brasil seja um dos maiores importadores deste cereal. O melhoramento genético da cultura tem grande importância na tentativa de aumentar a produção, a produtividade e a qualidade do trigo produzido. Além disso, aumentar a eficiência dos programas de melhoramento é essencial para reduzir os custos e o tempo necessários para o lançamento de novas cultivares. Neste sentido, soluções para a correta avaliação em etapas onde há baixa disponibilidade de sementes ou onde o número de linhagens a serem avaliadas é grande são necessárias. Desta forma, os objetivos deste trabalho foram: 1) avaliar o ganho genético para a cultura do trigo no Brasil, nos últimos 30 anos; 2) utilizar modelos aditivo-dominantes, em gerações F2 e F3, na identificação dos melhores genitores para caracteres de importância agrônômica e 3) avaliação de linhagens homocigotas em ensaios multi-ambientes sem o uso de repetições. Para todas estas análises foram utilizados modelos mistos. Para a análise do ganho genético foram utilizados dados de 126 cultivares brasileiras de trigo, lançadas entre 1984 e 2014. Estas cultivares foram avaliadas em 187 ensaios, conduzidos em 25 locais, distribuídos na Região Sul do Brasil, entre os anos de 2002 e 2014. O ambiente foi responsável por mais de 70% da variância e os genótipos apresentaram comportamento similar entre os ambientes avaliados. O ganho genético obtido foi de  $33,9 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ , o que representa  $1,28\% \text{ ano}^{-1}$ . Além disso, os dados indicam que não há estagnação no ganho genético para a cultura do trigo no Brasil. A análise, via modelos aditivo-dominantes, de gerações heterocigotas (F2 e F3) indicou cultivares e linhagens que apresentam elevados efeitos aditivos, que são os principais efeitos quando o objetivo é o lançamento de cultivares a partir de linhagens homocigotas. Para o caractere rendimento de grãos, se destacaram as cultivares TBIO Selete, Mirante, TBIO Mestre, Sinuelo e Ametista, além das linhagens UTFT 0932, UTFT 0908 e UTFT 0944. Na análise de adaptabilidade, estabilidade e produtividade, as linhagens UTFT 1110, UTFT 1608, UTFT 1620, UTFT 1025 e UTFT 1691 se destacaram e seriam selecionadas em cada um dos ambientes avaliados. Contudo, as linhagens UTFT 1634 e UTFT 1405 estiveram entre as linhagens selecionadas no conjunto de locais, mas poderiam ter sido eliminadas caso o ensaio tivesse sido conduzido em um único local, com repetições.

**Palavras-chave:** Seleção de plantas - Melhoramento genético. Interação genótipo-ambiente. Modelos lineares (Estatística).

## ABSTRACT

WOYANN, Leomar Guilherme. Genetic gain and selection in early generations and lines of wheat using mixed models. 80 f. Thesis (Ph.D. in Agronomy) - Graduate Program in Agronomy (Concentration Area: Crop production), Federal University of Technology - Paraná. Pato Branco, 2018.

Wheat crop has great economic importance in Brazil, producing annually about 6 million tons. However, this production is only sufficient to meet ~ 50% of demand. This condition makes Brazil one of the largest importers of this cereal worldwide. The genetic improvement of this crop has great importance in the attempt of increasing production, productivity and quality of wheat produced in Brazil. Furthermore, increasing the efficiency of breeding programs is essential to reduce costs and the time required to release new cultivars. In this sense, solutions are necessary for the correct evaluation in steps where limited seeds are available or where the number of lines to be evaluated is very high. Thus, the objectives of this work were: 1) to evaluate the genetic gain of wheat crop in Brazil in the last 30 years; 2) to use additive-dominant models, in generations F2 and F3, to identify the best parents for agronomic traits, i.e., grain yield, hectoliter mass, thousand grain mass, plant height, among others; and 3) to evaluate homozygous lines in designs without repetitions in multi-environment trials. For all analyses, mixed models were used. Genetic gain was evaluated using 126 Brazilian wheat cultivars released 1984 and 2014. Cultivars were evaluated in 187 trials, conducted in 25 locations, distributed in the Southern Region of Brazil, between 2002 and 2014. Environment effects was responsible for more than 70% of the total variance and genotypes presented similar behavior in the evaluated environments. Genetic gain was of 33.9 kg ha<sup>-1</sup> year<sup>-1</sup>, which represents 1.28% year<sup>-1</sup>. Moreover, results indicated absence of stagnation in the genetic gain in Brazil. Analysis of F2 and F3 generations with additive-dominant models show cultivars and lines with high additive effects, which are the main effects when the objective is to release homozygous cultivars. For grain yield, cultivars TBIO Seleto, Mirante, TBIO Mestre, Sinuelo and Ametista and lines UTFT 0932, UTFT 0908 and UTFT 0944 presented the highest additive effects. In the analysis of adaptability, stability and productivity, lines UTFT 1110, UTFT 1608, UTFT 1620, UTFT 1025 and UTFT 1691 would be selected in each of the evaluated environments. However, lines UTFT 1634 and UTFT 1405 were among the selected lineages in the set of locations but could have been eliminated if the trial had been conducted in a design with replications in a single location.

**Keywords:** Selection (Plant breeding). Genotype by environment interaction. Linear models (Statistics).

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 2.1 – Valores preditos por MINQUE para o ganho genético para rendimento de grãos em 126 cultivares brasileiras de trigo primaveril lançadas entre 1984 e 2014.....28
- Figura 2.2 – Efeito de ano de condução dos ensaios no incremento do rendimento de grãos para o trigo primaveril no Brasil.....31
- Figura 3.1 – Distribuição das variâncias do erro experimental para as 137 populações F2 e F3. A: dados originais; B: dados originais com utilização de 30 ciclos de Jacknife e 10 JackRep; C: Ajuste dos dados fenotípicos por meio da média móvel (mvnggrad package, Technow (2011)), com posterior utilização de 30 ciclos de Jacknife e 10 JackRep. C1: F2 em Pato Branco - 2014; C2: F2 em Realeza - 2014; C3: F3 em Pato Branco - 2015; C4: F3 em Realeza - 2015.....40

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 2.1 – Locais utilizados nos ensaios de avaliação de cultivares entre os anos de 2002 e 2015, coordenadas geográficas (latitude, longitude e altitude), número total de ensaios por local e respectivos anos de realização dos ensaios em um determinado local.....20
- Tabela 2.2 – Número de cultivares brasileiras de trigo primaveril entre os anos de ensaio (na diagonal está representado o número de cultivares testadas a cada ano), número de ensaios por ano e média do rendimento de grãos (RG, em t ha<sup>-1</sup>) para cada ano de avaliação.....21
- Tabela 2.3 – Descrição de cultivares de trigo primaveril brasileiras avaliadas em ensaios multi-ambientes entre os anos de 2002 e 2015, na região Sul do Brasil, quanto ao ano de lançamento, obtentor e número de anos em que foram avaliadas.....22
- Tabela 2.4 – Estimativa dos componentes da variância, erro padrão (EP), limite inferior (2,5% LI) e superior (97,5% LS) do intervalo de confiança e contribuição relativa (em %) de cada efeito em relação à variância total (PVar).....26
- Tabela 2.5 – Produtividade média dos ensaios a cada ano de avaliação (t ha<sup>-1</sup>), número de cultivares (n), QMe para 2002 a 2015; número de cultivares comuns (nc), taxa de manutenção (TM) e de substituição (TS), ganho de produtividade (t ha<sup>-1</sup>) e significância do teste de hipótese (Ho:ganho=0, alfa%) por biênio.....29
- Tabela 3.1 – Estatísticas descritivas para rendimento de grãos (RG), massa de hectolitro (MH), massa de mil grãos (MMG), estatura de planta (EP), número de grãos por espiga (NGE) e massa de grãos por espiga (MGE) avaliados em populações F2 e F3 de trigo e para a cultivar testemunha TBIO Mestre, nos anos de 2014 e 2015 em dois locais.....43
- Tabela 3.2 – Estimativas dos componentes da variância para seis caracteres de importância agrônoma em populações F2 e F3, avaliadas nos anos de 2014 e 2015, em dois locais. .... 44
- Tabela 3.3 – Estimativas dos componentes da variância expressos em percentagem em relação a variância fenotípica total para seis caracteres de importância agrônoma em populações F2 e F3, avaliadas nos anos de 2014 e 2015, em dois locais.....45
- Tabela 3.4 – Efeitos aditivos preditos para cultivares e linhagens de trigo para os caracteres rendimento de grãos e massa de hectolitro, avaliados nas gerações F2 e F3, em dois locais, nos anos de 2014 e 2015.....47
- Tabela 3.5 – Efeitos aditivos preditos para cultivares e linhagens de trigo para os caracteres massa de mil grãos e estatura de plantas, avaliados nas gerações F2 e F3, em dois locais, nos anos de 2014 e 2015..... 49
- Tabela 3.6 – Efeitos preditos de dominância homocigótica em trigo para os caracteres rendimento de grãos, massa de mil grãos e estatura de plantas, avaliadas nas gerações F2 e F3, em dois locais, nos anos de 2014 e 2015.....51
- Tabela 4.1 – Estimativa dos parâmetros genéticos para rendimento de grãos em linhagens homocigotas de trigo em três locais, por meio do modelo 74, e na análise conjunta, por meio do modelo 75, no ano de 2015..... 61
- Tabela 4.2 – Coeficientes de correlação de postos de Spearman (r<sub>s</sub>) para o ranqueamento das 140 linhagens e da testemunha TBIO Mestre para os locais Pato Branco, Clevelândia, Renascença e no conjunto dos locais..... 61
- Tabela 4.3 – Efeitos genéticos (g), valores genotípicos preditos (u+g), ganho e nova média de genótipo, ranqueamento de genótipos pela nova média (Rank) e valor genotípico médio nos vários ambientes (u+g+gem). Estabilidade genotípica pelo método da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade genotípica pelo método da

performance relativa dos valores genotípicos preditos (PRVG) e sua multiplicação pela média geral de todos os locais (PRVG\*MG), estabilidade e adaptabilidade pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e sua multiplicação pela média geral de todos os locais (MHPRVG\*MG).....64

Tabela 4.4 – Efeitos genéticos (g), valores genotípicos preditos (u+g), ganho, nova média do genótipo para linhagens homozigotas de trigo cultivados em Pato Branco – PR, no ano de 2015. 66

Tabela 4.5 – Efeitos genéticos (g), valores genotípicos preditos (u+g), ganho, nova média do genótipo para linhagens homozigotas de trigo cultivados em Clevelândia – PR, no ano de 2015.. 67

Tabela 4.6 – Efeitos genéticos (g), valores genotípicos preditos (u+g), ganho, nova média do genótipo para linhagens homozigotas de trigo cultivados em Renascença - PR, no ano de 2015..68

## LISTA DE SIGLAS E ACRÔNIMOS

Acgen	Acurácia seletiva de genótipo
BLUP	Melhor Predição Linear Não Viciada
cm	Centímetro
COODETEC	Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola Ltda
EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
EP	Estatura de Plantas
FEPAGRO	Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária
FUNDACEP	Fundação Centro de Experimentação e Pesquisa Fecotriogo
g	Grama
H <sup>2</sup>	Herdabilidade no sentido amplo
h <sup>2</sup>	Herdabilidade no sentido restrito
h <sup>2</sup> g	Estimativa de herdabilidade no sentido amplo
ha	Hectare
hL	Hectolitro
IAPAR	Instituto Agrônômico do Paraná
IGA	Interação genótipo-ambiente
kg	Quilograma
m <sup>2</sup>	Metro quadrado
MAPA	Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
MET	Ensaio multi-ambiente
MGE	Massa de Grãos por Espiga
MH	Massa de Hectolitro
MHPRVG	Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos
MHVG	Média Harmônica dos Valores Genotípicos
MINQUE	Estimador Quadrático Não-Viesado de Norma Mínima
MMG	Massa de Mil Grãos
NGE	Número de Grãos por Espiga
PR	Unidade da Federação – Paraná
PRVG	Performance Relativa dos Valores Genotípicos
REML	Máxima Verossimilhança Restrita
RG	Rendimento de Grãos
rgloc	Correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes
RS	Unidade da Federação – Rio Grande do Sul
r <sub>s</sub>	Coefficiente de correlação de postos de Spearman
SC	Unidade da Federação – Santa Catarina
t	Tonelada
u+g	Valores genotípicos preditos
u+g+gem	Valores genotípicos médios nos vários ambientes
VCU	Valor de Cultivo e Uso
Ve	Variância residual
Vf	Variância fenotípica
Vg	Variância genotípica
Vint	Variância da interação genótipo x ambiente

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	<b>14</b>
<b>2 GANHO GENÉTICO VIA MODELOS MISTOS PARA 30 ANOS DE MELHORAMENTO GENÉTICO DO TRIGO NO BRASIL.....</b>	<b>16</b>
2.1 Revisão da literatura para Ganho genético via modelos mistos para 30 anos de melhoramento genético do trigo no Brasil.....	16
2.2 Material e Métodos utilizados para o assunto Ganho genético via modelos mistos para 30 anos de melhoramento genético do trigo no Brasil.....	19
2.2.1 Região de estudo.....	19
2.2.2 Conjunto de dados e cultivares avaliadas.....	21
2.2.3 Delineamento experimental e manejo de campo.....	24
2.2.4 Análise estatística.....	25
2.3 Resultados e Discussão para o assunto Ganho genético via modelos mistos para 30 anos de melhoramento genético do trigo no Brasil.....	25
2.4 Conclusões sobre o assunto Ganho genético via modelos mistos para 30 anos de melhoramento genético do trigo no Brasil.....	32
<b>3 ANÁLISE DE POPULAÇÕES MULTIPARENTAIS F2 E F3 DE TRIGO UTILIZANDO MODELOS ADITIVO-DOMINANTES.....</b>	<b>33</b>
3.1 Revisão da literatura para Análise de populações multiparentais F2 e F3 de trigo utilizando modelos aditivo-dominante.....	33
3.2. Material e Métodos para Análise de populações multiparentais F2 e F3 de trigo utilizando modelos aditivo-dominante.....	35
3.3 Resultados e Discussão para o assunto Análise de populações multiparentais F2 e F3 de trigo utilizando modelos aditivo-dominante.....	39
3.4 Conclusões para o assunto Análise de populações multiparentais F2 e F3 de trigo utilizando modelos aditivo-dominante.....	54
<b>4 SELEÇÃO DE LINHAGENS HOMOZIGOTAS DE TRIGO EM ENSAIOS SEM REPETIÇÃO COM A UTILIZAÇÃO DE MODELOS MISTOS.....</b>	<b>55</b>
4.1 Revisão da literatura para Seleção de linhagens homozigotas de trigo em ensaios sem repetição com a utilização de modelos mistos.....	55
4.2 Material e Métodos utilizados para o assunto Seleção de linhagens homozigotas de trigo em ensaios sem repetição com a utilização de modelos mistos.....	57
4.3 Resultados e Discussão para o assunto Seleção de linhagens homozigotas de trigo em ensaios sem repetição com a utilização de modelos mistos.....	59
4.4 Conclusões para o assunto Seleção de linhagens homozigotas de trigo em ensaios sem repetição com a utilização de modelos mistos.....	69
<b>5 CONCLUSÕES.....</b>	<b>70</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>71</b>

## 1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético da cultura do trigo (*Triticum aestivum* L.) iniciou, no Brasil, nos anos de 1940. De lá para cá, o melhoramento possibilitou o incremento da produtividade e da qualidade dos grãos produzidos. Contudo, o Brasil ainda é um dos maiores importadores mundiais deste cereal. Anualmente, o Brasil produz aproximadamente 6 milhões de toneladas, o que supre cerca de 50% da demanda.

A principal forma de mensurar os resultados dos esforços dos programas de melhoramento em uma determinada cultura é por meio da avaliação do ganho genético obtido em um determinado período. Neste sentido, foi utilizado um conjunto de dados que envolveu a avaliação de 126 cultivares brasileiras de trigo, lançadas entre 1984 e 2014. Estas cultivares foram avaliadas em um total de 187 ensaios de cultivares. Estes ensaios foram conduzidos em 25 locais, distribuídos na Região Sul do Brasil. Esta região contribui com ~90% de todo o trigo produzido no país. Os ensaios foram conduzidos entre os anos de 2002 e 2014, de modo a abranger uma grande gama de ambientes sob os quais a cultura do trigo é cultivada nesta região. Desta forma, foi possível obter informações sobre o ganho genético da cultura do trigo no Brasil, nos últimos 30 anos.

O melhoramento genético é um processo com grande demanda de tempo, recursos financeiros e recursos humanos. Neste sentido, tornar o melhoramento mais eficiente em cada uma de suas etapas possui grande importância. Esse aumento de eficiência pode ocorrer tanto pela redução do tempo necessário entre o início do processo, geralmente com a realização de cruzamentos artificiais, até o lançamento de uma nova cultivar, bem como no aumento da acurácia do processo de seleção dos genótipos que podem vir a serem lançadas como novas cultivares.

Algumas etapas do melhoramento são extremamente críticas visando a redução de tempo e o aumento da acurácia. Entre estas etapas podemos citar as gerações altamente segregantes F2 e F3, e as primeiras gerações homozigotas (geralmente as gerações F5-F7). Estas gerações têm em comum a baixa disponibilidade de sementes e o grande número de populações ou linhagens que



precisam ser avaliadas. Estas características exigem que o melhorista utilize alternativas para a avaliação destas populações e linhagens. Entre as alternativas disponíveis está a utilização de ensaios sem repetições. Quando esses tipos de ensaios são conduzidos, delineamentos de linhas x colunas ( $m \times n$ ) ou de blocos aumentados de Federer são necessários para que a análise dos dados seja possível.

Modelos mistos permitem a análise de uma diversidade de experimentos e possuem grande importância no melhoramento genético. Neste trabalho, modelos mistos foram utilizados para a estimação do ganho genético; para a estimação dos efeitos genéticos aditivos e dominantes, além da sua interação com o ambiente, dos genitores empregados nos cruzamentos artificiais. Modelos mistos também foram utilizados na seleção das melhores linhagens em ensaios preliminares [linhagens homozigotas, em fases anteriores aos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU)].

Os objetivos deste trabalho foram: 1) analisar o ganho genético para a cultura do trigo no Brasil, nos últimos 30 anos e verificar a existência de platô de ganho genético; 2) utilizar modelos aditivo-dominantes em gerações altamente segregantes (F2 e F3) de trigo para identificar os melhores genitores para diversos caracteres de importância agrônômica, para serem utilizados em blocos de cruzamento; e, 3) avaliar linhagens endogâmicas de trigo conduzidas em ensaios sem repetição em ensaios multi-ambientes.

## 2 GANHO GENÉTICO VIA MODELOS MISTOS PARA 30 ANOS DE MELHORAMENTO GENÉTICO DO TRIGO NO BRASIL

### 2.1 Revisão da literatura para Ganho genético via modelos mistos para 30 anos de melhoramento genético do trigo no Brasil

A produção anual de trigo (*Triticum aestivum* L.) no Brasil é de aproximadamente seis milhões de toneladas (CONAB, 2017). Essa produção é insuficiente para atender a demanda, o que torna o Brasil um dos principais importadores deste cereal. A região Sul do país, formada pelos estados do Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná, é a principal região produtora e responde por aproximadamente 90% da produção brasileira (CONAB, 2017).

Estimativas indicam que a população mundial chegará a nove bilhões de pessoas em 2050 (GODFRAY et al., 2010). Assim, há a necessidade de duplicar a produção de alimentos para atender a demanda e evitar o aumento generalizado dos preços dos alimentos (TWEETEN; THOMPSON, 2008). Para atingir essa meta, seria necessário um aumento anual de 2,4% na produção das principais culturas agrícolas, ou seja, milho, trigo, arroz e soja (RAY et al., 2013). Este aumento da produção pode ser obtido, principalmente, pelo incremento na produtividade ou pelo aumento da área cultivada. No entanto, o incremento da área enfrenta desafios como a falta de novas áreas agricultáveis, perda de áreas produtivas devido à degradação e devido as mudanças climáticas (GIBBS et al., 2010; LAL, 2015).

O incremento na produtividade é resultado de dois elementos principais: a melhoria do ambiente e o ganho genético (XIAO; TAO, 2014). A melhoria ambiental (melhoria das práticas agronômicas) consiste em fornecer à cultura um ambiente mais favorável ao seu pleno desenvolvimento, proporcionando fertilidade adequada, adequado fornecimento de água e a eliminação de outros estresses bióticos e abióticos (BELL et al., 1995; LAIDIG et al., 2014). Já o ganho genético pode ser definido como a quantidade de aumento no desempenho que é alcançado anualmente através do melhoramento genético, excluído o efeito ambiental (XU et al., 2017). Neste contexto, uma nova cultivar melhorada geneticamente deve proporcionar rendimento superior em relação as mais antigas, quando cultivadas sob o mesmo ambiente.

Os ganhos genéticos com a cultura do trigo variam entre as diversas regiões produtoras. Em estudos abrangentes (com grande número de genótipos e locais), foram obtidos ganhos genéticos de 0,8% ano<sup>-1</sup> nos Estados Unidos, entre os anos de 1980 e 2010 (GRAYBOSCH et al., 2014); de 1,29% ano<sup>-1</sup>, na China, entre os anos de 1950 e 2015 (QIN et al., 2015); de 1,17% ano<sup>-1</sup>, na Argentina, entre 1940 e 1999 (Lo VALVO et al., 2017); e, de 0,88% ano<sup>-1</sup>, na Espanha, para cultivares lançadas entre 1930 e 2000 (SANCHEZ-GARCIA et al., 2013). Morgounov et al. (2000), observaram ganho genético de 0,7% ano<sup>-1</sup> em 100 anos de melhoramento genético de trigo no Oeste da Sibéria. Aisawi et al. (2015) obtiveram ganho genético de 0,59% ano<sup>-1</sup> (30 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>), utilizando dados de cultivares do CIMMYT, lançadas entre 1966 a 2009. Já Ray et al. (2013) relatam ganhos globais na cultura do trigo de 0,9% ano<sup>-1</sup>. Contudo, estes ganhos são consideravelmente menores que aqueles necessários para atender a demanda por alimentos prevista para a metade do século XXI.

A estagnação nos ganhos genéticos obtidos através do melhoramento tem sido relatada nas principais culturas, tais como: arroz (PENG et al., 1999; CASSMAN et al., 2003; PENG et al., 2010; LI et al., 2016), milho (HAWKINS et al., 2012; LI et al., 2016) e trigo (BRISSON et al., 2010; GRAYBOSCH; PETERSON, 2010; MATUS et al., 2012; LO VALVO et al., 2017). No trigo, a tendência à estagnação dos ganhos genéticos foi relatada em diversas regiões produtoras. Nesse sentido, Lo Valvo et al. (2017) indicaram que cultivares argentinas, lançadas após 1999, obtiveram ganho genético de apenas 14 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> (0,18% ano<sup>-1</sup>). Um platô de ganho genético também foi observado por Graybosch & Peterson (2010), onde constataram a estagnação do ganho nas Grandes Planícies dos Estados Unidos, entre os anos de 1984 e 2008. Já Matus et al. (2012), identificam esta tendência no Chile, para cultivares lançadas entre os anos de 1990 e 2000. Além disso, Brisson et al. (2010) identificaram que o ganho genético na França foi contrabalanceado, a partir dos anos 1990, pelas mudanças climáticas, em especial pelo estresse por calor. Neste contexto, é de fundamental importância a avaliação do progresso genético, para que novos processos e técnicas de melhoramento possam ser adotadas de forma a antever demandas futuras, visando a continuidade de ganhos em rendimento, assegurando uma maior segurança alimentar.

No Brasil, há poucos estudos publicados sobre o ganho genético para a cultura do trigo. Estes estudos envolveram diferentes metodologias de avaliação, períodos dentro do melhoramento da cultura no país, diferentes regiões geográficas e obtiveram grandes diferenças nos resultados. Neste sentido, Follmann et al. (2017), observaram ganho genético médio de 2,86% ano<sup>-1</sup>, tendo avaliado cultivares lançadas a partir de 1980, em período de melhoramento de 12 anos (2002 a 2013). Beche et al. (2014) utilizaram dados de cultivares desenvolvidas desde o início do melhoramento de trigo no Brasil (1940) até 2009, onde observaram ganhos de 29 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> (0,92% ano<sup>-1</sup>). Estes autores não encontraram ganhos genéticos significativos para cultivares lançadas entre 1999 e 2009. Outros estudos apontam resultados intermediários a estes extremos. Rodrigues et al. (2007) indicaram ganhos de 44,9 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> (1,54% ano<sup>-1</sup>) para cultivares lançadas entre 1940 e 1992, para a região Sul do Brasil. Já Cargnin et al. (2009), obtiveram valores de 37 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> entre o período de 1976 a 2005, para a região Central do Brasil.

Os estudos que avaliaram o ganho genético para o trigo no Brasil utilizaram cultivares lançadas em diferentes décadas, em ensaios com um ou poucos locais de avaliação (RODRIGUES et al., 2007; CARGNIN et al., 2009; BECHE et al., 2014). Já o trabalho de Follmann et al. (2017) utilizou dados de ensaios multi-ambientes (MET) em 23 locais, conduzidos entre 2002 e 2013. A utilização de MET para a análise de ganho genético pode ser considerada como uma meta-análise (BRESEGHELLO et al., 2011). Todos estes trabalhos utilizaram a metodologia de avaliação de ganho genético proposta por Vencovsky et al. (1988). Esta metodologia é baseada na obtenção de quadrados mínimos generalizados (CRUZ, 2001). Neste, o ganho genético é estimado para cada dois anos, por meio de uma regressão linear. Assim, a estimativa do ganho genético é obtida pela diferença bruta entre dois anos menos a diferença ambiental (VENCOVSKY et al., 1988). Posteriormente, o ganho genético é obtido para todo o período, com a média geral dos valores bienais obtidos.

Estudos que utilizam dados de ensaios MET (multianos e multilocais) geralmente se mostram desbalanceados devido a substituição de genótipos e ao processo de melhoramento (PIEPHO; MÖHRING, 2005; SO; EDWARDS, 2011; YAN, 2015). Este desbalanceamento dos dados faz com que a utilização de modelos

mistos seja mais adequada do que a utilização de modelos fixos (SO; EDWARDS, 2011; BURGUEÑO et al., 2011; PIEPHO; MÖHRING, 2006). A estimação dos componentes da variância em modelos mistos, para dados de ensaios MET, pode ser realizada pelo uso da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) (PIEPHO; MÖHRING, 2006; HOLLAND, 2006; SO; EDWARDS, 2011) ou pelo método MINQUE (minimum norm quadratic unbiased estimation) (RAO, 1971), que associado ao processo de bootstrap, tem a vantagem de apresentar menores exigências computacionais (WU et al., 2010). A avaliação de METs por meio de modelos mistos produz estimativas mais confiáveis para a avaliação do ganho genético (de la VEGA et al., 2007).

Os objetivos deste trabalho foram quantificar o ganho genético para a cultura do trigo no Brasil entre os anos de 1984 e 2014, utilizando dados de ensaios MET, bem como, comparar as abordagens de modelos mistos e método por substituição, quanto a estimação do ganho genético. Além disso, buscou-se verificar a presença de estagnação no ganho genético para a cultura no Brasil.

## 2.2 Material e Métodos utilizados para o assunto Ganho genético via modelos mistos para 30 anos de melhoramento genético do trigo no Brasil

### 2.2.1 Região de estudo

Os ensaios foram conduzidos na região Sul do Brasil, entre os anos de 2002 e 2015. A empresa Embrapa Trigo coordenou os ensaios e é a detentora dos dados originais, que foram cedidos para serem utilizados neste estudo, e constituem o Ensaio Estadual de Cultivares de Trigo (EECT). Foram utilizados 25 locais de avaliação, distribuídos entre os três estados pertencentes a esta região. Os locais foram distribuídos da seguinte maneira: 21 no estado do Rio Grande do Sul, três em Santa Catarina e um no estado do Paraná (Tabela 2.1). Estes três estados respondem por aproximadamente 90% da produção brasileira de trigo (CONAB, 2017). Em alguns anos, os locais Cruz Alta e Passo Fundo receberam mais de um ensaio, conduzidos por diferentes instituições ou empresas. Várias empresas de melhoramento de trigo estão localizadas nestes municípios. Neste estudo, o

posicionamento do ensaio variou para um mesmo local, a cada ano. A cada ano, áreas representativas daquela mesorregião foram utilizadas. A descrição dos locais de condução dos ensaios, as coordenadas geográficas, o número de ensaios e número de anos em que ensaios foram conduzidos é apresentada na Tabela 2.1.

**Tabela 2.1** – Locais utilizados nos ensaios de avaliação de cultivares entre os anos de 2002 e 2015, coordenadas geográficas (latitude, longitude e altitude), número total de ensaios por local e respectivos anos de realização dos ensaios em um determinado local.

Local	Lat Sul	Long Oeste	Alt (m)	Número de ensaios (total)	Anos de avaliação
Abelardo Luz - SC	26° 33'	52° 19'	778	5	2009-2012, 2014
Augusto Pestana - RS	28° 31'	53° 59'	367	5	2011-2015
Cachoeira do Sul - RS	30° 02'	52° 53'	63	2	2002, 2006
Campos Novos - SC	27° 24'	51° 13'	934	6	2009-2012, 2014-2015
Casca - RS	28° 33'	51° 58'	615	1	2014
Caxias do Sul - RS	29° 10'	51° 10'	785	2	2013-2014
Chapecó - SC	27° 06'	52° 36'	667	6	2009-2012, 2014-2015
Coxilha - RS	28° 07'	52° 17'	699	13	2002-2011, 2013-2015
Cruz Alta* - RS	28° 38'	53° 36'	477	21	2002-2003, 2004(2)*, 2005-2010, 2011- 2012(2), 2013-2014(3), 2015
Eldorado do Sul - RS	29° 59'	51° 18'	24	9	2003-2006, 2008, 2012-2015
Encruzilhada do Sul - RS	30° 32'	52° 31'	426	1	2004
Giruá - RS	28° 01'	54° 21'	431	2	2004-2005
Guarapuava - PR	25° 23'	51° 27'	1116	7	2007-2009, 2011, 2012, 2014, 2015
Ijuí - RS	28° 23'	53° 54'	323	6	2006-2008, 2010, 2014-2015
Independência - RS	27° 49'	54° 11'	382	2	2012-2013
Júlio de Castilhos - RS	29° 13'	53° 40'	528	8	2006-2012, 2014
Não-Me-Toque - RS	28° 27'	52° 49'	520	9	2005, 2007-2014
Passo Fundo <sup>1</sup> - RS	28° 15'	52° 24'	679	22	2004-2005(2), 2006, 2007-2014(2), 2015
Pelotas - RS	31° 46'	52° 20'	14	4	2004-2006, 2009
São Luiz Gonzaga - RS	28° 24'	54° 57'	263	11	2002-2004, 2007-2012, 2014-2015
Santo Augusto - RS	27° 51'	53° 46'	532	10	2004-2010, 2013-2015
São Borja - RS	28° 39'	56° 00'	81	10	2004-2006, 2009-2015
Sertão - RS	27° 58'	52° 15'	743	6	2010-2015
Três de Maio - RS	27° 46'	54° 14'	344	5	2009-2011, 2014-2015
Vacaria - RS	28° 30'	50° 56'	961	14	2002-2015

<sup>1</sup>Os locais Cruz Alta e Passo Fundo são sedes das principais empresas de melhoramento de trigo no Brasil. Desta forma, em alguns anos mais de um ensaio foi conduzido nestes locais. Os ensaios diferiram quanto a época de semeadura e quanto a aplicação de fungicidas. \*O valor entre parênteses indica o número de ensaios conduzidos em locais que receberam mais de um ensaio em determinado ano. RS: Rio Grande do Sul; SC: Santa Catarina; PR: Paraná.

## 2.2.2 Conjunto de dados e cultivares avaliadas

Um conjunto de dados contendo 187 ensaios de trigo primaveril foi utilizado para estimar o ganho genético para o caractere rendimento de grãos (RG). No total, 126 cultivares foram avaliados entre 2002 e 2015 (Tabela 2.2). Em cada ano, diferentes cultivares foram utilizadas. Isso ocorreu pois a cada ano novas cultivares foram lançadas e cultivares antigas foram excluídas dos ensaios. Cada empresa de melhoramento participante participou da escolha das cultivares a serem avaliadas a cada ano. A definição da lista de cultivares de cada ano ocorreu pela inclusão de cultivares com lançamento comercial nos dois anos anteriores ao ensaio em questão e o ensaio foi completado com cultivares lançadas anteriormente cuja produção de sementes foi superior a 1% da semente comercializada na safra anterior aos ensaios.

**Tabela 2.2** – Número de cultivares brasileiras de trigo primaveril entre os anos de ensaio (na diagonal está representado o número de cultivares testadas a cada ano), número de ensaios por ano e média do rendimento de grãos (RG, em t ha<sup>-1</sup>) para cada ano de avaliação.

Ano	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
2002	34													
2003	20	31												
2004	15	18	35											
2005	11	14	30	37										
2006	7	10	22	28	33									
2007	6	8	20	26	30	35								
2008	4	6	15	21	24	29	29							
2009	4	4	12	18	22	24	23	35						
2010	1	1	5	8	12	14	13	25	30					
2011	0	0	1	1	3	3	3	9	16	30				
2012	0	0	0	0	3	3	3	7	13	26	32			
2013	0	0	0	0	2	2	2	7	9	18	25	30		
2014	0	0	0	0	1	1	1	5	8	14	18	22	30	
2015	0	0	0	0	0	0	0	3	5	11	14	17	24	30
N° de ensaios por ano	5	5	13	11	11	11	12	16	16	17	17	15	23	15
Média RG (t ha <sup>-1</sup> )*	2,737	3,272	3,247	3,118	3,129	2,949	3,132	3,724	3,945	4,768	3,488	4,860	3,469	3,362

\*Considerando todo o conjunto de dados, o RG médio foi de 3,514 t ha<sup>-1</sup>.

As cultivares utilizadas nos ensaios foram as mesmas para todos os locais de avaliação dentro de um mesmo ano. Já entre anos, cultivares foram substituídas por novas cultivares e nenhuma cultivar foi avaliada em todos os anos de condução de ensaios. Tomando como base o ano de 2002, 34 cultivares foram avaliadas nos ensaios. Em 2003, 20 destas 34 cultivares estiveram presentes nos ensaios e 11 novas cultivares foram inseridas, totalizando 31 cultivares avaliadas neste ano. Das 30 cultivares avaliadas em 2010, somente uma esteve presente nos ensaios conduzidos no ano de 2002. Essa prática resultou em um conjunto de dados altamente desbalanceado, tanto em função da troca de genótipos, quanto em relação aos locais onde os ensaios foram conduzidos a cada ano. O número de cultivares avaliadas variou entre 29, em 2008, e 37, em 2005. Já o número de ensaios por ano variou entre cinco, em 2002, e 23, em 2014. Todas as cultivares, avaliadas durante os 14 anos de ensaios, com seus respectivos anos de lançamento, obtentor e número de anos em que esteve nos ensaios, estão descritas na Tabela 2.3.

**Tabela 2.3** – Descrição de cultivares de trigo primaveril brasileiras avaliadas em ensaios multi-ambientes entre os anos de 2002 e 2015, na região Sul do Brasil, quanto ao ano de lançamento, obtentor e número de anos em que foram avaliadas.

Cultivar	Ano de lançamento	Anos de teste	Cultivar	Ano de lançamento	Anos de teste
Abalone (a)	2006	6	Figueira (b)	2002	1
Alcover (a)	2000	5	FPS Nitron (d)	2011	1
Ametista (a)	2011	5	Fundacep 29 (e)	1997	3
Angico (b)	2002	1	Fundacep 30 (e)	1999	9
Berilo (a)	2011	1	Fundacep 31 (e)	2000	3
BR 15 (b)	1985	1	Fundacep 32 (e)	2000	2
BR 18 (b)	1986	1	Fundacep 36 (e)	2002	3
BR 23 (b)	1987	4	Fundacep 37 (e)	2002	3
BR 35 (b)	1989	1	Fundacep 40 (e)	2002	6
BRS 119 (b)	1997	1	Fundacep 42 (e)	2003	1
BRS 120 (b)	1997	2	Fundacep 47 (e)	2004	6
BRS 177 (b)	1999	6	Fundacep 50 (e)	2005	5
BRS 179 (b)	1999	8	Fundacep 51 (e)	2005	6
BRS 194 (b)	2000	8	Fundacep 52 (e)	2005	7



Tabela 2.3 – Continuação

Cultivar	Ano de lançamento	Anos de teste	Cultivar	Ano de lançamento	Anos de teste
BRS 208 (b)	2001	4	Fundacep Bravo (e)	2010	5
BRS 276 (b)	2008	1	Fundacep Campo Real (e)	2009	3
BRS 296 (b)	2009	2	Fundacep Cristalino (e)	2006	5
BRS 327 (b)	2010	6	Fundacep Horizonte (e)	2009	6
BRS 328 (b)	2012	3	Fundacep Nova Era (e)	2004	7
BRS 329 (b)	2012	2	Fundacep Raizes (e)	2006	8
BRS 331 (b)	2012	5	Granito (a)	1999	2
BRS 49 (b)	1996	1	Guabiju (b)	2004	1
BRS Angico (b)	2002	2	IPR 110 (g)	2003	2
BRS Buriti (b)	2003	3	IPR 118 (g)	2004	2
BRS Camboata (b)	2003	6	IPR 129 (g)	2006	2
BRS Camboim (b)	2004	2	Jadeite 11 (a)	2012	3
BRS Canela (b)	2004	2	Jaspe (a)	2002	4
BRS Figueira (b)	2002	4	JF 90 (h)	2012	2
BRS Guabiju (b)	2003	5	LG Oro (i)	2014	2
BRS Guamirim (b)	2005	9	LG Prisma (i)	2014	2
BRS Louro (b)	2003	6	Louro (b)	2004	1
BRS Marcante (b)	2013	2	Marfim (j)	2007	7
BRS Parrudo (b)	2012	3	Mirante (j)	2008	7
BRS Reponte (b)	2014	1	Onix (a)	2001	8
BRS Timbauva (b)	2002	6	OR-1 (a)	1996	1
BRS Umbu (b)	2003	6	ORS Vintecinco (a)	2013	2
Buriti (b)	2003	1	Pampeano (a)	2003	7
Campeiro (j)	2009	3	Quartzo (j)	2007	7
CD 103 (c)	1998	4	RS1 Fenix (f)	1984	2
CD 105 (c)	1999	6	Rubi (a)	1998	3
CD 110 (c)	2003	4	Safira (j)	2004	7
CD 111 (c)	2003	4	Supera (j)	2004	4
CD 113 (c)	2004	5	TBIO Alvorada (d)	2012	3
CD 114 (c)	2004	9	TBIO Celebra (d)	2014	2
CD 115 (c)	2005	5	TBIO Iguaçu (d)	2012	5
CD 117 (c)	2007	4	TBIO Itaipu (d)	2012	5
CD 119 (c)	2009	3	TBIO Mestre (d)	2012	4
CD 120 (c)	2009	2	TBIO Pioneiro (d)	2010	6
CD 121 (c)	2010	3	TBIO TBIO Seletto (d)	2012	3
CD 122 (c)	2010	3	TBIO Sintonia (d)	2013	2
CD 123 (c)	2010	3	TBIO Sinuelo (d)	2012	4
CD 124 (c)	2012	2	TBIO Tibagi (d)	2010	4
CD 1440 (c)	2013	3	TBIO Toruk (d)	2014	1
CD 1550 (c)	2012	3	TEC 10 (e)	2013	2

Tabela 2.3 – Continuação

Cultivar	Ano de lançamento	Anos de teste	Cultivar	Ano de lançamento	Anos de teste
CD 1805 (c)	2014	1	TEC Frontale (e)	2012	4
CD116 (c)	2007	1	TEC Triunfo (e)	2012	2
CEP 24 (e)	1998	4	TEC Vigore (e)	2012	4
CEP 27 (e)	1998	4	Timbauva (b)	2002	1
EMB 16 (b)	1992	1	Topazio (a)	2011	5
EMB 40 (b)	1995	1	Turquesa (a)	2011	2
EMB 52 (b)	1996	1	Umbu (b)	2003	2
Esporão (c)	2014	1	Vaqueano (j)	2008	2
Estrela Atria (d)	2013	3	--	-	-
Fepagro 15 (f)	1998	1	--	-	-

\*Letras entre parênteses indicam a empresa obtentora do cultivar: a: OR Melhoramento de Sementes LTDA; b: EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; c: COODETEC - Desenvolvimento, Produção e Comercialização Agrícola LTDA; d: BIOTRIGO Genética LTDA; e: BAYER S.A.; f: FEPAGRO - Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária; g: IAPAR - Instituto Agrônomo do Paraná; h: JAF Comércio de Cereais e Representação Comercial LTDA; i: LIMAGRAIN Brasil S/A; j: BIOTRIGO Genética LTDA / OR Melhoramento de Sementes LTDA.

### 2.2.3 Delineamento experimental e manejo de campo

A semeadura dos ensaios foi realizada entre os dias 15 de maio e 15 de junho de cada ano, seguindo as recomendações para cada local. O delineamento experimental utilizado foi de blocos completamente casualizados, com três repetições. Cada parcela foi composta por cinco linhas de semeadura, com 5 m de comprimento e espaçadas em 0,20 m entre si, totalizando 5 m<sup>2</sup>. A semeadura foi realizada com semeadoras de parcelas para uma densidade aproximada de 330 plantas m<sup>-2</sup>. As sementes foram tratadas com inseticida *imidaclopride*, na dose de 100 mL para cada 100 kg de sementes. Os experimentos foram conduzidos com aplicação de fungicida na parte aérea, utilizando-se, preferencialmente, produtos comerciais constituídos por misturas de estrobirulinas e triazóis. O número de aplicações variou de uma ou três, de acordo com a incidência de doenças. O número de aplicações de inseticida na parte aérea, bem como o produto comercial utilizado, também variou conforme o experimento. A adubação e os demais tratamentos culturais foram realizadas de acordo com as informações técnicas para a cultura do trigo. Na colheita, a umidade de grãos foi corrigida para 13% e posteriormente determinado o RG, em t ha<sup>-1</sup>.

#### 2.2.4 Análise estatística

Os dados foram analisados utilizando uma abordagem de modelos mistos. A observação fenotípica  $y_{ijmn}$  na cultivar  $i$  no ano  $j$  local  $m$  e repetição  $n$  foi analisado por meio da equação 1:

$$y_{ijmn} = \mu + G_i + Y_j + L_m + (Y_j * L_m) + (Y_j * L_m * B_n) + B_{n(jm)} + e_{ijmn}$$

onde  $\mu$  é a média geral;  $G_i$  é o efeito aleatório de genótipo;  $Y_j$  é o efeito de ano;  $L_m$  é o efeito de local;  $B_n(jm)$  é o efeito da repetição  $n$  contido no local  $m$  e no ano  $j$ ;  $e_{ijmn}$  é o efeito residual do genótipo  $i$  em uma repetição  $n$  em um ano  $j$  e um local  $m$ .

A análise estatística foi realizada com o auxílio do pacote minque (WU et al., 2014), utilizando a função "lmm.jack". Todas as análises foram realizadas na plataforma R (R Development Core Team, 2017), com auxílio da interface gráfica RStudio (RStudio Team, 2017). As figuras foram obtidas com auxílio do programa Sigmaplot v.11.

Os ganhos genéticos obtidos por meio da metodologia de modelos mistos apresentada neste trabalho e por meio do método de substituição de cultivares, proposta por Vencovsky et al. (1988) foram comparados. A análise do ganho genético por meio da substituição de cultivares foi realizada pela metodologia de Vencovsky et al. (1988) e o teste de hipóteses para a significância dos ganhos genéticos para cada biênio foi realizado de acordo com Storck et al. (2005). As análises pela metodologia de Vencovsky et al. (1988) foram realizadas por meio do script em R (Anexo A).

### 2.3 Resultados e Discussão para o assunto Ganho genético via modelos mistos para 30 anos de melhoramento genético do trigo no Brasil

Os efeitos estimados dos componentes da variância foram significativos ( $P < 0,01$ ) (Tabela 2.4). As maiores estimativas de variância foram obtidas para os efeitos simples de anos e locais e, principalmente, para a interação ano x local (ou seja, ambiente). Já o efeito de cultivar foi menor do que o efeito de

ano, local e ambiente. O efeito da interação do ambiente foi responsável por 52% da variância total. Os efeitos simples de ano e local responderam, ambos, por 11,7% da variância total. Desta forma, os efeitos relacionados ao ambiente de cultivo são responsáveis por mais de 75% da variância total. Já a contribuição do efeito de cultivar para a variância foi baixa, contribuindo com apenas 6% da variância total. O maior efeito ambiental em relação ao efeito genotípico também foi observado por Crossa et al. (2015) e Matei et al. (2017), estudando o desempenho de genótipos de trigo e soja em MET, respectivamente. A maior contribuição do efeito de ambiente é determinada, possivelmente, pela ampla extensão de áreas que envolvem os locais utilizados no EECT, que vão desde Pelotas, no extremo Sul do Rio Grande do Sul, até Guarapuava, no Paraná, com altitudes variando de 14 m a 1116 m (Tabela 2.1). Além disso, essa região é frequentemente atingida por fenômenos climáticos como El Niño e La Niña.

**Tabela 2.4** – Estimativa dos componentes da variância, erro padrão (EP), limite inferior (2,5% LI) e superior (97,5% LS) do intervalo de confiança e contribuição relativa (em %) de cada efeito em relação à variância total (PVar).

Efeito	Variância	EP	2,5% LI	97,5% LS	PVar <sup>1</sup>
Ano	0,207**	0,002	0,202	0,213	0,117**
Local	0,208**	0,003	0,197	0,218	0,117**
Cultivar	0,109**	0,003	0,097	0,120	0,061**
Ano × Local	0,926**	0,004	0,911	0,941	0,521**
Ano × Local × Repetição	0,016**	0,001	0,014	0,018	0,009**
Erro	0,310**	0,002	0,304	0,316	0,174**

<sup>1</sup>PVar foi calculado dividindo a variância de cada componente da variância em relação a variância total. A soma de todos os componentes da variância é igual a 1. \*\* P<0,01

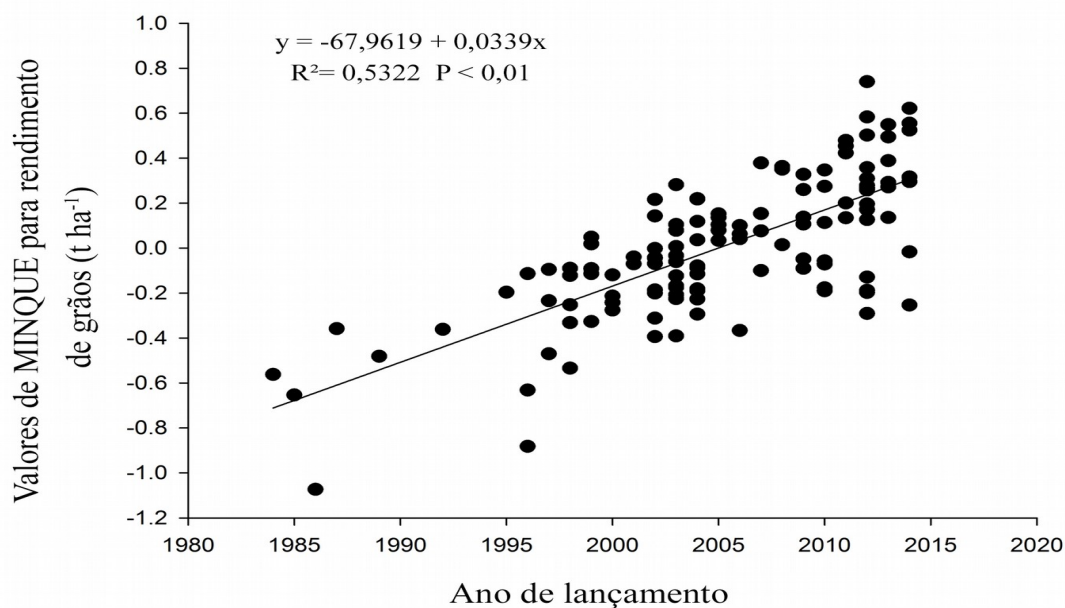
A avaliação de 126 cultivares brasileiras de trigo, lançadas entre 1984 e 2014, utilizando uma abordagem de modelos mistos, indicou ganho genético para RG de 33,9 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> (R<sup>2</sup>=0,53, P<0,01) (Figura 2.1). Isso representa um ganho genético anual de 1,28%. Ganhos inferiores foram encontrados por Beche et al. (2014) de 0,92% ano<sup>-1</sup> (Brasil), Aisawi et al. (2015) de 0,59% ano<sup>-1</sup> (CIMMYT), Morgounov et al. (2000) de 0,7% ano<sup>-1</sup> (Sibéria), Sanchez-Garcia et al. (2011) de 0,88% ano<sup>-1</sup> (Espanha) e Wu et al. (2014) de 1% ano<sup>-1</sup> na China, avaliando trigo de

primavera e inverno. O ganho genético inferior nesses países pode ter ocorrido devido aos maiores rendimentos iniciais, onde, apesar de existirem incrementos superiores em  $\text{kg ha}^{-1}$  ao encontrado no Brasil, como o obtido por Wu et al. (2014), de  $66 \text{ kg ha}^{-1}$ , o ganho em porcentagem é menor, pois o rendimento nos anos iniciais da série avaliada é maior que o relatado no Brasil. Já Matus et al. (2012), encontraram ganhos de  $246 \text{ kg ha}^{-1}$  ou,  $2,6\% \text{ ano}^{-1}$ , no Chile, sendo este ganho superior aos reportados nesse estudo. O rendimento médio de trigo no Chile entre 1965 a 1975 era de  $4200 \text{ kg ha}^{-1}$ , o qual passou a ser de  $10000 \text{ kg ha}^{-1}$  entre 1996 e 1998 (MATUS et al., 2012), o que explica o elevado ganho genético relatado por este autor. Além disso, a utilização de irrigação pode ter contribuído para a obtenção de ganhos genéticos desta magnitude.

A análise de diferentes cultivares pode resultar em um coeficiente de determinação ( $R^2$ ) baixo. Nesse tipo de experimento, valores baixos de  $R^2$  podem ocorrer não somente pela falta de ajuste ao modelo, mas pela diferença genética que existe entre os genótipos avaliados. Este é o caso das cultivares lançadas no ano de 2012, onde há materiais situados acima e abaixo da regressão linear. Isso faz que ocorra uma redução no ajuste da regressão, ou seja, redução do coeficiente de determinação. Contudo, o valor de  $R^2$  obtido é maior que os valores obtidos para cultivares semi-anãs de trigo lançadas a partir de 1970 (BATTENFIELD et al., 2013) e similares ao encontrado por Felipe et al. (2016), na cultura da soja.

A análise deste conjunto de dados por meio do método de substituição de cultivares proposto por Vencovsky (1988), indicou ganho genético de  $52,6 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$  ( $1,98\% \text{ ano}^{-1}$ ) (Tabela 2.5). Este resultado apresenta maior similaridade com o obtido por Follmann et al. (2017), que obtiveram um ganho de  $61,36 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$  ( $2,86\% \text{ ano}^{-1}$ ), utilizando a metodologia de Vencovsky (1988). Os maiores valores de ganho genético encontrados por Follmann et al. (2017) e no presente estudo, com a utilização do método de substituição de cultivares, podem estar relacionados ao elevado efeito ambiental identificado na estimativa da variância e a presença de desbalanceamento dos dados. Esta metodologia pode ser útil quando um conjunto de genótipos lançados em diferentes anos, é testado poucos locais e conduzidos em condições ideais, onde o efeito ambiental é minimizado. No entanto, para MET, com efeito de ano e local acentuados, esta metodologia é menos eficiente em relação a

modelos mistos, levando a resultados menos confiáveis, sejam eles superestimados ou subestimados.



**Figura 2.1** – Valores preditos por MINQUE para o ganho genético para rendimento de grãos em 126 cultivares brasileiras de trigo primaveril lançadas entre 1984 e 2014.

Dados de ganho genético utilizando o método de substituição de cultivares de Vencovsky, devem ser interpretados com cautela, especialmente quando anos sequenciais apresentam comportamentos altamente contrastantes, ou seja, um ano apresenta características favoráveis a cultura e em outro ano ocorrem fatores prejudiciais à cultura, ou vice-versa. No primeiro caso, ganho genético positivo poderá ser obtido e no segundo caso poderá ocorrer um ganho genético negativo. Este fato se confirma no trabalho de Follmann et al. (2017), onde o ganho genético foi negativo nos biênios 2007-2006, 2010-2009 e 2011-2010, para a Região 1. Este fato ocorreu, pois, um ano foi favorável a produtividade e outro não, onde o efeito ambiental não-isolado proporcionou um ganho genético negativo. O fato mais pronunciável foi observado em dois biênios consecutivos para a Região 1, onde em 2007-2006 o ganho genético foi de  $-76,07 \text{ kg ha}^{-1}$  e no biênio 2008-2007 de  $87,87 \text{ kg ha}^{-1}$ . Isso indica que um ganho de  $163,94 \text{ kg ha}^{-1}$  teria ocorrido entre estes biênios. É mais plausível que estes resultados tenham ocorrido devido ao efeito ambiental e não por ganho genético, como efeito isolado. Por outro lado, a metodologia de

modelos mistos, onde são isolados os efeitos genéticos, permitiu mensurar o ganho genético, tanto em anos favoráveis quanto desfavoráveis. Além disso, considerando as regiões homogêneas, Follmann et al. (2017), encontraram um ganho genético de 4,38% para a Região 2. Em nosso estudo, os exemplos mais extremos ocorreram para os biênios 2003/2002 e 2014/2013, com ganhos de 206 kg ha<sup>-1</sup> e 136 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente. Esse ganho é superestimado e não foi reportado em outros trabalhos no mundo, indicando que a metodologia de substituição de cultivares não é a mais adequada para o conjunto de dados analisado.

**Tabela 2.5** – Produtividade média dos ensaios a cada ano de avaliação (t ha<sup>-1</sup>), número de cultivares (n), QMe para 2002 a 2015; número de cultivares comuns (nc), taxa de manutenção (TM) e de substituição (TS), ganho de produtividade (t ha<sup>-1</sup>) e significância do teste de hipótese (Ho:ganho=0, alfa%) por biênio.

Ano	Média	n	GLe	QMe	Bienio	nc	TM	TS	Ganho	alfa%
2002	2.737	34	330	0.071074	2003/2002	20	44.44	35.48	0.206127	0
2003	3.272	31	300	0.061807	2004/2003	18	37.5	48.57	0.050457	0.002
2004	3.2467	35	884	0.081781	2005/2004	30	71.43	18.92	0.113387	0
2005	3.118	37	792	0.073569	2006/2005	28	66.67	15.15	0.021202	0.222
2006	3.1292	33	640	0.20631	2007/2006	30	78.95	14.29	-0.01775	99.913
2007	2.9492	35	748	0.081969	2008/2007	29	82.86	0	0.032069	0
2008	3.1324	29	672	0.129993	2009/2008	23	56.1	34.29	0.068623	0
2009	3.7236	35	1088	0.145625	2010/2009	23	54.76	23.33	0.017105	2.054
2010	3.9448	30	928	0.117342	2011/2010	16	36.36	46.67	0.001854	44.489
2011	4.7683	30	986	0.188222	2012/2011	26	72.22	18.75	0.034239	0
2012	3.4875	32	1054	0.136088	2013/2012	24	63.16	20	0.059215	0
2013	4.8604	30	1305	0.247114	2014/2013	22	57.89	26.67	0.136545	0
2014	3.4689	30	1334	0.11586	2015/2014	22	57.89	26.67	-0.03983	100
2015	3.3618	30	1218	0.132887	Média	23.92	60.02	25.29	0.0526	0

A estagnação no ganho genético para a cultura do trigo foi reportada em diversos países e regiões produtoras (GRASSINI et al., 2013; BRISSON et al., 2010). Essa estagnação vem sendo constatada, principalmente, em regiões onde a cultura apresenta elevada média produtiva (GRASSINI et al., 2013; BRISSON et al., 2010; PETERSEN et al., 2010). Nestes casos, ocorre a formação de platôs superiores, ou seja, a estagnação ocorre após um período de incremento linear no

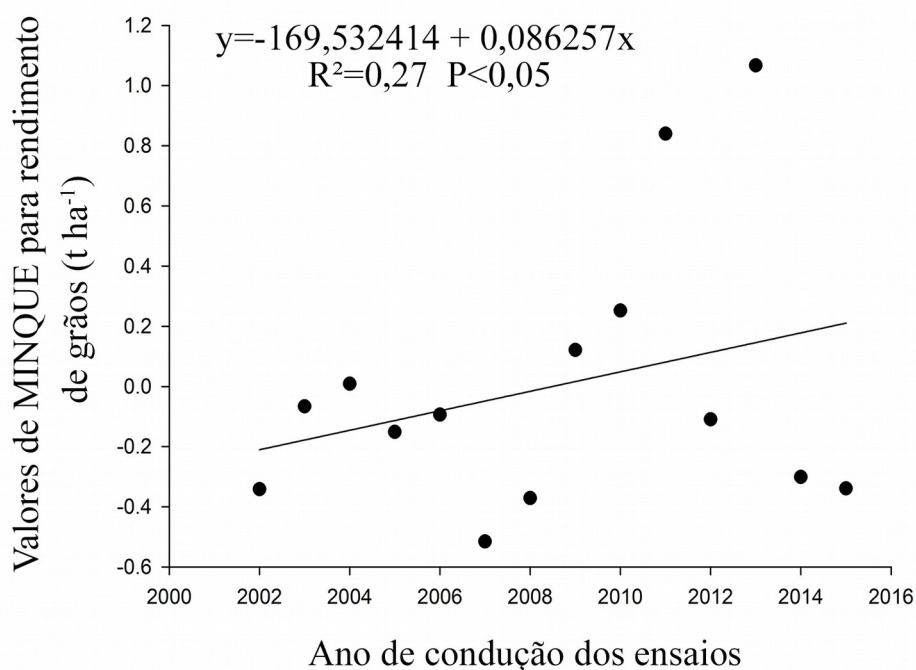
ganho genético (GRASSINI et al., 2013). Neste sentido, Grassini et al. (2013) indicaram que os casos de platôs superiores ocorrem em locais que representam 33% da produção global de arroz e 27% da produção global de trigo. O caso de estagnação do ganho genético do trigo no Brasil, observado por Beche et al. (2014), também consiste em um caso de platô superior. Contudo, diferentemente das outras regiões produtoras, onde foi verificada a tendência de estagnação, o Brasil apresenta baixas produtividades na cultura do trigo, com grandes variações nas produtividades entre anos. No ano de 2014, por exemplo, a produtividade média brasileira foi de 2165 kg ha<sup>-1</sup> e para o ano de 2016, a produtividade média foi de 3175 kg ha<sup>-1</sup>. As produtividades obtidas em 2014 foram as menores desde 2009. Já a produtividade média obtida no ano de 2016 foi a maior já registrada no Brasil (CONAB, 2017). Desta forma, não é esperado que o Brasil apresente estagnação no ganho genético para a cultura do trigo, fato este confirmado pelos resultados deste estudo.

O efeito de ano sobre o incremento no RG entre 2002 a 2014, estimado por modelos mistos, foi de 86,2 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> (R<sup>2</sup>=0,27, P<0,05) (Figura 2.2). Nessa figura é possível observar a grande variação anual no RG, o que levou a um R<sup>2</sup> baixo. Este valor representa tanto a melhoria ambiental e agronômica (solo, fertilizantes, fungicidas, densidade de semeadura, época de semeadura) quanto o ganho genético em si, resultante do desenvolvimento de cultivares mais produtivas. Quando calculado por meio do método de substituição de cultivares, o incremento anual foi de 77,3 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> (dados não apresentados).

A obtenção de uma regressão linear, positiva e significativa, para o ganho genético entre os anos de 1984 e 2014, indica que não há uma tendência à estagnação dos ganhos genéticos para a cultura do trigo no Brasil. Uma provável explicação para isso está relacionada à entrada de empresas privadas no mercado de sementes de trigo no Brasil e o conseqüente aumento da concorrência entre as empresas de melhoramento desta cultura. Isso ocorreu, basicamente, a partir da Lei de Proteção de Cultivares, que entrou em vigor no ano de 1997. Com ela, várias empresas privadas iniciaram seus programas de melhoramento e o lançamento de novas cultivares, levando ao aumento do ganho genético. Exemplo disso é que antes da expectativa de divulgação dessa lei, apenas empresas públicas como



EMBRAPA, FEPAGRO e IAPAR e cooperativas como a COODETEC e FUNDACEP (adquirida pela BAYER, em 2015) conduziam programas de melhoramento de trigo (Tabela 3). As primeiras cultivares lançadas por empresas privadas chegaram ao mercado no ano de 1996 (OR-1).



**Figura 2.2** – Efeito de ano de condução dos ensaios no incremento do rendimento de grãos para o trigo primaveril no Brasil.

A partir dos anos 2000, as empresas privadas de melhoramento passaram a ser dominantes e, atualmente, duas delas (Biotrigo e OR Sementes) respondem por ~70% do *market share* brasileiro (FLISTER & GALUSHKO, 2016). A empresa pública EMBRAPA continua apresentando grande importância no lançamento de novas cultivares e também possui importância estratégica para a triticultura brasileira por realizar pesquisa em áreas básicas como biologia, bioquímica, fitopatologia e outras áreas. Ou seja, EMBRAPA e outras instituições públicas, tais como universidades, realizam um importante trabalho que vai além do lançamento de novas cultivares. No setor privado, a pesquisa é direcionada a obtenção de novas cultivares, onde a pesquisa básica, principalmente para melhorias de manejo, muitas vezes é deixada em segundo plano ou é inexistente.

Os ganhos genéticos para rendimento de grãos obtidos no Brasil, entre os anos de 1984 e 2014, indicam que os programas de melhoramento de trigo estão sendo eficientes. Contudo, estes ganhos não são suficientes para atingir demanda

de produção indicada por prognósticos como necessária para o ano de 2050. Desta forma, novas ferramentas e técnicas são necessárias para que os incrementos necessários sejam obtidos. Aprimorar técnicas de melhoramento convencional e a utilização de biotecnologia podem ser alternativas para atingir as demandas para a cultura do trigo em 2050. Além disso, no Brasil, os programas de melhoramento têm, também, o desafio de conduzir o país à autossuficiência na produção desta cultura.

#### 2.4 Conclusões sobre o assunto Ganho genético via modelos mistos para 30 anos de melhoramento genético do trigo no Brasil

O ganho genético para o trigo primaveril nos últimos 30 anos no Brasil foi de 33,9 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>, ou seja, de 1,28% ano<sup>-1</sup>.

Não há evidências de que haja um platô nos ganhos genéticos obtidos para a cultura do trigo no Brasil no século XXI.

A metodologia de modelos mistos foi adequada para a estimação do ganho genético para a cultura do trigo.

### 3 ANÁLISE DE POPULAÇÕES MULTIPARENTAIS F2 E F3 DE TRIGO UTILIZANDO MODELOS ADITIVO-DOMINANTES

#### 3.1 Revisão da literatura para Análise de populações multiparentais F2 e F3 de trigo utilizando modelos aditivo-dominante

O melhoramento genético de plantas é composto por inúmeras etapas, o que torna o processo oneroso e demorado. O trigo (*Triticum aestivum* L.) é caracterizado como uma espécie autógama e, desta forma, é necessário o avanço de gerações para que se obtenha linhas endogâmicas. É a partir destas linhas avançadas que são selecionadas novas cultivares (GORNICKI; FARIS, 2014; METTE et al., 2015; NI et al., 2017).

Nas gerações iniciais do melhoramento, grande número de genótipos é avaliado, tornando difícil o uso de delineamentos experimentais com repetições (BONDALAPATI et al., 2014). Esta dificuldade também pode estar relacionada a outros fatores limitantes, tais como: a reduzida disponibilidade de sementes e de área para instalação dos ensaios, custos com mão de obra, e falta de recursos financeiros para conduzir os ensaios com um número ideal de repetições. Mesmo assim, é de interesse do melhorista determinar os efeitos da interação genótipo × ambiente (IGA) (WU et al., 2013). Neste sentido, obter informações úteis aos programas de melhoramento em relação a constituição genética das populações segregantes apresenta elevada importância para acelerar o processo de melhoramento e o ganho genético.

Em gerações segregantes, os fatores limitantes mencionados dificultam a utilização de delineamentos experimentais tradicionais, tais como os delineamentos em blocos e/ou em látice. Em condições ideais, esses delineamentos são preferidos pois atendem aos pressupostos da experimentação, ou seja, repetição, casualização e controle ambiental. No entanto, quando não há possibilidade de conduzir ensaios com estas características, delineamentos experimentais alternativos são necessários. Neste grupo se encontram delineamentos de linha × coluna (PIEPHO et al., 2015; PIEPHO; WILLIAMS, 2016; SRIPATHI et al., 2017) e de blocos aumentados de Federer (FEDERER, 1956; FEDERER; RAGHAVARAO, 1975; FEDERER et al., 2001; MÜLLER et al., 2010).

Estes delineamentos têm por objetivo otimizar a eficiência do controle local, mesmo em condições não ideais, ou seja, sem a utilização de repetições. Nestes tipos de delineamentos, cultivares testadoras repetidas dentro dos ensaios são utilizadas para determinar a variância residual. Um controle ineficiente da variação experimental pode resultar em elevada variância residual e diminuir a precisão das estimativas dos efeitos genéticos (BONDALAPATI et al., 2014).

Em experimentos sem repetições, a verificação da dependência espacial possui grande importância. Neste sentido, a utilização de ferramentas para a correção da dependência espacial pode incrementar a acurácia e a confiabilidade dos resultados (DUNGAN et al., 2002). Além disso, repetições podem ser simuladas com o auxílio de métodos como *jackknife* e *bootstrap* (WU et al., 2013). Vários métodos de análise da dependência espacial têm sido desenvolvidos, incluindo o método de médias móveis, de vizinho mais próximo (PIEPHO et al., 2008, DIXON, 2013), e o de krigagem ordinária (STORCK et al., 2015). Estes métodos são baseados na hipótese de que os erros entre parcelas adjacentes são mais correlacionados do que entre parcelas mais distantes.

Em gerações altamente segregantes, estudos de modelos genéticos são de grande importância, pois permitem a identificação de efeitos de aditividade e dominância, além dos efeitos da interação com o ambiente (WU et al., 2013; BONDALAPATI et al., 2014). Além disso, estes estudos permitem determinar a capacidade de combinação dos genitores, a herdabilidade dos caracteres, entre outros parâmetros de interesse. As análises tradicionais realizadas para a obtenção destas informações, requerem o desenvolvimento de delineamentos genéticos específicos, com o intuito de explorar todos os cruzamentos possíveis (GRIFFING, 1956; GARDNER; EBERHART, 1966; HALLAUER & MIRANDA, 1988; LYNCH; WALSH, 1998). Contudo, estes experimentos específicos são dispendiosos e nem sempre podem ser desenvolvidos pelo programa de melhoramento, devido ao grande número de genitores utilizados como parentais. Como exemplo, a utilização de 50 parentais em um delineamento de dialelo completo, incluindo os cruzamentos recíprocos e os parentais, requer a realização de 2450 cruzamentos artificiais. Desta forma, a utilização de cruzamentos de interesse do programa de melhoramento, e que não necessitem de todas as informações necessárias para um dialelo,

representa uma redução significativa no tempo e nos custos do programa. Portanto, a escolha da análise genética apropriada para gerações altamente segregantes, especialmente para ensaios sem repetições, é crucial para se obter informações úteis para o programa de melhoramento (WU et al., 2014).

Dentre os métodos de análise de modelos genéticos disponíveis atualmente, o modelo aditivo-dominante (AD) é um dos mais comumente utilizados para analisar dados genéticos (ZHU, 1998; WU et al. 2010a; WU et al., 2013). Modelos AD podem ser utilizados para obter informações genéticas utilizando cruzamentos realizados pelo próprio programa de melhoramento, não necessitando de experimentos específicos. Desta forma, menor número de cruzamentos pode ser realizado, reduzindo tempo e custos. Outra vantagem deste método, é a sua possibilidade de expansão, no qual o efeito materno (ZHU; WEIR, 1994), a herança citoplasmática (ZHU; WEIR, 1994; WU et al., 2010b), e modelos para a interação aditiva × aditiva (WU et al., 2006b) podem ser avaliados.

Em função da maioria dos caracteres de importância econômica em trigo serem herdados quantitativamente, a identificação dos efeitos da interação genótipo × ambiente (IGA) apresentam grande importância. Neste sentido, os modelos AD também permitem a verificação da IGA, nos quais os efeitos da IGA podem ser identificados sobre os efeitos aditivos e de dominância separadamente (WU et al., 2013; JENKINS et al., 2017). Portanto, os objetivos deste trabalho foram: identificar o melhor modelo AD para análise de dados fenotípicos de populações F2 e F3 (redução da dependência espacial e variância residual) em ensaios sem repetição; e, utilizar modelos AD para identificar efeitos de aditividade e de dominância nas gerações F2 e F3, para características de importância agrônômica no trigo.

### 3.2. Material e Métodos para Análise de populações multiparentais F2 e F3 de trigo utilizando modelos aditivo-dominante

Um total de 137 cruzamentos artificiais foram realizados no ano de 2012. Como parentais, foram utilizadas as principais cultivares brasileiras de trigo, bem como, linhagens avançadas (homozigotas) desenvolvidas pelo programa de

melhoramento de trigo da Universidade Tecnológica Federal do Paraná - UTFPR. Estas linhagens avançadas, são resultantes do cruzamento de importantes cultivares brasileiras de trigo com linhagens que apresentam genes *Rht*, visando reduzir a estatura de plantas e melhorar a sua arquitetura, cujas populações foram obtidas a partir de cruzamentos simples, duplos e triplos. No total, 56 genótipos (entre cultivares e linhagens avançadas) foram utilizadas como parentais nos cruzamentos. Na geração F2, as populações foram avaliadas em Pato Branco - PR (26°13' S e 52°40' O, altitude de 760 m) e em Realeza - PR (25°46' S 53°31' O, altitude de 520 m), no ano de 2014. Neste ano, devido à falta de sementes, as 137 populações foram avaliadas em Pato Branco - PR, mas somente 68 populações foram avaliadas em Realeza - PR. No entanto, na geração F3, todas as populações foram avaliadas em ambos os locais, no ano de 2015. Nas safras de 2014 e 2015, os ensaios não foram conduzidos nos mesmos locais, mas em áreas que apresentam características similares de solo e manejo.

Em ambos os anos de cultivo, os ensaios foram instalados na primeira quinzena de maio em Realeza - PR, e na primeira quinzena de junho em Pato Branco - PR. A densidade de semeadura foi ajustada para 350 plantas aptas m<sup>-2</sup>. Os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do trigo (RCBPTT, 2013). O delineamento experimental utilizado foi de linhas × colunas (m × n), sem repetições. Este delineamento se assemelha ao delineamento de blocos aumentados de Federer. A cultivar TBIO Mestre foi utilizada como testemunha em ambos os ensaios e anos, sendo distribuída sistematicamente em toda a área experimental. Foram utilizadas 72 repetições da cultivar em Pato Branco - PR e 40 repetições em Realeza - PR no ano de 2014. Já no ano de 2015, em ambos os locais de avaliação TBIO Mestre foi repetida 46 vezes. Esta cultivar foi utilizada como testemunha pois apresenta grande sensibilidade as variâncias ambientais, permitindo identificar as variações presentes nas áreas dos ensaios. Assim, a cultivar TBIO Mestre foi considerada como a testemunha “visível” no ensaio. Além disso, muitas das populações avaliadas apresentam parentais em comum com outras populações, e estes genitores foram considerados testemunhas “invisíveis” nos ensaios (WU et al., 2013).

As parcelas foram constituídas de 6 linhas de 3 m de comprimento,

espaçadas a 0,20 m entre si, totalizando uma área útil de 3,6 m<sup>2</sup>. Os caracteres avaliados foram: rendimento de grãos (RG, em kg ha<sup>-1</sup>), estatura de plantas (EP, em cm), massa de mil grãos (MMG, em g), massa do hectolitro (MH, em kg hL<sup>-1</sup>), número de grãos por espiga (NGE), e massa de grãos por espiga (MGE, em g). O RG foi obtido após a colheita e correção da umidade para 13%, sendo convertido para kg ha<sup>-1</sup>. A EP foi mensurada no estágio de maturação fisiológica, sendo avaliado o afilho principal de 30 plantas ao acaso por parcela, para as populações segregantes. Já para a cultivar testemunha, foram avaliadas 10 plantas ao acaso por parcela. A MH foi mensurada com aparato específico, sendo realizadas cinco mensurações independentes para cada parcela, e obtido o valor médio. A MMG foi obtida a partir da pesagem de cinco repetições independentes de 200 sementes por parcela. Posteriormente, foi obtida a média dos valores e convertido para MMG. Para os caracteres NGE e MGE, foram coletadas 30 espigas ao acaso por parcela para as populações segregantes. Já para a cultivar testemunha, 10 espigas foram coletadas ao acaso. Posteriormente, foi obtida a média do número de grãos e o peso de grãos para compor NGE e MGE, respectivamente. O menor número de plantas e espigas avaliadas para a cultivar testemunha se deve ao fato desta ser uma cultivar em homozigose, e assim apresentar maior uniformidade dentro da parcela.

A análise dos dados foi realizada com o auxílio do pacote qgtools (WU et al., 2014). Um modelo AD estendido foi utilizado para obter os efeitos de aditividade, de dominância homozigótica e heterozigótica, bem como, os efeitos da interação de aditividade x ambiente (AA) e de dominância x ambiente (DA). Para a cultivar testemunhas, os efeitos foram calculados pela seguinte equação:

$$y_{hijkk} = \mu + E_h + R_{i(h)} + C_{j(h)} + 2A_k + D_{kk} + 2AE_{hk} + DE_{hkk} + e_{hijkk}$$

onde  $y$  é o valor fenotípico,  $\mu$  é a média da testemunha,  $E_h$  é o efeito ambiental,  $R_{i(h)}$  é o efeito de linha dentro do ambiente,  $C_{j(h)}$  é o efeito de coluna dentro do ambiente,  $A_k$  e  $A_l$  são efeitos aditivos,  $D_{kk}$  ( $D_{ll}$  ou  $D_{kl}$ ) são efeitos de dominância,  $AE_{hk}$  e  $AE_{hl}$  são efeitos da interação de aditividade x ambiente,  $DE_{hkk}$  ( $DE_{hll}$  ou  $DE_{hkl}$ ) são efeitos de dominância x ambiente, e  $e_{hijkk}$  é o erro aleatório.

Para a geração F2, a equação utilizada considera os efeitos de aditividade e dominância e sua interação com o ambiente:

$$\begin{aligned}
 Y_{hijkk}(F2) = & \mu + E_h + R_{g(h)} + C_{i(h)} + (A_j + A_k + A_l + A_m) + (1/4 D_{jj} + 1/4 D_{kk} + 1/4 D_{ll} \\
 & + 1/4 D_{mm}) + (1/2 D_{jk} + 1/2 D_{lm}) + (AE_{hj} + AE_{hk} + AE_{hl} + AE_{hm}) \\
 & + (1/4 DE_{hjj} + 1/4 DE_{hkk} + 1/4 DE_{hll} + 1/4 DE_{hmm}) + (1/2 D_{hjk} \\
 & + 1/2 D_{hlm}) + e_{hgijklm}(F2)
 \end{aligned}$$

Para a geração F3, a equação utilizada foi:

$$\begin{aligned}
 Y_{hijkk}(F3) = & \mu + E_h + R_{i(h)} + C_{j(h)} + (A_j + A_k + A_l + A_m) + (3/8 D_{jj} + 3/8 D_{kk} + 3/8 D_{ll} \\
 & + 3/8 D_{mm}) + (1/4 D_{jk} + 1/4 D_{lm}) + (AE_{hj} + AE_{hk} + AE_{hl} + AE_{hm}) \\
 & + (3/8 DE_{hjj} + 3/8 DE_{hkk} + 3/8 DE_{hll} + 3/8 DE_{hmm}) + (1/4 D_{hjk} \\
 & + 1/4 D_{hlm}) + e_{hgijklm}(F2)
 \end{aligned}$$

onde  $\mu$ ,  $E_h$ ,  $R_g(h)$  and  $C_i(h)$  foram definidos anteriormente. Efeitos de linhas e colunas foram considerados como aleatórios dentro de cada ambiente.  $A_j$  ( $A_k$ ,  $A_l$ ,  $A_m$ ) são os efeitos aditivos;  $D_{jj}$  ( $D_{kk}$ ,  $D_{ll}$ ,  $D_{mm}$ ,  $D_{jk}$ ,  $D_{lm}$ ) são efeitos de dominância; e  $AE_{hj}$  ( $AE_{hk}$ ,  $AE_{hl}$ ,  $AE_{hm}$ ) são os efeitos da interação de aditividade x ambiente (AA).

Para a realização das análises, foi utilizada a função `ad4reml.jack`, que permite a análise de cruzamentos multiparentais, que contenham dois, três ou quatro parentais. Neste estudo, foi utilizada a técnica de jackknife g-fold foi utilizada (WU et al., 2013). Todos os resultados apresentados são baseados na utilização de 30 ciclos de jackknife ((JacNum=30) e simulação de 10 repetições (JacRep=10), e os resultados obtidos foram consistentes entre as repetições simuladas. Vale ressaltar, que as equações apresentadas para as gerações F2 e F3 podem ser convertidas para diferentes tipos de cruzamentos. Por exemplo, se  $j=k=l=m$ , o modelo AD corresponde a avaliação dos genitores. Se  $j=k$  e  $l=m$ , as equações se referem a um cruzamento biparental. Se  $j=k$  e  $l \neq m$ , ou se  $j \neq k$  e  $l=m$ , a equação se refere a um cruzamento triplo. Já se  $j \neq k$  e  $l \neq m$ , então a equação se refere a um cruzamento duplo, ou seja, envolvendo quatro genitores.

Para a identificação do procedimento ideal de análise dos dados, três



comparações foram inicialmente utilizadas: 1) ad4reml.jack com os dados originais e com os parâmetros default (JacNum=10 e JacRep=1); 2) ad4reml.jack com os dados originais, mas com JacNum=30 e JacRep=10; 3) ajuste dos dados fenotípicos utilizando o pacote mvnggrad package (TECHNOW, 2011) e subsequente uso de ad4.reml.jack com JacNum=30 e JacRep=10. Após essa etapa, os resíduos de cada procedimento foram plotados com auxílio do pacote desplot (WRIGHT, 2016). Estas etapas foram realizadas para o caractere RG, e o melhor procedimento identificado anteriormente foi utilizado para os demais caracteres avaliados. O RG foi escolhido por ser um caractere quantitativo e que tem maior probabilidade de apresentar dependência espacial, além de ser um dos caracteres mais importantes para a cultura do trigo.

### 3.3 Resultados e Discussão para o assunto Análise de populações multiparentais F2 e F3 de trigo utilizando modelos aditivo-dominante

Para a identificação do melhor procedimento de análise de modelos aditivo-dominantes em ensaios sem repetição, duas características são essenciais (Figura 3.1). A primeira se refere a capacidade do procedimento em retirar a dependência espacial presente nos ensaios, e a segunda à sua capacidade em reduzir a variância do erro experimental. A identificação e procedimento de análise que atenda adequadamente a estas questões possibilita a obtenção de resultados mais confiáveis e úteis para os programas de melhoramento. Isso permite a identificação dos efeitos genéticos reais dos genótipos avaliados.

O método de médias móveis (*moving grid*) (TECHNOW, 2011) se mostrou eficiente em reduzir a dependência espacial dos experimentos, levando à aleatoriedade da distribuição da variância do erro, ou seja, propiciando a independência dos erros (WAGNER & FORTIN, 2005). Já a utilização em conjunto das metodologias de *moving grid* e da técnica de *jackknife* de simulação de repetições, permitiu a redução da variância do erro nos ensaios (Figura 3.1).

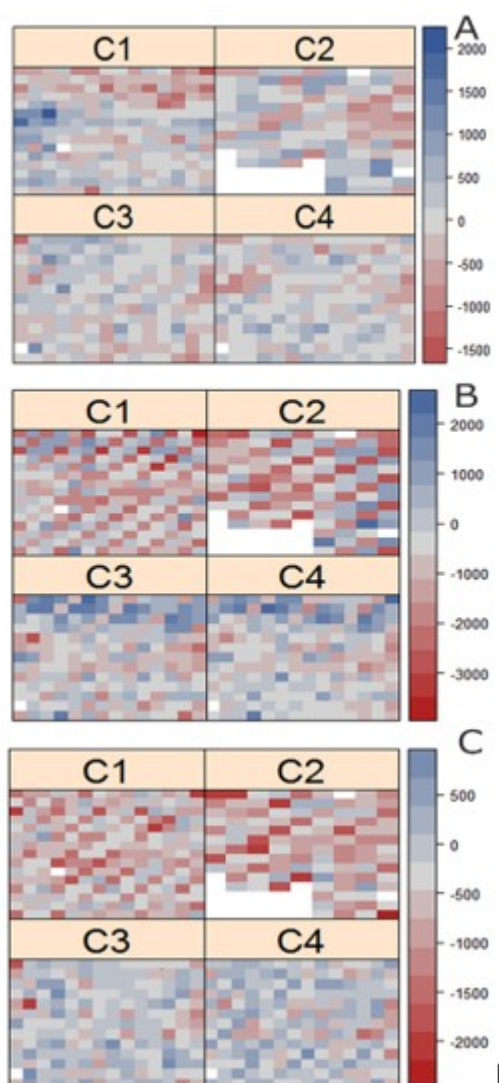


Figura 3.1 – Distribuição das variâncias do erro experimental para as 137 populações F2 e F3. A: dados originais; B: dados originais com utilização de 30 ciclos de Jackknife e 10 JackRep; C: Ajuste dos dados fenotípicos por meio da média móvel (mvnggrad package, Technow (2011)), com posterior utilização de 30 ciclos de Jackknife e 10 JackRep. C1: F2 em Pato Branco - 2014; C2: F2 em Realeza - 2014; C3: F3 em Pato Branco - 2015; C4: F3 em Realeza - 2015.

A maioria dos caracteres de interesse agrônômico, e que são alvos dos programas de melhoramento, são controlados por elevado número de genes que possuem pequeno efeito individual sobre o fenótipo, e dessa forma, são considerados caracteres quantitativos (FALCONER, 1989). Estes caracteres são fortemente influenciados pelos efeitos ambientais, ou seja, apresentam elevada interação genótipo  $\times$  ambiente (IGA) (ALONSO-BLANCO; MÉNDEZ-VIGO, 2014). Isso faz com que o fenótipo do cultivar apresente diferenças de desempenho entre

os ambientes em que são avaliados.

O RG é um dos caracteres de maior importância para o melhoramento de trigo, e este é controlado por um elevado número de genes. No entanto, outros caracteres que estão diretamente relacionados ao rendimento, tais como a MH, MMG, NGE e MGE, possuem um controle gênico menos complexo comparativamente ao RG, apesar de apresentarem controle genético quantitativo. Da mesma forma, o caractere estatura de planta também possui fundamental importância para o melhoramento. A inserção de genes para a redução da estatura de planta, denominados de genes de nanismo ou genes *Rht*, foi um dos principais avanços que possibilitaram os aumentos significativos do rendimento de grãos a partir da década de 1960. Essa característica permitiu que se aumentasse consideravelmente a adubação química sem a ocorrência de acamamento, e que esta pudesse ser revertida em aumentos de rendimento.

Para ensaios sem repetição e com delineamentos experimentos de linhas  $\times$  colunas, cultivares testemunhas são incluídas e distribuídas na área experimental. A inclusão destas testemunhas permite a determinação do erro experimental, reduzindo a variância do resíduo e o viés na estimação dos efeitos genéticos (BONDALAPATI et al., 2014). Nestes experimentos, a cultivar TBIO Mestre foi utilizada como testemunha em todos os ensaios. A utilização desta cultivar ocorreu devido a sua capacidade de interagir com o ambiente, ou seja, a mesma responde positivamente a melhoria do ambiente e negativamente a ambientes desfavoráveis. Essa cultivar apresentou média produtiva superior as populações avaliadas (F2 e F3) em três dos quatro ensaios conduzidos (Tabela 3.1). Somente no ensaio F2 em Realeza, a média das populações (3114 kg ha<sup>-1</sup>) foi superior à média da testemunha (2929 kg ha<sup>-1</sup>). Também foi constatado, que o desvio padrão para a testemunha foi inferior as populações em todos os ensaios. Da mesma forma, os valores mínimos para a testemunha foram superiores aos obtidos pelas populações em todos os ensaios. Em relação aos valores máximos, TBIO Mestre apresentou valores máximos inferiores ao observado para as populações em F2. Contudo, a testemunha foi superior as populações na geração F3, com 5547 kg ha<sup>-1</sup> e 5260 kg ha<sup>-1</sup> em Pato Branco e Realeza, respectivamente. Essa diferença ocorreu provavelmente devido à presença de efeitos residuais de heterose na

geração F2.

Mesmo sendo uma espécie autógama, diversos autores já constataram a presença de heterose em híbridos de trigo. Em estudo recente realizado por Zhao et al. (2015), os autores identificaram 9% de superioridade para RG de alguns híbridos sobre as melhores cultivares lançadas a partir de linhas homozigotas. Da mesma forma, em estudo realizado por Longin et al. (2012), foi constatado incremento no RG associado com a heterose variando entre 3,5 e 15%. Já na geração F3, ocorreu a segregação e estes efeitos foram reduzidos em 50%, o que levou a testemunha a apresentar desempenho superior em ambos os locais de avaliação. É esperado que com a segregação e redução dos efeitos da heterose, a testemunha apresente médias superiores as populações, devido a cultivar ter passado pelo processo de seleção.

A amplitude das diferenças entre os valores mínimos e máximos, também foi inferior para a cultivar TBIO Mestre em comparação ao conjunto de populações, o que se deve, principalmente, à condição de homozigose do cultivar. Contudo, é possível visualizar a grande diferença entre as parcelas em uma mesma área experimental. Isso demonstra a aptidão/sensibilidade desta cultivar na identificação de diferenças de ambiente dentro da área experimental. Essa diferença é de suma importância na condução de ensaios sem repetição, tais como blocos aumentados de Federer e delineamentos de linha  $\times$  coluna. Além disso, essa característica do cultivar permite a utilização de ferramentas de geoestatística para a identificação das melhores populações (vizinho mais próximo, médias móveis, krigagem ordinária, etc).

Para o caractere EP, a média da testemunha foi inferior à média das populações F2 e F3 em ambos os locais de avaliação. A testemunha também apresentou um menor DP e uma menor amplitude de valores em relação ao conjunto de populações. Esse comportamento era esperado, por ser uma cultivar e por ter passado por um processo de seleção, onde qual a menor estatura é uma característica de interesse visando evitar a ocorrência de acamamento. A obtenção de genótipos com menor estatura e com genes *Rht*, foi um dos principais fatores que permitiram aumentos significativos de produtividade em trigo, pois permitiu a utilização de maiores doses de fertilizantes sem a ocorrência de acamamento. Já

para os caracteres relacionados aos grãos (MH, MMG, NGE e MGE), a testemunha apresentou médias similares as populações, porém, com menor amplitude e DP em ambos os locais de teste.

**Tabela 3.1** – Estatísticas descritivas para rendimento de grãos (RG), massa de hectolitro (MH), massa de mil grãos (MMG), estatura de planta (EP), número de grãos por espiga (NGE) e massa de grãos por espiga (MGE) avaliados em populações F2 e F3 de trigo e para a cultivar testemunha TBIO Mestre, nos anos de 2014 e 2015 em dois locais.

Estatísticas	RG	MH	MMG	EP	NGE	MGE	RG	MH	MMG	EP	NGE	MGE
	Populações F2 2014 - Pato Branco						Cultivar TBIO Mestre - Pato Branco					
Média	3225	75,86	35,64	94,25	41,23	1,43	3658	76,26	33,92	88,62	42,11	1,47
DP*	668,78	1,39	3,21	7,46	6,04	0,25	588,65	0,81	1,20	2,62	4,53	0,19
Min V	1716,39	71,50	27,07	77,40	19,87	0,61	2084,72	75,10	31,07	83,00	31,67	1,06
Max V	5567,78	78,47	44,52	129,40	61,80	2,18	4984,72	80,20	36,04	94,67	55,80	2,12
	Populações F2 2014 - Realeza						Cultivar TBIO Mestre - Realeza					
Média	3114	74,59	35,09	93,82	41,63	1,53	2929	75,25	33,56	88,98	42,58	1,36
DP	626,78	3,57	4,07	7,18	6,91	0,26	434,58	2,23	1,60	3,80	4,85	0,20
Min V	1249,33	61,90	24,84	77,00	21,20	0,68	2264,17	70,00	30,42	79,24	30,55	0,93
Max V	4372,33	80,40	45,66	114,41	64,82	2,33	3815,56	79,40	37,15	98,07	55,51	1,82
	Populações F3 2015 - Pato Branco						Cultivar TBIO Mestre - Pato Branco					
Média	3849	76,21	34,11	92,20	45,77	1,61	4521	76,73	32,92	88,80	50,39	1,55
DP	513,93	2,28	3,81	8,23	6,42	0,26	497,31	1,10	1,72	3,85	4,56	0,19
Min V	1887,28	68,99	27,37	72,00	26,67	0,74	3107,78	74,24	28,96	79,70	40,04	1,11
Max V	5244,56	82,64	45,67	120,77	61,93	2,47	5547,50	79,12	36,05	97,67	63,73	2,17
	Populações F3 2015 - Realeza						Cultivar TBIO Mestre - Realeza					
Média	3812	75,87	33,49	90,57	50,36	1,68	4435	76,05	33,18	88,07	52,19	1,67
DP	508,96	1,37	3,58	8,71	6,47	0,25	402,74	1,21	1,40	2,99	4,52	0,20
Min V	1808,33	71,72	26,03	70,50	28,50	0,84	3370,83	72,32	29,43	81,91	41,94	1,22
Max V	5071,39	80,40	42,61	126,24	69,97	2,46	5260,00	78,80	36,18	95,73	64,68	2,43

\* DP: desvio padrão; Min V: valor mínimo, Max V: valor máximo.

As estimativas dos componentes da variância para o conjunto das gerações F2 e F3, indicam que há variância aditiva ( $p < 0,01$ ) para os caracteres RG, MH, MMG e EP (Tabela 3.2). Os efeitos de dominância foram significativos para todos os caracteres avaliados, com exceção da MH. Também foi verificada variância significativa para os efeitos da interação de aditividade  $\times$  ambiente para os caracteres RG, MH, EP, NGE e MGE. Já para os efeitos da interação dominância  $\times$  ambiente, estes somente foram significativos para o caractere MMG.

**Tabela 3.2** – Estimativas dos componentes da variância para seis caracteres de importância agrônômica em populações F2 e F3, avaliadas nos anos de 2014 e 2015, em dois locais.

Componente da variância	RG	MH	MMG	EP	NGE	MGE
$V_Y$	6,65	0,19**	0,44**	0,62*	7,37**	0,005**
$V_A$	191858,60**	0,73**	6,97**	30,76**	0,00	0,000
$V_D$	727532,40**	0,75	26,09**	164,13**	226,80**	0,324**
$V_{AE}$	172642,90**	0,31*	0,00	7,26**	13,51**	0,019**
$V_{DE}$	0,00	0,00	3,29**	0,00	0,00	0,000
$V_e$	427546,30**	3,17**	3,27**	20,58**	28,41**	0,039**

\*, \*\* significante a  $P < 0,05$  e  $0,01$ , respectivamente

As variâncias, quando expressas em proporção em relação a variância fenotípica, indicaram que a variância de dominância representou a maior parte da variação observada para a maioria dos caracteres avaliados, com exceção do caractere MH. Para o caractere RG, a variância de dominância respondeu por aproximadamente 48% da variação fenotípica (Tabela 3.3). No entanto, em estudo realizado por Wu et al. (2014), os autores encontraram superioridade da variância de aditividade em relação a variância de dominância para este caractere. Para os caracteres MMG, EP, NGE e MGE, a variância de dominância foi superior a 65%, alcançando valores próximos a 84%. Já para o caractere MH, 62% da variância fenotípica foi alocada na variância do erro experimental. A variância aditiva expressa em proporção da variância fenotípica (Tabela 3.3) é equivalente a herdabilidade no sentido restrito (WU et al., 2013). Dessa forma, os resultados obtidos sugerem que a seleção para todos os caracteres avaliados em gerações altamente segregantes possui baixa eficiência, e que esta deve ser realizada em gerações avançadas com elevado nível de homozigose.

As estimativas dos componentes da variância, quando expressos como proporções em relação a variância fenotípica, podem ser utilizados na determinação da herdabilidade de caracteres (Tabela 3.3). A herdabilidade descreve quanto de um caractere é transferido dos genitores para os descendentes. A partir dos parâmetros obtidos, tanto a herdabilidade no sentido amplo ( $H^2$ ) quanto no sentido restrito ( $h^2$ ) podem ser determinadas. Neste sentido, a herdabilidade no sentido amplo consiste na razão entre a soma das variâncias de aditividade e dominância em relação a

variância fenotípica total. Já a herdabilidade restrita consiste na razão entre a variância aditiva e a variância fenotípica total (WU et al., 2013).

**Tabela 3.3** – Estimativas dos componentes da variância expressos em porcentagem em relação a variância fenotípica total para seis caracteres de importância agrônômica em populações F2 e F3, avaliadas nos anos de 2014 e 2015, em dois locais.

Componente da variância	RG	MH	MMG	EP	NGE	MGE
$V_Y/V_P$	0,000	0,037**	0,011**	0,003*	0,027**	0,012**
$V_A/V_P$	0,126**	0,144**	0,174**	0,137**	0,000	0,000
$V_D/V_P$	0,478**	0,139	0,651**	0,735**	0,821**	0,838**
$V_{AE}/V_P$	0,114**	0,060*	0,000	0,033**	0,049**	0,050**
$V_{DE}/V_P$	0,000	0,000	0,089**	0,000	0,000	0,000
$V_e/V_P$	0,282**	0,620**	0,077**	0,092**	0,103**	0,100**

\*, \*\* significante a  $P < 0,05$  e  $0,01$ , respectivamente

A  $H^2$  foi elevada para os caracteres RG (0,604), MMG (0,825), EP (0,872), NGE (0,821) e MGE (0,838). Somente para o caractere MH, a  $H^2$  foi baixa (0,283).  $H^2$  consiste na mensuração da repetibilidade por meio do qual um caractere pode ser determinado e se caracteriza como uma avaliação da reprodutibilidade das diferenças genéticas (CONDON; RICHARDS, 1992).

A  $h^2$  é muito importante no melhoramento genético de plantas, e especialmente na seleção em gerações iniciais do melhoramento, ou seja, gerações F2 e F3, por exemplo. Uma maior  $h^2$  permite um maior progresso genético quando a seleção é feita nestas gerações e poucas avaliações são necessárias (KADARIYA et al., 2011). Neste estudo, foram identificados baixos valores de  $h^2$ : 0,126 para RG, 0,144 para MH, 0,174 para MMG, e 0,137 para EP. A presença de baixas  $h^2$  indica que a seleção será mais eficiente em gerações homozigotas, ou próximas a homozigose.

Os efeitos aditivos preditos apresentam elevada importância para o desenvolvimento de linhagens de trigo, pois equivalem a capacidade geral de combinação dos genitores (WU et al., 2014). Assim, tais estimativas podem ser utilizadas para a escolha adequada de genitores para comporem os blocos de cruzamentos. Os efeitos aditivos preditos indicam que algumas cultivares e linhagens avaliadas apresentam efeito positivo para RG (Tabela 3.4 e 3.5). Neste

sentido, podem ser destacados os cultivares TBIO Seletto, Mirante, TBIO Mestre, TBIO Sinuelo e Ametista. Entre as linhagens avançadas, pode-se destacar a UTFT 0932, UTFT 0908 e UTFT 0944, embora estas apresentem efeitos aditivos menores do que os obtidos pelas cultivares supracitadas. Efeitos aditivos negativos também foram observados, principalmente nas linhagens UTFT 0954, UTFT 0952, UTFT 0931 e UTFT 0982, e nas cultivares Marfim, TBIO Bandeirantes e TEC Vigore. As cultivares, com os maiores efeitos aditivos positivos, são reconhecidas como cultivares altamente produtivas e que são amplamente cultivadas. A cultivar testemunha TBIO Mestre também esteve entre as melhores cultivares. Assim, cultivares e linhagens que apresentam efeitos aditivos positivos podem ser utilizados como genitores com elevada capacidade geral de combinação para elevar o RG em trigo (BONDALAPATI et al., 2014). Além disso, genótipos com efeitos aditivos negativos podem reduzir o RG caso sejam utilizados como genitores. Esses genitores devem ser excluídos dos blocos de cruzamento.

As linhagens com os maiores efeitos aditivos negativos para RG, possuem em sua constituição genes de nanismo da família *Rht*, ou seja, são provenientes de cruzamentos entre cultivares altamente produtivas e genótipos que apresentam um ou mais genes *Rht*. Esses cruzamentos foram realizados visando o estudo da herança genética do caractere EP, e também para reduzir a estatura das populações obtidas, uma vez que o aumento da estatura está novamente se tornando um problema para a cultura do trigo. Esse problema vem ocorrendo, pois a cada ciclo de seleção, linhagens de maior estatura se mostram mais produtivas e por consequência, têm sido selecionadas. Outro problema se refere a dificuldade de aplicação e da baixa eficiência apresentada por reguladores de crescimento, que podem ser utilizados visando reduzir a estatura das plantas. Dentre as linhagens que se destacam por apresentar efeito aditivo negativo para EP estão: UTFT 0908, UTFT 11251, UTFT 0932 e UTFT 0973. No entanto, de maneira geral, as linhagens UTFT exibiram boa capacidade geral de combinação visando a redução da estatura de plantas. E dentre as cultivares, CD 124 e Quartzo possuem elevado potencial para reduzir a estatura de plantas. Neste sentido, pode-se destacar que as linhagens UTFT 0908 e UTFT 0932 possuem efeitos aditivos positivos para RG e negativos para EP, o que é de interesse para o melhorista.



Para o caractere MH (Tabelas 3.4 e 3.5), os maiores efeitos aditivos positivos foram observados nas cultivares TBIO Seleto e Topazio e a linhagem UTFT 0931. Já a cultivar Marfim e as linhagens UTFT 0954, UTFT 0972 e UTFT 0952, apresentaram efeito aditivo negativo para essa característica. Em relação ao caractere MMG, os maiores efeitos aditivos positivos foram observados nos cultivares BRS 327, IPR 85, BRS Tangará e TBIO Bandeirantes e para as linhagens UTFT 0931, UTFT 0915 e UTFT 0827. Esta última também apresentou o maior efeito aditivo geral para este caractere. No que tange aos efeitos aditivos negativos para esse caractere, BRS 331 e CD 125 foram as cultivares que apresentaram os valores mais negativos. Já entre as linhagens, UTFT 0954 foi a linhagem com o valor mais negativo.

**Tabela 3.4** – Efeitos aditivos preditos para cultivares e linhagens de trigo para os caracteres rendimento de grãos e massa de hectolitro, avaliados nas gerações F2 e F3, em dois locais, nos anos de 2014 e 2015.

Genitor	Rendimento de Grãos			Massa de hectolitro		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
Ametista	304,9	30,64	0	0,17	0,07	0,246
BRS 327	242,27	37,8	0	0,46	0,09	0
BRS 328	82,78	21,53	0,015	0,57	0,11	0,001
BRS 331	43,93	20,46	0,428	-0,23	0,1	0,286
BRS Gralha Azul	118,73	25,07	0,001	0,1	0,07	0,872
BRS Pardela	-150,98	31,43	0,002	0,17	0,08	0,454
BRS Tangará	-123,71	28,48	0,003	-0,15	0,07	0,338
CD 108	43,82	15,98	0,16	-0,15	0,04	0,03
CD 124	111,79	27,73	0,007	-0,49	0,09	0
CD 125	-3,78	22,54	1	-0,08	0,03	0,169
CD 1252	-14,27	22,94	1	0,61	0,09	0
CD 150	-115,35	25,09	0,004	0,17	0,06	0,169
CD 154	-102,41	21,26	0,001	0,13	0,06	0,385
CD 1550	199,68	29,85	0	0,18	0,08	0,445
FCEP Bravo	83,19	20,63	0,011	0,09	0,05	0,594
FCEP Horizonte	230,31	41,44	0	0,44	0,09	0,001
IPR 85	-122,18	20,57	0	0,73	0,1	0
IPR Catuara	189,65	22,17	0	0,56	0,06	0
JF 90	48,03	18,23	0,205	-0,34	0,1	0,025
Marfim	-590,15	93,02	0	-1,1	0,27	0,004
Mirante	486,52	57,25	0	0,46	0,08	0

Tabela 3.4 – Continuação...

Genitor	Rendimento de Grãos			Massa de hectolitro		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
Onix	-137,05	25,78	0,001	-0,78	0,15	0,001
Quartzo	226,64	28,43	0	-0,38	0,11	0,027
Supera	6,12	11,69	1	-0,27	0,06	0,002
Taurum	38,52	14,27	0,179	0,12	0,07	0,7
TBIO Bandeirantes	-335,67	60,68	0	-0,17	0,09	0,622
TBIO Itaipu	63,27	25,09	0,251	-0,15	0,11	0,944
TBIO Ivai	176,84	28,68	0	0,65	0,06	0
TBIO Mestre	451,69	60,62	0	0,51	0,12	0,003
TBIO Pioneiro	7,08	20,08	1	0,08	0,07	0,972
TBIO TBIO Seletto	488,18	48,59	0	1,56	0,15	0
TBIO Sinuelo	401,3	52,91	0	0,78	0,12	0
TBIO Tibagi	66,26	24,57	0,163	0,13	0,11	0,978
TEC Vigore	-243,61	48,19	0,001	-0,1	0,08	0,965
Topazio	278,67	34,27	0	1,15	0,13	0
UTFT 01	-26,72	19,11	0,899	-0,06	0,04	0,778
UTFT 02	128,61	35,26	0,02	-0,78	0,11	0
UTFT 0827	-169,38	47,51	0,022	0,09	0,07	0,958
UTFT 0908	189,54	32,12	0	-0,17	0,06	0,11
UTFT 0914	41,00	19,23	0,443	-0,58	0,11	0
UTFT 0915	-12,96	26,84	1	0,48	0,08	0
UTFT 0931	-434,04	64,06	0	0,66	0,12	0
UTFT 0932	219,83	23,83	0	0,36	0,04	0
UTFT 0934	40,98	27,83	0,861	0,01	0,06	1
UTFT 0937	-42,27	32,75	0,889	-0,92	0,1	0
UTFT 0944	122,48	23,47	0	-0,24	0,03	0
UTFT 0952	-911,26	124,94	0	-1,18	0,19	0
UTFT 0954	-1281,18	167,71	0	-1,48	0,31	0,001
UTFT 0972	14,32	23,49	1	-1,26	0,17	0
UTFT 0973	-0,66	15,18	1	0,27	0,05	0
UTFT 0982	-304,49	65,2	0,001	0,18	0,05	0,02
UTFT 0985	96,72	34,12	0,124	-0,66	0,09	0
UTFT 11251	-121,5	19,01	0	-0,13	0,08	0,763

Os efeitos da interação entre os efeitos aditivos com o ambiente, são apresentados no Apêndice A. A avaliação em mais de um local, mesmo em gerações F2 e F3, possibilita a identificação de populações que apresentem comportamento favorável em ambos os locais de avaliação. Este pode consistir no

primeiro passo para a verificação de futuras cultivares com adaptação ampla (QIN et al., 2015). Desta forma, para o caractere RG, interação de efeitos aditivos × ambiente positivos foram observados nos cultivares Ametista, TBIO Mestre, Mirante e TBIO Seletto, em ambos os locais de avaliação (Pato Branco e Realeza). Também foi observado que algumas cultivares que apresentam efeitos de interação aditivo-ambiente (IGA) em um local, apresentam efeito inverso no outro. Este é o caso dos cultivares BRS 327 e Quartzo, com efeitos positivos somente em Realeza e Pato Branco, respectivamente. Da mesma forma, as cultivares Itaipu e Sinuelo evidenciaram elevados efeitos positivos em Pato Branco, enquanto que em Realeza apresentaram elevados efeitos negativos. Por fim, também foram identificados genótipos com elevados efeitos negativos em ambos os ambientes, como é o caso dos cultivares TBIO Bandeirantes, Marfim e TEC Vigore, e das linhagens UTFT 0931, UTFT 0952 e UTFT 0954.

**Tabela 3.5** – Efeitos aditivos preditos para cultivares e linhagens de trigo para os caracteres massa de mil grãos e estatura de plantas, avaliados nas gerações F2 e F3, em dois locais, nos anos de 2014 e 2015.

Genitor	Massa de Mil Grãos			Estatura de Planta		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
Ametista	-0,20	0,09	0,429	0,84	0,18	0,002
BRS 327	3,26	0,18	0	6,43	0,7	0
BRS 328	0,96	0,13	0	-0,61	0,22	0,117
BRS 331	-3,36	0,13	0	6,87	0,47	0
BRS Gralha Azul	-0,38	0,11	0,031	6,37	0,37	0
BRS Pardela	-0,7	0,09	0	-0,93	0,21	0,003
BRS Tangará	2,98	0,22	0	5,84	0,49	0
CD 108	-0,12	0,11	0,983	-3,7	0,31	0
CD 124	1,24	0,1	0	-6,26	0,38	0
CD 125	-3,84	0,33	0	-0,12	0,2	1
CD 1252	1,31	0,12	0	-2,68	0,42	0
CD 150	0,73	0,16	0,002	-2,83	0,43	0
CD 154	-1,43	0,15	0	-3,09	0,23	0
CD 1550	-0,83	0,09	0	1,58	0,21	0
FCEP Bravo	-1,88	0,1	0	-0,01	0,13	1
FCEP Horizonte	-1,18	0,31	0,013	-1,51	0,36	0,007
IPR 85	3,70	0,19	0	-3,18	0,22	0
IPR Catuara	1,55	0,11	0	0,76	0,23	0,045

Tabela 3.5 – Continuação...

Genitor	Massa de Mil Grãos			Estatura de Planta		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
JF 90	-0,6	0,09	0	-0,41	0,2	0,532
Marfim	0,77	0,19	0,007	4,82	0,7	0
Mirante	-0,59	0,14	0,004	4,38	0,73	0
Onix	0,73	0,11	0	-0,87	0,2	0,006
Quartzo	-0,73	0,08	0	-4,54	0,39	0
Supera	-1,01	0,09	0	1,39	0,19	0
Taurum	0,49	0,1	0,001	-0,49	0,16	0,084
TBIO Bandeirantes	2,32	0,13	0	1,78	0,37	0,001
TBIO Itaipu	-0,48	0,09	0	-2,63	0,2	0
TBIO Ivai	1,79	0,23	0	13,19	1,86	0
TBIO Mestre	1,84	0,16	0	-2,17	0,28	0
TBIO Pioneiro	-1,49	0,1	0	1,48	0,17	0
TBIO TBIO Seletto	1,18	0,22	0	-1,22	0,36	0,039
TBIO Sinuelo	-0,74	0,18	0,005	-0,65	0,45	0,816
TBIO Tibagi	-0,94	0,11	0	-0,18	0,25	0,999
TEC Vigore	1,75	0,22	0	2,46	0,31	0
Topazio	0,11	0,15	0,999	1,12	0,32	0,036
UTFT 01	1,85	0,17	0	-0,3	0,23	0,93
UTFT 02	0,58	0,14	0,008	6,76	0,43	0
UTFT 0827	2,58	0,35	0	-2,01	0,39	0,001
UTFT 0908	-0,16	0,32	1	-6,98	0,44	0
UTFT 0914	-2,75	0,22	0	3,56	0,34	0
UTFT 0915	2,64	0,15	0	2,28	0,38	0
UTFT 0931	4,32	0,32	0	0,82	0,46	0,679
UTFT 0932	-1,63	0,18	0	-6,22	0,55	0
UTFT 0934	-0,68	0,15	0,002	-3,51	0,42	0
UTFT 0937	-0,37	0,12	0,095	0,12	0,28	1
UTFT 0944	-0,34	0,11	0,055	-1,57	0,51	0,066
UTFT 0952	0,06	0,15	1	-0,95	0,4	0,3
UTFT 0954	-4,22	0,28	0	1,38	0,37	0,016
UTFT 0972	-2,38	0,21	0	0,94	0,22	0,003
UTFT 0973	-0,42	0,1	0,004	-6,41	0,48	0
UTFT 0982	-2,62	0,21	0	-0,47	0,29	0,774
UTFT 0985	-1,37	0,18	0	-2,02	0,69	0,14
UTFT 11251	-1,28	0,09	0	-6,65	0,64	0

Os efeitos genéticos de dominância estão associados com a heterose ou vigor híbrido em diferentes gerações. Como foi verificado na Tabela 3.3, os

efeitos de dominância foram superiores aos de aditividade para a maioria dos caracteres avaliados no presente estudo. Para o caractere RG, os maiores efeitos positivos preditos de dominância homozigótica foram identificados para Ametista, TBIO Bandeirantes, BRS 327, CD 150, CD 1550, BRS Galha Azul, Marfim, Mirante, Onix e TBIO Seletto (Tabela 3.6). Já entre as linhagens se destacaram: UTFT 0931, UTFT 0952 e UTFT 0954. Os efeitos de dominância determinam o nível de depressão endogâmica após a autofecundação. Assim, efeitos negativos de dominância homozigota para os genitores podem resultar em maiores efeitos de depressão endogâmica na progênie, quando estes forem utilizados em cruzamento (KADARIYA et al., 2011). Desta forma, ambos os efeitos são importantes quando os melhoristas estão interessados no desenvolvimento de híbridos. O maior efeito negativo de dominância homozigota para RG foi observado na cultivar CD 1252. Já entre as linhagens, não foram observados valores de dominância homozigótica negativa e significativa para RG.

**Tabela 3.6** – Efeitos preditos de dominância homozigótica em trigo para os caracteres rendimento de grãos, massa de mil grãos e estatura de plantas, avaliadas nas gerações F2 e F3, em dois locais, nos anos de 2014 e 2015.

Genitor	Rendimento de Grãos			Massa de Mil Grãos			Estatura de Plantas		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
Ametista	1847,27	106,36	0,000	-0,87	0,43	0,515	-1,46	0,74	0,559
BRS 327	1343,35	92,28	0,000	1,30	0,78	0,748	9,03	2,77	0,060
BRS 328	1064,55	73,00	0,000	-9,38	0,70	0,000	-7,74	0,98	0,000
BRS 331	984,72	70,91	0,000	-7,82	0,53	0,000	7,41	2,02	0,025
BRS Galha Azul	2402,46	125,31	0,000	-10,43	0,44	0,000	-8,54	2,06	0,016
BRS Pardela	-200,39	115,00	0,697	-3,60	0,45	0,000	-6,78	0,83	0,000
BRS Tangará	924,67	71,38	0,000	-6,18	0,93	0,000	-1,61	2,03	0,994
CD 108	471,16	66,20	0,000	-1,83	0,57	0,061	-10,02	1,44	0,000
CD 124	725,16	98,99	0,000	2,16	0,41	0,000	-16,45	1,51	0,000
CD 125	154,05	69,93	0,396	-7,72	0,60	0,000	-1,24	0,46	0,169
CD 1252	-282,71	86,19	0,046	-0,01	0,68	1,000	-11,59	1,72	0,000
CD 150	1441,36	93,01	0,000	-8,27	0,63	0,000	-4,73	1,57	0,091
CD 154	-78,27	65,10	0,969	-4,11	0,46	0,000	-6,36	0,68	0,000
CD 1550	1477,09	110,05	0,000	-2,53	0,52	0,001	-4,98	1,11	0,003
FCEP Bravo	833,66	76,57	0,000	-8,27	0,50	0,000	-3,41	1,02	0,044
FCEP Horizonte	978,98	74,76	0,000	-1,68	0,76	0,395	-3,10	1,69	0,634

Tabela 3.6 – Continuação...

Genitor	Rendimento de Grãos			Massa de Mil Grãos			Estatura de Plantas		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
IPR 85	-141,49	57,78	0,261	1,98	0,86	0,334	-17,96	1,40	0,000
IPR Catuara	608,00	53,46	0,000	2,20	0,30	0,000	1,78	0,74	0,270
JF 90	611,48	85,19	0,000	-3,55	0,51	0,000	-4,09	1,04	0,009
Marfim	1483,94	101,61	0,000	-3,02	0,66	0,002	-5,23	2,78	0,600
Mirante	1231,07	82,09	0,000	-7,75	0,46	0,000	-2,92	2,36	0,933
Onix	1418,49	82,82	0,000	-3,44	0,56	0,000	-16,81	0,99	0,000
Quartzo	1020,96	85,92	0,000	0,87	0,39	0,378	-17,37	1,44	0,000
Supera	-111,37	40,43	0,141	-2,71	0,27	0,000	4,80	0,74	0,000
Taurum	960,96	59,97	0,000	-4,26	0,57	0,000	-8,04	1,35	0,000
TBIO Bandeirantes	1390,79	90,92	0,000	4,23	0,42	0,000	-1,76	1,44	0,959
TBIO Itaipu	1045,82	104,60	0,000	-2,52	0,28	0,000	-11,93	0,85	0,000
TBIO Ivai	703,93	95,57	0,000	-0,84	0,59	0,895	18,09	4,09	0,004
TBIO Mestre	453,29	53,63	0,000	-7,28	0,52	0,000	-2,43	0,75	0,071
TBIO Pioneiro	893,01	105,15	0,000	-6,52	0,51	0,000	0,14	0,94	1,000
TBIO TBIO Seleto	1798,90	81,31	0,000	-1,07	0,68	0,822	-6,19	1,47	0,006
TBIO Sinuelo	648,20	132,81	0,001	-6,20	0,54	0,000	-13,59	1,63	0,000
TBIO Tibagi	531,14	101,66	0,001	-0,65	0,38	0,723	0,04	1,46	1,000
TEC Vigore	830,11	82,60	0,000	-0,48	0,82	1,000	-7,38	1,47	0,001
Topazio	856,80	81,24	0,000	-4,25	0,62	0,000	-2,51	1,70	0,882
UTFT 01	-114,90	68,50	0,749	-3,49	0,73	0,001	-1,36	0,89	0,822
UTFT 02	547,72	100,57	0,000	-7,47	0,62	0,000	1,38	2,30	1,000
UTFT 0827	1642,88	100,70	0,000	1,40	1,03	0,909	-22,54	1,38	0,000
UTFT 0908	810,79	96,76	0,000	-2,98	0,78	0,011	-16,83	1,59	0,000
UTFT 0914	731,86	65,18	0,000	-0,52	0,72	0,999	1,05	1,63	1,000
UTFT 0915	730,08	97,87	0,000	6,00	0,58	0,000	-10,32	1,61	0,000
UTFT 0931	1404,17	106,82	0,000	-8,81	1,10	0,000	-17,09	1,84	0,000
UTFT 0932	690,50	59,30	0,000	-4,43	0,48	0,000	-17,19	1,31	0,000
UTFT 0934	401,95	82,46	0,001	-2,98	0,40	0,000	-9,54	1,03	0,000
UTFT 0937	556,63	115,10	0,002	-2,39	0,47	0,000	-3,65	0,66	0,000
UTFT 0944	523,77	77,12	0,000	-1,44	0,28	0,000	-4,32	1,77	0,260
UTFT 0952	2290,81	152,47	0,000	-1,50	0,60	0,248	-11,39	1,48	0,000
UTFT 0954	2659,04	157,63	0,000	-1,55	0,83	0,605	-11,83	1,49	0,000
UTFT 0972	391,10	88,36	0,011	-4,21	0,84	0,001	-2,14	0,88	0,267
UTFT 0973	204,44	52,58	0,010	-2,05	0,46	0,003	-17,53	1,72	0,000
UTFT 0982	-135,67	142,65	0,995	-0,90	0,49	0,619	-5,66	0,94	0,000
UTFT 0985	988,18	73,99	0,000	-6,46	0,46	0,000	-19,59	1,73	0,000
UTFT 11251	-141,45	48,82	0,100	-1,51	0,26	0,000	-17,83	1,57	0,000

Para o caractere MMG, os maiores efeitos positivos de dominância homozigótica foram observados nas cultivares TBIO Bandeirantes, Catuara e CD 124. Já em relação as linhagens, o maior efeito foi observado na UTFT 0915, que foi a única que apresentou efeito de dominância homozigótica positivo para este caractere. Para o caractere EP, os maiores efeitos negativos de dominância homozigótica foram das cultivares UTFT 0827, UTFT 0985, CD 124, IPR 85, Onix e Quartzo. E em relação as linhagens, todas apresentaram estimativas de dominância homozigótica negativa para este caractere, com destaque para as linhagens UTFT 11251, UTFT 0908, UTFT 0931, UTFT 0932 e UTFT 0973. As cultivares UTFT 0827 e Onix e a linhagem UTFT 0931, conciliaram elevadas estimativas de dominância homozigótica positiva para RG com elevadas estimativas negativas para EP, o que é desejável.

Os efeitos de dominância homozigótica para os caracteres NGE e MGE estão descritos no Apêndice B. Para NGE, os maiores efeitos positivos foram obtidos pelas cultivares TBIO Itaipu, TBIO Sinuelo e BRS 331. Já para as linhagens se destacam UTFT 0985 e UTFT 0954. Para o caractere MGE, os maiores efeitos positivos de dominância homozigótica foram obtidos pelas mesmas cultivares que se destacaram para NGE, contudo a ordem ficou como TBIO Sinuelo, TBIO Itaipu e BRS 331. Entre as linhagens se destacaram UTFT 0931 e UTFT 0985.

Os efeitos preditos de dominância heterozigótica estão descritos no Apêndice C. Os efeitos de dominância heterozigótica são relacionados à capacidade específica de combinação para cada cruzamento específico entre os genitores e é útil no desenvolvimento de híbridos (KADARIYA et al., 2011). Efeitos positivos de dominância heterozigota são importantes para RG e MMG, enquanto que efeitos negativos são importantes para reduzir a EP nas gerações iniciais. Neste estudo, cruzamentos que levaram a efeitos positivos de dominância heterozigotas permitiram o incremento em RG em gerações iniciais. Os cruzamentos entre os genitores FCEP Horizonte × UTFT 0952, TBIO Mestre × TBIO Sinuelo, TBIO Mestre × UTFT 0931, TBIO Mestre × Mirante, e BRS Tangará × Topazio apresentam as maiores estimativas de valores de efeitos de dominância heterozigótica, com 1607,30, 1521,80, 1441,85, 1279,53 e 1223,54, respectivamente. Para MMG, os melhores cruzamentos são entre os genitores UTFT 0827 × Taurum, CD 150 × BRS 328, BRS

Tangará × Ametista, BRS Tangará × CD 1252, BRS Tangará × Topazio, e UTFT 0954 × JF 90, com efeitos dominantes heterozigóticos de 11,78, 9,96, 9,96, 11,83, 11,83 e 10,35, respectivamente. Para o caractere NGE, os cruzamentos com os maiores efeitos positivos foram BRS Galha Azul × UTFT 0931 (45,83), CD 150 × UTFT 02 (26,19) (Apêndice D). Já os maiores efeitos negativos foram UTFT 0914 × Onix (-57,48) e UTFT 0931 × UTFT 0985 (-29,89). Já para o caractere MGE, os maiores efeitos positivos foram obtidos pelos cruzamentos BRS Galha Azul × UTFT 0931 (1,72). Os maiores efeitos negativos foram obtidos pelos cruzamentos UTFT 0914 × Onix (-2,18). Já para o caractere EP (Apêndice E), os cruzamentos mais favoráveis visando a redução da estatura de plantas, e que apresentam elevados efeitos dominantes heterozigóticos negativos, são entre os genitores BRS 328 × UTFT 0985 (-26,50), TBIO Mestre × UTFT 02 (-45,47), BRS Tangará × IPR 85 (-25,15), UTFT 0931 × Mirante (-26,96), e UTFT 0954 × TBIO Ivai (-48,68). Portanto, os cruzamentos destacados acima devem ser preferidos, visando a melhoria dos caracteres avaliados no presente estudo.

### 3.4 Conclusões para o assunto Análise de populações multiparentais F2 e F3 de trigo utilizando modelos aditivo-dominante

A utilização de médias móveis em conjunto com a utilização da técnica de *jackknife*, permite reduzir a dependência espacial nos ensaios e a variância do erro experimental, em ensaios sem repetição.

Há cultivares e linhagens utilizadas nos cruzamentos que apresentam boa capacidade geral de combinação para incrementar o rendimento de grãos e a massa de mil grãos e ao mesmo tempo reduzir a estatura de plantas. Estes genótipos devem ser preferidos para serem utilizados nos blocos de cruzamento.



## 4 SELEÇÃO DE LINHAGENS HOMOZIGOTAS DE TRIGO EM ENSAIOS SEM REPETIÇÃO COM A UTILIZAÇÃO DE MODELOS MISTOS

### 4.1 Revisão da literatura para Seleção de linhagens homozigotas de trigo em ensaios sem repetição com a utilização de modelos mistos

Programas de melhoramento genético buscam obter novos genótipos mais produtivos, adaptados e estáveis. No melhoramento de plantas autógamas, como o trigo (*Triticum aestivum* L.), o processo de melhoramento é iniciado com a hibridação de genitores contrastantes com características desejáveis, seja uma hibridação simples ou múltipla. Após a hibridação, inúmeras gerações são conduzidas, avaliadas e selecionadas até a obtenção e lançamento de uma nova cultivar. Nas gerações iniciais, dependendo do método de melhoramento, uma pequena quantidade de sementes está disponível a cada geração, podendo essa quantidade ser insuficiente para a condução de ensaios com repetições em múltiplos ambientes. Mesmo em gerações homozigotas, antecessoras aos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), ou seja, gerações preliminares (linhas de progênie F6, por exemplo), o volume de sementes pode ser reduzido, levando melhoristas a questionar sobre qual o melhor delineamento para a condução e avaliação dessas linhagens.

A condução de ensaios com pouca disponibilidade de sementes pode ter dois caminhos: a condução de um ensaio em um único local, com  $n$  repetições, ou, a condução de ensaios multi-ambientes, sem repetições. A condução de ensaios sem repetições requer acurácia maior na seleção, com uso de delineamentos e modelos estatísticos adequados. Nesse sentido, o uso de blocos aumentados de Federer (FEDERER, 1956; FEDERER; RAGHAVARAO, 1975), pode ser uma alternativa para ensaios sem repetições. Este delineamento é comumente utilizado em culturas de propagação vegetativa, tais como: batata (BEARZOTI et al., 1997; BARBOSA; PINTO, 1998; TERRES et al., 2015), cana-de-açúcar (ZENI-NETO et al., 2008; SANTOS et al., 2015; BRASILEIRO et al., 2016) e mandioca (FREITAS et al., 2016; VELMURUGAN et al., 2017). Além disso, foi utilizado em outras espécies, tais como: soja (PEREIRA et al., 2017; BIZARI et al., 2017), arroz (RATHORE et al., 2016) e trigo (AYALEW et al., 2015).

Ensaios conduzidos sobre o sistema de blocos aumentados mostram-se adequados onde há pouca disponibilidade de sementes, sem repetições para as linhagens testadas e uma ou mais testemunhas são incluídas n vezes. A repetição da testemunha é necessária, em um número suficiente de vezes, de maneira a ter graus de liberdade suficientes para estimar a variância do erro experimental, bem como os efeitos de genótipo e de bloco, usados para o controle da heterogeneidade (FEDERER; RAGHAVARAO, 1975).

Após a correta escolha do delineamento experimental para a condução de ensaios sem repetição, é necessário que modelos estatísticos adequados sejam empregados para a correta avaliação destes ensaios. Nesse sentido, modelos mistos vêm sendo amplamente utilizados. Análises baseadas na máxima verossimilhança restrita e melhor preditor não viciado (REML/BLUP) permitem a estimativa dos componentes da variância, bem como a predição de valores genéticos, independentes do efeito ambiental (PEIXOUTO et al., 2016).

Avaliar a adaptabilidade, estabilidade e média produtiva é essencial para a correta seleção de genótipos superiores. Nesse sentido, a produtividade é o parâmetro mais importante a ser considerado para qualquer cultura, pois um genótipo pouco produtivo não é desejável. Um genótipo pouco produtivo, caso possua alguma característica desejável e específica, como genes de resistência a doenças, poderá ser utilizado em blocos de hibridação, por exemplo, mas raramente chegará a ser lançado comercialmente. Já a estabilidade é a previsibilidade de comportamento de genótipos em diferentes ambientes e a adaptabilidade consiste na capacidade do genótipo em responder previsivelmente aos estímulos ambientais (MATEI et al., 2017). O uso de REML/BLUP permite a estimação da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), performance relativa dos valores genotípicos preditos (PRVG) e média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) (BORGES et al., 2010). Assim, com a estimação da MHVG, é possível fazer inferências sobre o rendimento e estabilidade, sobre a adaptabilidade e rendimento (PRVG), e uma avaliação integrada de rendimento, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) (SPINELLI et al., 2015; COSTA et al., 2015).

A inovação apresentada neste artigo se refere a utilização do

delineamento de blocos aumentados de Federer na avaliação de ensaios preliminares de trigo, onde são avaliadas linhagens homozigotas e com baixa disponibilidade de sementes. Desta forma, informações quanto ao desempenho das linhagens em vários ambientes de cultivo, em avaliações pré-VCU permitem aumentar a eficiência dos programas de melhoramento. Desta forma, o objetivo deste trabalho é identificar genótipos de trigo que apresentem elevada produtividade, adaptabilidade e estabilidade produtiva em ensaios sem repetição e com o uso de blocos aumentados de Federer.

#### 4.2 Material e Métodos utilizados para o assunto Seleção de linhagens homozigotas de trigo em ensaios sem repetição com a utilização de modelos mistos

Foram avaliadas 140 linhagens homozigotas de trigo, no ano de 2015. Os ensaios foram conduzidos em três locais: Pato Branco - PR (coordenadas geográficas 26° 13' S e 52° 40' O, altitude 760 m, Região Homogênea 2 de adaptação de cultivares de trigo), Renascença - PR (26° 09' S e 52° 58' O, altitude 698 m, Região Homogênea 2) e Clevelândia - PR (26° 24' S e 52° 21' O, altitude 950 m e Região Homogênea 1). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos aumentados de Federer, com dois blocos. Os delineamentos em blocos aumentados são caracterizados pela ausência de repetições dos tratamentos principais e pela presença de testemunhas repetidas em todos os blocos. As linhagens não apresentaram repetição em um mesmo local, devido à baixa disponibilidade de sementes. A cultivar TBIO Mestre foi utilizada como testemunha e repetida 25 vezes em cada local. A testemunha foi repetida sistematicamente na área experimental.

As parcelas consistiram de seis linhas, de 5 m de comprimento e espaçadas a 0,20 m entre si. A densidade de semeadura utilizada foi de 350 sementes aptas m<sup>-2</sup>. A semeadura foi realizada na primeira quinzena de junho de 2015. Os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura. O caractere avaliado foi o rendimento de grãos (RG, em kg ha<sup>-1</sup>), com correção da umidade dos grãos para 13% (base úmida).

A análise dos dados foi realizada por meio de uma abordagem de modelos mistos. Os componentes de variância foram descritos por meio da máxima

verossimilhança restrita (REML) e os componentes da média foram obtidos por meio da melhor predição linear não viciada (BLUP), utilizando o software estatístico Selegen (RESENDE, 2002). Os modelos 74 (análise de parâmetros genéticos para cada local) e 75 (análise conjunta dos locais) foram utilizados.

Na análise dos locais de modo individual (Modelo 74), o modelo utilizado foi:

$$y = Xf + Zg + Wb + e$$

sendo  $y$  o vetor de dados,  $f$  constitui o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média geral),  $g$  consiste no vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),  $b$  é o vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios),  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). Já as letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2002). Já para a análise em conjunto dos locais (Modelo 75), o modelo utilizado foi:

$$y = Xf + Zg + Wb + Ti + e,$$

sendo  $y$  o vetor de dados,  $f$  constitui o vetor dos efeitos fixos (média de locais),  $b$  consiste no vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios),  $g$  consiste no vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),  $i$  sendo o vetor dos efeitos da interação genótipo  $\times$  ambiente (aleatórios) e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas constituem as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2002).

Na análise realizada com os modelos 74 e 75 foram obtidos dados sobre os efeitos genéticos ( $g$ ), os valores genotípicos preditos ( $u+g$ ), e o ganho dos genótipos pela retirada do componente ambiental, a nova média de genótipo e o ranqueamento dos genótipos (Rank). Além disso, pelo modelo 75 foram obtidos os valores genotípicos médios nos vários ambientes ( $u+g+gem$ ), que capitaliza uma interação média com todos os ambientes avaliados (Resende, 2002). Por meio deste modelo também foi possível obter parâmetros de estabilidade genotípica (MHVG); adaptabilidade genotípica (PRVG); estabilidade e adaptabilidade genotípica (MHPRVG) e a multiplicação destes pela média geral de todos os locais (PRVG\*MG e MHPRVG\*MG, respectivamente).

O coeficiente de correlação de Spearman ( $r_s$ ) (STEEL; TORRIE, 1960)

foi utilizado para verificar a similaridade no ranqueamento das linhagens entre os locais de teste e no conjunto de locais. Para isso, foi utilizado o parâmetro “nova média” obtido por meio das análises com o software Selegen. O cálculo dos  $r_s$  foi realizado com auxílio do software Microsoft Excel.

#### 4.3 Resultados e Discussão para o assunto Seleção de linhagens homozigotas de trigo em ensaios sem repetição com a utilização de modelos mistos

A utilização de blocos aumentados de Federer é comum em espécies de propagação vegetativa, onde grande número de clones é avaliado. Desta forma, este tipo de delineamento experimental possibilita a obtenção de informações acuradas sobre os tratamentos, sem a necessidade de implementar repetições nos experimentos. Uma vez que somente as testemunhas são repetidas entre os blocos, há considerável redução no número de parcelas necessárias para avaliar estas linhagens. Este delineamento experimental também é utilizado em espécies de propagação sexuada. Para estas espécies, a principal razão para a utilização desse delineamento está na baixa disponibilidade de sementes em algumas gerações. Entre estas podemos citar as primeiras gerações após a reunião de uma linhagem, ou seja, as gerações imediatamente após a linhagem ter sido originada a partir de uma única planta homozigota. Assim, a principal razão para a utilização deste método em plantas autógamas é a baixa disponibilidade de sementes e a necessidade da obtenção de informações a respeito da IGA.

As estimativas dos parâmetros genéticos para o conjunto de ambientes e para cada local são apresentadas na Tabela 4.1. A variância genotípica ( $V_g$ ) para cada local e para o conjunto de locais se mostrou elevada, sendo responsável por mais de 50% da variância em ambos os casos. Já a variância residual ( $V_e$ ) apresentou participação mais elevada, e com valores próximos a  $V_g$ , no ambiente Renascença. A estimativa de herdabilidade no sentido amplo ( $h^2_g$ ) foi elevada tanto para as avaliações de locais de modo individual quanto na análise conjunta de locais. Na análise por local,  $h^2_g$  variou entre 0,82 ( $\pm 0,20$ ) e 0,59 ( $\pm 0,17$ ). Já na análise conjunta, a herdabilidade foi de 0,77 ( $\pm 0,05$ ). Isso indica que grande parte da variância fenotípica ( $V_f$ ) foi decorrente da variância genotípica ( $V_g$ ). O caractere RG

consiste em um caractere quantitativo, controlado por muitos genes, e muito influenciado pelo ambiente. Desta forma, eram esperados valores menores de  $h^2g$ , na análise conjunta. O valor observado ( $h^2g = 0,77 (\pm 0,05)$ ) ocorreu devido à baixa participação da variância da interação genótipo  $\times$  ambiente ( $V_{int}$ ) em relação a  $V_g$  e a variância fenotípica total ( $V_f$ ). Os valores de desvio padrão em cada local foram superiores ao verificado para o conjunto de ambientes analisados, variando entre 0,20 e 0,17, contudo, estes valores estão dentro dos limites aceitáveis, indicando que as predições são confiáveis para serem utilizadas no melhoramento (RESENDE, 2004).

A acurácia seletiva de genótipo ( $Ac_{gen}$ ) variou de 0,90 em Pato Branco até 0,77 em Renascença. Este parâmetro consiste na correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e valor genotípico estimado ou predito a partir das informações dos experimentos. Estes valores podem ser enquadrados na classe de precisão muito alta ( $Ac_{gen} \geq 0,90$ ) e alta ( $Ac_{gen} \geq 0,70$ ) (RESENDE; DUARTE, 2007). A correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes ( $rg_{loc}$ ) foi de 0,89. Este parâmetro indica a confiabilidade do ordenamento dos melhores genótipos nos ambientes testados (CARVALHO et al., 2016). O valor obtido indica que não foi observada interação complexa entre os genótipos e os locais de avaliação. Desta forma, não ocorreram mudanças significativas no ranqueamento entre os genótipos nos diferentes locais de avaliação. Contudo, eram esperadas mudanças mais significativas no ranking entre locais (ou seja,  $rg_{loc}$  com valores mais baixos), uma vez que os locais Pato Branco e Renascença pertencem a Região Homogênea 2 de adaptação de cultivares de trigo, enquanto que o local Clevelândia pertence a Região Homogênea 1. Entre as possíveis explicações para esse comportamento estão a ocorrência de condições adversas para a cultura do trigo, no ano de 2014, em Clevelândia. Este local apresentou a menor produtividade média entre os três locais avaliados ( $2777 \text{ kg ha}^{-1}$ ). Desta forma, este local pode ter deixado de apresentar características favoráveis à cultura.

**Tabela 4.1** – Estimação dos parâmetros genéticos para rendimento de grãos em linhagens homocigotas de trigo em três locais, por meio do modelo 74, e na análise conjunta, por meio do modelo 75, no ano de 2015.

Parâmetros	Pato Branco	Clevelândia	Renascença	Parâmetros	Média de locais
Vg	453070	457154	361816	Vg	487622
Vbloc	8748	57739	19677	Vbloc	27554
Ve	91549	186599	227288	Vint	35593
Vf	553367	701492	608781	Ve	85252
h2g	0,82(±0,20)	0,65(±0,18)	0,59(±0,17)	Vf	636021
c2bloc	0,02	0,08	0,03	h2g	0,77 (±0,05)
h2mgen	0,82	0,65	0,59	c2bloc	0,04
h2mgenaj	0,83	0,71	0,61	c2int	0,05
Acgen	0,90	0,81	0,77	rgloc	0,89
Média (kg ha <sup>-1</sup> )	3823	2777	2954	Média geral (kg ha <sup>-1</sup> )	3183

Vg: variância genotípica; Vbloc: variância ambiental entre blocos; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica individual; h2g = h2: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; c2bloc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco; h2mgen: herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa; Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa; Vint: variância da interação genótipo × ambiente; c2int = c21: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo × ambiente; rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes; Média do experimento/ Média geral dos experimentos.

O coeficiente de correlação de postos de Spearman ( $r_s$ ) indicou a associação entre o ranqueamento das linhagens nos diferentes locais de avaliação e no conjunto de locais. Neste sentido, o  $r_s$  para o conjunto de locais foi maior com o local Renascença ( $r_s = 0,95$ ). Enquanto isso, o menor  $r_s$  foi obtido entre o conjunto de locais e o local Pato Branco. Já as maiores diferenças no ranqueamento de genótipos foram obtidas entre os locais Pato Branco e Clevelândia ( $r_s = 0,61$ ). De maneira geral, o ranqueamento das linhagens entre os locais e a avaliação conjunta foi similar, o que justifica uma elevada correlação genotípica (rgloc).

**Tabela 4.2** – Coeficientes de correlação de postos de Spearman ( $r_s$ ) para o ranqueamento das 140 linhagens e da testemunha TBIO Mestre para os locais Pato Branco, Clevelândia, Renascença e no conjunto dos locais.

	Pato Branco	Clevelândia	Renascença	Conjunto
Pato Branco	1,00			
Clevelândia	0,61	1,00		
Renascença	0,88	0,80	1,00	
Conjunto	0,86	0,90	0,95	1,00

Pela análise de modelos mistos é possível obter o desempenho de cada genótipo, para o conjunto de local e em cada local (Tabelas 4.3 e 4.4), livre do efeito fenotípico. Na média dos locais, os maiores efeitos genéticos ( $g$ ), foram observados para as linhagens UTFT 1110, UTFT 1608, UTFT 1620, UTFT 1025, UTFT 1691, UTFT 1043, UTFT 922, UTFT 559, UTFT 1765, UTFT 1602, UTFT 1001, UTFT 1504, UTFT 706, UTFT 1405, UTFT 1634, UTFT 900, UTFT 1047, UTFT 1761, UTFT 891 e UTFT 1438. Estas linhagens também apresentaram os maiores valores genéticos livres da interação ( $\mu+g$ ). Estas 20 melhores linhagens podem ser elencadas para compor os ensaios de VCU de primeiro ano, sendo um número de linhagens adequado para serem conduzidos de acordo com as normas do VCU, estabelecidas pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Outras 13 linhagens foram superiores a testemunha, TBIO Mestre, que apresentou o 34º maior efeito genotípico. Além do maior  $g$  e  $\mu+g$ , as 20 melhores linhagens também apresentaram os maiores valores de MHVG, PRVG\*MG e MHPRVG\*MG. Os Parâmetros MHVG (análise de estabilidade genotípica pelo método MHVG) estão relacionados ao conceito dinâmico de estabilidade, por estar associado ao RG (RESENDE, 2004). Assim, linhagens com valores elevados de MHVG são, ao mesmo tempo, produtivas e estáveis entre os ambientes. A seleção via PRVG\*MG leva em consideração a média produtiva, bem como a capacidade adaptativa dos genótipos. Nesse sentido, são selecionados genótipos produtivos, com a capacidade de responder positivamente aos estímulos ambientais. A seleção integrada (MHPRVG\*MG) permite que a seleção seja realizada considerando conjuntamente os métodos MHVG e PRVG\*MG, ou seja, estabilidade, adaptabilidade e média produtiva (MATEI et al., 2017). Assim, linhagens selecionadas por esse método são, em essência, produtivas, com estabilidade entre os ambientes e capacidade de responder positivamente aos estímulos ambientais.

Os métodos de análise de adaptabilidade, estabilidade e média produtiva MHVG, PRVG\*MG e MHPRVG\*MG são muito úteis nos programas de melhoramento. Estes métodos utilizam modelos mistos para a sua obtenção, tendo como principal vantagem a estimação de valores genéticos, livre do efeito ambiental. Além disso, este é um dos únicos métodos de estimação que permite a utilização de informações provenientes de ensaios sem repetição. Os métodos de modelos mistos



diferem dos métodos tradicionais quanto a estimação da estabilidade e adaptabilidade, visto que o rendimento de grãos tem maior peso na análise do que a própria adaptabilidade e estabilidade, o que não ocorrem nos métodos tradicionais, como de ecovalência de Wricke (GOMEZ et al., 2014). Estudando a cultura da cana-de-açúcar, Mendes de Paula et al. (2014), observaram que o método MHPRVG é similar aos métodos de Lin & Binns e Annicchiarico, e que os métodos de Wricke e AMMI tendem a selecionar genótipos mais estáveis, mas menos produtivos.

Quando a análise foi realizada por local, pequenas alterações ocorreram no ranqueamento das linhagens. Isso indica que os locais se mostraram relativamente homogêneos no ano de avaliação. No entanto, algumas linhagens tiveram desempenho superior em apenas um dos locais. Em Pato Branco, as linhagens UTFT 69, UTFT 877, UTFT 1158, UTFT 1173, UTFT 1633 e UTFT 1716 estiveram entre as linhagens selecionadas, o que não ocorreu em Clevelândia e Renascença. Já em Clevelândia, as linhagens UTFT 6, UTFT 1506 e UTFT 1634 estiveram entre as 20 melhores linhagens. Em Renascença, as linhagens UTFT 657, UTFT 1003 e UTFT 1405 estiveram entre as 20 melhores, o que não ocorreu em Pato Branco e Clevelândia. Desse forma, linhagens que tem um desempenho específico podem ser identificadas em ensaios multi-ambiente sem repetição, o que não ocorreria se o ensaio fosse conduzido em um único local com repetições.

Na tabela de médias (Tabela 4.3), as linhagens UTFT 69, UTFT 877, UTFT 1158, UTFT 1173 e UTFT 1716, que estavam unicamente no conjunto de melhores linhagens em Pato Branco, não foram classificadas entre as 20 melhores. Da mesma forma, as linhagens UTFT 6 e UTFT 1506 (Clevelândia), e UTFT 657 e UTFT 1001 (Renascença) não estão no conjunto das 20 melhores linhagens na análise conjunta. Duas exceções foram observadas: a linhagem UTFT 1634 foi selecionada unicamente em Clevelândia e a linhagem UTFT 1405 foi selecionada exclusivamente em Renascença). Contudo, ambas se colocaram entre as 20 melhores linhagens na análise conjunta. Como foram selecionadas em um único local, estas cultivares poderiam não ter sido selecionadas caso a avaliação tivesse sido realizada em um único local. Isso mostra que, possivelmente, essas duas linhagens tenham adaptação específica a diferentes regiões homogêneas de adaptação de cultivares de trigo, sendo a linhagem UTFT 1634 adaptada a Região

Homogênea 1, enquanto que a linhagem UTFT 1405 apresentou adaptação a Região Homogênea 2. A Região 1 é caracterizada como uma região mais fria, com maiores umidade relativa e com maiores altitudes, enquanto que a Região 2 consiste em uma região moderadamente quente, úmida e de menores altitudes (EMBRAPA, 2017).

**Tabela 4.3** – Efeitos genéticos (g), valores genotípicos preditos (u+g), ganho e nova média de genótipo, ranqueamento de genótipos pela nova média (Rank) e valor genotípico médio nos vários ambientes (u+g+gem). Estabilidade genotípica pelo método da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade genotípica pelo método da performance relativa dos valores genotípicos preditos (PRVG) e sua multiplicação pela média geral de todos os locais (PRVG\*MG), estabilidade e adaptabilidade pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e sua multiplicação pela média geral de todos os locais (MHPRVG\*MG).

Ordem	Genótipo	g	u+g	Ganho	Nova Média	u+g+gem	MHVG	PRVG *MG	MHPRVG *MG
1	UTFT 1110	1193	4376	1193	4376	4379	4335	4402	4396
2	UTFT 1608	1172	4355	1182	4365	4357	4314	4381	4374
3	UTFT 1620	1148	4331	1171	4354	4334	4290	4356	4350
4	UTFT 1025	1039	4222	1138	4321	4224	4178	4244	4239
5	UTFT 1691	942	4125	1099	4282	4127	4081	4146	4142
6	UTFT 1043	904	4087	1066	4249	4090	4042	4107	4103
7	UTFT 922	873	4056	1039	4222	4058	4011	4075	4071
8	UTFT 559	863	4046	1017	4200	4048	4000	4064	4061
9	UTFT 1765	847	4030	998	4181	4032	3985	4048	4045
10	UTFT 1602	843	4026	982	4165	4028	3980	4044	4041
11	UTFT 1001	822	4005	968	4151	4007	3959	4023	4020
12	UTFT 1504	803	3986	954	4137	3988	3942	4005	4001
13	UTFT 706	773	3956	940	4123	3958	3909	3973	3970
14	UTFT 1405	730	3913	925	4108	3915	3867	3930	3927
15	UTFT 1634	730	3913	912	4095	3915	3866	3929	3926
16	UTFT 900	727	3910	901	4084	3911	3865	3927	3924
17	UTFT 1047	705	3888	889	4072	3889	3840	3903	3900
18	UTFT 1761	696	3879	878	4061	3880	3832	3894	3892
19	UTFT 891	683	3866	868	4051	3868	3819	3881	3879
20	UTFT 1438	676	3859	858	4041	3861	3812	3874	3872
21	UTFT 1173	642	3825	848	4031	3827	3776	3839	3837
22	UTFT 209	623	3806	838	4021	3807	3758	3820	3818
23	UTFT 1651	603	3786	828	4011	3787	3738	3799	3797
24	UTFT 1609	599	3782	818	4001	3784	3733	3795	3793
25	UTFT 421	596	3779	809	3992	3780	3732	3793	3791

Tabela 4.3 – Continuação...

Ordem	Genótipo	g	u+g	Ganho	Nova Média	u+g+gem	MHVG	PRVG *MG	MHPRVG *MG
26	UTFT 1220	581	3764	801	3983	3766	3716	3777	3775
27	UTFT 1506	580	3763	792	3975	3765	3715	3777	3775
28	UTFT 657	570	3753	784	3967	3754	3704	3765	3764
29	UTFT 877	563	3746	777	3960	3748	3696	3758	3757
30	UTFT 1210	533	3716	769	3952	3718	3668	3729	3727
31	UTFT 1003	510	3693	760	3943	3694	3643	3704	3703
32	UTFT 1037	504	3687	752	3935	3688	3636	3698	3697
33	UTFT 1463	502	3685	745	3928	3686	3635	3696	3695
34	TBIO Mestre	497	3680	737	3920	3681	3634	3693	3691
35	UTFT 1694	476	3659	730	3913	3660	3610	3670	3669
36	UTFT 1628	457	3640	722	3905	3641	3589	3650	3649
37	UTFT 1280	438	3621	715	3898	3622	3570	3631	3630
38	UTFT 542	418	3601	707	3890	3602	3548	3610	3609
39	UTFT 435	397	3580	699	3882	3581	3528	3589	3588
40	UTFT 1716	387	3570	691	3874	3571	3516	3577	3576

A linhagem UTFT 1405, esteve entre as 20 melhores apenas em Renascença. No entanto, a mesma também esteve entre as 20 melhores quando consideradas as médias. Esse resultado pode estar atrelado ao bom desempenho de UTFT 1405 em Renascença, a qual foi a oitava melhor ranqueada. Caso a seleção tivesse sido praticada somente em Pato Branco, com repetições, o desempenho dessa linhagem poderia ser inferior, não sendo escolhida como uma das 20 melhores para compor os ensaios de VCU 1 (27º em Pato Branco). No ano de 2017, esta linhagem foi a que teve melhor desempenho no ensaio de VCU 1 (ensaio realizado em quatro ambientes, dados não apresentados). Esse caso mostra como a seleção em MET, mesmo sem repetição, pode ser mais eficiente.

**Tabela 4.4** – Efeitos genéticos (g), valores genotípicos preditos (u+g), ganho, nova média do genótipo para linhagens homozigotas de trigo cultivados em Pato Branco – PR, no ano de 2015.

<b>Ordem</b>	<b>Genótipo</b>	<b>g</b>	<b>u+g</b>	<b>Ganho</b>	<b>Nova Média</b>
1	UTFT 1025	1027	4850	1027	4850
2	UTFT 559	959	4782	993	4816
3	UTFT 1620	932	4754	973	4796
4	UTFT 1110	902	4725	955	4778
5	UTFT 1043	895	4718	943	4766
6	UTFT 1001	851	4674	928	4751
7	UTFT 69	844	4667	916	4739
8	UTFT 1608	800	4623	901	4724
9	UTFT 1691	761	4584	886	4709
10	UTFT 706	756	4579	873	4696
11	UTFT 1633	737	4560	861	4683
12	UTFT 1158	734	4556	850	4673
13	UTFT 1047	724	4547	840	4663
14	UTFT 1602	720	4543	832	4655
15	UTFT 1765	694	4517	822	4645
16	UTFT 1716	641	4464	811	4634
17	UTFT 877	625	4448	800	4623
18	UTFT 1173	617	4440	790	4613
19	UTFT 922	610	4433	781	4603
20	UTFT 891	581	4404	771	4593
21	UTFT 1615	576	4399	761	4584
22	UTFT 151	565	4388	752	4575
23	UTFT 1634	554	4377	744	4567
24	UTFT 1761	509	4332	734	4557
25	UTFT 1609	499	4322	725	4548
26	UTFT 1645	475	4298	715	4538
27	UTFT 1405	474	4297	706	4529
28	UTFT 1438	474	4297	698	4521
29	UTFT 1032	467	4290	690	4513
30	TBIO Mestre	442	4265	682	4504
31	UTFT 542	439	4262	674	4497
32	UTFT 435	432	4255	666	4489
33	UTFT 1037	427	4250	659	4482
34	UTFT 657	425	4247	652	4475
35	UTFT 1220	407	4230	645	4468
36	UTFT 963	381	4204	638	4461
37	UTFT 1504	378	4201	631	4454
38	UTFT 1651	369	4192	624	4447
39	UTFT 209	351	4174	617	4440
40	UTFT 496	341	4164	610	4433

**Tabela 4.5** – Efeitos genéticos (g), valores genotípicos preditos (u+g), ganho, nova média do genótipo para linhagens homozigotas de trigo cultivados em Clevelândia – PR, no ano de 2015.

<b>Ordem</b>	<b>Genótipo</b>	<b>g</b>	<b>u+g</b>	<b>Ganho</b>	<b>Nova Média</b>
1	UTFT 1608	1028	3805	1028	3805
2	UTFT 1110	997	3774	1012	3789
3	UTFT 1620	989	3766	1005	3782
4	UTFT 1025	867	3644	970	3747
5	UTFT 6	859	3636	948	3725
6	UTFT 922	842	3619	930	3707
7	UTFT 900	839	3616	917	3694
8	UTFT 1043	819	3596	905	3682
9	UTFT 1691	779	3556	891	3668
10	UTFT 1602	766	3543	879	3656
11	UTFT 1634	734	3511	865	3642
12	UTFT 559	726	3503	854	3631
13	UTFT 1506	696	3473	842	3619
14	UTFT 1504	689	3466	831	3608
15	UTFT 1765	673	3450	820	3597
16	UTFT 421	667	3444	811	3588
17	UTFT 891	656	3433	802	3579
18	UTFT 706	652	3429	793	3570
19	UTFT 1761	623	3400	784	3561
20	UTFT 209	620	3397	776	3553
21	UTFT 1438	618	3395	769	3546
22	UTFT 1210	608	3385	761	3538
23	TBIO Mestre	599	3376	754	3531
24	UTFT 1001	579	3356	747	3524
25	UTFT 1694	579	3356	740	3517
26	UTFT 1502	515	3292	732	3509
27	UTFT 1220	509	3286	723	3500
28	UTFT 1047	505	3282	716	3493
29	UTFT 1116	501	3278	708	3485
30	UTFT 1463	496	3273	701	3478
31	UTFT 1651	496	3273	694	3471
32	UTFT 1405	495	3272	688	3465
33	UTFT 1749	488	3265	682	3459
34	UTFT 1619	473	3250	676	3453
35	UTFT 657	473	3250	670	3447
36	UTFT 1280	465	3242	665	3441
37	UTFT 1003	436	3213	658	3435
38	UTFT 1069	413	3190	652	3429
39	UTFT 877	405	3182	646	3423
40	UTFT 1609	401	3178	639	3416

**Tabela 4.6** – Efeitos genéticos (g), valores genotípicos preditos (u+g), ganho, nova média do genótipo para linhagens homozigotas de trigo cultivados em Renascença - PR, no ano de 2015.

<b>Ordem</b>	<b>Genótipo</b>	<b>g</b>	<b>u+g</b>	<b>Ganho</b>	<b>Nova Média</b>
1	UTFT 1608	775	3729	775	3729
2	UTFT 1110	768	3722	771	3726
3	UTFT 1620	664	3618	735	3690
4	UTFT 1504	645	3599	713	3667
5	UTFT 1025	641	3595	698	3653
6	UTFT 922	638	3592	688	3643
7	UTFT 900	631	3586	680	3634
8	UTFT 1405	596	3550	670	3624
9	UTFT 1001	587	3541	660	3615
10	UTFT 1691	560	3515	650	3605
11	UTFT 1003	547	3501	641	3595
12	UTFT 421	530	3484	632	3586
13	UTFT 209	523	3478	623	3578
14	UTFT 1765	513	3467	616	3570
15	UTFT 1043	511	3465	609	3563
16	UTFT 1047	511	3465	602	3557
17	UTFT 706	496	3450	596	3550
18	UTFT 657	491	3445	590	3545
19	UTFT 559	461	3415	584	3538
20	UTFT 891	443	3397	577	3531
21	UTFT 1173	438	3392	570	3524
22	TBIO Mestre	434	3388	564	3518
23	UTFT 1037	429	3384	558	3512
24	UTFT 1651	419	3373	552	3506
25	UTFT 1602	404	3358	546	3500
26	UTFT 1716	404	3358	541	3495
27	UTFT 1609	397	3351	535	3490
28	UTFT 1761	390	3345	530	3484
29	UTFT 877	388	3342	525	3480
30	UTFT 1438	382	3336	521	3475
31	UTFT 542	357	3311	515	3469
32	UTFT 1506	350	3305	510	3464
33	UTFT 606	343	3297	505	3459
34	UTFT 496	341	3295	500	3454
35	UTFT 1628	338	3292	496	3450
36	UTFT 1220	336	3290	491	3445
37	UTFT 1463	336	3290	487	3441
38	UTFT 1694	335	3289	483	3437
39	UTFT 1210	333	3287	479	3433
40	UTFT 1634	329	3283	475	3430

A IGA influencia de forma pronunciada o desempenho dos genótipos. Desse modo, a avaliação de ensaios multi-ambientes é essencial para uma avaliação mais precisa da IGA, o que facilita a avaliação dos genótipos (YAN; HUNT, 2001). A condução de ensaios sem o uso de repetições, com uma testemunha móvel, é uma alternativa viável e eficaz para programas de melhoramento de autógamas, quando a disponibilidade de sementes é limitada. Esse sistema é eficaz, pois, permite identificar as melhores linhagens de forma mais acurada em relação a seleção em um único local com repetições, desde que modelos estatísticos adequados sejam empregados. Assim, o uso da metodologia de modelos mistos, com os parâmetros REML e BLUP, permitem selecionar linhagens superiores em ensaios sem repetição, onde é possível observar as diferenças genéticas entre as linhagens, excluído o efeito ambiental. Portanto, se faz viável o uso de ensaios sem repetições para a avaliação e seleção de linhagens em programas de melhoramento de trigo.

#### 4.4 Conclusões para o assunto Seleção de linhagens homozigotas de trigo em ensaios sem repetição com a utilização de modelos mistos

As linhagens UTFT 1110, UTFT 1608 e UTFT 1620 se destacam em relação a produtividade, adaptabilidade e estabilidade por meio dos métodos MHVG, PRVG e MHPRVG.

A condução de ensaio em um único local (com três repetições), ao invés da utilização dos ensaios multi-ambientes sem repetição, pode resultar na eliminação de genótipos promissores. Este é o caso das linhagens UTFT 1634 e UTFT 1405, que foram selecionadas em um único local na avaliação individual, mas que estão entre as 20 melhores linhagens na análise conjunta de locais.

Diversas linhagens se mostraram superiores a testemunha utilizada nos ensaios, estando aptas a serem avaliadas em ensaios de valor de cultivo e uso.

## 5 CONCLUSÕES

A análise do ganho genético para a cultura do trigo no Brasil, nos últimos 30 anos apontou um ganho de  $33,9 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ , o que representa um ganho de  $1,28\% \text{ ano}^{-1}$ . Este resultado indica que os programas de melhoramento estão sendo eficientes na obtenção de ganho genético. Além disso, os dados mostraram que não há tendência a estagnação do ganho genético na cultura do trigo no Brasil. Contudo, os ganhos obtidos não são suficientes para cumprir as estimativas de que, para o ano de 2050, haja a necessidade de dobrar a produção mundial de alimentos. Ou seja, o ganho genético obtido está abaixo dos  $2\% \text{ ano}^{-1}$  necessários para atender a tais expectativas.

Visando aumentar a eficiência dos programas de melhoramento, a avaliação das populações F2 e F3 permitiu a identificação dos genitores que podem contribuir para elevar o ganho genético em diversos caracteres de importância agrônômica em trigo. Desta forma, genitores podem ser priorizados ou eliminados dos blocos de cruzamento de acordo com os efeitos de aditividade e dominância que estes apresentam.

A avaliação de linhagens homozigotas em fases que antecedem os ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) indicam que a utilização de ensaios multi-ambientes sem repetição pode favorecer a seleção de genótipos. Isso ocorre, pois, a avaliação em conjunto para os três locais levou a seleção de genótipos diferentes quando comparada a seleção em cada local de modo isolado.



## REFERÊNCIAS

ALONSO-BLANCO, C., MÉNDEZ-VIGO, B. Genetic architecture of naturally occurring quantitative traits in plants: an updated synthesis. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 18, p. 37-43, 2014.

AYALEW, H., MA, X., & YAN, G. Screening wheat (*Triticum* spp.) genotypes for root length under contrasting water regimes: potential sources of variability for drought resistance breeding. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v. 201, n. 3, p. 189-194, 2015.

BARBOSA, M. H. P., & PINTO, C. A. B. P. Eficiência de índices de seleção na identificação de clones superiores de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n.2, p. 149-156, 1998.

BATTENFIELD, S. D., KLATT, A. R., & RAUN, W. R. Genetic yield potential improvement of semidwarf winter wheat in the Great Plains. **Crop Science**, 53(3), 946-955, 2013.

BEARZOTI, E., PINTO, C. A. B. P., & DE OLIVEIRA, M. S. Comparação entre métodos estatísticos na avaliação de clones em um programa de melhoramento de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 9, p. 877-884, 1997.

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 of Agronomy**, v. 61, p. 49-59, 2014.

BELL, M. A., FISCHER, R. A., BYERLEE, D., SAYRE, K. (1995). Genetic and agronomic contributions to yield gains: A case study for wheat. **Field Crops Research**, v. 44, n. 2-3, p. 55-65, 1995.

BIZARI, E. H., VAL, B. H. P., PEREIRA, E. D. M., MAURO, A. O. D., & UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017.

BONDALAPATI, K. D., WU, J., GLOVER, K. D. An augmented additive-dominance (AD) model for analysis of multi-parental spring wheat F2 hybrids. **Australian Journal of Crop Science**, v. 8, n. 10, p. 1441, 2014.

BRASILEIRO, B. P., PETERNELLI, L. A., SILVEIRA, L. C. I. D., & BARBOSA, M. H. P. Importance of agronomic traits in the individual selection process of sugarcane as determined using logistic regression. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 38, n. 3, p. 289-297, 2016.

BRAUN, H. J., ATLIN G., PAYNE T. Multi-location testing as a tool to identify plant response to global climate change. In *Climate Change and Crop Production*, ed. MP Reynolds, pp. 115–38. London, UK: CABI, 2010.

BRESEGHELLO, F., DE MORAIS, O. P., PINHEIRO, P. V., SILVA, A. C. S., DA MAIA DE CASTRO, E., GUIMARÃES, É. P., ... & DE OLIVEIRA, J. P. Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science**, v. 51, n. 3, p. 914-923, 2011.

BRISSON, N., GATE, P., GOUACHE, D., CHARMET, G., OURY, F.X., HUARD., F. Why are wheat yields stagnating in Europe. A comprehensive data analysis for France. **Field Crops Research**, v. 119, n. 1, p. 201–212. 2010. doi:10.1016/j.fcr.2010.07.012

BURGUEÑO, J., CROSSA, J., COTES, J. M., SAN VICENTE, F., DAS, B. Prediction assessment of linear mixed models for multi-environment trials. **Crop Science**, v. 51, n. 3, p. 944, 2011.

CARGNIN, A.; SOUZA, M. A., FRONZA, V., FOGAÇA, C. M. Genetic and environmental contributions to increased wheat yield in Minas Gerais, Brazil. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 3, p.317-322, 2009.

CARVALHO, L. P., FARIAS, F. J. C., MORELO, C. L., & TEODORO, P. E. Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia**, v. 75, n. 3, 2016.

CÁSSIA PEREIRA, F., BRUZI, A. T., MATOS, J. W., 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.

CASSMAN, K.G.; A. DOBERMANN, D.T. WALTERS, H. YANG (2003). Meeting cereal demand while protecting natural resources and improving environmental quality. **Annual Review of Environment and Resources**, v. 28, p. 315-358, 2003.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - Séries históricas. trigo. [http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17\\_12\\_12\\_16\\_43\\_12\\_trigoserie\\_hist.xls](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_12_12_16_43_12_trigoserie_hist.xls). Acessado em 12 de dezembro de 2017.

CONDON, A. G., RICHARDS, R. A. Broad sense heritability and genotype × environment interaction for carbon isotope discrimination in field-grown wheat. *Australian Journal of Agricultural Research*, v. 43, p. 921-934, 1992. <https://doi.org/10.1071/AR9920921>

COSTA, M. M., DI MAURO, A. O., UNÊDA-TREVISOLI, S. H., ARRIEL, N. H. C., BÁRBARO, I. M., MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n.

11, p. 1095-1102, 2004.

CRUZ, C.D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 35, p. 271–276, 2013. DOI: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251

CUNHA, G. R.; SCHEEREN, P. L.; PIRES, J. L. F.; MALUF, J. R. T.; PASINATO, A.; CAIERÃO, E.; SÓ E SILVA, M.; DOTTO, S. R.; CAMPOS, L. A. C.; FELÍCIO, J. C.; CASTRO, R. L. de; MARCHIORO, V.; RIEDE, C. R.; ROSA FILHO, O.; TONON, V. D.; SVOBODA, L. H. Regiões de adaptação para trigo no Brasil. Passo Fundo: **Embrapa Trigo**, 2006. 10 p. html. (Embrapa Trigo. Circular Técnica Online, 20). Disponível: [http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/ci/p\\_ci20.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/ci/p_ci20.htm). Acessado em 01 de dezembro de 2017.

DE FELIPE, M., GERDE, J. A., & ROTUNDO, J. L. Soybean genetic gain in maturity groups III to V in Argentina from 1980 to 2015. **Crop Science**, 56(6), 3066-3077, 2016.

DE FREITAS, J. P. X., DA SILVA SANTOS, V., & DE OLIVEIRA, E. J. Inbreeding depression in cassava for productive traits. **Euphytica**, v. 209, n. 1, p. 137-145, 2016.

DIXON, P. M. 2013. Nearest Neighbor Methods. **Encyclopedia of Environmetrics**. 4.

DUNGAN, J. L., PERRY, J. N., DALE, M. R. T., LEGENDRE, P., CITRON-POUSTY, S., FORTIN, M.-J., JAKOMULSKA, A., MIRITI, M. AND ROSENBERG, M. S. A balanced view of scale in spatial statistical analysis. **Ecography**, v. 25, p. 626–640, 2002. doi:10.1034/j.1600-0587.2002.250510.x

FALCONER. D.S. (1989) Introduction to quantitative genetics, 3<sup>rd</sup> edn. Longman Scientific & Technical, Essex

FEDERER, W. T. Augmented (or Hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters Record**. Aica v. 55, p. 191-208, 1956.

FEDERER, W. T., RAGHAVARAO, D. On augmented designs. **Biometrics**, p. 29-35, 1975.

FEDERER, W. T., M. REYNOLDS, J. CROSSA. Combining Results from Augmented Designs over Sites. **Agronomy Journal**. 2001. 93:389-395. doi:10.2134/agronj2001.932389x.

FEDERER, W.T., NAIR, R.C., RAGHAVARAO, D. (1975). Some augmented row-column designs. **Biometrics**, v. 31, p. 361–373, 1956.

FLISTER, L., GALUSHKO, V. The impact of wheat market liberalization on the seed industry's innovative capacity: an assessment of Brazil's experience. **Agricultural and Food Economics**, v. 4, n. 1, p. 11, 2016. doi:10.1186/s40100-016-0055-8

FOLLMANN, D. N., CARGNELUTTI, F. A., LÚCIO, A. D., DE SOUZA, V. Q., CARAFFA, M., WARTHA, C. A. Genetic progress in homogeneous regions of wheat cultivation in Rio Grande do Sul State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, 2017.

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

GIBBS, H. K., RUESCH, A. S., ACHARD, F., CLAYTON, M. K., HOLMGREN, P., RAMANKUTTY, N., FOLEY, J. A. Tropical forests were the primary sources of new agricultural land in the 1980s and 1990s. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 107, n. 38, p. 16732-16737, 2010.

GODFRAY, H. C. J., BEDDINGTON, J. R., CRUTE, I. R., HADDAD, L., LAWRENCE, D., MUIR, J. F., ..., TOULMIN, C. Food security: the challenge of feeding 9 billion people. **Science**, v. 327, n. 5967, p. 812-818, 2010.

GOMEZ, G. M., UNÊDA-TREVISOLI, S. H., PINHEIRO, J. E. B. & DI MAURO, A. O. Adaptive and agronomic performances of soybean genotypes derived from different genealogies through the use of several analytical strategies. **African Journal of Agricultural Research**, v. 9, n. 28, p. 2146-2157, 2014.

GORNICKI, P., FARIS, J. D. Rewiring the wheat reproductive system to harness heterosis for the next wave of yield improvement. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 111, n. 25, p. 9024-9025, 2014.

GRAYBOSCH, R., BOCKELMAN, H. E., GARLAND-CAMPBELL, K. A., GARVIN, D. F., REGASSA, T. 2014. Wheat. In: J. Specht, B. Carver, editors, Yield Gains in Major U.S. Field Crops, CSSA Spec. Publ. 33. ASA, CSSA, and SSSA, Madison, WI. p. 459-488. doi:10.2135/cssaspecpub33.c16

GRAYBOSCH, R.A., PETERSON, C.J. Genetic improvement in winter wheat yields in the Great Plains of North America, 1959–2008. **Crop Science**, v. 50, p. 1882–1890, 2010. doi:10.2135/cropsci2009.11.0685.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, p. 463–493, 1956.

HALLAUER AR, MIRANDA JB. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State Univ Press, Ames, IA. 1988.

HAWKINS, E., FRICKER, T. E., CHALLINOR, A. J., FERRO, C. A., HO, C. K., & OSBORNE, T. M. Increasing influence of heat stress on French maize yields from the 1960s to the 2030s. **Global Change Biology**, v. 19, n. 3, p. 937-947, 2013.

JENKINS, J. N., MCCARTY, J. C., CAMPBELL, B. T., HAYES, R. W., WU, J., SAHA, S., AND STELLY, D. M. 2017. Genetic Effects of Chromosomes 1, 4, and 18 from Three Tetraploid Gossypium Species in Topcrosses with Five Elite Cultivars. **Crop Science**. 0. doi: 57:1338-1346.

KADARIYA, M., GLOVER, K. D., WU, J., & GONZALEZ, J. L. (2011). Multi-parental mating design analysis: Model evaluation and application in spring wheat. *Annual Conference on Applied Statistics in Agriculture*. <http://newprairiepress.org/agstatconference/2011/proceedings/9>. Acessado em: 20/12/2017.

KAYA, Y., AKCURA, M. Effects of genotype and environment on grain yield and quality traits in bread wheat (*T. aestivum* L.). **Food Science and Technology**, v. 34, n. 2, p. 386-393, 2014. <https://dx.doi.org/10.1590/fst.2014.0041>

L Aidig, F., Piepho, H. P., Drobek, T., Meyer, U. Genetic and non-genetic long-term trends of 12 different crops in German official variety performance trials and on-farm yield trends. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 127, n. 12, p. 2599-2617, 2014.

Lal, R. Restoring soil quality to mitigate soil degradation. **Sustainability**, v. 7, n. 5, p. 5875-5895, 2015.

Li, X., Liu, N., You, L., Ke, X., Liu, H., Huang, M., & Waddington, S. R. Patterns of cereal yield growth across China from 1980 to 2010 and their implications for food production and food security. **PLOS One**, v. 11, n. 7, 2016.

Lin, C., Poushinsky, G. A Modified Augmented Design for an Early Stage of Plant Selection Involving a Large Number of Test Lines without Replication. **Biometrics**, v. 39, n. 3, p. 553-561, 1983. doi:10.2307/2531083

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**, 2017.

Longin, C. F. H., Mühleisen, J., Maurer, H. P., Zhang, H., Gowda, M., Reif, J. C. 2012. Hybrid breeding in autogamous cereals. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, p. 1087–1096, 2012.

Lynch, M, Walsh, B. (1998) Genetics and analysis of quantitative traits. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, MA.

MATEI, G., BENIN, G., WOYANN, L. G., DALLÓ, S. C., MILIOLI, A. S., & ZDZIARSKI, A. D. Agronomic performance of modern soybean cultivars in multi-environment trials. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 7, p. 500-511, 2017.

MATUS, I., MELLADO, M., PINARES, M., MADARIAGA, R., DEL POZO, A. Genetic progress in winter wheat cultivars released in Chile from 1920 to 2000. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 72, n. 303–308, 2012.

METTE, M.F., GILS, M., LONGIN, C.F.H., REIF, J.C. Hybrid Breeding in Wheat. In: Ogihara Y., Takumi S., Handa H. (eds) *Advances in Wheat Genetics: From Genome to Field*. Springer, Tokyo. 2015.

MÜLLER, B. U., SCHÜTZENMEISTER, A., PIEPHO, H.-P. Arrangement of check plots in augmented block designs when spatial analysis is used. **Plant Breeding**, v. 129, p. 581–589, 2010. doi:10.1111/j.1439-0523.2010.01803.x

NI, F., QI, J., HAO, Q., LYU, B., LUO, M.-C., WANG, Y., ... FU, D. (2017). Wheat Ms2 encodes for an orphan protein that confers male sterility in grass species. **Nature Communications**, v. 8, p. 15121, 2017. <http://doi.org/10.1038/ncomms15121>

PADEREWSKI, J., GAUCH, H. G., MAĐRY, W., AND GACEK, E. AMMI Analysis of Four-Way Genotype × Location × Management × Year Data from a Wheat Trial in Poland. **Crop Science**, v. 56, p. 2157-2164, 2016. doi:10.2135/cropsci2015.03.0152

PEIXOUTO, L.S.; NUNES, J.A.R.; FURTADO, D.F. Factor analysis applied to the G+GE matrix via REML/BLUP for multi-environment data. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.1-6, 2016.

PENG, S., HUANG, J., CASSMAN, K. G., LAZA, R. C., VISPERAS, R. M., & KHUSH, G. S. The importance of maintenance breeding: A case study of the first miracle rice variety-IR8. **Field Crops Research**, v. 119, n. 2, p. 342-347, 2010.

PENG, S.; CASSMAN, K.G., VIRMANI, S.S., SHEEHY, J., KHUSH, G.S. Yield potential trends of tropical rice since the release of IR8 and the challenge of increasing rice yield potential. **Crop Science**, v. 39, p. 1552-1559, 1999.

PETERSEN, J., HAASTRUP, M., KNUDSEN, L., & OLESEN, J. E. Causes of yield stagnation in winter wheat in Denmark. Faculty of Agricultural Sciences, Aarhus Universitet, Det Jordbrugsvidenskabelige Fakultet. 2010.

PIEPHO, H. P., MÖHRING, J. 2005. Best Linear Unbiased Prediction of Cultivar Effects for Subdivided Target Regions. **Crop Science**, v. 45, p. 1151-1159, 2005. doi:10.2135/cropsci2004.0398

PIEPHO, H., J. MÖHRING. Selection in Cultivar Trials—Is It Ignorable? **Crop**

**Science**, v. 46, p. 192-201, 2006. doi:10.2135/cropsci2005.04-0038

PIEPHO, H., E. R. WILLIAMS, V. MICHEL. Beyond Latin Squares: A Brief Tour of Row-Column Designs. **Agronomy Journal**. 2015. 107:2263-2270. doi:10.2134/agronj15.0144

PIEPHO, H., WILLIAMS, E. R. Augmented Row-Column Designs for a Small Number of Checks. **Agronomy Journal**. 2016. 108:2256-2262. doi:10.2134/agronj2016.06.0325

PIEPHO, H.-P., RICHTER, C., WILLIAMS, E. Nearest Neighbour Adjustment and Linear Variance Models in Plant Breeding Trials. **Biometrical Journal**, v. 50, n.2, p. 164-189, 2008. doi:10.1002/bimj.200710414

QIN, M., ZHAO, X., RU, J., ZHANG, G., & YE, G. Bigenic epistasis between QTLs for heading date in rice analyzed using single segment substitution lines. **Field Crops Research**, v. 178, p. 16-25, 2015.

R Development Core Team. 2017. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Stat. Comput., Vienna, Austria.

RATHORE, M., SINGH, R., KUMAR, B., & CHAUHAN, B. S. Characterization of functional trait diversity among Indian cultivated and weedy rice populations. **Scientific Reports**, v. 6, n. 24176, 2016.

RODRIGUES, O, LHAMBY, J. C. B., DIDONET, A. D., MARCHESE, J. A. Fifty years of wheat breeding in Southern Brazil: yield improvement and associated changes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 6, p. 817-825, 2007.

RStudio Team (2016). RStudio: Integrated Development for R. RStudio, Inc., Boston, MA. <http://www.rstudio.com/>.

SANCHEZ-GARCIA, M., ROYO, C., APARICIO, N., MARTÍN-SÁNCHEZ, J. A., & ÁLVARO, F. Genetic improvement of bread wheat yield and associated traits in Spain during the 20th century. **The Journal of Agricultural Science**, v. 151, p.105-118, 2013.

SANTOS, F. R., PINTO, L. R., CARLINI-GARCIA, L. A., GAZAFFI, R., MANCINI, M. C., GONÇALVES, B. S., ZUCCHI, M. I. Marker-trait association and epistasis for brown rust resistance in sugarcane. **Euphytica**, v. 203, n. 3, p. 533-547, 2015.

SINGH, R. P., HODSON, D. P., HUERTA-ESPINO, J., JIN, Y., BHAVANI, S., NJAU, P., ... & GOVINDAN, V. The emergence of Ug99 races of the stem rust fungus is a threat to world wheat production. **Annual Review of Phytopathology**, v. 49, p. 465-481. 2011.

SO, Y., EDWARDS, J. Predictive Ability Assessment of Linear Mixed Models in Multienvironment Trials in Corn. **Crop Science**, v. 51, p. 542-552. 2011. doi:10.2135/cropsci2010.06.0338

SOUZA, E. A. D., GERALDI, I. O., RAMALHO, M. A. P., & BERTOLUCCI, F. D. L. G. (2003). Experimental alternatives for evaluation of progenies and clones in eucalyptus breeding programs. **Revista Árvore**, v. 27, n. 4, p. 427-434.

SOUZA, V., ZHOU, M. M., PETERNELLI, L. A., PAULA, T. O., KIMBENG, C. A., BARBOSA, M. H. P., & MARINHO, C. D. (2014). Relationships between methods of variety adaptability and stability in sugarcane. **Genetic and Molecular Research**, v. 13, n. 2, p. 4216-4225, 2014.

SRIPATHI, R., CONAGHAN, P., GROGAN, D., CASLER, M. D. Field Design Factors Affecting the Precision of Ryegrass Forage Yield Estimation. **Agronomy Journal**. 2017. 109:858-869. doi:10.2134/agronj2016.07.0397

STEEL, R. G. D. AND TORRIE, J. H. (1960). Principles and Procedures of Statistics. New York: McGraw-Hill.

STORCK, L., BENIN, G., DA SILVA, C. L., DALLO, S. C., DUARTE, T., & SASSI, L. H. Geostatistical approach for testing wheat lines using a non-replicated design. **Australian Journal of Crop Science**, v. 9, n. 5, p. 424, 2015.

STORCK, L., BISOGNIN, D. A., & CARGNELUTTI FILHO, A. Ganho genético decorrente da substituição anual de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 9, p. 881-886, 2005.

TECHNOW, F. (2011). R Package mvngGrAd: Moving Grid Adjustment In Plant Breeding Field Trials. R package version 0.1, 2.

TERRES, L. R., LENZ, E., CASTRO, C. M., & PEREIRA, A. S. Genetic gain estimates using different selection index methods in three potato hybrid populations. **Horticultura Brasileira**, v. 33, n. 3, p. 305-310, 2015.

TWEETEN, L., THOMPSON, S.R. Long-term agricultural output supply-demand balance and real farm and food prices. Working Paper: AEDE-WP 0044-08, Ohio State University, Columbus, OH, 2008.

VELMURUGAN, M., MANICKAM, S., & PUGALENDHI, L. Evaluation of Cassava Germplasm Accessions for High Tuber Yield and Starch Content for Industrial Exploitations. **Journal of Root Crops**, v. 43, n. 1, p. 11-14, 2017.

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento do milho no Brasil. In: CONGRESSO



NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16, 1986, Belo Horizonte. Anais. Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, p.300-307, 1988.

WAGNER, H. H., FORTIN, M. J. Spatial analysis of landscapes: concepts and statistics. **Ecology**, v. 86, n. 8, p. 1975-1987, 2005.

WITCOMBE, J. R., & VIRK, D. S. Number of crosses and population size for participatory and classical plant breeding. **Euphytica**, v. 122, n. 3, p. 451-462, 2001.

WITCOMBE, J. R., GYAWALI, S., SUBEDI, M., VIRK, D. S., & JOSHI, K. D. Plant breeding can be made more efficient by having fewer, better crosses. **BMC Plant Biology**, v. 13, p. 22, 2013. <http://doi.org/10.1186/1471-2229-13-22>

WRIGHT, K. desplot: Plotting Field Plans for Agricultural Experiments. R package version 1.1. 2016. <https://CRAN.R-project.org/package=desplot>

WU, J., BONDALAPATI, K., GLOVER, K., BERZONSKY, W., JENKINS, J. N., MCCARTY, J. C. Genetic analysis without replications: model evaluation and application in spring wheat. **Euphytica**, v. 190, n. 3, p. 447-458, 2013.

WU, J., JENKINS, J. N., MCCARTY, J. C. qqtools: Tools for Quantitative Genetics Data Analyses. R package version 1.0. 2014.

WU, W., LI, C., MA, B., SHAH F., LIU, Y., LIAO, Y. Genetic progress in wheat yield and associated traits in China since 1945 and future prospects. **Euphytica**, p. 196: 155, 2014.

XIAO, D., TAO, F. Contributions of cultivars, management and climate change to winter wheat yield in the North China Plain in the past three decades. **European Journal of Agronomy**, v. 52, p. 112-122, 2014.

XIAO, Y. G., QIAN, Z. G., WU, K., LIU, J. J., XIA, X. C., JI, W. Q., HE, Z. H. Genetic Gains in Grain Yield and Physiological Traits of Winter Wheat in Shandong Province, China, from 1969 to 2006. **Crop Science**, v.52, p. 44-56, 2012.

XU, Y., LI, P., ZOU, C., LU, Y., XIE, C.; ZHANG, X., PRASANNA, B. M., OLSEN, M. S. Enhancing genetic gain in the era of molecular breeding. **Journal of Experimental Botany**, v. 68, n. 11, p. 2641-2666, 2017.

YAN, W. Mega-environment Analysis and Test Location Evaluation Based on Unbalanced Multiyear Data. **Crop Science**, v. 55, p. 113-122, 2015. doi:10.2135/cropsci2014.03.0203

ZENI-NETO, H., OLIVEIRA, R. A. D., DAROS, E., BESPALHOK-FILHO, J. C., CAMARGO ZAMBON, J. L., TERUYO IDO, O., WEBER, H. (2008). Seleção para

produtividade, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana-de-açúcar em três ambientes no Estado do Paraná via modelos mistos. **Scientia Agraria**, v. 9, n. 4, 2008.

ZHAO, Y., LI, Z., LIU, G., JIANG, Y., MAURER, H. P., WÜRSCHUM, T., ... REIF, J. C. (2015). Genome-based establishment of a high-yielding heterotic pattern for hybrid wheat breeding. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 112, n. 51, p. 15624–15629. <http://doi.org/10.1073/pnas.1514547112>

ZHU, J., WEIR, B. S. Analysis of cytoplasmic and maternal effects I. A genetic model for diploid plant seeds and animals. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, p. 153-159, 1994.

**ÍNDICE DE APÊNDICES E ANEXOS**

<b>APÊNDICE A – Efeitos preditos para a interação entre aditividade x ambiente para o caractere rendimento de grãos (RG) em trigo, avaliados nas gerações F2 e F3, em dois locais de avaliação.....</b>	<b>84</b>
<b>APÊNDICE B – Efeitos preditos de dominância homozigóticos em trigo para os caracteres número de grãos por espiga e massa de grãos por espiga para as gerações F2 e F3 avaliadas em dois locais, nos anos de 2014 e 2015.....</b>	<b>86</b>
<b>APÊNDICE C – Efeitos preditos de dominância heterozigótica em trigo para os caracteres rendimento de grãos, massa de mil grãos, avaliados nas gerações F2 e F3, em dois locais e por dois anos.....</b>	<b>88</b>
<b>ANEXO A – Comandos em R para estimar o ganho de produtividade anual e médio, segundo método de Vencovsky et al. (1988) e teste de hipótese de Storck et al. (2005).....</b>	<b>98</b>

## APÊNDICES

**APÊNDICE A** – Efeitos preditos para a interação entre aditividade x ambiente para o caractere rendimento de grãos (RG) em trigo, avaliados nas gerações F2 e F3, em dois locais de avaliação.

Genitor	RG x local 1 (Pato Branco)			RG x local 2 (Realeza)		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
Ametista	241,6	29,55	0	254,41	34,59	0
BRS 327	-21,34	49,39	1	414,8	43,63	0
BRS 328	-87,26	26,88	0,055	220,83	27,46	0
BRS 331	94,03	30,32	0,075	-22,62	31,53	0,996
BRS Gralha Azul	34,35	29,88	0,968	159,96	32,38	0,001
BRS Pardela	-206,42	51,46	0,011	-39,98	73,38	1
BRS Tangará	-208,54	30,92	0	7,63	28,17	1
CD 108	-16,16	27,02	1	86,35	27,82	0,068
CD 124	21,16	46,29	1	159,81	34,54	0,002
CD 125	-38,47	43,46	0,997	31,79	11,57	0,144
CD 1252	129,84	39,3	0,04	-155,07	35,63	0,003
CD 150	-260,61	27,99	0	72,71	29,91	0,28
CD 154	-154,77	48,34	0,048	-12,57	18,1	0,999
CD 1550	91,16	46,31	0,555	233,02	45,4	0,001
FCEP Bravo	-33,16	49,81	1	168,42	28,56	0
FCEP Horizonte	37,16	48,23	0,999	336,6	40,2	0
IPR 85	-254,21	40,44	0	54,56	37,34	0,889
IPR Catuara	189,94	23,05	0	118,42	27,84	0,003
JF 90	8,81	38,72	1	68,5	33,33	0,486
Marfim	-312,04	44,09	0	-640,79	59,75	0
Mirante	456,47	56,25	0	333,18	37,75	0
Onix	-210,03	31,66	0	-13,32	35,58	1
Quartzo	408,33	40,52	0	-40,07	41,9	0,992
Supera	36,98	23,83	0,849	-27,67	13,48	0,499
Taurum	-121,29	24,64	0,001	182,84	17,67	0
TBIO Bandeirantes	-412,3	49,47	0	-129,61	51,8	0,236
TBIO Itaipu	343,71	38,68	0	-241,61	60,42	0,014
TBIO Ivai	182,67	55,41	0,041	103,94	37,13	0,141
TBIO Mestre	480,86	28,3	0	250,95	27,32	0
TBIO Pioneiro	124,69	49,09	0,233	-114,65	38,63	0,111
TBIO Seletto	591,89	37,15	0	201,89	33,58	0
TBIO Sinuelo	935,44	58,87	0	-284,52	56,75	0,001
TBIO Tibagi	-36,31	54,05	1	143,09	40	0,023
TEC Vigore	-183,36	39,78	0,002	-211,39	50,16	0,005
Topazio	192,31	54,8	0,023	260,68	44,2	0
UTFT 01	-192,97	35,48	0	148,5	39,07	0,016
UTFT 02	70,13	39,44	0,678	136,57	49,84	0,148
UTFT 0827	-218,16	49,75	0,003	-54,7	47,25	0,972
UTFT 0908	187,35	48	0,009	120,12	29,1	0,005
UTFT 0914	196,59	28,25	0	-131,25	43,07	0,072
UTFT 0915	115,18	43,88	0,22	-135,8	44,81	0,072

## APÊNDICE A – Continuação...

Genitor	RG x local 1 (Pato Branco)			RG x local 2 (Realeza)		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
UTFT 0931	-288,19	45,29	0	-414,99	38,54	0
UTFT 0932	171,54	27,24	0	186,35	38,3	0,001
UTFT 0934	-344,86	77,11	0,002	410,23	54,82	0
UTFT 0937	-158,43	68,11	0,358	87,35	29,66	0,106
UTFT 0944	-52,12	25,16	0,487	251,04	50,27	0
UTFT 0952	-789,17	50,81	0	-684,79	50,95	0
UTFT 0954	-960,07	47,02	0	-1112,98	55,05	0
UTFT 0972	82,85	42,65	0,58	-61,16	42,02	0,884
UTFT 0973	146,06	24,58	0	-148,05	31,48	0,001
UTFT 0982	-261,22	97,18	0,153	-233,21	80,06	0,104
UTFT 0985	116,9	47,27	0,255	38,56	40,92	0,995
UTFT 11251	-297,18	53,92	0	98,36	32,05	0,068

**APÊNDICE B** – Efeitos preditos de dominância homozigóticos em trigo para os caracteres número de grãos por espiga e massa de grãos por espiga para as gerações F2 e F3 avaliadas em dois locais, nos anos de 2014 e 2015.

Genitor	Número de grãos por espiga			Massa de grãos por espiga		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
Ametista	26,16	0,93	0,000	0,78	0,03	0,000
BRS 327	-5,73	1,04	0,000	-0,08	0,04	0,472
BRS 328	22,69	0,75	0,000	0,58	0,03	0,000
BRS 331	33,06	1,04	0,000	0,99	0,03	0,000
BRS Gralha Azul	26,07	0,91	0,000	0,65	0,04	0,000
BRS Pardela	11,58	0,69	0,000	0,49	0,04	0,000
BRS Tangará	19,32	0,81	0,000	0,81	0,05	0,000
CD 108	13,76	1,14	0,000	0,53	0,03	0,000
CD 124	5,64	0,88	0,000	-0,05	0,04	0,933
CD 125	-5,89	0,58	0,000	-0,46	0,03	0,000
CD 1252	-6,57	1,04	0,000	0,03	0,04	0,999
CD 150	19,38	0,99	0,000	0,35	0,04	0,000
CD 154	-15,16	0,86	0,000	-0,61	0,04	0,000
CD 1550	24,16	0,91	0,000	0,45	0,03	0,000
FCEP Bravo	6,39	0,95	0,000	-0,08	0,02	0,055
FCEP Horizonte	12,16	0,61	0,000	-0,09	0,03	0,098
IPR 85	2,22	0,99	0,379	0,68	0,04	0,000
IPR Catuara	4,81	0,58	0,000	0,50	0,04	0,000

## APÊNDICE B – Continuação...

Genitor	Número de grãos por espiga			Massa de grãos por espiga		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
JF 90	8,82	0,60	0,000	0,40	0,02	0,000
Marfim	17,60	1,01	0,000	0,55	0,03	0,000
Mirante	18,97	0,92	0,000	0,66	0,04	0,000
Onix	12,36	1,19	0,000	0,10	0,05	0,449
Quartzo	7,92	1,07	0,000	0,09	0,04	0,404
Supera	-6,79	0,79	0,000	-0,09	0,03	0,017
Taurum	15,83	1,26	0,000	0,41	0,05	0,000
TBIO Bandeirantes	10,06	0,61	0,000	0,40	0,03	0,000
TBIO Itaipu	37,70	0,84	0,000	1,26	0,04	0,000
TBIO Ivai	17,90	0,96	0,000	0,97	0,03	0,000
TBIO Mestre	13,71	0,36	0,000	0,23	0,01	0,000
TBIO Pioneiro	15,64	1,33	0,000	0,27	0,05	0,000
TBIO Seletto	10,67	0,72	0,000	0,53	0,04	0,000
TBIO Sinuelo	34,11	0,85	0,000	1,30	0,03	0,000
TBIO Tibagi	21,06	1,58	0,000	0,07	0,04	0,701
TEC Vigore	22,67	0,86	0,000	0,86	0,04	0,000
Topazio	10,40	1,06	0,000	0,58	0,04	0,000
UTFT 01	7,52	0,65	0,000	0,71	0,04	0,000
UTFT 02	10,26	0,77	0,000	0,27	0,03	0,000
UTFT 0827	15,96	1,21	0,000	0,61	0,06	0,000
UTFT 0908	14,09	1,66	0,000	0,44	0,05	0,000
UTFT 0914	12,82	2,23	0,000	0,39	0,07	0,001
UTFT 0915	3,10	1,20	0,215	0,12	0,03	0,003
UTFT 0931	20,33	0,82	0,000	0,74	0,05	0,000
UTFT 0932	17,33	1,43	0,000	0,47	0,04	0,000
UTFT 0934	17,92	2,23	0,000	0,38	0,05	0,000
UTFT 0937	-0,23	1,41	1,000	-0,30	0,06	0,001
UTFT 0944	15,85	1,56	0,000	0,40	0,04	0,000
UTFT 0952	19,77	0,70	0,000	0,52	0,03	0,000
UTFT 0954	34,88	0,71	0,000	0,53	0,02	0,000
UTFT 0972	-5,32	0,89	0,001	-0,77	0,02	0,000
UTFT 0973	12,47	1,12	0,000	0,04	0,03	0,956
UTFT 0982	-9,72	1,24	0,000	-0,72	0,03	0,000
UTFT 0985	36,99	1,86	0,000	0,74	0,07	0,000
UTFT 11251	1,41	1,99	1,000	0,00	0,04	1,000

**APÊNDICE C** – Efeitos preditos de dominância heterozigótica em trigo para os caracteres rendimento de grãos, massa de mil grãos, avaliados nas gerações F2 e F3, em dois locais e por dois anos.

Genitores	Rendimento de Grãos			Massa de Mil Grãos		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
BRS 327 x Ametista	-481,45	98,61	0,001	-1,17	0,53	0,389
BRS 328 x Supera	279,42	70,34	0,006	0,34	0,37	0,995
BRS 328 x Taurum	-232,12	43,82	0,000	3,72	0,46	0,000
BRS 328 x TBIO Pioneiro	-364,07	93,21	0,012	-6,90	0,70	0,000
BRS 328 x UTFT 01	326,67	123,54	0,177	-5,67	1,00	0,000
BRS 328 x UTFT 02	-736,63	101,72	0,000	3,95	0,80	0,002
BRS 328 x UTFT 0985	-168,41	125,21	0,924	2,46	0,57	0,004
BRS 331 x CD 150	264,07	62,11	0,011	1,63	0,45	0,037
BRS 331 x Quartzo	79,19	76,56	0,985	2,56	0,45	0,001
BRS 331 x UTFT 0931	-129,12	53,81	0,281	-4,07	0,70	0,000
BRS Galha Azul x BRS 328	479,97	137,91	0,038	2,84	0,52	0,001
BRS Galha Azul x FCEP Bravo	-649,35	71,42	0,000	3,27	0,42	0,000
BRS Galha Azul x JF 90	-638,33	113,28	0,000	-0,39	0,56	1,000
BRS Galha Azul x Marfim	666,89	99,03	0,000	-1,64	0,74	0,425
BRS Galha Azul x TBIO Mestre	116,30	153,29	0,995	1,87	0,32	0,000
BRS Galha Azul x TBIO Selete	-332,26	148,67	0,380	-4,21	0,65	0,000
BRS Galha Azul x TEC Vigore	745,32	106,31	0,000	-1,42	0,56	0,226
BRS Galha Azul x Topazio	182,46	69,51	0,198	-5,32	0,75	0,000
BRS Galha Azul x UTFT 02	-127,75	69,59	0,657	4,27	0,52	0,000
BRS Galha Azul x UTFT 0931	-656,89	80,56	0,000	-5,22	0,57	0,000
BRS Galha Azul x UTFT 0952	802,82	187,84	0,013	-1,49	0,42	0,030
BRS Galha Azul x UTFT 0954	-87,70	100,48	0,992	-1,34	0,37	0,018
BRS Galha Azul x UTFT 0973	-353,42	80,66	0,003	1,84	0,55	0,038
BRS Tangará x Ametista	342,83	56,93	0,000	9,96	0,83	0,000
BRS Tangará x BRS 328	-615,13	113,95	0,000	-7,56	0,98	0,000
BRS Tangará x CD 108	-304,77	61,12	0,001	-6,03	0,75	0,000
BRS Tangará x CD 1252	-255,27	127,06	0,533	11,83	0,71	0,000
BRS Tangará x IPR 85	935,13	82,14	0,000	-10,83	0,89	0,000
BRS Tangará x Topazio	1223,54	155,32	0,000	11,83	0,64	0,000
BRS Tangará x UTFT 0915	173,74	77,58	0,384	2,77	0,51	0,000
BRS Tangará x UTFT 0952	223,58	149,73	0,875	0,38	0,83	1,000
BRS Tangará x UTFT 0954	607,05	111,48	0,000	3,13	0,61	0,001
BRS Tangará x UTFT 0972	-325,27	59,12	0,000	-1,79	0,46	0,012
CD 108 x Marfim	391,59	56,52	0,000	6,43	0,63	0,000
CD 108 x Onix	-608,11	68,82	0,000	2,65	0,33	0,000
CD 124 x Onix	-608,11	68,82	0,000	2,65	0,33	0,000
CD 1252 x BRS 328	171,33	93,90	0,641	-0,81	0,58	0,878
CD 150 x Ametista	-536,10	86,52	0,000	0,85	0,36	0,294
CD 150 x BRS 328	161,74	84,73	0,589	9,96	0,69	0,000
CD 150 x BRS Galha Azul	611,60	67,66	0,000	-1,44	0,29	0,001
CD 150 x CD 154	-842,11	153,85	0,000	1,02	0,66	0,857
CD 150 x FCEP Horizonte	-422,40	108,54	0,017	7,52	1,00	0,000
CD 150 x Marfim	-347,72	85,96	0,009	6,17	0,63	0,000



## APÊNDICE C – Continuação...

Genitores	Rendimento de Grãos			Massa de Mil Grãos		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
CD 150 x Taurum	-806,57	80,32	0,000	-4,15	0,42	0,000
CD 150 x UTFT 02	-181,92	95,00	0,585	7,91	0,88	0,000
CD 150 x UTFT 0914	1000,37	77,87	0,000	5,66	0,56	0,000
CD 1550 x BRS 328	-110,53	134,33	0,997	4,45	0,52	0,000
CD 1550 x BRS Pardela	-490,59	88,11	0,000	-1,16	0,56	0,491
CD 1550 x IPR 85	-1095,05	116,66	0,000	1,58	0,51	0,066
FCEP Horizonte x UTFT 0952	1607,30	108,22	0,000	6,90	0,68	0,000
JF 90 x Mirante	468,23	76,32	0,000	-7,05	0,60	0,000
Marfim x Onix	136,78	77,58	0,702	-1,84	0,50	0,022
Marfim x Taurum	314,84	76,86	0,007	3,49	0,67	0,000
Quartzo x Onix	80,48	133,67	1,000	-8,01	0,46	0,000
TBIO Bandeirantes x CD 150	-347,20	109,38	0,049	-3,90	0,35	0,000
TBIO Bandeirantes x IPR Catuara	627,43	56,36	0,000	3,40	0,35	0,000
TBIO Bandeirantes x UTFT 0952	-453,82	169,88	0,160	4,73	0,66	0,000
TBIO Bandeirantes x UTFT 0972	-325,27	59,12	0,000	-1,79	0,46	0,012
TBIO Mestre x Ametista	-54,94	81,92	0,997	-8,90	0,71	0,000
TBIO Mestre x FCEP Bravo	616,89	63,26	0,000	-4,54	0,49	0,000
TBIO Mestre x JF 90	-433,54	70,72	0,000	1,16	0,66	0,714
TBIO Mestre x Mirante	1279,53	326,23	0,007	8,31	0,62	0,000
TBIO Mestre x TBIO Sinuelo	1521,80	144,06	0,000	7,59	0,69	0,000
TBIO Mestre x UTFT 02	-730,29	134,74	0,000	-1,19	0,73	0,780
TBIO Mestre x UTFT 0931	1441,85	113,09	0,000	-11,80	0,84	0,000
TBIO Mestre x UTFT 0954	729,51	108,30	0,000	1,94	0,60	0,063
TBIO Sinuelo x TBIO Tibagi	230,82	152,26	0,865	-9,58	0,48	0,000
TBIO Sinuelo x UTFT 01	-179,48	161,52	0,980	4,81	0,55	0,000
TBIO Sinuelo x UTFT 02	-1604,46	346,80	0,001	-1,16	0,49	0,305
TBIO Sinuelo x UTFT 0973	-65,83	73,99	0,991	0,13	0,43	1,000
TEC Vigore x FCEP Bravo	-57,58	102,12	0,999	2,33	0,96	0,260
TEC Vigore x Taurum	-645,14	115,01	0,000	-3,82	1,09	0,023
TEC Vigore x UTFT 01	316,76	48,32	0,000	9,25	0,60	0,000
UTFT 01 x UTFT 0944	141,67	53,39	0,171	1,14	0,36	0,059
UTFT 0827 x BRS Pardela	1059,77	140,21	0,000	4,70	0,54	0,000
UTFT 0827 x Taurum	-183,34	79,78	0,344	11,78	0,85	0,000
UTFT 0827 x TBIO Itaipu	-192,09	74,12	0,201	-0,70	0,47	0,855
UTFT 0827 x TBIO Tibagi	-653,09	78,35	0,000	6,15	0,49	0,000
UTFT 0914 x Onix	-1254,47	133,98	0,000	3,91	0,50	0,000
UTFT 0931 x Mirante	951,09	88,52	0,000	-2,38	0,49	0,002
UTFT 0931 x UTFT 02	526,03	135,56	0,018	0,68	0,54	0,951
UTFT 0931 x UTFT 0985	-1840,95	172,77	0,000	-3,98	0,90	0,004
UTFT 0932 x Onix	757,49	65,36	0,000	0,66	0,62	0,987
UTFT 0934 x Topazio	-412,49	211,20	0,575	2,53	0,59	0,003
UTFT 0937 x Onix	-727,73	170,05	0,003	5,85	0,79	0,000
UTFT 0952 x BRS 328	-923,92	91,45	0,000	2,24	0,51	0,003
UTFT 0952 x BRS Pardela	-1639,82	176,80	0,000	0,14	0,61	1,000
UTFT 0952 x Onix	-802,02	133,87	0,001	-1,33	0,70	0,578
UTFT 0952 x TBIO Itaipu	-846,52	180,02	0,001	1,26	0,35	0,029
UTFT 0952 x TBIO Pioneiro	-834,70	112,18	0,000	5,14	0,72	0,000

## APÊNDICE C – Continuação...

Genitores	Rendimento de Grãos			Massa de Mil Grãos		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
UTFT 0954 x FCEP Bravo	-768,16	227,58	0,031	5,96	0,73	0,000
UTFT 0954 x IPR 85	-909,65	205,68	0,002	8,69	0,95	0,000
UTFT 0954 x JF 90	-155,49	126,88	0,892	10,35	0,60	0,000
UTFT 0954 x Onix	-1146,22	174,38	0,000	6,01	0,63	0,000
UTFT 0954 x TBIO Itaipu	-441,89	129,63	0,034	2,04	0,60	0,036
UTFT 0954 x TBIO Ivai	16,77	102,99	1,000	-1,06	0,93	0,977
UTFT 0954 x TBIO Pioneiro	-525,11	140,25	0,012	7,27	0,60	0,000
UTFT 0954 x UTFT 01	-119,60	155,63	0,993	-1,39	0,42	0,042
UTFT 11251 x UTFT 0985	-903,75	139,24	0,000	-3,46	0,38	0,000

**APÊNDICE D** – Efeitos preditos de dominância heterozigótica em trigo para os caracteres número de grãos por espiga e massa de grãos por espiga avaliados na gerações F2 e F3, em dois locais e por dois anos.

Genitores	Número de grãos por espiga			Massa de grãos por espiga		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
BRS 327 x Ametista	-18,06	1,10	0,000	-0,06	0,04	0,812
BRS 328 x Supera	-7,92	0,60	0,000	-0,34	0,05	0,000
BRS 328 x Taurum	-3,97	0,81	0,001	-0,58	0,04	0,000
BRS 328 x TBIO Pioneiro	-13,76	1,03	0,000	-0,59	0,04	0,000
BRS 328 x UTFT 01	1,13	0,56	0,515	-0,32	0,04	0,000
BRS 328 x UTFT 02	-3,74	1,29	0,128	-0,22	0,07	0,114
BRS 328 x UTFT 0985	-6,69	1,44	0,003	-0,73	0,07	0,000
BRS 331 x CD 150	11,15	0,92	0,000	0,07	0,02	0,102
BRS 331 x Quartzo	-0,69	1,42	1,000	0,13	0,03	0,002
BRS 331 x UTFT 0931	15,50	0,80	0,000	-0,09	0,03	0,158
BRS Galha Azul x BRS 328	2,01	0,88	0,350	-0,11	0,03	0,029
BRS Galha Azul x FCEP Bravo	0,86	0,75	0,970	-0,05	0,02	0,404
BRS Galha Azul x JF 90	-1,57	0,66	0,286	-0,27	0,05	0,000
BRS Galha Azul x Marfim	-15,83	1,06	0,000	-0,35	0,05	0,000
BRS Galha Azul x TBIO Mestre	5,45	1,03	0,000	0,08	0,05	0,744
BRS Galha Azul x TBIO Seletto	9,88	0,82	0,000	0,24	0,03	0,000
BRS Galha Azul x TEC Vigore	-3,44	0,84	0,007	-0,17	0,03	0,000
BRS Galha Azul x Topazio	-11,78	0,63	0,000	-0,63	0,04	0,000
BRS Galha Azul x UTFT 02	-6,51	1,00	0,000	-0,38	0,04	0,000
BRS Galha Azul x UTFT 0931	45,83	1,07	0,000	1,72	0,06	0,000

## APÊNDICE D – Continuação...

Genitores	Número de grãos por espiga			Massa de grãos por espiga		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
BRS Gralha Azul x UTFT 0952	-9,82	0,81	0,000	-0,48	0,03	0,000
BRS Gralha Azul x UTFT 0954	-12,04	1,12	0,000	-0,15	0,03	0,002
BRS Gralha Azul x UTFT 0973	-6,92	0,84	0,000	-0,49	0,03	0,000
BRS Tangará x Ametista	-1,19	1,10	0,985	-0,14	0,04	0,023
BRS Tangará x BRS 328	7,11	0,79	0,000	-0,48	0,04	0,000
BRS Tangará x CD 108	-2,86	1,08	0,190	-0,34	0,03	0,000
BRS Tangará x CD 1252	12,62	1,55	0,000	1,05	0,06	0,000
BRS Tangará x IPR 85	-5,50	1,24	0,003	-0,87	0,04	0,000
BRS Tangará x Topazio	0,78	1,04	0,999	0,35	0,03	0,000
BRS Tangará x UTFT 0915	4,38	1,08	0,005	-0,27	0,03	0,000
BRS Tangará x UTFT 0952	-2,18	0,65	0,041	-0,15	0,04	0,035
BRS Tangará x UTFT 0954	17,71	0,70	0,000	0,90	0,04	0,000
BRS Tangará x UTFT 0972	-14,19	1,28	0,000	-0,57	0,03	0,000
CD 108 x Marfim	-15,66	1,17	0,000	0,28	0,02	0,000
CD 124 x Onix	-1,68	0,95	0,702	0,35	0,02	0,000
CD 1252 x BRS 328	6,43	1,20	0,001	0,50	0,04	0,000
CD 150 x Ametista	4,59	0,94	0,001	0,05	0,02	0,468
CD 150 x BRS 328	13,18	1,37	0,000	0,80	0,04	0,000
CD 150 x BRS Gralha Azul	-10,75	1,17	0,000	-0,22	0,05	0,009
CD 150 x CD 154	-14,71	0,87	0,000	-0,73	0,06	0,000
CD 150 x FCEP Horizonte	-22,91	1,29	0,000	-0,52	0,05	0,000
CD 150 x Marfim	-28,17	1,56	0,000	-0,71	0,03	0,000
CD 150 x Taurum	-21,64	1,13	0,000	-0,62	0,06	0,000
CD 150 x UTFT 02	26,19	1,26	0,000	1,05	0,07	0,000
CD 150 x UTFT 0914	-10,71	1,49	0,000	0,04	0,06	1,000
CD 1550 x BRS 328	-0,85	1,38	1,000	-0,34	0,03	0,000
CD 1550 x BRS Pardela	1,02	0,78	0,934	0,37	0,03	0,000
CD 1550 x IPR 85	-6,79	1,10	0,000	0,01	0,04	1,000
FCEP Horizonte x UTFT 0952	-3,67	0,69	0,000	0,51	0,03	0,000
JF 90 x Mirante	10,43	0,64	0,000	0,02	0,04	1,000
Marfim x Onix	3,80	0,80	0,002	0,24	0,04	0,000
Marfim x Taurum	-16,95	1,01	0,000	-0,35	0,04	0,000
Quartzo x Onix	-10,56	0,94	0,000	-0,67	0,03	0,000
TBIO Bandeirantes x CD 150	-8,61	1,07	0,000	-0,63	0,07	0,000
TBIO Bandeirantes x IPR Catuara	1,13	0,41	0,150	0,31	0,01	0,000
TBIO Bandeirantes x UTFT 0952	-17,30	0,81	0,000	-0,14	0,03	0,000
TBIO Bandeirantes x UTFT 0972	-14,19	1,28	0,000	-0,57	0,03	0,000
TBIO Mestre x Ametista	-3,82	1,04	0,018	-0,11	0,03	0,003
TBIO Mestre x FCEP Bravo	-1,44	1,02	0,838	-0,29	0,04	0,003

## APÊNDICE D – Continuação...

Genitores	Número de grãos por espiga			Massa de grãos por espiga		
	Efeito	Erro	P value	Efeito	Erro	P value
TBIO Mestre x JF 90	-4,73	0,75	0,000	-0,13	0,03	0,002
TBIO Mestre x Mirante	16,44	1,25	0,000	0,91	0,04	0,000
TBIO Mestre x TBIO Sinuelo	-15,79	0,91	0,000	-0,39	0,03	0,000
TBIO Mestre x UTFT 02	-23,43	1,90	0,000	-0,88	0,08	0,000
TBIO Mestre x UTFT 0931	9,01	0,84	0,000	0,01	0,03	1,000
TBIO Mestre x UTFT 0954	5,62	0,65	0,000	0,89	0,04	0,000
TBIO Sinuelo x TBIO Tibagi	7,67	0,89	0,000	-0,25	0,03	0,000
TBIO Sinuelo x UTFT 01	0,52	0,65	0,998	0,11	0,03	0,028
TBIO Sinuelo x UTFT 02	-8,83	0,73	0,000	-0,33	0,04	0,000
TBIO Sinuelo x UTFT 0973	10,76	0,62	0,000	0,19	0,03	0,000
TEC Vigore x FCEP Bravo	-18,37	0,80	0,000	-0,60	0,04	0,000
TEC Vigore x UTFT 01	11,36	0,80	0,000	1,14	0,05	0,000
UTFT 01 x UTFT 0944	5,58	1,00	0,000	0,03	0,04	0,999
UTFT 0827 x BRS Pardela	6,63	0,72	0,000	0,61	0,04	0,000
UTFT 0827 x Taurum	11,59	2,64	0,003	0,92	0,10	0,000
UTFT 0827 x TBIO Itaipu	11,05	1,14	0,000	0,76	0,05	0,000
UTFT 0827 x TBIO Tibagi	-12,27	1,48	0,000	0,05	0,03	0,752
UTFT 0914 x Onix	-57,48	1,59	0,000	-2,18	0,05	0,000
UTFT 0931 x Mirante	-13,54	1,16	0,000	-0,80	0,04	0,000
UTFT 0931 x UTFT 02	-5,94	0,70	0,000	-0,63	0,05	0,000
UTFT 0931 x UTFT 0985	-29,89	1,86	0,000	-0,92	0,06	0,000
UTFT 0932 x Onix	6,26	1,02	0,000	0,10	0,04	0,137
UTFT 0934 x Topazio	-1,08	2,00	1,000	0,04	0,04	0,993
UTFT 0937 x Onix	18,19	2,16	0,000	1,02	0,07	0,000
UTFT 0952 x BRS 328	6,28	0,65	0,000	0,40	0,03	0,000
UTFT 0952 x BRS Pardela	-7,44	0,62	0,000	-0,59	0,03	0,000
UTFT 0952 x Onix	-0,87	1,48	1,000	-0,30	0,03	0,000
UTFT 0952 x TBIO Itaipu	-1,72	0,70	0,273	-0,17	0,03	0,001
UTFT 0952 x TBIO Pioneiro	1,19	1,58	0,999	-0,26	0,06	0,001
UTFT 0954 x FCEP Bravo	-8,13	0,86	0,000	-0,20	0,03	0,000
UTFT 0954 x IPR 85	0,03	1,23	1,000	0,83	0,03	0,000
UTFT 0954 x JF 90	-15,34	0,83	0,000	-0,38	0,02	0,000
UTFT 0954 x Onix	-14,52	0,87	0,000	-0,31	0,03	0,000
UTFT 0954 x TBIO Itaipu	7,53	0,83	0,000	-0,02	0,03	0,998
UTFT 0954 x TBIO Ivai	8,19	0,86	0,000	0,35	0,03	0,000
UTFT 0954 x TBIO Pioneiro	-1,08	0,88	0,958	0,10	0,03	0,060
UTFT 0954 x UTFT 01	-15,48	0,74	0,000	-0,66	0,04	0,000
UTFT 11251 x UTFT 0985	-5,43	1,06	0,000	-0,22	0,04	0,000

**APÊNDICE E** – Efeitos preditos de dominância heterozigótica em trigo para o caractere Estatura de Planta avaliada nas gerações F2 e F3, em dois locais e por dois anos.

Genitores	Estatura de Plantas		
	Efeito	Erro	P value
BRS 327 x Ametista	3,52	2,21	0,812
BRS 328 x Supera	-0,34	0,71	1,000
BRS 328 x Taurum	8,10	1,18	0,000
BRS 328 x TBIO Pioneiro	-12,15	0,94	0,000
BRS 328 x UTFT 01	9,33	1,15	0,000
BRS 328 x UTFT 02	-10,40	1,52	0,000
BRS 328 x UTFT 0985	-26,50	2,20	0,000
BRS 331 x CD 150	11,41	1,15	0,000
BRS 331 x Quartzo	-18,05	0,91	0,000
BRS 331 x UTFT 0931	3,20	1,56	0,492
BRS Gralha Azul x BRS 328	-1,76	0,89	0,559
BRS Gralha Azul x FCEP Bravo	6,10	1,45	0,006
BRS Gralha Azul x JF 90	-18,81	1,40	0,000
BRS Gralha Azul x Marfim	-6,57	1,40	0,003
BRS Gralha Azul x TBIO Mestre	-11,15	1,47	0,000
BRS Gralha Azul x TBIO Seleto	-4,02	1,17	0,036
BRS Gralha Azul x TEC Vigore	4,56	1,35	0,037
BRS Gralha Azul x Topazio	-14,54	1,46	0,000
BRS Gralha Azul x UTFT 02	9,82	1,53	0,000
BRS Gralha Azul x UTFT 0931	-9,89	1,28	0,000
BRS Gralha Azul x UTFT 0952	-5,77	1,50	0,035
BRS Gralha Azul x UTFT 0954	-7,48	1,40	0,001
BRS Gralha Azul x UTFT 0973	8,35	1,37	0,000
BRS Tangará x Ametista	-1,77	1,01	0,681
BRS Tangará x BRS 328	-12,73	1,33	0,000
BRS Tangará x CD 108	-7,74	1,32	0,000
BRS Tangará x CD 1252	5,84	1,64	0,052
BRS Tangará x IPR 85	-25,15	1,24	0,000
BRS Tangará x Topazio	31,21	2,32	0,000
BRS Tangará x UTFT 0915	1,56	1,68	0,993
BRS Tangará x UTFT 0952	4,31	1,48	0,104
BRS Tangará x UTFT 0954	20,98	1,19	0,000
BRS Tangará x UTFT 0972	5,29	0,86	0,000
CD 108 x Marfim	2,56	1,35	0,596

## APÊNDICE E – Continuação...

Genitores	Estatura de Plantas		
	Efeito	Erro	P value
CD 124 x Onix	0,54	0,83	0,999
CD 1252 x BRS 328	12,76	1,89	0,000
CD 150 x Ametista	-1,05	0,96	0,982
CD 150 x BRS 328	13,87	1,18	0,000
CD 150 x BRS Gralha Azul	-3,36	0,84	0,007
CD 150 x CD 154	-7,84	0,74	0,000
CD 150 x FCEP Horizonte	-6,64	1,21	0,000
CD 150 x Marfim	-18,82	1,77	0,000
CD 150 x Taurum	-3,42	1,47	0,327
CD 150 x UTFT 02	19,95	1,50	0,000
CD 150 x UTFT 0914	-12,01	1,41	0,000
CD 1550 x BRS 328	5,12	1,00	0,001
CD 1550 x BRS Pardela	14,27	1,16	0,000
CD 1550 x IPR 85	8,15	1,51	0,000
FCEP Horizonte x UTFT 0952	16,37	1,77	0,000
JF 90 x Mirante	-6,71	2,10	0,071
Marfim x Onix	7,17	1,50	0,002
Marfim x Taurum	28,54	1,75	0,000
Quartzo x Onix	22,57	1,63	0,000
TBIO Bandeirantes x CD 150	1,70	0,64	0,176
TBIO Bandeirantes x IPR Catuara	1,49	0,53	0,136
TBIO Bandeirantes x UTFT 0952	0,45	0,89	1,000
TBIO Bandeirantes x UTFT 0972	5,29	0,86	0,000
TBIO Mestre x Ametista	7,87	0,94	0,000
TBIO Mestre x FCEP Bravo	0,06	1,04	1,000
TBIO Mestre x JF 90	12,86	1,10	0,000
TBIO Mestre x Mirante	14,13	2,01	0,000
TBIO Mestre x TBIO Sinuelo	11,04	1,72	0,000
TBIO Mestre x UTFT 02	-45,47	3,82	0,000
TBIO Mestre x UTFT 0931	7,25	0,98	0,000
TBIO Mestre x UTFT 0954	-15,66	0,98	0,000
TBIO Sinuelo x TBIO Tibagi	18,25	1,34	0,000
TBIO Sinuelo x UTFT 01	-5,06	1,55	0,048
TBIO Sinuelo x UTFT 02	4,79	1,57	0,088
TBIO Sinuelo x UTFT 0973	-16,00	1,22	0,000
TEC Vigore x FCEP Bravo	9,71	0,96	0,000
TEC Vigore x Taurum	-6,77	1,34	0,001

## APÊNDICE E – Continuação...

Genitores	Estatura de Plantas		
	Efeito	Erro	P value
TEC Vigore x UTFT 01	-5,76	1,02	0,000
UTFT 01 x UTFT 0944	-5,52	0,86	0,000
UTFT 0827 x BRS Pardela	-0,07	0,88	1,000
UTFT 0827 x Taurum	-13,67	1,51	0,000
UTFT 0827 x TBIO Itaipu	-17,61	1,00	0,000
UTFT 0827 x TBIO Tibagi	-19,53	1,24	0,000
UTFT 0914 x Onix	-0,10	1,14	1,000
UTFT 0931 x Mirante	-26,96	2,46	0,000
UTFT 0931 x UTFT 02	-19,98	1,61	0,000
UTFT 0931 x UTFT 0985	-15,29	2,41	0,000
UTFT 0932 x Onix	-6,93	1,29	0,000
UTFT 0934 x Topazio	-4,22	1,21	0,033
UTFT 0937 x Onix	9,80	1,35	0,000
UTFT 0952 x BRS 328	11,77	1,41	0,000
UTFT 0952 x BRS Pardela	-6,83	1,67	0,006
UTFT 0952 x Onix	-1,76	1,13	0,814
UTFT 0952 x TBIO Itaipu	10,68	1,20	0,000
UTFT 0952 x TBIO Pioneiro	0,29	1,29	1,000
UTFT 0954 x FCEP Bravo	2,52	1,30	0,565
UTFT 0954 x IPR 85	15,88	1,09	0,000
UTFT 0954 x JF 90	18,16	1,17	0,000
UTFT 0954 x Onix	-4,20	1,17	0,020
UTFT 0954 x TBIO Itaipu	13,20	1,14	0,000
UTFT 0954 x TBIO Ivai	-48,68	5,71	0,000
UTFT 0954 x TBIO Pioneiro	21,45	1,41	0,000
UTFT 0954 x UTFT 01	-9,53	1,62	0,000
UTFT 11251 x UTFT 0985	-8,56	1,62	0,000

**ANEXOS**



**ANEXO A** – Comandos em R para estimar o ganho de produtividade anual e médio, segundo método de Vencovsky et al. (1988) e teste de hipótese de Storck et al. (2005).

```

rm(list=ls())
require(utls)
dados = as.matrix(read.table ("d:/R/ganho.txt", h=F)) ## dados = [ ano ensaio cult
bloco rend ]
na =max(dados[,1]) - min(dados[,1]) +1 # na = numero de anos
re = matrix(0,na,16) # matriz dos resultados parciais
sai = matrix(0,na+1,12) # matriz para saída
nCult = max(dados[,3]) # numero de cultivares avaliadas
MMed = matrix(0,nCult,na) # Médias cult x anos # medias das cult vs anos
ano = min(dados[,1]) # ano inicial
for (j in 1:na) {
ys = subset (dados,dados[,1]==ano)
local = as.factor(ys[,2]) # fator local = ensaio
cult = as.factor(ys[,3]) # fator cultivar = genotipo
bloco = as.factor(ys[,4]) # fator bloco
if ( max(ys[,2])-min(ys[,2]) > 0 ) {
ajusta = aov(ys[,5]~bloco:local+local+cult+local*cult) # anova conjunta, 2 ou
+ensaios
res = anova(ajusta)
res2 = lm(ajusta) # contem estimativas de efeitos bloco, local, cult e local*cult
estimac = res2$fitted.values
GLE = res[5,1]
QMe = round(res[5,3],6) } else {
ajusta = aov(ys[,5]~bloco+cult) # para um ensaio no ano, análise DBA
res = anova(ajusta)
res2 = lm(ajusta) # contem estimativas de efeitos de bloco e cult
estimac = res2$fitted.values
GLE = res[3,1]
QMe = round(res[3,3],8) }
medC = tapply(estimac,cult,mean)
media = round(mean(ys[,5]),4)
n = res[2,1]+1
reps = length(ys[,5])/n
re[j,1] = ano
re[j,2] = media
re[j,3] = n
re[j,4] = reps
re[j,5] = GLE
re[j,6] = QMe
nomec = as.numeric(res2$xlevel$cult)
for (k in 1:n) {
kk = nomec[k]
MMed[kk,j] = medC[k] }
ano = ano+1 } # fim dos anos

```

```

for (j in 1:(na-1)) { for (k in 1:nCult) {
if ( MMed[k,j]*MMed[k,(j+1)] > 0 ) {
re[j,7] = re[j,7]+1 } } } # nc = numero cults comum no bienio, na coluna 7
for (j in 1:(na-1)) {
re[j,8] = round(100*re[j,7]/(re[j,3]+re[(j+1),3]-re[j,7]),2) # TM na coluna 8
re[j,9] = round(100*(re[(j+1),3]-re[j,7])/re[(j+1),3],2) } # TS na col 9
for (j in 1:(na-1)) {
for (k in 1:nCult) {
if ( MMed[k,j]*MMed[k,(j+1)] > 0 ) {
re[j,10] = re[j,10] + MMed[k,j]/re[j,7]
re[j,11] = re[j,11] + MMed[k,(j+1)]/re[j,7]
} } }
for (j in 1:(na-1)) {
re[j,12] = (re[(j+1),2]-re[j,2])-(re[j,11]-re[j,10]) } # Ganho
for (j in 1:(na-1)) {
re[j,16] = j # numero do bienio
re[j,13] = (re[j,6]/re[j,4])*(1/ re[j,7]-1/re[j,3])+(re[(j+1),6]/re[(j+1),4])*(1/ re[j,7]-
1/re[(j+1),3])
re[j,14] = round(re[j,12]/re[j,13]^(1/2),4)
re[j,15] = round(100*(1-pt( re[j,14],(re[j,5]+re[(j+1),5]))),5) }
sai = (cbind(re[,1],re[,2],re[,3],re[,5],re[,6],re[,16],re[,7],re[,8],re[,9],re[,12],re[,15]))
Gmedio = round(sum(re[,12])/(na-1),5)
VarMedio = sum(re[,13])/(na-1)
GLt = sum(re[,5])
tmedio = Gmedio/ VarMedio^(1/2)
alfa = round(100*(1-pt(tmedio,GLt)),5)
saida = as.data.frame(sai)
names(saida)
c("Ano","Media","nCult","GLe","QMe","Bienio","nc","TM","TS","Ganho","alfa%")
saida[na+1,] = rbind("-", "-", "-", "-", "-", "Media", "-", "-", "-", Gmedio, alfa)
write.table(saida,"D:\\R\\Ganho.csv", sep=";", dec = ".", row.names=FALSE)
=

```