

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
CAMPUS FREDERICO WESTPHALEN
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA:
AGRICULTURA E AMBIENTE**

Luís Antônio Klein

**MODELOS MULTIVARIADOS NA CARACTERIZAÇÃO E SELEÇÃO
DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE AVEIA PRETA (*Avena strigosa* S.)**

Frederico Westphalen, RS
2022

Luís Antônio Klein

**MODELOS MULTIVARIADOS NA CARACTERIZAÇÃO E SELEÇÃO DE
GENÓTIPOS SUPERIORES DE AVEIA PRETA (*Avena strigosa* S.)**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Agronomia – Agricultura e Ambiente, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do título de **Mestre em Agronomia**.

Orientador: Prof. Dr. Volmir Sergio Marchioro

Frederico Westphalen, RS
2022

This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Finance Code 001

Klein, Luís Antônio
MODELOS MULTIVARIADOS NA CARACTERIZAÇÃO E SELEÇÃO DE
GENÓTIPOS SUPERIORES DE AVEIA PRETA (*Avena strigosa* S.) /
Luís Antônio Klein.- 2022.
91 p.; 30 cm

Orientador: Volmir Sergio Marchioro
Coorientador: Marcos Toebe
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa
Maria, Campus de Frederico Westphalen, Programa de Pós
Graduação em Agronomia - Agricultura e Ambiente, RS, 2022

1. Parâmetros Genéticos 2. Seleção Simultânea 3.
Adaptabilidade 4. Estabilidade I. Marchioro, Volmir
Sergio II. Toebe, Marcos III. Título.

Sistema de geração automática de ficha catalográfica da UFSM. Dados fornecidos pelo autor(a). Sob supervisão da Direção da Divisão de Processos Técnicos da Biblioteca Central. Bibliotecária responsável Paula Schoenfeldt Patta CRB 10/1728.

Declaro, LUÍS ANTÔNIO KLEIN, para os devidos fins e sob as penas da lei, que a pesquisa constante neste trabalho de conclusão de curso (Dissertação) foi por mim elaborada e que as informações necessárias objeto de consulta em literatura e outras fontes estão devidamente referenciadas. Declaro, ainda, que este trabalho ou parte dele não foi apresentado anteriormente para obtenção de qualquer outro grau acadêmico, estando ciente de que a inveracidade da presente declaração poderá resultar na anulação da titulação pela Universidade, entre outras consequências legais.

Luís Antônio Klein

**MODELOS MULTIVARIADOS NA CARACTERIZAÇÃO E SELEÇÃO DE
GENÓTIPOS SUPERIORES DE AVEIA PRETA (*Avena strigosa* S.)**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Agronomia, Agricultura e Ambiente, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para a obtenção do título de **Mestre em Agronomia**.

Aprovado em 21 de fevereiro de 2022.



Volmir Sergio Marchioro, Dr. (UFSM)
(Presidente/Orientador)



Marcos Toebe, Dr. (UFSM)



Documento assinado digitalmente
TIAGO OLIVOTO
Data: 07/04/2022 15:08:45-0300
CPF: 019.689.590-17
Verifique as assinaturas em <https://v.ufsc.br>

Tiago Olivoto, Dr. (UFSC)

Frederico Westphale, RS

2022

DEDICATÓRIA

A minha família, pelo carinho, incentivo e apoio incondicional na minha formação pessoal e profissional.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, pela presença constante, concedendo saúde e força para seguir na minha jornada.

À minha família, em especial aos meus pais Sérgio Antônio Klein e Salete Faccenda Klein, minha irmã Ana Carolina, pelo carinho, apoio, conselhos e principalmente pela confiança depositada em mim, que me mantiveram motivado.

Ao meu amigo e orientador Professor Dr. Volmir Sergio Marchioro pela oportunidade de ingressar no mestrado, pela confiança depositada no meu trabalho e por todos sabios conselhos tanto para minha vida profissional como pessoal.

Aos amigos Daniela Meira, Carine Meier e Tiago Olivoto por todo auxílio, conselhos e apoio que ajudaram a enriquecer este trabalho. Também agradeço aos demais amigos e colegas do Laboratório de Melhoramento Genético e Produção de Plantas, por toda ajuda e companheirismo que tornaram possível a realização deste trabalho.

Aos membros da banca Prof. Dr. Marcos Toebe e Prof. Dr. Tiago Olivoto, pela disponibilidade em participar da banca de defesa e pelos valiosos conselhos.

Ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Agricultura e Ambiente, pela estrutura fornecida e professores qualificados, grandes profissionais.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoas pela concessão de bolsa de estudos, tornando viável a realização deste trabalho.

Por fim, a todos aqueles que de alguma forma contribuíram para que esta conquista fosse possível!

Muito obrigado!

MODELOS MULTIVARIADOS NA CARACTERIZAÇÃO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE AVEIA PRETA (*Avena strigosa* S.)

AUTOR: Luís Antônio Klein
ORIENTADOR: Volmir Sergio Marchioro

A aveia preta (*Avena strigosa* S.) é um dos cereais de inverno mais cultivados no Rio Grande do Sul devido seu rápido crescimento, rusticidade, elevada produção de forragem e fácil obtenção de sementes. Apesar das extensas áreas cultivadas poucos programas de melhoramento têm desenvolvido novas cultivares de aveia preta. Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi selecionar e caracterizar possíveis genótipos com potencial de desenvolvimento de novas cultivares de aveia preta, com características como porte baixo, ciclo precoce e elevada produtividade de massa seca e de sementes, utilizando modelos multivariados, além de testar a adaptabilidade e estabilidade desses genótipos. O experimento foi conduzido na área experimental do Laboratório de Melhoramento Genético e Produção de Plantas, da Universidade Federal de Santa Maria, campus de Frederico Westphalen/RS, nos anos de 2018, 2019, 2020 e 2021, além da área experimental do Laboratório de Melhoramento Genético da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, em Pato Branco/PR, no ano de 2020. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Foram avaliados alguns genótipos de aveia preta do programa de melhoramento genético da universidade, acrescidos de cultivares testemunhas, sendo elas IAPAR 61, IPR Cabocla, UPFA 21 - Moreninha, FPS Agro Esteio e BRS 139. As características avaliadas foram: a) dias da emergência ao florescimento (DEF, dias); b) altura de planta (APL, cm); c) número de filhotes por planta (NAP, n°); d) massa da panícula (MDP, g); e) massa de grãos da panícula (MGP, g); f) massa da planta (MPL, g); g) massa verde total (MVT, kg ha⁻¹); h) massa seca total (MST, kg ha⁻¹); i) produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹). A partir das informações obtidas, os genótipos foram submetidos a análises para determinar os componentes de variância e parâmetros genéticos, predição de valores genéticos, análise de divergência genética, seleção simultânea utilizando o índice MGIDI e análise de adaptabilidade e estabilidade utilizando o modelo GGE. As linhagens UFSMFW 2-07, UFSMFW 2-05 e UFSMFW 2-01 apresentaram valores genéticos preditos desejáveis para o desenvolvimento de cultivares de aveia preta precoces e com elevada produtividade de massa seca e de sementes. O MGIDI selecionou os genótipos UFSMFW 2-01 e UFSMFW 2-04 como aqueles que se apresentam mais próximos do ideótipo quando conduzidos em Frederico Westphalen/RS. Quando conduzidos em Pato Branco/PR, o MGIDI selecionou os genótipos UFSMFW 2-07 e UFSMFW 2-04. O MGIDI foi eficiente em selecionar os melhores genótipos de aveia preta, apresentando ganhos de seleção desejáveis para a maioria das características. Os genótipos UFSMFW 2-01 e UFSMFW 2-07 apresentam como pontos fortes as características relacionadas com a produtividade de massa seca e, portanto, possuem potencial no cultivo para cobertura de solo. A análise GGE apontou o genótipo UFSMFW 2-07 como mais produtivo, porém devido à instabilidade pode ser considerado como adaptado à ambiente específico. Os anos de 2018, 2020 e 2021 mostraram certa semelhança nas médias produtivas, sendo considerados ambientes representativos pelo GGE Biplot, enquanto 2019 foi um ano favorável para altas produtividades e se mostrou um ambiente discriminante.

Palavras-chave: Parâmetros genéticos. Seleção simultânea. Adaptabilidade. Estabilidade.

MULTIVARIATE MODELS IN THE CHARACTERIZATION AND SELECTION OF SUPERIOR GENOTYPES OF BLACK OATS (*Avena strigosa* S.)

AUTHOR: Luís Antônio Klein
ADVISOR: Volmir Sergio Marchioro

Black oat (*Avena strigosa* S.) is one of the most cultivated winter cereals in Rio Grande do Sul due to its rapid growth, rusticity, high forage yield and easy seeding. Despite the extensive cultivated areas, few breeding programs have developed new cultivars of black oat. In this sense, the objective of this work was to select and characterize possible genotypes with potential for the development of new cultivars of black oat, with characteristics such as low size, early cycle and high productivity of dry mass and seeds, using multivariate models, in addition to testing the adaptability and stability of these genotypes. The experiment was conducted in the experimental area of the Laboratory for Genetic Improvement and Plant Production, at the Federal University of Santa Maria, campus of Frederico Westphalen/RS, in the years 2018, 2019, 2020 and 2021, in addition to the experimental area of the Improvement Laboratory Genetic from Universidade Tecnológica Federal do Paraná, in Pato Branco/PR, in 2020. The experiment was carried out in a randomized block design, with three replications. Some black oat genotypes from the university's genetic improvement program were evaluated, with the addition of control cultivars, namely IAPAR 61, IPR Cabocla, UPFA 21 - Moreninha, FPS Agro Esteio and BRS 139. The characteristics evaluated were: a) days from emergence to flowering (DEF, days); b) plant height (APL, cm); c) number of tillers per plant (NAP, n°); d) panicle mass (MDP, g); e) panicle grain mass (MGP, g); f) plant mass (MPL, g); g) total green mass (MVT, kg ha⁻¹); h) total dry mass (MST, kg ha⁻¹); i) seed yield (PDS, kg ha⁻¹). From the information obtained, the genotypes were submitted to analyzes to determine the components of variance and genetic parameters, prediction of genetic values, analysis of genetic divergence, simultaneous selection using the MGIDI index and analysis of adaptability and stability using the GGE model. The lines UFSMFW 2-07, UFSMFW 2-05 and UFSMFW 2-01 showed desirable predicted genetic values for the development of early black oat cultivars with high dry mass and seed productivity. The MGIDI selected the genotypes UFSMFW 2-01 and UFSMFW 2-04 as those that are closer to the ideotype when conducted in Frederico Westphalen/RS. When conducted in Pato Branco/PR, the MGIDI selected the genotypes UFSMFW 2-07 and UFSMFW 2-04. MGIDI was efficient in selecting the best black oat genotypes, showing desirable selection gains for most traits. The genotypes UFSMFW 2-01 and UFSMFW 2-07 present as strengths the characteristics related to dry mass productivity and, therefore, have potential in the cultivation for soil cover. The GGE analysis showed the UFSMFW 2-07 genotype as the most productive, but due to instability it can be considered as adapted to the specific environment. The years 2018, 2020 and 2021 showed a certain similarity in the productive averages, being considered representative environments by the GGE Biplot, while 2019 was a favorable year for high productivity and proved to be a discriminating environment.

Key words: Genetic parameters. Simultaneous selection. Adaptability. Stability.

LISTA DE FIGURAS

ARTIGO I

- Figura 1 – Valores genéticos preditos para (a) dias da emergência ao florescimento (DEF), (b) altura de planta (APL), (c) número de afilhos por planta (NAP) e (d) massa da panícula (MDP) para 11 linhagens e 3 cultivares de aveia preta..... 35
- Figura 2 – Valores genéticos preditos para (a) massa de grãos da panícula (MGP), (b) massa da planta, (c) massa verde total (MVT) e (d) massa seca total (MST) para 11 linhagens e 3 cultivares de aveia preta. 37
- Figura 3 – Valores genéticos preditos para produtividade de sementes (PDS) de 11 linhagens e 3 cultivares de aveia preta. 38
- Figura 4 – Correlações lineares de Pearson entre as características dias da emergência ao florescimento (DEF), altura de planta (APL), número de afilhos por planta (NAP), massa da panícula (MDP), massa de grãos da panícula (MGP), massa da planta (MPL), massa verde total (MVT), massa seca total (MST), produtividade de sementes (PDS). 39
- Figura 5 – Dendograma para 11 linhagens e 3 cultivares de aveia preta utilizando o método UPGMA baseado na matriz de distâncias de Gower. Os diferentes tipos de linha representam os grupos formados 40

ARTIGO II

- Figura 1 – Ranqueamento dos genótipos baseado no índice *Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index* (MGIDI) para Frederico Westphalen (E1) (A) e Pato Branco (E2) (B). A linha vermelha refere-se à intensidade de seleção de 25%, contabilizando a seleção de 2 genótipos..... 55
- Figura 2 – Genótipos selecionados, comuns entre os locais Frederico Westphalen (E1) e Pato Branco (E2) e índices de seleção Smith-Hazel (SH) e *Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index* (MGIDI). 58
- Figura 3 – Visualização dos pontos fortes e fracos de todos os genótipos estudados para os ambientes Frederico Westphalen (E1) (A) e Pato Branco (E2) (B). A linha tracejada indica um valor teórico de modo que todos os fatores contribuem igualmente..... 60

ARTIGO III

- Figura 1 – Precipitação quinzenal acumulada, compreendendo os meses de maio a outubro, dos anos de 2018, 2019, 2020 e 2021 no município de Frederico Westphalen/RS. 70

- Figura 2 – Visão geral da GEI para as características massa seca total (MST, kg ha⁻¹) (a) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹) (b) de 7 genótipos de aveia preta cultivados nos anos de 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4). 72
- Figura 3 – Agrupamento dos anos 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4) utilizando o método UPMGA, para as características MST e PDS. 74
- Figura 4 – GGE biplot nos padrões desempenho médio vs. estabilidade (a; b) e quem-ganhou-onde (c; d) para as características produtividade de massa seca total (MST, kg ha⁻¹) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹), avaliadas em 7 genótipos de aveia preta cultivados nos anos de 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4). 76
- Figura 5 – GGE biplot representando os genótipos (a; b) e ambientes (c; d) ideais para as características produtividade de massa seca total (MST, kg ha⁻¹) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹), avaliadas em 7 genótipos de aveia preta cultivados nos anos de 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4). 78
- Figura 6 – GGE biplot representando ambientes discriminativos e representativos para as características produtividade de massa seca total (MST, kg ha⁻¹) (a) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹) (b), avaliadas em 7 genótipos de aveia preta cultivados nos anos de 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4). 79

LISTA DE TABELAS

ARTIGO I

Tabela 1 – Teste de razão de verossimilhança, componentes de variância e parâmetros genéticos de 14 genótipos de aveia preta para as características dias da emergência ao florescimento (DEF), altura de planta (APL), número de afilhos por planta (NAP), massa da panícula (MDP), massa de grãos da panícula (MGP), massa da planta (MPL), massa verde total (MVT), massa seca total (MST) e produtividade de sementes (PDS). 33

ARTIGO II

Tabela 1 – Resumo da análise de variância (ANOVA) conjunta em relação às características dias da emergência ao florescimento (DEF), dias da emergência à maturação (DEM), altura de corte (ALC), altura de planta (ALP), número de afilhos por planta (NAP) e massa de grãos dos afilhos (MGA), massa da planta (MPL), comprimento da panícula (CPN), massa da panícula (MDP), massa de grãos da panícula (MGP), massa verde total (MVT), massa seca total (MST) e produtividade de sementes (PDS). 52

Tabela 2 – Valores fenotípicos máximos, médios e mínimos em dois locais e desenho do ideótipo para dias da emergência ao florescimento (DEF), dias da emergência à maturação (DEM), altura de corte (ALC), altura de planta (ALP), número de afilhos por planta (NAP) e massa de grãos dos afilhos (MGA), massa da planta (MPL), comprimento da panícula (CPN), massa da panícula (MDP), massa de grãos da panícula (MGP), massa verde total (MVT), massa seca total (MST) e produtividade de sementes (PDS). 53

Tabela 3 – Autovalores, variância explicada, cargas fatoriais após a rotação virimax e comunalidades obtidas na análise fatorial para cada característica. 54

Tabela 4 – Diferenciais de seleção (DS) e análise de fatores (FA) para as treze características estudadas nos ambientes Frederico Westphalen (E1) e Pato Branco (E2). 56

ARTIGO III

Tabela 1 – Resumo da análise de variância conjunta para as características massa seca total (MST, kg ha⁻¹) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹) de 7 genótipos de aveia preta conduzidos em Frederico Westphalen/RS, nos anos de 2018, 2019, 2020 e 2021. 69

Tabela 2 – Médias das características massa seca total (MST, kg ha ⁻¹) e produtividade de sementes (PDS, kg ha ⁻¹) para 7 genótipos de aveia preta cultivados nos anos de 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4).	72
Tabela 3 – Pares de ambientes, correlação entre ambientes e porcentagem da parte complexa resultante da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambiente, segundo metodologia de Cruz e Castoldi (1991), para as características produtividade de massa seca total (MST, kg ha ⁻¹) e produtividade de sementes (PDS, kg ha ⁻¹) em aveia preta.	79

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	15
1.1	HIPÓTESES	16
1.2	OBJETIVO GERAL.....	17
1.3	OBJETIVOS ESPECÍFICOS	17
2	REVISÃO DA LITERATURA	18
2.1	DESCRIÇÃO BOTÂNICA	18
2.2	IMPORTÂNCIA DA CULTURA.....	19
2.3	MELHORAMENTO GENÉTICO DA AVEIA PRETA	20
2.4	PARÂMETROS GENÉTICOS	21
2.5	DIVERSIDADE GENÉTICA	22
2.6	ÍNDICES DE SELEÇÃO	23
2.7	ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE.....	24
3	CAPÍTULO I - PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÃO E DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE GOWER EM AVEIA PRETA	26
3.1	ABSTRACT	27
3.2	INTRODUÇÃO.....	28
3.3	MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
3.5	CONCLUSÃO.....	41
3.6	AGRADECIMENTOS	41
3.7	REFERÊNCIAS	42
4	CAPÍTULO II - SELEÇÃO DE LINHAGENS SUPERIORES DE AVEIA PRETA UTILIZANDO O ÍNDICE MGDI.....	45
4.1	ABSTRACT	46
4.2	INTRODUÇÃO.....	47
4.3	MATERIAL E MÉTODOS.....	48
4.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	51
4.5	CONCLUSÃO.....	60
4.7	REFERÊNCIAS	61
5	CAPÍTULO III – ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE AVEIA PRETA UTILIZANDO ANÁLISE GGE BILOT	64
5.1	ABSTRACT	65
5.2	INTRODUÇÃO.....	66
5.3	MATERIAIS E MÉTODOS.....	67

5.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	69
5.4.1	Análise de variância conjunta	69
5.4.3	Partes simples e complexas da GEI.....	73
5.4.4	GGE Biplot.....	74
5.5	CONCLUSÃO.....	80
5.6	AGRADECIMENTOS	80
5.7	REFERÊNCIAS	80
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	84
7	CONCLUSÃO GERAL	86
8	REFERÊNCIAS	87

1 INTRODUÇÃO

A aveia preta (*Avena strigosa* Schreb.) é um dos cereais de inverno mais cultivados no Rio Grande do Sul devido às suas importantes características agronômicas como rápido crescimento, rusticidade, elevada produção de forragem e fácil obtenção de sementes, que juntas proporcionam uma versatilidade de uso para a cultura (DEBIASI et al., 2007). Segundo estimativas da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) para a safra de 2021, o Rio Grande do Sul é responsável por mais de 70% da área de aveia cultivada no país. A maior parcela da área tem como finalidade o cultivo para cobertura de solo, mas nos últimos anos o cultivo para a produção de grãos tem avançado, principalmente com a demanda de aveia para a alimentação animal.

Apesar das extensas áreas cultivadas com aveia preta, ainda são poucas as cultivares disponibilizadas no mercado, onde predomina a cultivar “Preta Comum”, oriunda de sementes salvas pelos produtores por várias gerações e que não possui uma identidade genética, apresentando elevada desuniformidade quanto aos caracteres ciclo vegetativo, estatura de plantas, potencial de produtividade de forragem e resistência a moléstias (SILVEIRA et al., 2010). Assim, para melhor atender os produtores, ainda há espaço para os programas de melhoramento genético de aveia buscarem cultivares adaptadas a ambientes específicos, com boa uniformidade, mais precoces, de porte de planta mais baixo, boa produtividade de biomassa e de grãos (KLEIN et al., 2019).

Agrupar a maior quantidade de características desejadas em um único genótipo é um grande desafio buscado pelos melhoristas (NIRMALAKUMARI et al., 2013), pensando em cultivo para a cobertura de solo, plantas com maiores quantidades de massa verde e massa seca são desejadas (CARGNELUTTI FILHO et al., 2015). Por outro lado, poucos programas de melhoramento têm trabalhado o desenvolvimento de cultivares de aveia preta que aliem produtividade de massa seca com maior produtividade de grãos, fato que facilitaria também a produção de sementes.

No entanto, a superação dos níveis atuais de produtividade não é uma tarefa simples. A produtividade de grãos é o resultado de uma combinação de fatores, os quais além de envolverem condições do ambiente durante todo o ciclo da cultura, também dependem de fatores genéticos. Os componentes de produção de sementes são caracteres de herança quantitativa envolvendo vários genes, geralmente de baixa herdabilidade o que, conseqüentemente, dificulta a seleção (HAWERROTH et al., 2014).

Visando facilitar a identificação de genótipos superiores, por meio da acumulação e perpetuação dos genes favoráveis para caracteres quantitativos, a utilização de modelos biométricos é uma importante ferramenta (MEIRA, 2018). A aplicação de procedimentos genético-estatísticos mais refinados para estimar parâmetros genéticos e componentes de variância, e predizer componentes de médias, constituem uma tendência recente no melhoramento genético de plantas (MAIA et al., 2011).

Os índices de seleção são ferramentas importantes para buscar ganhos genéticos em programas de melhoramento. No entanto, quando o objetivo do melhorista é reunir em um genótipo alelos favoráveis para mais de uma característica simultaneamente, os índices de seleção simultânea apresentam vantagens. Somente genótipos que apresentem o padrão mínimo para cada característica são selecionados (ASSIS, 2011). Dentre estes índices, Olivoto e Nardino (2020) propuseram, baseado em análise fatorial, o *Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index* (MGIDI). O método destaca-se ainda por não necessitar do uso de pesos econômicos, como no caso do índice de Smith e Hazel (OLIVOTO e NARDINO, 2021).

Em estágios mais avançados no melhoramento, é comum testar os genótipos desenvolvidos em múltiplos ambientes e anos, onde dessa forma, além dos efeitos principais de ambiente (E) e genótipo (G), surge o efeito da interação genótipo x ambiente (POUR-ABOUGHADAREH et al., 2021). Havendo interação genótipo x ambiente, pode ocorrer respostas variadas dos genótipos para os diferentes ambientes, sejam eles anos ou locais, tornando a seleção ainda mais complexa.

Para verificar o comportamento diferenciado de cada genótipo nos diferentes locais, durante muito tempo os estudos de adaptabilidade e estabilidade foram baseados em métodos de regressão (OLIVOTO et al., 2019). Atualmente, com maior acesso à computadores, métodos mais sofisticados foram desenvolvidos, permitindo maior facilidade na interpretação das análises. Dentre estas análises exploratórias desenvolvidas, destacam-se as metodologias de análise multivariada, como a análise de agrupamentos, componentes principais e análise fatorial e interação de genótipo mais genótipo vs ambiente (GGE) as quais podem ser facilmente visualizadas em *biplots*.

1.1 HIPÓTESES

Frente ao exposto foram formuladas as seguintes hipóteses: (i) a predição de valores genéticos auxilia na identificação de constituições genéticas superiores; (ii) a associação entre características é importante para definição de estratégias de seleção; (iii) a seleção simultânea

em aveia preta utilizando modelos multivariados é eficiente; (iv) os genótipos estudados possuem boa adaptabilidade e são estáveis quando cultivados no município de Frederico Westphalen/RS.

1.2 OBJETIVO GERAL

O presente trabalho teve o objetivo de selecionar e caracterizar possíveis genótipos com potencial de desenvolvimento de novas cultivares de aveia preta, com características como porte baixo, ciclo precoce e elevada produtividade de massa seca e de sementes, utilizando modelos multivariados, além de testar a adaptabilidade e estabilidade desses genótipos ao longo de quatro anos.

1.3 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Determinar os componentes de variância e parâmetros genéticos, além de prever valores genotípicos utilizando a metodologia REML/BLUP, a fim de identificar genótipos superiores.

Utilizar o índice multivariado MGIDI para realizar a seleção simultânea de genótipos de aveia preta com porte baixo, ciclo precoce e elevada produtividade de massa seca e de sementes.

Utilizar o modelo GGE para identificar os genótipos mais adaptados, ou seja, mais produtivos para massa seca e sementes, analisando também a estabilidade através da associação entre genótipos e anos de cultivo.

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 DESCRIÇÃO BOTÂNICA

A aveia preta (*Avena strigosa* Schreb) é uma espécie anual, diploide, pertencente à família Poaceae (FEDERIZZI et al., 2014). Em geral, as aveias possuem o número cromossômico básico 7, assim, por ser uma espécie diploide, a aveia preta tem $2n=2x=14$ cromossomos (BORÉM, 1999).

A germinação da aveia tem como faixa ideal a temperatura de 20 a 25°C (CARVALHO, 2010). Desenvolve-se geralmente em ambientes mais ou menos e úmidos, com temperatura variando entre 5°C a 26°C, com precipitação anual de mais de 500 mm (STEVENS, 2004). Crescem em diversos tipos de solos, além de mostrar certa rusticidade e boa adaptação a solos que contêm acidez elevada e baixo pH.

Em sua fase de crescimento vegetativo, a cultura da aveia apresenta alta proporção de folhas, alto conteúdo de proteína e minerais, e baixo teor de fibra e lignina (FLOSS et al., 2003). Os colmos são eretos e cilíndricos constituído de nós e entrenós cheios durante o período vegetativo. A altura de planta da aveia preta é uma característica que varia muito, mas em média apresenta aproximadamente 150 cm de altura. Basso et al. (2012), destacam que já foram encontradas plantas com porte baixo (73 cm) e plantas de porte extremamente alto (194 cm) demonstrando variabilidade.

A inflorescência é uma panícula piramidal e difusa, e as espiguetas apresentam um grão primário e um grão secundário (SHANDS; CISAR, 1988). Em geral, a cultura completa o ciclo entre 110 e 160 dias, predominando no mercado cultivares de ciclo tardio.

O crescimento vigoroso e a rusticidade fazem com que a aveia preta seja considerada uma espécie forrageira de elevada qualidade (FONTANELI, 2009). Por não ser hospedeira de algumas doenças e apresentar elevada produção de massa que favorece a supressão de plantas daninhas, a utilização da aveia preta no sistema plantio direto para cobertura do solo tem grande importância como alternativa na rotação de culturas (SUTTIE; REYNOLDS, 2004). Demétrio et al. (2012), encontraram produtividades em torno de 12.000 kg ha⁻¹ de matéria seca para as cultivares de aveia preta IAPAR 61, IPR 126, FAPA 2 e FUNDACEP FAPA 43 no estado do Paraná, demonstrando a boa adaptação da aveia preta a Região Sul do país.

2.2 IMPORTÂNCIA DA CULTURA

Os cereais de inverno, como a aveia preta, são fundamentais para os sistemas de produção da região Sul do Brasil, seja para a cobertura de solo, produção de forragem ou produção de grãos (LEITE et al., 2012). As características relacionadas à rusticidade, como por exemplo resistência à baixas temperaturas e a solos pobres, fazem com que a aveia seja uma das principais alternativas aos produtores para o cultivo no período de entressafra (VILELA, 2007).

Atualmente, predomina o cultivo de aveia para a produção de forragem e principalmente para a cobertura do solo, visando a melhoria das características químicas, físicas e biológicas do solo no período que antecede os cultivos de verão. Melo et al. (2011) destacam o grande potencial de produção de massa e da extração de nutrientes do solo e que podem ser disponibilizados para a cultura subsequente. Também, a cobertura vegetal do solo é fundamental na proteção do solo contra a erosão e supressão de plantas indesejáveis (CARNEIRO et al., 2008).

A produção de grãos de aveia preta é menos expressiva, mas possui sua importância pois, ao fim do ciclo, os produtores têm a opção de realizar a colheita sendo os grãos utilizados na alimentação animal, comercializados e uma parte utilizada como semente para cultivo do próximo ano.

Devido a versatilidade de usos da cultura da aveia preta e da não distinção com as outras espécies de aveia cultivadas, torna-se difícil estimar a área plantada e a produção de sementes dessa cultura em nível estadual e nacional, o que acarreta em carência de dados atualizados nesse sentido. Segundo dados da Associação Brasileira de Sementes e Mudas (ABRASEM), o Rio Grande do Sul é o maior produtor de sementes de aveia preta e apresentou área cultivada na safra de 2014 de 3,85 milhões de hectares.

A grande área cultivada e o elevado potencial de ampliação do cultivo de aveia preta demandam cada vez mais de maiores volumes de sementes e que estas apresentem qualidade. No entanto, o mercado de produção de sementes de aveia preta é ainda bastante marginalizado. Belmonte (2002), avaliando a qualidade das sementes de aveia preta produzidas no estado do Rio Grande do Sul, observaram que em torno de 20% das sementes analisadas, não atenderam ao padrão mínimo de germinação exigido para a comercialização. Aliado a isso, a produtividade das cultivares ainda é baixa, uma vez que faltam novas cultivares melhoradas no mercado em decorrência de poucos programas de melhoramento trabalharem com esta cultura. O comércio legal de sementes de aveia preta possui dificuldade de arrecadação com a venda de sementes,

devido ao predomínio da utilização de sementes salvas pelos produtores e do comércio de sementes piratas.

2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DA AVEIA PRETA

Apesar das extensas áreas cultivadas com aveia preta, ainda são poucos programas de melhoramento que trabalham com esta cultura e, portanto, os avanços genéticos foram inferiores se comparados com a aveia branca (*Avena sativa* L.). No entanto, com a grande importância dessa cultura para o sistema plantio direto, muitos trabalhos de melhoramento em aveia preta estão iniciando e são promissores (CHINI, 2017).

O desenvolvimento de cultivares de aveia preta, como de outras diversas espécies, começou a avançar mais efetivamente após a promulgação da Lei de Proteção de Cultivares, em 1997, a qual trouxe garantias da proteção intelectual dos direitos de criação do pesquisador (CARVALHO et al., 2009).

Dentre as instituições públicas e privadas que realizam desenvolvimento de novas cultivares de aveia preta destacam-se a Cooperativa Central Gaúcha LTDA, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Trigo), Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária (FAPA), Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR), Universidade de Passo Fundo (UPF), Universidade Federal de Pelotas (UFPel), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) e Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul (DEAg/UNIJUÍ) (LÂNGARO e CARVALHO, 2014). A Fundação Pró-Sementes e a Agroalpha também são empresas que possuem grande importância no melhoramento da aveia preta, sendo que a Agroalpha trabalha com a cultura desde 1992, tendo protegido e registrado a primeira cultivar no ano de 2003 (AGROALPHA, 2021).

Por conta da grande variabilidade presente na aveia “Preta Comum”, cultivada e salva pelos produtores por vários anos, a maioria dos programas de melhoramento têm realizado seleções dentro desta cultivar para genótipos que expressam caracteres de interesse e maior uniformidade (SILVEIRA et al., 2010). O uso de hibridação artificial a partir desses indivíduos, seguido de seleção massal, com seleção negativa de plantas até a geração F5 para então formar as linhagens, também é muito utilizado no melhoramento da aveia preta (CHINI, 2017).

A carência por novas cultivares de aveia preta pode ser notada quando se observa que no Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) encontram-se apenas 12 cultivares de aveia protegidas e 22 cultivares registradas junto ao Registro Nacional de Cultivares (RNC) (BRASIL, 2021). Proteção e registro de cultivares são comumente confundidos, mas a diferença

entre ambos é que o registro habilita a produção e comercialização de sementes no país, enquanto a proteção cobre os direitos intelectuais de obtenção de novas cultivares e assegura o direito de exploração comercial a partir da cobrança de royalties, por um determinado período de tempo (CARVALHO et al., 2009).

O melhoramento de aveia preta tem deixado uma lacuna no desenvolvimento dos materiais quanto a sua aptidão. Atualmente, uma cultivar é direcionada tanto para a produção de forragem, cobertura de solo, como para produção de grãos. No entanto, é possível que um determinado genótipo possua potencial de produção de massa, mas em detrimento não tenha as características relacionadas com a capacidade de rebrote, o que revela a importância da caracterização dos genótipos quanto a finalidade (CHINI, 2017). O mesmo pode ser esperado para a produção de grãos, onde a maioria das cultivares apresenta boa produção de massa, mas a produção de grãos é baixa.

2.4 PARÂMETROS GENÉTICOS

As estimativas dos parâmetros genéticos são importantes para se conhecer a estrutura genética da população e fazer a inferência de sua variância genética (BALDISSERA et al., 2014). Obtendo e estudando as estimativas dos parâmetros genéticos de uma população, as variâncias, coeficiente de herdabilidade, coeficiente de variação genética e razão entre CV_g/CV_e permitem trabalhar a variabilidade genética que esta apresenta e definir uma melhor estratégia de seleção que, conseqüentemente, aumenta os ganhos de seleção (CORREA et al., 2003).

Ao quantificar os efeitos genéticos, aumenta-se a precisão e acurácia da avaliação fenotípica, a qual impacta diretamente na eficiência do processo de seleção e nos ganhos genéticos (SAYD, 2018). O coeficiente de herdabilidade (h^2), que representa a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total é um dos parâmetros genéticos mais úteis para os melhoristas (RAMALHO et al., 2012). Silveira et al. (2010), trabalhando com aveia preta, encontraram valores de herdabilidade médios à altos para produtividade de massa seca total (0,78) e produtividade de sementes (0,82), indicando que a seleção direta para estes caracteres revela condições favoráveis em termos de ganho genético imediato.

Por meio das estimativas dos parâmetros genéticos de uma característica quantitativa, podem ser obtidas informações sobre a herdabilidade das características, seja para um genótipo ou para uma população, além de correlações entre as características avaliadas e também a existência ou não da interação $G \times A$ (RESENDE, 2002). Meira et al. (2019) trabalhando com

a aveia preta, em dois anos de cultivo, encontraram herdabilidade média para produtividade de grãos e alta para massa da panícula e massa de grãos da panícula, além de encontrar boas perspectivas de correlações genéticas entre estas características. Valores altos para a variância genética e o coeficiente de herdabilidade são importantes por permitir maior confiabilidade para se selecionar genótipos superiores, aumentando as chances de ganho genético com a seleção (ROCHA et al., 2009).

Realizar a estimativa e avaliação dos parâmetros genéticos toda vez que se realizam estudos no melhoramento genético é importante, visto que Allard (1971) relata que as estimativas dos parâmetros genéticos são válidas para uma população específica, em determinadas condições ambientais a qual está inserida.

2.5 DIVERSIDADE GENÉTICA

A presença de variabilidade genética é o ponto de partida para o sucesso dos programas de melhoramento genético (ERTIRO et al., 2013). Por meio de avaliação dos caracteres agronômicos e morfológicos é possível obter informações sobre a diversidade genética e maximizar a eficiência da exploração dos recursos genéticos disponíveis (RAMALHO et al., 2012). Nesse processo, centenas de milhares de genótipos são avaliados com o objetivo de identificar os genótipos superiores e os divergentes para as características de interesse, facilitando a elaboração de estratégias de recombinação (SILVA et al., 2016).

O uso de técnicas multivariadas que facilitem a interpretação dos dados em conjunto é indispensável para analisar a variabilidade presente (NICK et al. 2010), onde informações múltiplas de cada acesso podem ser expressas em medidas de dissimilaridade (SUDRÉ et al., 2005). Entre as técnicas disponíveis, a análise de componentes principais, variáveis canônicas e dos métodos aglomerativos são as mais utilizadas (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003). Os métodos de agrupamento têm como princípio reunir os genótipos em grupos, de modo que haja homogeneidade entre os indivíduos dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos.

A caracterização de genótipos pode levar a geração de muitos dados de diferentes categorias de variáveis (qualitativas e quantitativas). Este fato, dificulta a análise e a interpretação dos mesmos (ROCHA, et al., 2010). As características que são mensuráveis em uma escala numérica que faz sentido, denominamos de variáveis quantitativas. Como exemplo, podemos citar altura de planta, número de afilhos, massa dos afilhos, massa da panícula, produtividade de massa seca e produtividade de sementes. Já as variáveis qualitativas são aquelas que se diferem por suas qualidades. Dentre estas, podemos destacar os descritores

morfológicos, os quais são importantes quando se busca melhorar o tipo agronômico da planta, além de serem exigidos pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) para distinção no momento de proteção de uma nova cultivar.

Segundo Rocha et al. (2010), poucos trabalhos utilizam a análise conjunta de variáveis quantitativas e qualitativas por desconhecerem as técnicas estatísticas que permitem essa abordagem, deixando de obter um estudo mais detalhado da variabilidade existente na população em estudo. O método proposto por Gower (1971) para estudo da distância genética permite a análise simultânea de variáveis quantitativas e qualitativas. Nesta técnica, características qualitativas e quantitativas são reescaladas para que os valores da matriz de distância genética fiquem entre 0 e 1, possuindo pesos iguais. Após a determinação da distância genética pelo algoritmo de Gower (1971), um método de agrupamento dos genótipos é empregado, como por exemplo *Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average* (UPGMA).

2.6 ÍNDICES DE SELEÇÃO

Nos programas de melhoramento genético de plantas, frequentemente é realizada a mensuração de vários caracteres agronômicos de interesse econômico com o objetivo de se praticar a seleção simultânea. A seleção de um conjunto de caracteres de importância é necessária, visando ganhos adequados, simultaneamente, em todas as características (FERREIRA et al., 2005), uma vez que a seleção com base em uma ou poucas características pode resultar em alterações desfavoráveis em outras, devido à possibilidade de estas estarem negativamente correlacionadas.

Selecionar genótipos superiores é um processo complexo, pois grande parte dos caracteres de importância agronômica são de natureza quantitativa, geralmente correlacionados entre si e apresentam baixa herdabilidade (BÁRBARO et al., 2009). Desse modo, a utilização de índices de seleção constitui-se em uma alternativa que permite efetuar a seleção simultânea com eficiência, com a combinação linear de vários caracteres (CRUZ, 2013).

Existem diferentes índices de seleção para serem utilizados no melhoramento de plantas, os quais permitem diferentes alternativas de seleção e, conseqüentemente, de ganhos, identificando de maneira rápida e eficiente, os genótipos mais adequados aos objetivos do melhorista (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Dentre os mais utilizados, destaca-se o de Smith (1936) e Hazel (1943), também denominado de índice clássico (CRUZ, 2013).

No entanto, quando se dispõe de grande número de características a serem consideradas no processo seletivo, possivelmente o melhorista irá se deparar com a presença de multicolinearidade, a qual consiste na ocorrência de certo grau de correlação entre as variáveis analisadas (FERREIRA et al., 2005). Pelo índice de Smith (1936) e Hazel (1943) ser um método que utiliza inversões de matrizes de covariâncias, a ocorrência de multicolinearidade severa pode proporcionar valores de coeficientes de ponderação dos caracteres em índices pouco confiáveis ao melhoramento, invalidando o uso da teoria proposta pelo índice clássico (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Diante disso, para contornar o problema da multicolinearidade na seleção simultânea, recentemente Olivoto e Nardino (2021) propuseram novo índice, denominado *Multi-trait genotype-ideotype distance index* (MGIDI), o qual é baseado em análise multivariada e a seleção é aplicada utilizando o novo índice proposto, considerando a intensidade de seleção desejada. O índice MGIDI apresenta ainda como vantagem a opção de atribuir pesos econômicos às características avaliadas e permite a visualização dos pontos fortes e fracos dos genótipos, através da contribuição dos fatores para a distância do genótipo para o ideótipo.

2.7 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE

A seleção e a recomendação de genótipos mais produtivos são objetivos básicos dos programas de melhoramento genético de qualquer espécie cultivada (CARGNIN et al., 2006). Para isso, são realizados experimentos onde são avaliados diversos genótipos em uma série de ambientes, podendo estes serem locais ou anos de cultivo (OLIVOTO et al., 2019).

O fenótipo de um indivíduo é determinado pelo efeito do genótipo (G) e do ambiente (E). No entanto, nem sempre esses dois efeitos são de natureza aditiva, o que indica a presença do efeito da interação genótipo x ambiente (G x E). A interação GE pode ser definida como a variação de desempenho de um genótipo em ambientes diferentes (SHARIFI et al., 2017).

A existência de interação (G x E), dependendo de sua natureza (simples ou complexa), impacta diretamente no processo de seleção de genótipos superiores, bem como a recomendação de cultivares (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Quando detectada a presença de interação, deve-se buscar atenuar o seu efeito e identificar os genótipos adaptados e estáveis possibilitando sua recomendação (MARQUES, 2010). Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2004), o termo adaptabilidade é definido como a capacidade dos genótipos de responderem à melhoria do ambiente, enquanto o termo estabilidade é definido como a previsibilidade do comportamento dos genótipos em diferentes ambientes.

Existem vários métodos para quantificação da interação genótipos x ambientes disponíveis na literatura, sendo utilizados para diversas culturas. Dentre estes, se destacam os métodos baseados na análise da variância (PLAISTED; PETERSON, 1959) e os métodos baseados em regressão linear simples (FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSEL, 1966) e regressão linear múltipla (VERMA et al., 1978; CRUZ et al., 1989). No entanto, com o amplo acesso à computadores mais modernos nas últimas décadas, novos métodos foram desenvolvidos, os quais além de precisos, permitem fácil interpretação da interação genótipos x ambientes. Dentre estes, os quais já foram comparados por diversos autores, podemos destacar os métodos Additive Main Effect and Multiplicative Interaction (AMMI), Genótipo mais interação Genótipo – Ambiente (GGE) e Melhor Predição Linear Imparcial (BLUP) via máxima verossimilhança restrita (REML) ou análise de variância (SOUZA et al., 2021).

3 CAPÍTULO I - PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÃO E DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE GOWER EM AVEIA PRETA

RESUMO

A aveia preta (*Avena strigosa* S.) é uma importante cultura de inverno para o estado do Rio Grande do Sul devido a sua versatilidade de usos. As cultivares disponíveis aos produtores ainda são poucas, o que estimula o trabalho de programas de melhoramento em desenvolverem novas cultivares. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho agrônômico de genótipos de aveia preta utilizando modelos mistos, além de identificar características correlacionadas e analisar a divergência genética. O experimento foi conduzido na Universidade Federal de Santa Maria, campus de Frederico Westphalen/RS. Foram utilizadas 11 linhagens de aveia preta e 3 cultivares comerciais, IAPAR 61, UPFA 21 - Moreninha e IPR Cabocla. O experimento foi conduzido em blocos ao acaso, com 3 repetições. As características avaliadas foram dias da emergência ao florescimento (DEF), altura de planta (APL), número de filhos por planta (NAP), massa da panícula (MDP), massa de grãos da panícula (MGP), massa da planta (MPL), massa verde total (MVT), massa seca total (MST) e produtividade de sementes (PDS). Os resultados evidenciam que as linhagens UFSMFW 2-05 e UFSMFW 2-07 se destacam com características como ciclo precoce, elevada produtividade de massa seca e de sementes. As características NAP, MDP, MGP e MGA mostraram boa correlação com a produtividade de sementes, importante para seleção indireta. A análise de divergência revelou a formação de 3 grupos distintos, indicando presença de variabilidade. Os resultados demonstram o potencial de desenvolvimento de novas cultivares de aveia preta, apresentando precocidade e boa produtividade de sementes, se diferenciando das cultivares já existentes no mercado.

Palavras-chave: *Avena Strigosa* S. Modelo misto. Correlação. Divergência genética.

GENETIC PARAMETERS, CORRELATION AND GENETIC DISSIMILARITY OF GOWER IN BLACK OATS

3.1 ABSTRACT

Black oat (*Avena strigosa* S.) is an important winter crop in the state of Rio Grande do Sul due to its versatility of uses. The cultivars available to producers are still few, which encourages the work of improvement programs to develop new cultivars. The objective of this work was to evaluate the agronomic performance of black oat genotypes using mixed models, in addition to identifying correlated traits and analyzing genetic divergence. The experiment was conducted at the Federal University of Santa Maria, campus of Frederico Westphalen/RS. Eleven black oat lines and 3 commercial cultivars, IAPAR 61, UPFA 21 - Moreninha and IPR Cabocla were used. The experiment was carried out in randomized blocks, with 3 replications. The characteristics evaluated were days from emergence to flowering (DEF), plant height (APL), number of tillers per plant (NAP), panicle mass (MDP), panicle grain mass (MGP), plant mass (MPL), total green mass (MVT), total dry mass (MST) and seed yield (PDS). The results show that the UFSMFW 2-05 and UFSMFW 2-07 lines stand out with characteristics such as early cycle, high dry mass and seed yield. The characteristics NAP, MDP, MGP and MGA showed good correlation with seed yield, important for indirect selection. The divergence analysis revealed the formation of 3 distinct groups, indicating the presence of variability. The results demonstrate the potential for the development of new cultivars of black oat, showing precocity and good seed yield, differing from cultivars already on the market.

Keywords: *Avena strigosa* S. Mixed model. Correlation. Genetic divergence.

3.2 INTRODUÇÃO

A aveia preta (*Avena strigosa* S.) é uma das gramíneas de inverno mais cultivadas no Rio Grande do Sul (DEBIASI et al., 2007). Segundo estimativas da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) para a safra de 2021, o Rio Grande do Sul foi responsável por mais de 70% da área de aveia cultivada no país. O cultivo de aveia preta vem aumentando devido a seu potencial de rendimento, qualidade de forragem e principalmente, ao uso no sistema plantio direto (SILVEIRA et al., 2014).

A disponibilidade de cultivares de aveia preta no mercado ainda é restrita, fato que abre espaço para a atuação dos programas de melhoramento genético. Atualmente, o foco é dado ao desenvolvimento de cultivares adaptadas a ambientes específicos, com uniformidade, mais precoces, porte de planta baixo e com potencial de produtividade de massa seca e de grãos (KLEIN et al., 2019).

A presença de variabilidade genética é fundamental para se obter ganho genético contínuo no desenvolvimento de novas cultivares (SILVEIRA et al., 2014). Já a presença do efeito do ambiente e da interação genótipo x ambiente (GxE) na constituição fenotípica de um caráter, fazem com que a seleção de constituições genéticas superiores não seja uma tarefa fácil aos melhoristas (BERTOLDO et al., 2009), pois reduz a correlação entre fenótipo e genótipo e, conseqüentemente, diminui o sucesso da seleção (CARMO et al., 2007). Nesse sentido, a identificação, acumulação e perpetuação de genes favoráveis para características quantitativas podem ser facilitados com a obtenção das informações dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos (MEIRA et al., 2019).

O uso de modelos mistos melhora a eficiência da seleção das progênies ou linhagens de plantas autógamas, uma vez que são identificadas aquelas com mérito genotípico (RAMALHO; ARAÚJO, 2011). Assim, para uma maior precisão, a metodologia mais adequada é a predição de valores genéticos utilizando *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP), com uso dos componentes de variância estimados via *Restricted Maximum Likelihood* (REML) (RESENDE, 2007). Apesar de utilizados em diversas culturas, são poucos estudos na literatura que trabalharam com a estimação dos parâmetros genéticos utilizando modelos mistos para a cultura da aveia preta.

Frequentemente, em programas de melhoramento, diversas características são observadas em um genótipo. A caracterização dos genótipos fornece informações úteis para entender e aproveitar sua diversidade (CERQUEIRA-SILVA et al., 2014). O conhecimento dos graus de associação entre caracteres, por meio de estudos de correlações, possibilita identificar

características que possam ser utilizadas na seleção indireta para produtividade (HOOGERHEIDE et al., 2007).

A análise da divergência genética é importante para que se conheça a diversidade existente (SANTOS et al., 2011), visando a recomendação de cultivares e a escolha de pais divergentes para gerar combinações promissoras em programas de melhoramento (ABREU et al., 2004). Dentre os métodos aglomerativos disponíveis para estudo da divergência genética, destaca-se o método de Gower (1971), desenvolvido para analisar a diversidade genética combinando características quantitativas e qualitativas, visto que frequentemente características morfológicas, também denominados de descritores, são avaliados quando se busca melhorar o tipo agrônomo da planta e são exigidos para distinção no momento de proteção de uma nova cultivar. Nesse sentido, o algoritmo de Gower (1971) é uma importante ferramenta para analisar este tipo de informação, misturando características quantitativas e qualitativas (FOLLMANN et al., 2019).

Diante disso, o objetivo do trabalho foi avaliar o desempenho agrônomo de linhagens e cultivares de aveia preta utilizando modelos mistos, estudar as associações entre características por meio de correlações e analisar a divergência genética utilizando o algoritmo de Gower com base em características quantitativas e qualitativas.

3.3 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no ano de 2018, na Universidade Federal de Santa Maria, Campus de Frederico Westphalen/RS (27° 23'26" S, 53°25'43" W, 461,3 metros de altitude). O clima, de acordo com Köppen, é classificado como Cfa, ou seja, subtropical úmido, com precipitação média anual de 2.100 mm (ALVARES et al., 2013) e o solo é classificado como Latossolo Vermelho Distrófico Típico.

Foram utilizadas 11 linhagens homozigotas de aveia preta, denominadas de UFSMFW 2-01, UFSMFW 2-02, UFSMFW 2-03, UFSMFW 2-04, UFSMFW 2-05, UFSMFW 2-06, UFSMFW 2-07, UFSMFW 2-08, UFSMFW 2-09, UFSMFW 2-10 e UFSMFW 2-11, juntamente com 3 cultivares brasileiras comerciais, sendo elas UPFA 21 - Moreninha, IPR Cabocla e IAPAR 61, totalizando 14 genótipos. Para condução do experimento foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições.

Cada unidade experimental foi composta por 6 linhas de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,17 metros, com densidade de semeadura de 300 sementes aptas por m². A semeadura foi

realizada no dia 29 de maio de 2018. A adubação foi realizada com base na análise de solo e os tratamentos culturais visando controle de plantas daninhas, pragas e doenças foram realizados sempre que necessário, seguindo as indicações técnicas para a cultura da aveia preta (COMISSÃO, 2014).

As características quantitativas analisadas foram: dias da emergência ao florescimento (DEF), massa verde total (MVT, kg ha⁻¹) e massa seca total (MST, kg ha⁻¹), aferidos no florescimento pleno, quando 50% das plantas da parcela emitiram a inflorescência. Após a maturação fisiológica, realizou-se a colheita e foram avaliados, em 10 plantas de cada unidade experimental, os caracteres altura de planta (APL, cm), número de afilhos por planta (NAP), massa da panícula (MDP, g), massa de grãos da panícula (MGP, g), produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹) e massa da planta (MPL, g), mensurada pela pesagem total de colmo, folhas e panícula da planta principal e se caso apresentassem, dos afilhos.

Para maior representatividade no estudo da divergência genética, além das características quantitativas, 19 características qualitativas foram avaliadas, as quais são exigidas pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) para proteção de uma cultivar, sendo estas: hábito vegetativo (HVE), pilosidade da bainha (PDB), pilosidade da borda da lâmina (PBL), frequência de plantas com folha bandeira recurvada (FFR), posição da folha bandeira (POS), pilosidade do nó superior do colmo (PNS), intensidade da pilosidade do nó superior do colmo (IPN), posição das ramificações da panícula (PDR), orientação da ramificação da panícula (ODR), posição das espiguetas da panícula (PEP), comprimento da gluma (CMP), comprimento do eixo floral (CEF), forma da gluma (FOR), pilosidade da base do grão (PDB), comprimento dos pelos da base (CPB), comprimento da ráquila (CDR), intensidade da cerosidade do lema (ICD), cor do lema (CDL), tipo de arista (TDA).

Os componentes de variância foram obtidos por *Restricted Maximum Likelihood* (REML), usando o algoritmo de maximização da expectativa (DEMPSTER et al., 1977). Após realizada análise de *deviance*, realizou-se a diferença entre as *deviances* para os modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR) (DEMPSTER et al., 1977). A significância dos efeitos aleatórios foi avaliada por meio de um teste de razão de verossimilhança (LRT), e a probabilidade foi então obtida por meio do teste qui-quadrado bicaudal com um grau de liberdade (DEMPSTER et al., 1977). Os valores genéticos foram previstos pelo BLUP, considerando a seguinte equação de modelo misto:

$$y = Xb + Z\alpha + \epsilon$$

onde: \mathbf{y} é um vetor de observações; \mathbf{X}_{p+1} é a matriz de incidência de efeito fixo (conhecida); \mathbf{b} representa um vetor de efeitos fixos de bloco desconhecidos e não observáveis; \mathbf{Z}_q é a incidência da matriz de efeitos aleatórios (conhecidos); \mathbf{q} é um vetor de efeitos aleatórios desconhecidos; $\boldsymbol{\varepsilon}$ é um vetor de erros aleatórios; considerando que n é o número de observações, p o número de parâmetros e q o número de efeitos aleatórios.

O intervalo de confiança dos BLUPS foi estimado de acordo com a seguinte equação:

$$CI = Gv \pm t[(1 - r^2\hat{a}) \sigma_g^2]^{0,5}$$

onde: CI representa o intervalo de confiança; Gv representa o valor genotípico; t representa o valor da distribuição t de Student associado a determinado nível de significância em teste bicaudal (considerando $\alpha = 0,05$); $r^2\hat{a}$ é a acurácia seletiva; e σ_g^2 é a variância genotípica.

Para estudo da associação entre variáveis, a partir da matriz de correlação de Pearson entre todas as características, calculou-se a correlação parcial utilizando a seguinte equação:

$$r_{xy.m} = \frac{-a_{xy}}{\sqrt{a_{xx}a_{yy}}}$$

sendo, $r_{xy.m}$ o coeficiente de correlação parcial entre as características x e y , excluindo os efeitos das m características restantes do conjunto de dados; $-a_{ij}$ é o elemento inverso da matriz de correlação correspondente a xy ; $a_{ii}a_{jj}$ são os elementos diagonais da matriz inversa de correlação associada ao traço x e y , respectivamente. A análise foi realizada utilizando a função “lpcor” do pacote metan (OLIVOTO; LÚCIO, 2020), no software R versão 4.0.2 (R Core Team, 2020).

A divergência genética foi estudada por meio de variáveis quantitativas e qualitativas, sendo utilizado o algoritmo de Gower (GOWER, 1971). Seja S_{ij} a distância entre os genótipos i e j , considerando k variáveis, a distância é estimada por:

$$S_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} \times S_{ijk}}{\sum_{k=1}^p W_{ijk}}$$

Em que: k é o número de variáveis ($k = 1, 2, \dots; p =$ número total de características avaliadas); i e j , dois indivíduos quaisquer; W_{ijk} é um peso dado para a comparação ijk , sendo atribuído valor 1 para combinações válidas e valor 0 para combinações inválidas (quando o valor da variável está ausente em uma ou ambos os indivíduos); S_{ijk} é a contribuição da variável k na similaridade dos indivíduos i e j , assumindo valores entre 0 e 1. Para uma variável nominal, se o valor da variável k é igual para ambos os indivíduos, i e j , então $S_{ij} = 1$, caso contrário, $S_{ij} = 0$. Considerando uma variável contínua, $S_{ijk} = 1 - |x_{ik} - x_{jk}| / R_k$ em que x_{ik} e x_{jk} são os valores

da variável k para os indivíduos i e j , respectivamente, e R_k é a amplitude da variável k na amostra. A divisão por R_k elimina as diferenças entre escalas das variáveis, produzindo um valor entre 0 e 1 e pesos iguais. A matriz de distância foi estimada usando a função “gower.dist” do pacote StatMatch no software R versão 4.0.2 (R CORE TEAM, 2020).

O agrupamento hierárquico foi obtido pelo método *Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average* (UPGMA), usando a matriz de distâncias de Gower. O número de grupos foi estimado usando a função “pvclust” do pacote *pvclust* (SUZUKI; SHIMODAIRA, 2006) no software R versão 4.0.2 (R Core Team, 2020). Esta função avalia a incerteza na análise de agrupamentos hierárquicos usando reamostragem de *bootstrap* em multiescala. Com base em 10.000 reamostragens, os grupos com valor de p aproximadamente imparcial $<0,05$ foram considerados significativos. A associação entre as matrizes de distância gráfica e original foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC) (SOKAL; ROHLF, 1962). A significância do CCC foi determinada pelo teste de Mantel com 1.000 permutações.

3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Analisando os componentes de variância (Tabela 1), pode se observar que para todas as características estudadas obteve-se elevados valores de variância genética, indicando que grande parte da variação nas médias é de causa genética. A maior variância genética encontrada foi para a característica DEF, correspondendo a 98,76% de toda a variação para esta característica. A menor variância genética encontrada foi de 72,09% para a característica NAP, indicando que dentre as características estudadas, esta é a que mais sofreu efeito do ambiente.

Os valores encontrados neste estudo são superiores aos encontrados por Coimbra et al. (2005) estudando os parâmetros genéticos na cultura da aveia branca e aos encontrados por Meira et al. (2019) para a cultura da aveia preta. Esses autores destacam que a variância fenotípica explicada por baixos valores de variância genética são normais quando se trabalha com características quantitativas, visto que são características ligadas a expressão de muitos genes de pequeno efeito sobre o fenótipo. Apesar dos elevados valores de variância genética encontrados neste estudo estarem adversos aos citados na literatura, isso pode ser explicado pelo fato de que as estimativas dos parâmetros genéticos são válidas para uma população específica, em determinadas condições ambientais a qual está inserida (ALLARD, 1971).

Para todas as características foram encontrados altos valores de herdabilidade média, indicando boas perspectivas de ganho genético. Esses valores possibilitam ainda alta precisão na seleção, com acurácia seletiva variando entre 90 e 99%, o que é considerado de magnitude

alta a muito alta, de acordo com Resende e Duarte (2007). A acurácia seletiva reflete a precisão da seleção e refere-se à correlação entre o valor genético predito e o valor genético verdadeiro do indivíduo (PIMENTEL et al., 2014). Os valores encontrados para os coeficientes de variação genética indicam a presença de variabilidade genética, o que é desejado quando se busca por genótipos superiores.

Tabela 1 – Teste de razão de verossimilhança, componentes de variância e parâmetros genéticos de 14 genótipos de aveia preta para as características dias da emergência ao florescimento (DEF), altura de planta (APL), número de afilhos por planta (NAP), massa da panícula (MDP), massa de grãos da panícula (MGP), massa da planta (MPL), massa verde total (MVT), massa seca total (MST) e produtividade de sementes (PDS).

Componentes da Variância	DEF (dias)	APL (cm)	NAP (n°)	MDP (g)	MGP (g)	MPL (g)	MVT (kg ha ⁻¹)	MST (kg ha ⁻¹)	PDS (kg ha ⁻¹)
Vg	118,47 (98,76%)	63,74 (76,22%)	0,15 (72,09%)	0,02 (82,98%)	0,04 (93,35%)	0,92 (84,02%)	71.623.703,92 (92,42%)	1.950.747 (90,88%)	481.638,51 (94,43%)
Ve	1,48 (1,24%)	19,88 (23,78%)	0,05 (27,91%)	0,004 (17,02%)	0,003 (6,65%)	0,17 (15,98%)	5.870.571,32 (7,58%)	195.658,98 (9,12%)	28.411,19 (5,57%)
Vf	119,50	83,62	0,20	0,02	0,04	1,09	77.494.275,25	2.146.405,99	510.049,71
h ²	0,98	0,76	0,72	0,83	0,93	0,84	0,90	0,91	0,94
h ² mg	0,99	0,91	0,88	0,93	0,97	0,94	0,97	0,96	0,98
Acurácia Seletiva	0,99	0,95	0,94	0,96	0,98	0,97	0,90	0,93	0,99
Média Geral	91,41	143,62	3,29	1,42	1,17	3,78	42.000,96	6.923,35	2.815,13
CVg (%)	11,90	5,56	11,60	9,84	17,36	25,39	20,14	20,17	24,65
Razão CVg Cve	8,91	1,79	1,60	2,21	3,75	2,29	3,49	3,16	4,12
LRT	100,01	25,31	21,56	33,32	56,81	34,86	53,47	4,81	61,29
p-valor	1,52E-23	4,89E-07	3,42E-06	7,78E-09	4,78E-14	3,53E-09	2,61E-13	2,82E-12	4,92E-15

Vg: variância genética; Ve: variância ambiental; Vf: variância fenotípica; h²: herdabilidade no sentido amplo; h²mg: herdabilidade com base na média; CVg: coeficiente de variação genética; Cve: coeficiente de variação ambiental.

O teste da verossimilhança revelou significância estatística para os efeitos aleatórios estimados dos genótipos, para todas as características avaliadas neste estudo (Tabela 1). O BLUP para DEF (Figura 1) revelou efeitos positivos para as cultivares IAPAR 61 e UPFA 21 - Moreninha, além das linhagens UFSMFW 2-08, UFSMFW 2-09 e UFSMFW 2-11. Para as linhagens UFSMFW 2-07, UFSMFW 2-05, UFSMFW 2-10, UFSMFW 2-01, UFSMFW 2-02, UFSMFW 2-04, UFSMFW 2-03 e UFSMFW 2-06, somadas a cultivar IPR Cabocla, os efeitos genotípicos foram negativos. Cabe destacar que o efeito genotípico é representado na figura pela diferença entre o ponto e a linha tracejada, a qual representa a média geral da característica. A redução do período de emergência ao florescimento traz vantagens como menor ciclo total, permitindo a antecipação da cultura subsequente e, portanto, é uma característica desejada pelos programas de melhoramento. Nesse sentido, a linhagem UFSMFW 2-07 apresentou o menor

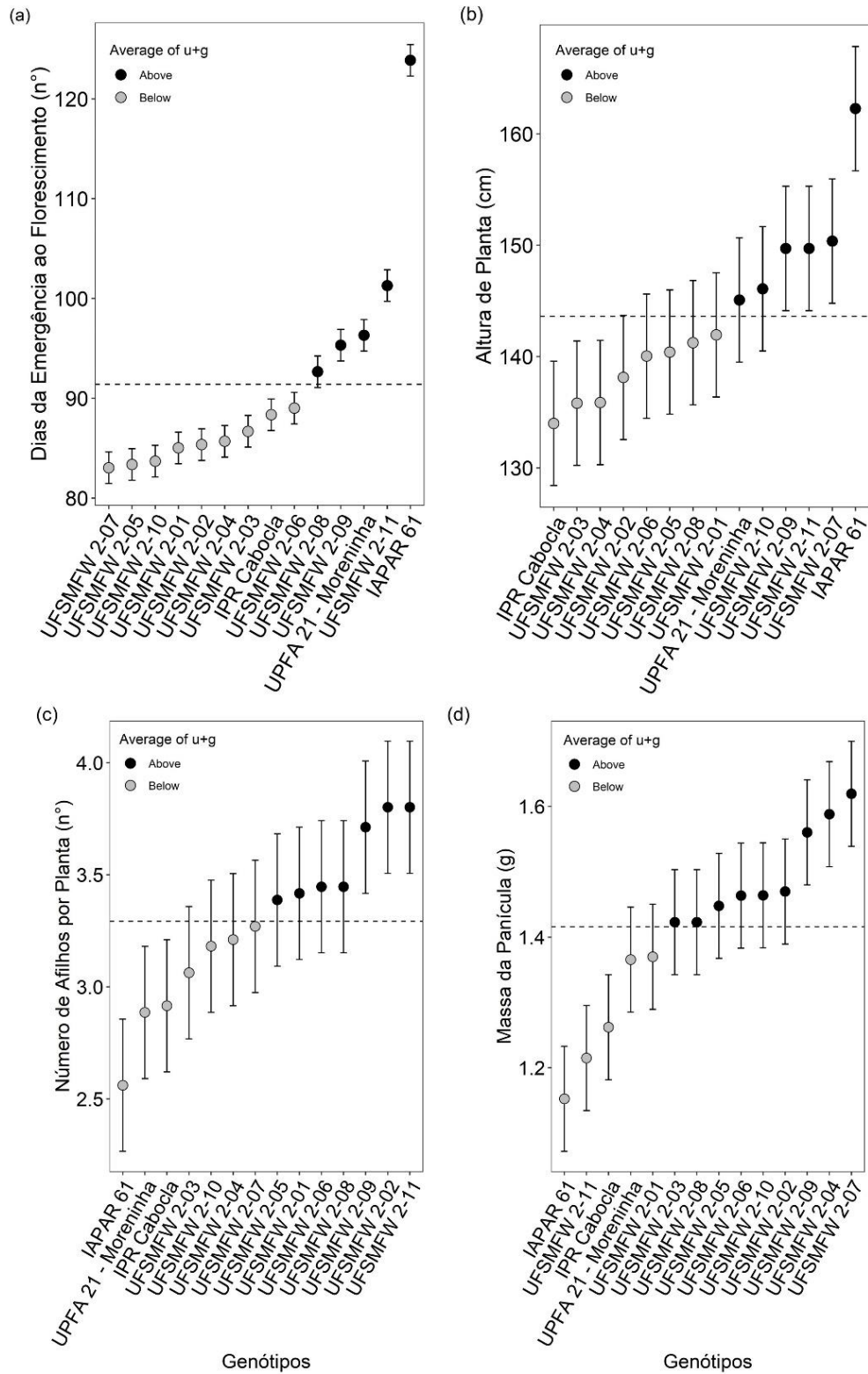
DEF médio previsto (83,03 dias), mas não foi estatisticamente diferente das linhagens UFSMFW 2-05, UFSMFW 2-10, UFSMFW 2-01, UFSMFW 2-02 e UFSMFW 2-04, devido aos intervalos de confiança sobrepostos. Essas linhagens apresentam potencial de desenvolvimento de novas cultivares mais precoces, como pode-se observar em comparação com a testemunha IAPAR 61 que apresentou o maior DEF médio predito (123,86 dias), diferindo estatisticamente dos demais. A cultivar IAPAR 61 é considerada de ciclo tardio, sendo que no estado do Paraná seu ciclo é em torno de 134 dias (IAPAR, 2006).

A maior média prevista para APL, estatisticamente diferente das demais, foi da cultivar IAPAR 61. Efeitos genotípicos negativos para a APL foram observados para a cultivar IPR Cabocla e para as linhagens UFSMFW 2-03, UFSMFW 2-04, UFSMFW 2-02, UFSMFW 2-06, UFSMFW 2-05, UFSMFW 2-08 e UFSMFW 2-01. Essas linhagens apresentam efeitos genotípicos desejáveis, pois menor estatura de planta é uma característica importante quando se busca diminuir o acamamento de plantas.

O número de afilhos por planta é uma característica muito importante para a cultura da aveia preta. Cada afilho apresentará em sua constituição colmo e folhas, contribuindo para uma maior produção de massa seca total. Além disso, os afilhos férteis apresentam panículas que vão contribuir para o aumento da produtividade de sementes. Dessa forma, as linhagens UFSMFW 2-05, UFSMFW 2-01, UFSMFW 2-06, UFSMFW 2-08, UFSMFW 2-09, UFSMFW 2-02 e UFSMFW 2-11 apresentaram efeitos genotípicos positivos para NAP, não diferindo estatisticamente. A capacidade de afilhamento é uma importante característica para a aveia preta, pois confere certa plasticidade em suportar variações na população de plantas. No entanto, depende também das condições edafoclimáticas, como visto anteriormente neste estudo que esta característica sofreu o maior efeito do ambiente. Mundstock (1999) destaca as temperaturas elevadas e baixa fertilidade do solo como fatores que reduzem o potencial de afilhamento.

O BLUP para MDP revelou efeito genotípico positivo para as linhagens UFSMFW 2-03, UFSMFW 2-08, UFSMFW 2-05, UFSMFW 2-06, UFSMFW 2-10, UFSMFW 2-02, UFSMFW 2-04 e UFSMFW 2-07, tendo a UFSMFW 2-07 apresentado a maior média prevista (1,61 g). Benin et al. (2003) observaram efeitos diretos e de alta magnitude da MDP sobre o rendimento de grãos em aveia branca. A seleção indireta por meio da MDP pode ser utilizada eficientemente para incrementar o rendimento de grãos em populações de aveia (MARCHIORO et al., 2004).

Figura 1 – Valores genéticos preditos para (a) dias da emergência ao florescimento (DEF), (b) altura de planta (APL), (c) número de afilhos por planta (NAP) e (d) massa da panícula (MDP) para 11 linhagens e 3 cultivares de aveia preta.



Fonte: Autor.

Para a característica MGP (Figura 2), com exceção da linhagem UFSMFW 2-11, todas apresentaram efeitos genotípicos desejáveis, ou seja, acima da média geral, e ainda, as linhagens compreendidas no intervalo entre UFSMFW 2-06 e UFSMFW 2-04 foram estatisticamente superiores que as demais linhagens e às testemunhas, demonstrando potencial para a produtividade de sementes. O menor valor médio predito de MGP foi observado para a cultivar IAPAR 61 (0,59 g).

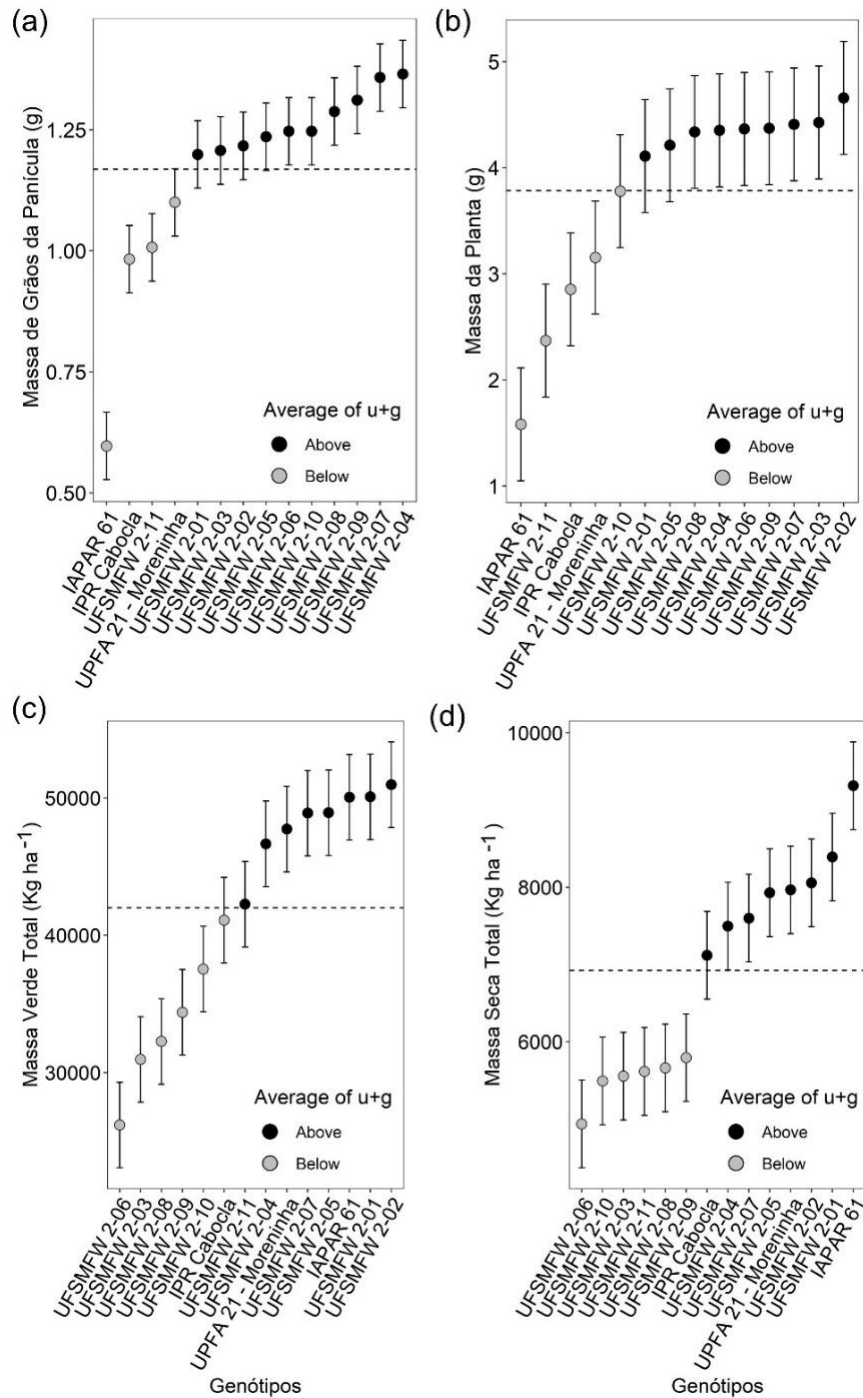
Efeitos genotípicos positivos para MPL foram observados para as linhagens entre UFSMFW 2-01 (4,11 g) e UFSMFW 2-02 (4,66 g). Por essa características ser avaliada ao final do ciclo, considerando a massa de colmo, folha, afilhos, panículas e de sementes simultaneamente, as cultivares apresentaram menores valores preditos para esta característica, possivelmente pela menor capacidade de afilhamento destas, como visto anteriormente, e pelo maior potencial de produtividade de sementes das linhagens UFSMFW.

Os BLUPS para MVT e MST revelaram efeitos genotípicos positivos para as cultivares UPFA 21- Moreninha e IAPAR 61, sendo que a maior produtividade de massa seca predita foi observada para a cultivar IAPAR 61 com 9.314,87 kg ha⁻¹, mas não diferindo estatisticamente da linhagem UFSMFW 2-01. A elevada produtividade de massa seca para estas cultivares era esperada, visto que ambas foram desenvolvidas para a produção de forragem. Demétrio et al. (2012) encontraram produtividade de 12.171 kg ha⁻¹ da cultivar IAPAR 61, superior ao do presente estudo. Por outro lado, Nascimento Júnior et al. (2015) estudando a produtividade em média de 12 experimentos com a cultivar UPFA 21 - Moreninha, encontraram produtividade média 5.837,00 kg ha⁻¹ de massa seca, inferior ao valor predito para esta cultivar no presente estudo. O ciclo tardio das cultivares permite maior acúmulo de massa pelo maior período de tempo disponível para atingir o florescimento pleno.

As linhagens UFSMFW 2-04, UFSMFW 2-07, UFSMFW 2-05, UFSMFW 2-02 e UFSMFW 2-01 também apresentaram efeitos genotípicos positivos para MST e não diferiram estatisticamente entre si e da cultivar UPFA 21 - Moreninha. Estas linhagens UFSMFW apresentam bom potencial de produtividade de massa seca com o diferencial de atingirem estas produtividades em menor tempo visto que apresentam maior precocidade atingindo o florescimento primeiro. Diversos benefícios têm sido atribuídos à palhada de aveia preta trazendo grande impacto dessa cultura para o sistema plantio direto. Segundo Santos et al. (2015), a manutenção da palha na superfície do solo atua na proteção contra o impacto da gota de chuva, reduzindo consequentemente a erosão do solo. Ferreira et al. (2009) destacam que a cobertura morta reduz os efeitos da estiagem por proteger o solo da evaporação. Sá et al. (2010) encontraram maior crescimento radicular e maior produtividade em híbridos de milho devido à

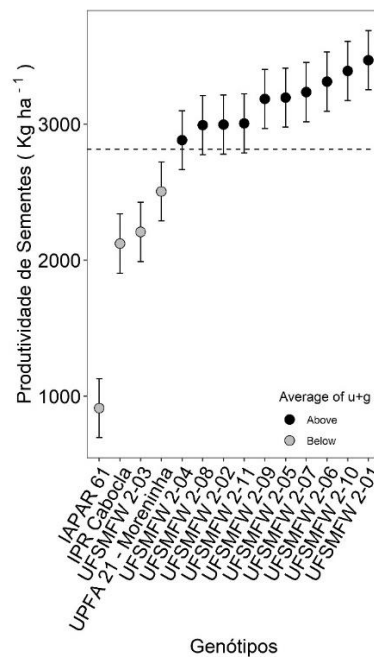
adição de massa seca de aveia preta como cultura antecessora. Estudando a decomposição e liberação de macronutrientes, Crusciol et al. (2008) relatam boa eficiência da aveia preta para extrair e reciclar macronutrientes, especialmente nitrogênio, fósforo e potássio.

Figura 2 – Valores genéticos preditos para (a) massa de grãos da panícula (MGP), (b) massa da planta, (c) massa verde total (MVT) e (d) massa seca total (MST) para 11 linhagens e 3 cultivares de aveia preta.



Considerando a performance referente a produtividade de sementes, as linhagens novamente se destacaram sendo superiores às cultivares. As melhores linhagens foram UFSMFW 2-01, UFSMFW 2-10, UFSMFW 2-06, UFSMFW 2-07, UFSMFW 2-05 e UFSMFW 2-09, as quais ultrapassaram a produtividade de 3.000 kg ha⁻¹. Já as cultivares UPFA 21- Moreninha, IPR Cabocla e IAPAR 61 apresentaram efeitos genotípicos negativos e produtividades preditas de 2.504,71 kg ha⁻¹, 2.122,38 kg ha⁻¹ e 911,58 kg ha⁻¹, respectivamente. O incremento na produtividade de sementes de aveia preta é uma característica que os programas de melhoramento têm buscado, visto que as produtividades das cultivares atuais é baixa. O potencial de produtividade de sementes dessas linhagens pode ser importante para a manutenção da aveia preta nos sistemas de cultivo, onde hoje predomina o cultivo para a produção de massa seca e cobertura de solo.

Figura 3 – Valores genéticos preditos para produtividade de sementes (PDS) de 11 linhagens e 3 cultivares de aveia preta.

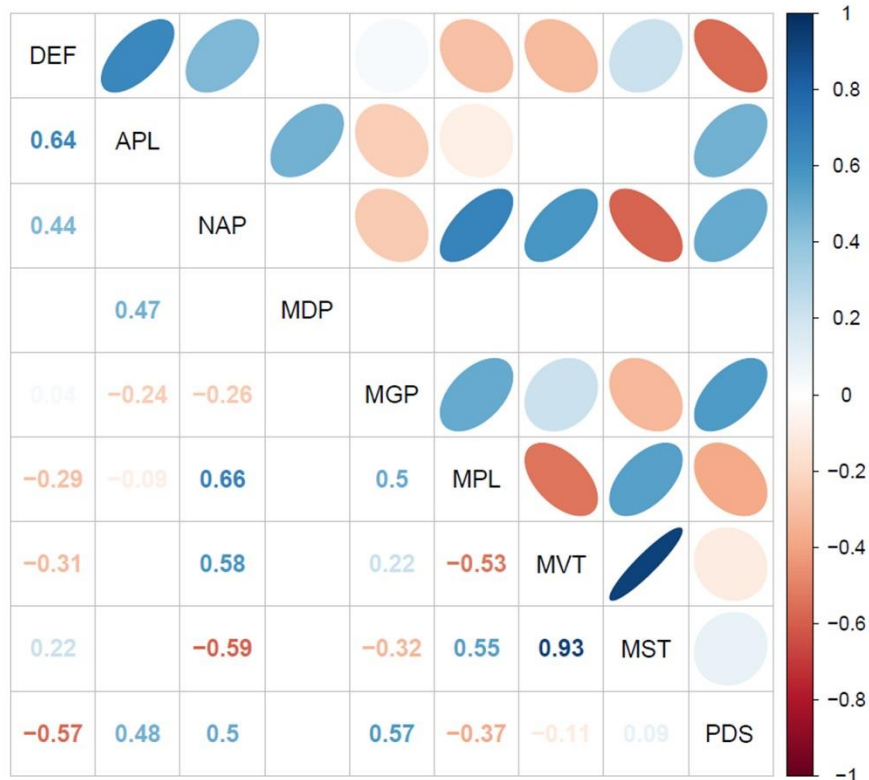


Fonte: Autor.

Avaliando as correlações parciais entre as características estudadas (Figura 4), encontrou-se correlação positiva (0,64) e significativa ($p < 0,01$) da característica APL com DEF, indicando que plantas com maior ciclo tendem a apresentar maior altura final de plantas. Ainda, DEF apresentou fortes correlações de sentido negativo com PDS (-0,57). Esse comportamento das associações envolvendo o DEF e PDS pode ser explicado pelo

comportamento das cultivares, que apresentarem maior ciclo e menor produtividade, e das linhagens que apresentam maior produtividade e maior precocidade.

Figura 4 – Correlações parciais significativas ($p < 0,01$) entre as características dias da emergência ao florescimento (DEF), altura de planta (APL), número de afilhos por planta (NAP), massa da panícula (MDP), massa de grãos da panícula (MGP), massa da planta (MPL), massa verde total (MVT), massa seca total (MST), produtividade de sementes (PDS).



Fonte: Autor.

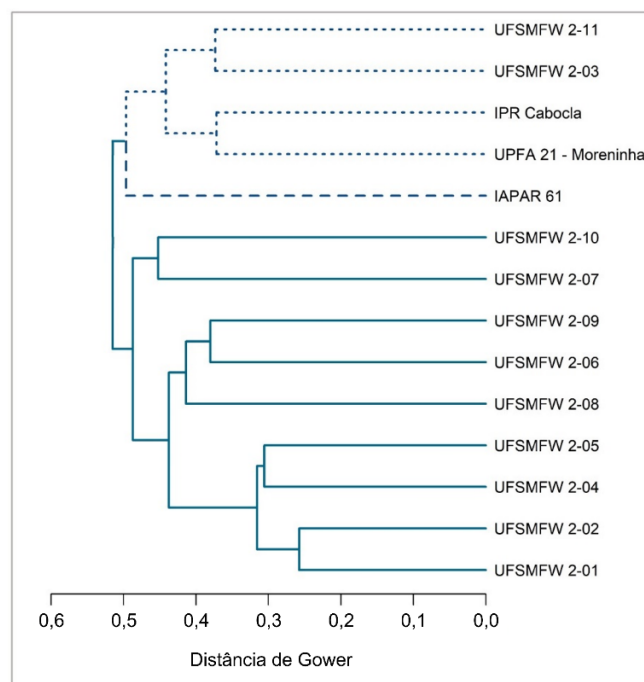
Na busca por incrementar a produtividade de sementes, as características NAP e MGP apresentaram correlação positiva com a PDS. Nesse sentido, as características NAP e MGP mostram-se de fácil mensuração e podem ser utilizadas para realizar seleção indireta visando incrementar a produtividade de sementes para estes genótipos de aveia preta. Meira et al., (2019) avaliando genótipos de aveia preta, enfatizaram que a seleção com base no peso da panícula e peso dos grãos da panícula pode resultar em maiores ganhos de seleção.

Analisando MST, observou-se correlação de magnitude moderada e de sentido negativo com MGP (-0,32), indicando que plantas com maior produtividade de massa seca tendem a produzir panículas com menor produtividade de sementes. Ainda, analisando a característica MST, se verificou a fraca associação positiva com DEF, podendo ser explicado pelo fato de que as linhagens apresentaram produtividades de massa seca próximas as testemunhas, no

entanto em menor tempo. Krishna et al. (2014) desdobrando as associações fenotípicas observadas em suas causas, genética e ambiental, também encontraram fraca associação genética do caractere dias para o florescimento com a produtividade de massa seca (0,21).

A análise de agrupamento utilizando o método UPMGA baseado na matriz de distâncias de Gower, revelou a formação de 3 grupos distintos, considerando 5% de probabilidade de erro (Figura 4). Os grupos estão representados pelos diferentes tipos de linhas. O Grupo 1 (linhas pontilhadas) foi composto pelos seguintes genótipos: UFSMFW 2-11, UFSMFW 2-03, IPR Cabocla e UPFA 21 - Moreninha. Grupo 2 (linhas tracejadas) composto pela cultivar IAPAR 61. O Grupo 3 foi composto pelas seguintes linhagens: UFSMFW 2-10, UFSMFW 2-07, UFSMFW 2-09, UFSMFW 2-06, UFSMFW 2-08, UFSMFW 2-05, UFSMFW 2-04, UFSMFW 2-02 e UFSMFW 2-01. O coeficiente de correlação cofenética foi de 0,70 que indica boa representação gráfica da matriz de distancias original (SOKAL e ROHLF, 1962).

Figura 5 – Dendograma para 11 linhagens e 3 cultivares de aveia preta utilizando o método UPGMA baseado na matriz de distâncias de Gower. Os diferentes tipos de linha representam os grupos formados.



Fonte: Autor.

O posicionamento das linhagens de aveia preta da UFSMFW em grupos distintos das testemunhas, com exceção da UFSMFW 2-11 e UFSMFW 2-03, demonstram o potencial de desenvolvimento de novas cultivares com características quantitativas e qualitativas que se diferenciam das cultivares já existentes no mercado. Cultivares com características diferentes,

sejam elas para tipo de planta, ciclo, altura de planta, produtividade de massa seca e de sementes, são desejadas pelos produtores e importantes para a versatilidade dessa cultura, frente a competição existente com as demais espécies cultivadas no inverno brasileiro.

3.5 CONCLUSÃO

O estudo dos componentes de variância e parâmetros genéticos mostrou que para todas as características estudadas a variância fenotípica dos genótipos pode ser explicada pela variância genética.

A análise de BLUPS mostrou que as linhagens UFSMFW 2-07, UFSMFW 2-05, UFSMFW 2-10, UFSMFW 2-01, UFSMFW 2-02 e UFSMFW 2-04 apresentaram valores genéticos preditos desejáveis para o desenvolvimento de cultivares de aveia preta precoces, enquanto os valores preditos para IAPAR 61 e UPFA 21 - Moreninha confirmaram estas cultivares como de ciclo longo.

As linhagens UFSMFW 2-01, UFSMFW 2-05, UFSMFW 2-07 se destacaram apresentando valores médios preditos desejáveis, iguais as testemunhas IAPAR 61 e UPFA 21 - Moreninha para produtividade de massa seca e superiores para produtividade de sementes.

As características NAP e MGP se mostraram importantes para a caracterização e seleção indireta visando incrementar o rendimento de sementes da cultura da aveia preta.

O posicionamento de a maioria das linhagens de aveia preta da UFSMFW em grupos distintos das testemunhas, demonstram o potencial de desenvolvimento de novas cultivares de aveia preta, apresentando características como precocidade e boa produtividade de sementes, se diferenciando das cultivares já existentes no mercado.

3.6 AGRADECIMENTOS

Agradecemos a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoas de Nível Superior (CAPES) do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro através da concessão de bolsa de estudos.

3.7 REFERÊNCIAS

- ABREU, F. B.; LEAL, N. R.; RODRIGUES, R.; AMARAL, J. R. A. T.; SILVA, D. J. H. Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, v. 22, p. 547-552, 2004.
- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Edgard Blücher Ltda: São Paulo, 1971. 485 p.
- ALVARES, A. C.; ALCARDE, C.; STAPE, J.L.; SENTELHAS, P.C.; DE MORAES, J.L.G.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v.22, n.6, p.711–728, 2013.
- BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; KUREK, A. J.; SILVA, J. A. G.; CARGNIN, A.; SIMIONI, D. Estimativas de correlações e coeficientes de trilha como critérios de seleção para rendimento de grãos em aveia. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 9, p. 9-16, 2003.
- BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; NODARI, R. O.; ELIAS, H. T.; BARILI, L. D.; VALE, N. M. do; ROZZETO, D. S. Rendimento de grãos em feijão preto: o componente que mais no valor fenotípico é o ambiente. **Ciência Rural**, v. 39, n. 7, p. 1974-1982, 2009.
- CARMO, S. L. M.; SANTOS, J. B. S.; HAGIWARA, W. E.; FERREIRA, J. L. Avaliação do stay green em famílias segregantes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Agrotecnologia**, v.31, n. 4, p.953-957, 2007.
- CERQUEIRA-SILVA, C. B. M.; SANTOS, E. S.; JESUS, O. N.; VIEIRA, J. G.; MORI, G. M.; CORRÊA, R. X.; SOUZA, A. P. Molecular genetic variability of commercial and wild accessions of passion fruit (*Passiflora* spp.) targeting ex situ conservation and breeding. **International Journal of Molecula Sciences**, v. 15, n. 12, p. 22933-22959, 2014.
- CONAB - Companhia Nacional de Abactecimento. Acompanhamento da Safra Brasileira. Boletim de Safra de Grãos da Safra de Inverno de 2021. 2021. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/safra/graos>. Acesso em: Setembro de 2021.
- COIMBRA, J. L. M.; KOPP, M. M.; SOUZA, V. Q. de; BENIN, G.; MARCHIORO, V. S.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C. de. Prediction of genetic value in F3 populations of *Avena sativa* L. using Reml/Blup. *Crop Breeding and Applied Biotecnology*, v. 5, p. 265-271, 2005.
- COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA. Informações técnicas para a cultura da aveia. Passo Fundo: Fundação ABC/Universidade de Passo Fundo, 136 p., 2014.
- CRUSCIOL, C. A. C.; MORO, E.; LIMA, E. do L.; ANDREOTI, M. Taxas de decomposição e liberação de macronutrientes da palhada de aveia preta em plantio direrto. **Bragantia**, v. 67, n. 2, p. 481-489, 2008.
- DEBIASI, H.; MARTINS, J. D.; MISSIO, E. L. Produtividade de grãos e componentes do rendimento da aveia preta (*Avena strigosa* Schreb) afetados pela densidade e velocidade de semeadura. **Ciência Rural**, v.37, p.649- 655, 2007.

DEMÉTRIO, J. V.; COSTA, A. C. T. da; OLIVEIRA, P. S. R. de. Produção de biomassa de cultivares de aveia sob diferentes manejos de corte. **Pesquisa agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 2, p. 198-205, 2012.

DEMPSTER A. P.; LAIRD, N. M.; RUBIN, D. B. Maximum Likelihood from Incomplete Data via the EM Algorithm. **J. Royal Stat. Soc.** 39: 1-38, 1977.

FERREIRA, A. O.; SÁ, J. C. M.; BRIEDIS, C.; FIGUEIREDO, A. G. Desempenho de genótipos de milho cultivados com diferentes quantidades de palha de aveia-preta e doses de nitrogênio. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p. 173-179, 2009.

FOLLMANN, D. N.; SOUZA, V. Q. de; CARGNELUTTI FILHO, A.; DEMARI, G. H.; NARDINO, M.; OLIVOTO, T.; CARVALHO, I. R.; SILVA, A. D. B.; MEIRA, D.; MEIER, C. Agronomic performance and genetic dissimilarity of second-harvest soybean cultivars using REML/BLUP and Gower's algorithm. **Bragantia**, v. 78, n. 2, p. 197-207, 2019.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, n. 4, p. 857-874, 1971.

HOOGERHEIDE, E. S. S.; VENCOVSKY, R.; FARIAS, F. J. C.; FREIRE, E. C.; ARANTES, E. M. Correlações e análise de trilha de caracteres tecnológicos e a produtividade de fibra de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 10, p. 1401-1405, 2007.

INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ – IAPAR. Aveia preta IAPAR 61 Ibiporã. Londrina: IAPAR, 2006. 2 p. Disponível em: <<http://www.idrparana.pr.gov.br/system/files/publico/mudas-e-semenetes/ipr-61-ibipora.pdf>>. Acesso em: outubro de 2021.

KLEIN, L. A.; MARCHIORO, V. S.; SOUZA, V.Q. de.; MEIRA, D.; MEIER, C.; Dissimilaridade genética entre genótipos de aveia preta. **Revista Brasileira de Iniciação Científica (RBIC)**, Itaperetinga, v. 6, n. 6, p. 114-125, 2019.

KRISHNA, A.; AHMED, S.; PANDEY, H.C.; KUMAR, V. Correlation and Diversity Analysis of Oat (*Avena sativa* L.) Genotypes for Grain and Fodder Yield. **Jornal of Plant Science & Reseach**, v.1, n. 110, p. 9, 2014.

MARCHIORO, V. S.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; CARGNIN, A.; LORENCETTI, C.; BENIN, G.; SILVA, J. A. G.; SIMIONI, D.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D. A. M. Peso de panícula como critério de seleção indireta, visando ao incremento do rendimento de grãos em aveia. **Revista Ceres**, v. 51, p. 683-692, 2004.

MEIRA, D.; MEIER, C.; OLIVOTO, T.; NARDINO, M.; KLEIN, L. A.; MORO, E. D.; FASSINI, F.; MARCHIORO, V. S.; SOUZA, V. Q. de. Estimates of genetic parameters between and within black oat populations. **Bragantia**, v. 78, n. 1, p. 43-51, 2019.

MUNDSTOCK, C.M. **Planejamento e manejo integrado da lavoura de trigo**. Porto Alegre: ed. do Autor, 1999. 228p.

NASCIMENTO JUNIOR, A.; BEVILAQUA, G. P.; LINHARES, A. G.; FONTANELI, R. S.; SANTOS, H. P.; EICHELBERGER, L. SÓ E SILVA, M.; TOMM, O. G. BRS Centauro - oat cultivar for ground cover and grazing. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 117-119, 2015.

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

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

R CORE TEAM (2020). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. Avaliado in: <<https://www.R-project.org>> (Acessado em outubro de 2021).

RAMALHO, M. A. P.; ARAÚJO, L. C. A. Breeding self-pollinated plants. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.11, p.1-7, 2011.

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

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

SÁ, J. C. M.; FERREIRA, A. O.; BRIEDIS, C.; VIEIRA, Â. M.; FIGUEIREDO, A. G. de. Crescimento radicular, extração de nutrientes e produção de grãos de genótipos de milho em diferentes quantidades de palha de aveia preta em plantio direto. **Revista Brasileira de Ciências do Solo**, v. 34, p. 1207-12016, 2010.

SANTOS, F. A. S.; NUNES, M. C. M.; JUNIOR, C. A. F.; ARANTES, E. M.; JÚNIOR, S. S. Taxas de desagregação de argissolo vermelho-amarelo em entressulcos e sob chuva simulada. **Engenharia na Agricultura**, v. 23, n. 2, p. 154-161, 2015.

SANTOS, E. R.; BARROS, H. B.; FERRAZ, E. de C.; CAPONE, A.; SANTOS, A. F. dos; FIDELIS, R.R. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, v. 58, p. 755-764, 2011.

SILVEIRA, G.; MOLITERNO, E.; RIBEIRO, G.; COSTA, P. M. A.; WOYANN, L. G.; TESSMANN, E. W.; OLIVEIRA, A. C.; CRUZ, C. D. Increasing genetic variability in black oats using gamma irradiation. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 4, p. 10332-10340, 2014.

SOKAL, R. R.; F. J. ROHLF. The Comparison of Dendrograms by Objective Methods. **Taxon**, v.11, n.2, p.33-40, 1962.

SUZUKI, R.; SHIMODAIRA, H. Pvcust: an R package for assessing the uncertainty in hierarchical clustering. **Bioinformatics**, v. 22, n. 12, p. 1540-1542, 2006.

4 CAPÍTULO II - SELEÇÃO DE LINHAGENS SUPERIORES DE AVEIA PRETA UTILIZANDO O ÍNDICE MGIDI

RESUMO

A aveia preta (*Avena strigosa* S.) é um dos principais cereais de inverno cultivado no país. Apesar da extensa área cultivada, poucos programas de melhoramento trabalham com esta cultura, abrindo espaço para o desenvolvimento de novas cultivares, mais precoces e produtivas. O objetivo do trabalho foi selecionar genótipos de aveia preta utilizando o MGIDI para seleção simultânea, comparando-o com o índice de Smith e Hazel. O experimento foi conduzido na Universidade Federal de Santa Maria, campus de Frederico Westphalen/RS e na Universidade Tecnológica Federal do Paraná, em Pato Branco/PR. Foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Foram conduzidas 5 linhagens de aveia preta e 4 cultivares comerciais. As características analisadas foram dias da emergência ao florescimento (DEF), dias da emergência à maturação (DEM), altura de corte (ALC), altura de planta (APL), número de afilhos (NPF), massa de grãos dos afilhos (MGA), massa da planta (MPL), comprimento da panícula (CPN), massa da panícula (MDP), massa de grãos da panícula (MGP), massa verde (MVT), massa seca (MST) e produtividade de sementes (PDS). O MGIDI selecionou os genótipos UFSMFW 2-01 e UFSMFW 2-04 para o ambiente Frederico Westphalen e UFSMFW 2-07 e UFSMFW 2-04 para Pato Branco. Os selecionados variaram se comparado com o índice SH em ambos os ambientes. Os ganhos de seleção foram equilibrados para todas as características. Os pontos fortes e fracos dos genótipos mostraram que os genótipos UFSMFW 2-01 e UFSMFW 2-07 possuem boa produtividade de massa seca. Já o comportamento do UFSMFW 2-04 variou nos dois ambientes. O MGIDI foi eficiente em selecionar os melhores genótipos de aveia preta, apresentando ganhos de seleção desejáveis para a maioria das características.

Palavras-Chave: Produtividade. MGIDI. Seleção simultânea. Ganhos de seleção.

SELECTION OF UPPER BLACK OATS LINES USING THE MGIDI INDEX

4.1 ABSTRACT

Black oat (*Avena strigosa* S.) is one of the main winter cereals grown in the country. Despite the extensive cultivated area, few improvement programs work with this crop, making room for the development of new, earlier and more productive cultivars. The objective of this work was to select black oat genotypes using the MGIDI for simultaneous selection, comparing it with the Smith and Hazel index. The experiment was conducted at the Federal University of Santa Maria, campus of Frederico Westphalen/RS and at the Federal Technological University of Paraná, in Pato Branco/PR. It was carried out in a randomized block design, with three replications. Five lines of black oat and four commercial cultivars were conducted. The characteristics analyzed were days from emergence to flowering (DEF), days from emergence to maturity (DEM), cutting height (ALC), plant height (APL), number of tillers (NPF), tiller grain mass (MGA), plant mass (MPL), panicle length (CPN), panicle mass (MDP), panicle grain mass (MGP), green mass (MVT), dry mass (MST) and seed yield (PDS). MGIDI selected the genotypes UFSMFW 2-01 and UFSMFW 2-04 for the Frederico Westphalen environment and UFSMFW 2-07 and UFSMFW 2-04 for Pato Branco. Those selected varied if compared to the SH index in both environments. Selection gains have been balanced for all traits. The strengths and weaknesses of the genotypes showed that the UFSMFW 2-01 and UFSMFW 2-07 genotypes have good dry mass productivity. The behavior of UFSMFW 2-04 varied in both environments. MGIDI was efficient in selecting the best black oat genotypes, showing desirable selection gains for most traits.

Keywords: Yield. MGIDI. Simultaneous selection. Selection gains.

4.2 INTRODUÇÃO

A aveia preta (*Avena strigosa* S.) é um dos principais cereais de inverno cultivado no mundo todo (MEIRA et al., 2019). No Brasil, a espécie é largamente difundida para a produção de forragem e vem ganhando espaço devido à introdução no sistema de plantio direto para a cobertura de solo, permitindo também a colheita dos grãos que servem de alternativa para a alimentação animal (RESTLE et al., 2009).

Na região sul do país é onde se encontram as melhores condições climáticas para o cultivo da aveia preta e, portanto, é onde se têm as maiores áreas cultivadas. Em 2020, os estados do Paraná e Rio Grande do Sul apresentaram, juntos, cerca de 380,7 mil hectares de aveia cultivados (CONAB, 2021). No entanto, estima-se que a área cultivada com aveia é muito maior, uma vez que o cultivo para cobertura de solo e produção de forragem não são contabilizados nas estatísticas. Federrizi et al (2014), destacam que para tais fins, são cultivados aproximadamente 5 milhões de hectares no país.

Apesar da extensa área cultivada com aveia preta, são poucos programas de melhoramento que trabalham com a cultura, levando a um pequeno número de cultivares disponíveis no mercado, em que predominam características relacionadas a produtividade de massa seca (SILVEIRA et al., 2010). Devido a importância da aveia para as diferentes finalidades de cultivo, surge a necessidade de desenvolvimento de novas cultivares que aliem boa produtividade de massa seca com a produtividade de grãos.

O genótipo que agrega uma combinação ideal de características, tanto morfológicas como fisiológicas, pode ser denominado de ideótipo (ROCHA et al., 2018). No entanto, reunir muitas características desejáveis em um único genótipo não é uma tarefa simples. A seleção de genótipos superiores frequentemente apresenta alta complexidade, visto que os caracteres agrônômicos de importância econômica são de natureza quantitativa (NOGUEIRA et al., 2012).

Para auxiliar na seleção, quando se trabalha com o objetivo de reunir diferentes características, utilizar índices de seleção é uma estratégia vantajosa. Teixeira et al. (2012) relatam que o primeiro índice proposto para a seleção de duas ou mais características correlacionadas foi o clássico (SMITH, 1936; HAZEL, 1943), amplamente utilizado. O índice Smith-Hazel utiliza os valores fenotípicos e covariâncias genéticas para determinar como um vetor de pesos deve ser escolhido a fim de maximizar a correlação de valores genéticos desconhecidos e valores fenotípicos (HAZEL et al., 1994). Porém, avaliar várias características simultaneamente, certamente acarreta a presença de características correlacionadas que podem ocasionar problemas de multicolineariedade (OLIVOTO e NARDINO, 2021), resultando em

coeficientes de regressão viesados, podendo levar a conclusões errôneas (PRUNIER et al., 2015). Também, a falta de um procedimento para ponderar as características de importância econômica dificulta a aplicação desse índice (STEPHENS et al., 2012).

Para contornar as adversidades encontradas nos índices tradicionais, Olivoto e Nardino (2021) desenvolveram um novo índice de seleção simultânea baseado em análise de fatorial, conhecido como *Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index* (MGIDI). Estudos utilizando o índice MGIDI já foram relatados com a cultura da cevada (POUR-ABOUGHADAREH et al., 2021), Guar (*Cymopsis tetragonoloba*) (BENAKANAHALLI et al., 2021), trigo (LIMA et al., 2022) e milho (YUE et al., 2022).

Assim, o objetivo do trabalho foi selecionar linhagens superiores de aveia preta que apresentem ciclo precoce, porte baixo e potencial de produtividade de massa seca e de sementes, utilizando o índice distância genótipo-ideótipo multi-características, comparando com o índice clássico de Smith e Hazel.

4.3 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no ano de 2020, em dois locais do sul do Brasil, sendo estes: Universidade Federal de Santa Maria, Campus de Frederico Westphalen/RS (27° 23'26" S, 53°25'43" W, 461,3 metros de altitude) e Universidade Tecnológica Federal do Paraná, em Pato Branco/PR (26° 11' 54" S, 52° 41' 23,2" W, a 760 metros de altitude). O clima, de acordo com Köppen, para ambos os locais é classificado como Cfa, ou seja, subtropical úmido, com precipitação média anual de 2.100 mm para Frederico Westphalen/RS e de 1.750 mm para Pato Branco/PR (ALVARES et al., 2013).

Foram utilizadas 5 linhagens homozigotas de aveia preta, denominadas de UFSMFW 2-01, UFSMFW 2-02, UFSMFW 2-04, UFSMFW 2-05 e UFSMFW 2-07, juntamente com 4 cultivares brasileiras comerciais, BRS 139, Agro Esteio, UPFA 21 - Moreninha e IPR Cabocla, totalizando 9 genótipos. Para condução do experimento nos dois locais foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições.

Cada unidade experimental foi composta por 6 linhas de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,17 metros, com densidade de semeadura de 300 sementes aptas por m². A semeadura foi realizada no dia 30 de maio de 2020 em Frederico Westphalen/RS e no dia 25 de junho em Pato Branco/PR. A adubação foi realizada com base na análise de solo e os tratos culturais visando controle de plantas daninhas, pragas e doenças seguiram as indicações técnicas para a cultura da aveia preta (COMISSÃO, 2014).

As características analisadas foram: dias da emergência ao florescimento (DEF), dias da emergência à maturação (DEM), massa verde (MVT, kg ha⁻¹), massa seca (MST, kg ha⁻¹) e altura de corte (ALC, cm) aferidos no florescimento pleno, quando 50% das plantas da parcela emitiram a inflorescência. Quando após a maturação fisiológica, realizou-se a colheita e foram avaliados, em 10 plantas de cada unidade experimental, os caracteres altura de planta (APL, cm), número de afilhos por planta (NAP), massa de grãos dos afilhos (MGA, g), massa da planta (MPL, g), comprimento da panícula (CPN, cm), massa da panícula (MDP, g), massa de grãos da panícula (MGP, g) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹).

Buscando identificar a presença de interação entre os genótipos e os ambientes para as características estudadas, a partir do delineamento experimental utilizado foi realizada a análise de variância (ANOVA) conjunta e o teste F ($p < 0,05$), utilizando o modelo estatístico abaixo, considerando dados balanceados.

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

onde Y_{ijk} é a observação obtida na parcela com i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco, μ é média geral do ensaio, G_i o efeito do i-ésimo genótipo considerado fixo, A_j o efeito do j-ésimo ambiente considerado fixo, GA_{ij} o efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente, B/A_{jk} efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente, considerado aleatório e ε_{ijk} o efeito do erro aleatório;

O índice de distância MGIDI, proposto por Olivoto e Nardino (2020) foi usado para identificar os genótipos que agreguem de forma desejada a maioria das características dentro de cada ambiente. O MGIDI consiste em primeiramente, conhecendo o genótipo ideal, reescalonar as variáveis para que todas encontrem-se em um intervalo de 0-100 (OLIVOTO e NARDINO, 2021), segundo a seguinte equação:

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{oj} - \varphi_{oj}} \times (\theta_{ij} - \eta_{oj}) + \eta_{nj}$$

onde η_{nj} e φ_{nj} são os novos valores máximo e mínimo para o traço j após o reescalonamento, respectivamente; η_{oj} e φ_{oj} são os valores originais máximos e mínimos para o traço j, respectivamente, e θ_{ij} é o valor original para a j-ésima característica do i-ésimo genótipo. Para DEF, DEM, ALC e ALP em que valores mais baixos são desejados, é considerado $\eta_{nj} = 0$ e $\varphi_{nj} = 100$. Para todas outras características, as quais valores maiores são desejados, foi considerado $\eta_{nj} = 100$ e $\varphi_{nj} = 0$. Assim, o tratamento ideal seria aquele com 100 para todas as características após o reescalonamento.

Na próxima etapa, foi realizada uma análise fatorial exploratória com rX_{ij} para agrupar as características relacionadas e reduzir a dimensionalidade dos dados, gerando cargas fatoriais para cada genótipo através da seguinte equação (OLIVOTO e NARDINO, 2021):

$$\mathbf{X} = \boldsymbol{\mu} + \mathbf{L}\mathbf{f} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

sendo: \mathbf{X} é um vetor $p \times 1$ de observações reescaladas; $\boldsymbol{\mu}$ é um vetor $p \times 1$ de médias padronizadas; \mathbf{f} é um vetor $p \times 1$ de fatores comuns; e $\boldsymbol{\varepsilon}$ é um vetor $p \times 1$ de resíduos, sendo p e f o número de características e fatores comuns retidos, respectivamente. Os autovalores e autovetores são obtidos da matriz de correlação de rX_{ij} . São retidos apenas os que apresentarem autovalores maiores que um. Os scores são obtidos pela equação:

$$\mathbf{F} = \mathbf{Z}(\mathbf{A}^T \mathbf{R}^{-1})^T,$$

em que: \mathbf{F} é uma matriz $g \times f$ com os escores fatoriais; \mathbf{Z} é a matriz $g \times p$ com médias padronizadas (reescaladas); \mathbf{A} é a matriz $p \times f$ de carregamentos canônicos, e \mathbf{R} é uma matriz de correlação $p \times p$ entre as características. g , f e p representam o número de genótipos, fatores retidos e características analisadas, respectivamente.

Então foi estimada a distância Euclidiana entre os scores dos genótipos e os genótipos ideais, sendo calculado como o índice MGIDI (OLIVOTO e NARDINO, 2021), através da equação abaixo:

$$MGIDI_i = \left[\sum_{j=1}^f (\gamma_{ij} - \gamma_j)^2 \right]^{0,5},$$

onde γ_{ij} é o score do i -ésimo genótipo/tratamento no j -ésimo fator ($i = 1, 2, \dots, g; j = 1, 2, \dots, f$), sendo g e f o número de genótipos e fatores, respectivamente; e γ_j é o j -ésimo score do ideótipo. O genótipo que apresenta menor MGIDI é mais próximo do ideótipo, apresentando valores desejados para todas as características avaliadas.

O diferencial de seleção para todas as características foi calculado considerando uma intensidade de seleção de 25%, e assim, os dois primeiros genótipos com menor MGIDI, ou seja, mais próximos do ideótipo, foram selecionados.

A proporção do índice MGIDI do i -ésimo genótipo explicado pelo j -ésimo fator (ω_{ij}) é utilizado para mostrar os pontos fortes e fracos dos genótipos, e é calculado pela equação (OLIVOTO e NARDINO, 2021):

$$\omega_{ij} = \frac{\sqrt{D_{ij}^2}}{\sum_{j=1}^f \sqrt{D_{ij}^2}},$$

onde D_{ij} é a distância entre o i -ésimo genótipo/tratamento e o ideótipo para o j -ésimo fator. Contribuições baixas de um fator significa que as características dentro dele estão próximos do ideótipo.

Para comparar a eficiência do índice MGIDI, também foi calculado o índice Smith-Hazel (SH) (SMITH, 1936; HAZEL, 1943), utilizando a seguinte equação:

$$I_i = \sum_k b_k \bar{y}_{ik}$$

em que I_i é o valor do índice calculado para a progênie i ; b_k é o coeficiente de ponderação do índice associado ao caráter k ; e \bar{y}_{ik} é a média fenotípica da progênie i relativa ao caráter k . Os valores de b_k foram estimados por $b = P^{-1}G \times a$, em que: P^{-1} é a inversa da matriz de covariâncias fenotípicas médias entre caracteres; G é a matriz das variâncias e covariâncias genotípicas na média de progênies entre os caracteres; e a é o vetor dos pesos econômicos dos caracteres. A intensidade de seleção utilizada foi de 25%.

A manipulação dos dados, análise de variância e os cálculos para estimar os índices de seleção foram realizados no software R, versão 4.0.2 (R Core Team, 2020), utilizando o pacote “metan” (OLIVOTO e LÚCIO, 2020).

4.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resultado da análise de variância conjunta mostra que os genótipos apresentaram diferenças significativas ($p \leq 0,05$) para as treze características estudadas (Tabela 1). Pela análise de variância também foi possível verificar que apenas as características ALC, APL, MPL e CPN não apresentaram efeito significativo para ambiente. Também, nove características apresentaram efeito significativo para a interação genótipo x ambiente, indicando que para estas características os genótipos apresentam respostas diferenciadas dentro de cada ambiente. Os coeficientes de variação (CV%) variaram de 1,26% a 19,28%, indicando boa precisão dos dados experimentais segundo classificação de Pimentel Gomes (2000).

Tabela 1 – Resumo da análise de variância (ANOVA) conjunta em relação às características dias da emergência ao florescimento (DEF), dias da emergência à maturação (DEM), altura de corte (ALC), altura de planta (ALP), número de afilhos por planta (NAP) e massa de grãos dos afilhos (MGA), massa da planta (MPL), comprimento da panícula (CPN), massa da panícula (MDP), massa de grãos da panícula (MGP), massa verde total (MVT), massa seca total (MST) e produtividade de sementes (PDS).

Características	Quadrados Médios das Fontes de Variação					CV (%) ²
	Bloco/Ambiente	Genótipo (G)	Ambiente (E)	G x E	Resíduo	
DEF (dias)	5,30	43,504*	4.629,629*	12,340*	1,710	1,66
DEM (dias)	3,00	177,811*	2.944,641*	13,653*	2.475	1,26
ALC (cm)	1,79	164,714*	3,16E-30	1,18E-29	14,587	3,15
APL (cm)	10,90	53,391*	1.682,258*	26,652	13,257	2,73
NAP (n°)	0,05	0,038*	0,054*	0,085*	0,016	6,45
MGA (g)	0,01	0,023*	0,011*	0,016*	0,003	19,28
MPL (g)	0,12	1,050*	0,008	0,150	0,053	7,17
CPN (cm)	2,16	9,016*	27,164*	0,361	1,126	4,73
MDP (g)	0,01	0,066*	0,022*	0,033*	0,013	11,96
MGP (g)	0,01	0,026*	0,029*	0,036*	0,009	13,58
MVT (kg ha ⁻¹)	2.920.000,00	44.447.186,00*	2.76E+08*	18.158.051,00*	7.283.608,00	7,50
MST (kg ha ⁻¹)	21.643,00	2.066.409,00*	14.489.638,00*	399.223,10*	36.886,170	2,74
PDS (kg ha ⁻¹)	12.577,00	765.004,80*	6.785.307,00*	77.273,790*	11.017,320	5,35
GL ¹	4	8	1	8	32	

¹ GL: graus de liberdade; ² CV (%): coeficiente de variação;

*: Valores significativos a 5% de probabilidade de erro.

Visto que os genótipos apresentam variabilidade, justifica-se o uso dos índices de seleção para buscar os genótipos de interesse econômico. O sucesso do melhoramento genético de plantas tem como premissa fundamental a existência de variabilidade genética para seleção de genótipos superiores (NETO et al., 2015). Como a maioria das variáveis apresentaram interação significativa, devido ao efeito do ambiente, os índices MGIDI e Smith-Hazel foram estimados para os ambientes Frederico Westphalen (E1) e Pato Branco (E2), individualmente.

No melhoramento genético de plantas, uma das decisões mais importantes é definir as características de cultivares a serem obtidas e suas finalidades (BRADSHAW, 2017). Dessa forma, na Tabela 3, pode-se observar o desenho do ideótipo para selecionar genótipos de aveia preta de porte baixo, mais precoces e com bom potencial de produtividade de massa seca e de sementes.

Tabela 2 – Valores fenotípicos máximos, médios e mínimos em dois locais e desenho do ideótipo para dias da emergência ao florescimento (DEF), dias da emergência à maturação (DEM), altura de corte (ALC), altura de planta (ALP), número de afilhos por planta (NAP) e massa de grãos dos afilhos (MGA), massa da planta (MPL), comprimento da panícula (CPN), massa da panícula (MDP), massa de grãos da panícula (MGP), massa verde total (MVT), massa seca total (MST) e produtividade de sementes (PDS).

Valores Fenotípicos	DEF (dias)	DEM (dias)	ALC (cm)	ALP (cm)	NPF (n°)	MGA (g)	MPL (g)	CPN (cm)	MDP (g)	MGP (g)	MVT (kg ha ⁻¹)	MST (kg ha ⁻¹)	PDS (kg ha ⁻¹)
Máximo	96,00	140,00	133,60	150,90	2,30	0,58	4,48	27,20	1,42	1,01	43854,40	8476,67	2925,00
Mínimo	66,00	107,00	108,80	120,60	1,70	0,10	2,37	19,20	0,65	0,46	24965,20	5460,40	1035,00
Média	78,72	125,10	121,20	133,20	1,99	0,29	3,19	22,40	0,97	0,72	35982,87	6989,07	1960,77
Desejado	Mín	Mín	Mín	Mín	Máx	Máx	Máx	Máx	Máx	Máx	Máx	Máx	Máx
Indesejado	Máx	Máx	Máx	Máx	Mín	Mín	Mín	Mín	Mín	Mín	Mín	Mín	Mín

Na análise de fatores, apenas os fatores com autovalores > 1 foram considerados, seguindo o critério de Kaiser (1958). Para o ambiente E1, três fatores apresentaram autovalores > 1 , e, portanto, a redução dimensional do conjunto de dados deve considerar três fatores (FA), os quais juntos explicaram 84,10% da variação entre as características (Tabela 4). As características foram agrupadas nos três fatores em E1, da seguinte forma: no FA1 foram agrupadas aquelas relacionadas ao ciclo (DEF e DEM) e a produtividade de sementes (NAP, MGA, MDP, MGP, PDS); no FA2 foram agrupadas APL, MPL, CPN e MST, características estas relacionadas com a produção de massa; no FA3 as características ALC e MVT.

Quatro fatores com autovalores > 1 foram retidos para o ambiente E2 e explicaram 85,50% da variância entre as características. Para E2, as características foram agrupadas em quatro fatores da seguinte forma: no FA1, foram agrupadas DEF e DEM, relacionadas ao ciclo, além de MGA e PDS relacionadas com a produtividade; no FA2, foram agrupadas MDP e MGP; em FA3, as características relacionadas com a produção de massa (APL, NAP, MPL, MVT); no FA4, foram agrupadas as características ALC, CPN, MST.

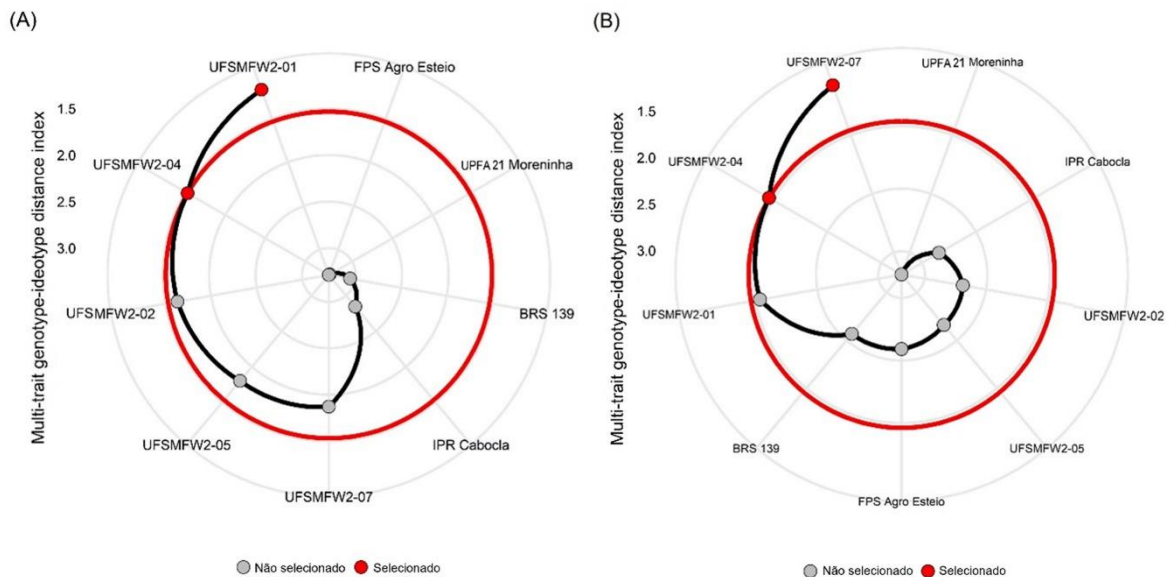
Tabela 3 – Autovalores, variância explicada, cargas fatoriais após a rotação virimax e comunalidades obtidas na análise fatorial para cada característica.

Característica	E1				E2				
	FA1	FA2	FA3	Comunalidade	FA1	FA2	FA3	FA4	Comunalidade
DEF (dias)	-0,94	0,03	-0,10	0,89	-0,88	0,01	0,27	0,21	0,89
DEM (dias)	-0,96	-0,12	0,07	0,94	-0,88	-0,04	-0,02	0,30	0,87
ALC (cm)	-0,33	-0,38	-0,08	0,89	-0,19	0,03	-0,13	0,90	0,86
ALP (cm)	0,09	0,93	-0,03	0,87	-0,51	0,13	-0,69	-0,30	0,84
NAP (n°)	-0,73	0,46	0,01	0,75	-0,17	0,59	0,72	-0,17	0,93
MGA (g)	-0,80	0,36	-0,27	0,84	-0,51	0,36	0,47	0,15	0,63
MPL (g)	-0,03	-0,86	0,10	0,75	-0,06	0,26	0,93	0,12	0,95
CPN (cm)	0,27	-0,78	-0,27	0,76	0,28	-0,57	0,22	0,70	0,94
MDP (g)	-0,71	-0,59	-0,18	0,88	-0,14	-0,89	-0,22	0,17	0,89
MGP (g)	-0,67	-0,55	-0,25	0,81	0,05	-0,92	0,03	-0,11	0,86
MVT (kg ha ⁻¹)	-0,01	-0,10	0,86	0,76	-0,27	-0,21	0,75	-0,29	0,76
MST (kg ha ⁻¹)	-0,23	-0,74	-0,53	0,87	-0,28	-0,01	0,05	0,82	0,76
PDS (kg ha ⁻¹)	-0,85	-0,44	-0,11	0,93	-0,97	0,01	-0,01	-0,05	0,94
Autovalores	5,81	3,63	1,50	-	3,90	3,13	2,42	1,67	-
Variância (%)	44,70	27,90	11,50	-	30,00	24,10	18,60	12,80	-
Variância Acumulada (%)	44,70	72,60	84,10	-	30,00	54,10	72,70	85,50	-

E1: Frederico Westphalen; E2: Pato Branco; FA: Análise de fatores; DEF: dias da emergência ao florescimento; DEM: dias da emergência à maturação; ALC: altura de corte; ALP: altura da planta; NAP: número de afilhos por planta; MGA: massa de grãos dos afilhos; MPL: massa da planta; CPN: comprimento da panícula; MDP: massa da panícula; MGP: massa de grãos da panícula; MVT: massa verde total; MST: massa seca total; PDS: produtividade de sementes.

Considerando uma pressão de seleção de 25%, foram selecionados os 2 primeiros genótipos de cada ambiente de acordo com o índice MGIDI (Figura 1). Em E1 os melhores genótipos foram UFSMFW 2-01 e UFSMFW 2-04. O genótipo UFSMFW 2-04 também foi selecionado em E2, somado ao UFSMFW 2-07. A seleção das linhagens indica que estas possuem potencial de originar novas cultivares, apresentando as características desejadas e se diferenciando das cultivares já existentes no mercado.

Figura 1 – Ranqueamento dos genótipos baseado no índice *Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index* (MGIDI) para Frederico Westphalen (E1) (A) e Pato Branco (E2) (B). A linha vermelha refere-se à intensidade de seleção de 25%, contabilizando a seleção de 2 genótipos.



Fonte: Autor.

O índice MGIDI forneceu o diferencial de seleção (DS) desejado para 11 das 13 características avaliadas no ambiente E1 e em 9 de 13 características no E2 (Tabela 4). Em E1, as duas características com DS indesejados foram CPN (-0,79%) e MVT (-3,71%), enquanto em E2 foram MGA (-5,26%), APL (0,24%), NPF (-2,85%) e MPL (-3,61). Altos valores de herdabilidade no sentido amplo (h^2) foram encontrados, os quais variaram de 0,55 (MGP) a 0,98 (DEM e MST), sugerindo boas perspectivas de ganhos de seleção para as características estudadas.

No geral, o índice MGIDI proporcionou ganhos satisfatórios, com boa efetividade ao selecionar os genótipos próximos do ideótipo em que se deseja porte baixo, precocidade e maiores valores de produtividade de massa seca e de sementes. Diferenciais de seleção negativos variaram de -2,27% a -6,65% para as características DEF e DEM, significando sucesso na utilização do índice de seleção uma vez que a redução de ciclo estava traçada no desenho do ideótipo. Para MDP e MGP, em que ganhos positivos foram desejados, encontrou-se variação de 5,45% a 9,04%. Segundo Meira et al. (2019), MDP e MGP apresentam alta herdabilidade, estão correlacionados e podem ser usadas para selecionar genótipos superiores. A MST é importante quando a aveia preta é cultivada para cobertura de solo. Para essa característica o índice forneceu ganhos positivos de 1,34% (E1) e 6,91% (E2).

Os ganhos genéticos mais expressivos foram encontrados para PDS, com SD de 17,7% e 14,80%, para E1 e E2, respectivamente. Os ganhos não tão expressivos para as características no geral, pode ser explicado pela seleção simultânea de várias características tender a reduzir o ganho genético por traço individualmente (ALMEIDA et al., 2021). No entanto, para as características em que os ganhos foram mais reduzidos, Zetouni et al. (2017) destacam que esta redução pode ser equilibrada pelos ganhos genéticos no conjunto de características.

Tabela 4 – Diferenciais de seleção (DS) e análise de fatores (FA) para as treze características estudadas nos ambientes Frederico Westphalen (E1) e Pato Branco (E2).

Ambiente	Característica	Fator	Objetivo	Xo	h ²	DS (%)	DS-SH (%)
E1	DEF (dias)	FA1	Diminuir	88,00	0,93	-3,54	2,47
E1	DEM (dias)	FA1	Diminuir	132,00	0,95	-2,74	0,73
E1	NAP (n°)	FA1	Aumentar	1,96	0,78	1,78	-0,23
E1	MGA (g)	FA1	Aumentar	0,28	0,78	7,89	2,52
E1	MDP (g)	FA1	Aumentar	0,98	0,75	5,64	-2,23
E1	MGP (g)	FA1	Aumentar	0,74	0,77	5,90	-16,05
E1	PDS (kg ha ⁻¹)	FA1	Aumentar	1.606,00	0,96	17,70	10,61
E1	APL (cm)	FA2	Diminuir	139,00	0,69	-0,66	4,58
E1	MPL (g)	FA2	Aumentar	3,18	0,89	3,27	2,33
E1	CPN (cm)	FA2	Aumentar	21,70	0,76	-0,79	-0,08
E1	MST (kg ha ⁻¹)	FA2	Aumentar	6.471,00	0,93	1,34	9,01
E1	ALC (cm)	FA3	Diminuir	121,00	0,82	-2,15	2,87
E1	MVT (kg ha ⁻¹)	FA3	Aumentar	33.722,00	0,71	-3,71	5,57
E2	DEF (dias)	FA1	Diminuir	69,50	0,95	-2,27	-2,27
E2	DEM (dias)	FA1	Diminuir	118,00	0,98	-6,65	-5,62
E2	MGA (g)	FA1	Aumentar	0,31	0,91	-5,26	-2,14
E2	PDS (kg ha ⁻¹)	FA1	Aumentar	2.315,00	0,97	14,80	0,23
E2	MDP (g)	FA2	Aumentar	0,95	0,67	9,04	-0,06
E2	MGP (g)	FA2	Aumentar	0,69	0,55	5,42	21,29
E2	APL (cm)	FA3	Diminuir	128,00	0,60	0,24	5,75
E2	NAP (n°)	FA3	Aumentar	2,02	0,67	-2,85	-0,09
E2	MPL (g)	FA3	Aumentar	3,21	0,91	-3,61	2,28
E2	MVT (kg ha ⁻¹)	FA3	Aumentar	38.244,00	0,89	3,86	0,02
E2	ALC (cm)	FA4	Diminuir	121,00	0,82	-1,24	5,31
E2	CPN (cm)	FA4	Aumentar	23,10	0,75	3,63	8,05
E2	MST (kg ha ⁻¹)	FA4	Aumentar	7.507,00	0,98	6,91	7,93
Total E1 (Acréscimo)						43,52	40,69
Total E1 (Decréscimo)						-13,59	-16,36
Total E2 (Acréscimo)						43,90	50,86
Total E2 (Decréscimo)						-21,88	-10,18

Genótipos Selecionados pelo índice SH: UFSMF 2-04 (E1); BRS 139 (E1); UFSMF 2-01 (E2); UFSMF 2-0-4 (E2); Xo: média original; h²: herdabilidade; DS(%): diferencial de seleção; DEF: dias da emergência ao florescimento; DEM: dias da emergência à maturação; ALC: altura de corte; ALP: altura da planta; NAP: número de afilhos por planta; MGA: massa de grãos dos afilhos; MPL: massa da planta; CPN: comprimento da panícula; MDP: massa da panícula; MGP: massa de grãos da panícula; MVT: massa verde total; MST: massa seca total; PDS: produtividade de sementes.

Ainda, o índice MGIDI proporcionou ganhos de aproximadamente 43,52% e 43,90% (E1 e E2 respectivamente) para seleção direta, simultaneamente para as características com ganhos positivos desejados e de aproximadamente -13,59% e -21,88% para as características com ganhos negativos desejados.

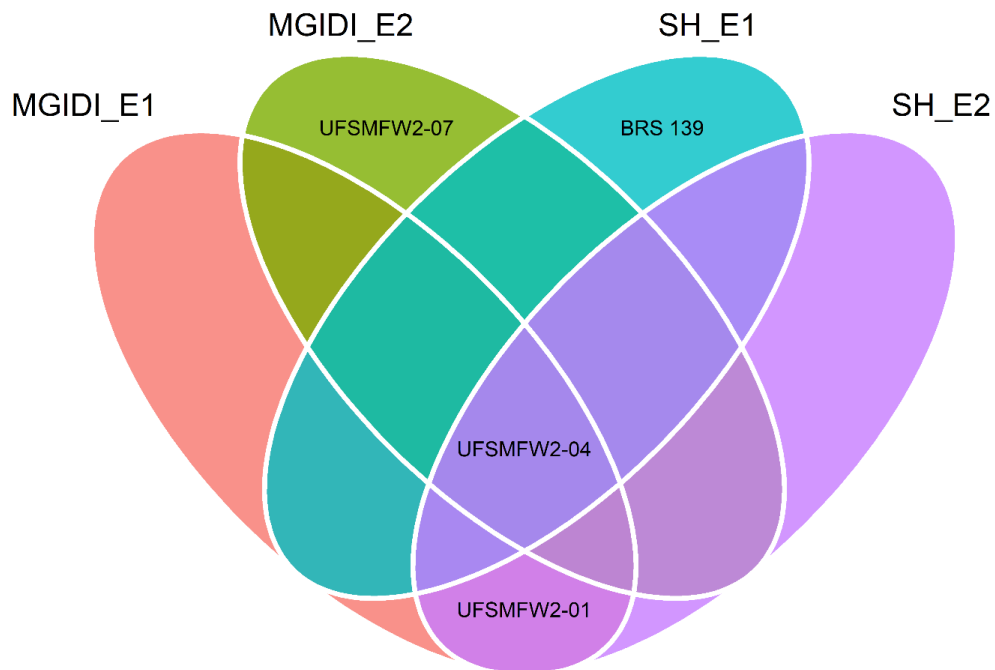
A avaliação simultânea de várias características correlacionadas frequentemente acarreta na presença de multicolinearidade nos dados. Geralmente, em casos como este, recomenda-se a exclusão dos traços que estão causando o problema até o número de condição ser menor que 100 ($NC < 100$) (OLIVOTO et al., 2017), a fim de evitar problemas nas análises. No entanto, todas as características avaliadas neste estudo são de importância econômica e assim, o índice clássico de Smith e Hazel (SH) foi calculado, a fim de comparação com o MGIDI, considerando todas as características avaliadas.

Nesse sentido, para o índice SH, os genótipos selecionados foram, em E1, UFSMFW 2-04 e BRS 139, enquanto em E2 foram UFSMFW 2-01 e UFSMFW 2-04 (Rodapé Tabela 4). O somatório dos diferenciais de seleção de SH demonstram bons ganhos positivos (40,49% para E1 e 50,86% para E2). Os totais decrescidos foram de -16,36% e 10,18%, para respectivamente E1 e E2. Os ganhos totais de SH foram próximos dos encontrados para o índice MGIDI, no entanto, analisando as características individualmente e comparando com o desenho do ideótipo, nota-se em E1 que para as características NAP, MGA, MGP, onde se deseja maiores valores, os ganhos foram negativos e para DEF, DEM e APL em que se deseja reduzir, o ganho foi positivo. Em E2, os ganhos foram mais equilibrados e apenas APL e CPN não apresentaram os ganhos indesejados.

Rocha et al. (2018) propôs recentemente o índice de seleção multivariada FAI-BLUP, também baseado na análise fatorial, destacando que a diferença para o índice clássico de Smith-Hazel é que os genótipos selecionados apresentam potencial de melhorar todos os traços simultaneamente, trazendo como vantagem ganhos genéticos mais balanceados para todas as características. Diversos estudos têm relatado a eficiência dos índices de seleção multivariados para seleção simultânea no melhoramento de plantas com para a cultura da soja (WOYANN et al., 2019; VOLPATO et al., 2019), para Guar (*Cymopsis tetragonoloba*) (BENAKANAHALLI et al., 2021), trigo (MEIER et al., 2021) e lima ácida Tahiti (PEIXOTO et al., 2021).

Os genótipos selecionados em cada índice, nos dois locais de estudo, podem ser visualizados na Figura 2. Os genótipos selecionados variaram entre os índices MGIDI e SH, além de entre os locais de estudo, com exceção do UFSMFW 2-04, comum entre locais e índices, o que demonstra o potencial deste genótipo frente as testemunhas e aos demais genótipos UFSMFW. O genótipo UFSMFW 2-01 foi selecionado pelo índice MGIDI em E1 e pelo índice SH em E2.

Figura 2 – Genótipos selecionados, comuns entre os locais Frederico Westphalen (E1) e Pato Branco (E2) e índices de seleção Smith-Hazel (SH) e *Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index* (MGIDI).



Fonte: Autor.

A Figura 3 mostra os pontos fortes e fracos dos genótipos estudados, de modo que a menor proporção do fator para explicar o MGIDI, significa que as características dentro deste fator estão próximas do ideótipo (mais próximo da borda externa) (OLIVOTO e NARDINO, 2021). Em E1, o genótipo UFSMFW 2-04, selecionado pelo MGIDI, apresenta pouca contribuição do FA3, o que indica bom desempenho do genótipo para as características ALC e MVT. Também é possível verificar pouca contribuição do FA1, indicando que o genótipo UFSMFW 2-04 apresenta características desejadas como precocidade (menores DEM e DEF) e boa produtividade de sementes (PDS), proporcionado pelos maiores valores encontrados para a maioria dos componentes de produtividade (NAP, MGA, MDP e MGP). Por outro lado, alta contribuição foi verificada para o FA2 e, portanto, pode-se observar que nesse local o genótipo

apresenta como pontos fracos o porte alto, o qual favorece ao acamamento, e uma menor produtividade de massa seca total (MST). Leite et al. (2012) estudando a cultura da aveia branca, relatam a preferência dos produtores por cultivares mais precoces, o que permite maior tranquilidade em inserir a espécie nos sistemas de cultivo atuais em que são utilizadas duas culturas por ano. Por outro lado, cultivares de ciclo mais curtos apresentam menos tempo para acumular massa seca total, o que pode resultar em menor produtividade.

Quando cultivado em E2, o genótipo UFSMFW 2-04 obteve pouca contribuição para os fatores FA2 e FA4, indicando que para este local os pontos fortes desse genótipo estão nas características relacionadas com a produtividade de massa seca. A maior contribuição do FA1 para esse genótipo indica que o ponto forte dele não está nos componentes de produtividade de sementes. No entanto, a seleção deste pode ser justificada pelo equilíbrio apresentado entre as características.

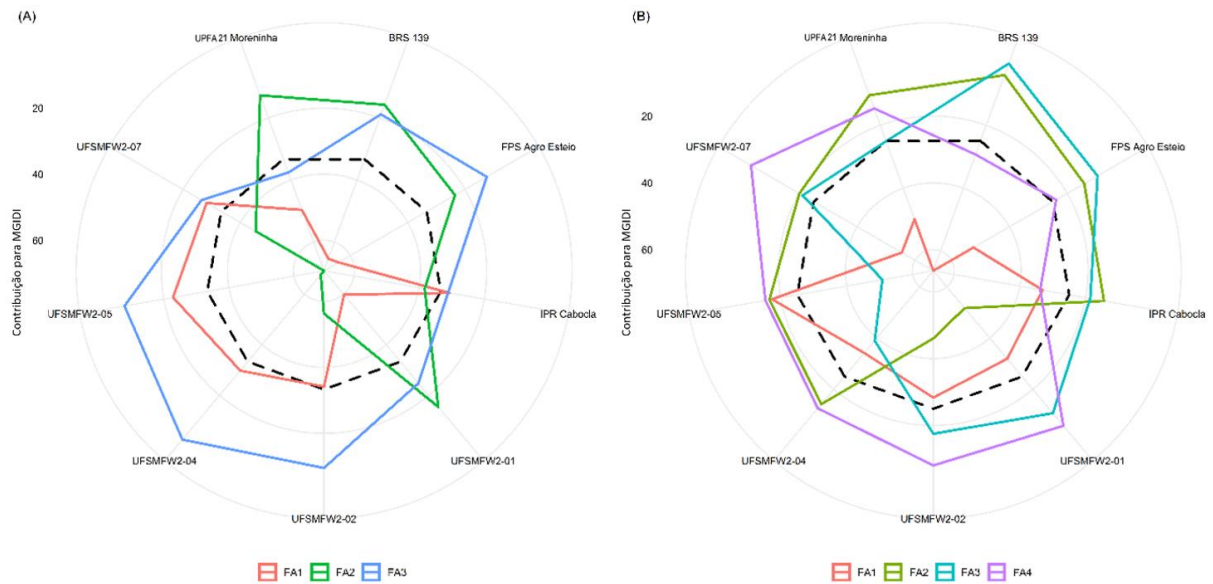
O genótipo UFSMFW 2-01, selecionado em E1, apresenta pouca contribuição dos fatores FA2 e FA3, tendo como pontos fortes a produtividade de massa seca e porte baixo que proporciona menor acamamento de plantas. A produção de sementes pode ser destacada como ponto fraco desse genótipo, visto a alta contribuição do FA1.

O genótipo UFSMFW 2-07, selecionado em E2, apresenta menor contribuição dos fatores FA2, FA3 e FA4. Para esse material, foi encontrada maior força do FA1, indicando que algumas características dentro desse fator estão mais distantes do ideótipo. Dessa forma, pode-se destacar que os genótipos UFSMFW 2-01 e UFSMFW 2-07 possuem como ponto forte a produtividade de massa e por isso, possuem boa aptidão para a cobertura de solo em sistema de plantio direto. Além da produção de grãos e de forragem para alimentação animal, o uso da aveia para cobertura verde/morta protege e melhora as características físicas, químicas e biológicas do solo (FLOSS et al., 2007).

Por fim, observando a contribuição dos fatores fornecidos pelo MGIDI para o genótipo BRS 139, no ambiente E1, nota-se que este apresenta como ponto apenas a produção de massa e como pontos fracos o ciclo maior e a baixa produção de grãos. Os pontos fortes e fracos permitem visualizar que a seleção desse genótipo pelo índice SH pode ser equivocada, por este apresentar menos características próximas do ideótipo planejado para o MGIDI.

Ao utilizar o MGIDI para selecionar genótipos de Guar, Benakanahalli et al. (2021) enfatizam que para identificar genótipos superiores dentro de ambientes, o índice fornece uma nova estrutura de técnicas multivariadas e estas irão otimizar o uso de recursos, bem como de tempo, contribuindo assim para a sustentabilidade dos programas de melhoramento.

Figura 3 – Visualização dos pontos fortes e fracos de todos os genótipos estudados para os ambientes Frederico Westphalen (E1) (A) e Pato Branco (E2) (B). A linha tracejada indica um valor teórico onde todos os fatores contribuiriam igualmente.



Fonte: Autor.

4.5 CONCLUSÃO

O MGIDI foi eficiente em selecionar os melhores genótipos de aveia preta, apresentando ganhos de seleção desejáveis para a maioria das características.

O genótipo UFSMFW 2-04 foi selecionado por ambos os índices, nos dois locais de cultivo. Os pontos fortes e fracos obtido pelo MGIDI permitiu observar que esse genótipo apresenta maior potencial de produtividade de sementes quando cultivado em Frederico Westphalen e maior potencial de produtividade de massa seca cultivado em Pato Branco. Os genótipos UFSMFW 2-01 e UFSMFW 2-07 apresentam como pontos fortes as características relacionadas com a produtividade de massa seca.

4.6 AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa de estudo.

4.7 REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, G. Q. de.; ROCHA, J. R. A. S. de.; PESSOA, H. P.; ALVES, F. M.; CHAVES, L. J. Selection of *Hancornia speciosa* germplasm accessions based on the FAI-BLUP index. **Pesquisa Agropecuaria Tropical**, v. 51, e67226, 8 p., 2021.
- ALVARES, A.C.; STAPE, J.; SENTELHAS, P.; GONÇALVES, J.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, p. 711–728, 2013.
- BENAKANAHALLI, N. K.; SRIDHARA, S.; RAMESH, N.; OLIVOTO, T.; SREEKANTAPPA, G.; TAMAM, N.; ABDELBACKI, A. M. M.; ELANSARY, H. O.; ABDELMOHSEN, A. M. A Framework for Identification of Stable Genotypes Based on MTSI and MGDII Indexes: An Example in Guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.). **Agronomy**, 11, 20 p., 2021.
- BRADSHAW, J. E. Plant breeding: past, present and future. **Euphytica**, v. 213, n. 3, p. 60, 2017.
- COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA. Informações técnicas para a cultura da aveia. Passo Fundo: Fundação ABC/Universidade de Passo Fundo, 136 p., 2014.
- Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB. Acompanhamento da Safra Brasileira. Boletim de Safra de Grãos da Safra de Inverno de 2021. 2021. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: Agosto de 2021.
- FEDERIZZI, L. C.; ALMEIDA, J. L. de.; MORI, C. D.; LÂNGARO, N. C.; PACHECO, M. T. Importância da cultura da aveia. In: Indicações técnicas para a cultura da aveia. Ed. Universidade de Passo Fundo. p.13-23, 2014.
- FLOSS, E. L.; PALHANO, A. L.; FILHO, C. V. S.; PREMAZZI, L. M. Crescimento, produtividade, caracterização e composição química da aveia Branca. **Acta Scientiarum Animal Science**, Maringá, v. 29, n. 1, p. 1-7, 2007.
- HAZEL, L. N. The Genetic Basis for Constructing Selection Indexes. **Genetics**, 28, 476 - 490, 1943.
- HAZEL, L.N.; DICKERSON, G. E; FREEMAN A. E. The selection index - Then, now, and for the future. **Journal of Dairy Science**, 77, 3236–3251, 1994.
- KAISER, H. F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v. 23, p. 187–200, (1958).
- LEITE, J. G. D. B.; FEDERIZZI, L. C.; BERGAMASCHI, H. Mudanças climáticas e seus possíveis impactos aos sistemas agrícolas no Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 7, n. 2, p. 337-343, 2012.
- LIMA, G. W.; SILVA, C. M. e; MEZZOMO, H. C.; CASAGRANDE, C. R.; OLIVOTO, T.; BORÉM, A.; NARDINO, M. Genetic diversity in tropical wheat germplasm and selection via multi-trait index. **Agronomy Journal**, 2022.

- MEIER, C.; MARCHIORO, V. S.; MEIRA, D.; OLIVOTO, T.; KLEIN, L. A. Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 51, e67996, 2021.
- MEIRA, D.; MEIER, C.; OLIVOTO, T.; NARDINO, M.; RIGATTI, A.; KLEIN, L. A.; CARON, B.; MARCHIORO, V. S.; SOUZA, V. Q. de. Phenotypic variance of black oat growing in crop seasons reveals genetic effects predominance. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 91, n. 3, 9 p., 2019.
- NETO, J. C.; BERTINI, C. H. C. de M.; SILVA, A. P. da. Divergência genética entre genótipos de algodoeiro de fibras brancas e coloridas. *Agrária – Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 10, n. 4, p. 492-498, 2015.
- NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.
- OLIVOTO, T.; SOUZA, V.; NARDINO, M.; CARVALHO, I.R.; FERRARI, M.; PELEGRIN, A.J; SZARESKI, V.; SCHMIDT, D. Multicollinearity in path analysis: A simple method to reduce its effects. **Agronomy Journal**, v. 109, n. 1, p. 131–142, 2017.
- OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. metan: na R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 6, p. 783-789, 2020.
- OLIVOTO, T.; NARDINO, M. MGIDI: towards an effective multivariate selection in biological experiments. **Bioinformatics**, 2020.
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 14 ed. Piracicaba: Degaspari, 2000. 477p.
- PEIXOTO, M. A.; MALIKOUSKI, R. G.; EVANGELISTA, J. S. P. C.; ALVES, R. S.; MORAIS, A. L. de.; BARBOSA, D. H. S. G.; ZUCOLOTO, M.; BHERING, L. L. Multitrait and multiharvest analyses for genetic assessment and selection of Tahiti acid lime genotypes through Bayesian inference. *Scientia Horticulturae*, v. 290, e110536, 2021.
- POUR-ABOUGHADAREH, A.; SANJANI, S.; NIKKHAH-CHAMANABAD, H.; MEHRVAR, M. R.; ASADI, A.; AMINI, A. Identification of salt-tolerant barley genotypes using multiple-traits index and yield performance at the early growth and maturity stages. **Bulletin of the National Research Centre**, v. 45, n. 117, p. 2-16, 2021.
- PURNIER, J. G.; COLYN, M.; LEGENDRE, X.; NIMON, K. F.; FLAMAND, M. C. Multicollinearity in spatial genetics: separating the wheat from the chaff using commonality analyses. **Molecular Ecology**, 24, p. 263 – 283, 2015.
- R CORE TEAM (2020). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. Avaliado in: <<https://www.R-project.org>> (Acessado em outubro de 2021).
- RESTLE, J.; FATURI, C.; PASCOAL, L. L.; ROSA, J. R. P.; BRONDANI, I. L.; ALVES FILHO, D. C. Processamento do grão de aveia para alimentação de vacas de descarte terminadas em confinamento. **Ciência Animal Brasileira**, v. 10, n. 2, p. 496-503, 2009.

ROCHA, J. R. do A. S. de C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GBC Bioenergy**, v. 10, p. 52-60, 2018.

SILVEIRA, G. da.; MOLITERNO, E.; RIBEIRO, G.; CARVALHO, F. I. F. C.; OLIVEIRA, A. C. de.; NORMBERG, R.; BARETTA, D.; MEZZALIRA, I. Variabilidade genética para características agronômicas superiores em cruzamentos biparentais de aveia preta. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, p. 823-832, 2010.

SHARIFI, P.; AMINPANAH, H.; ERFANI, R.; MOHADDESI, A.; ABBASIAN, A. Evaluation of genotype× environment interaction in rice based on AMMI model in Iran. **Rice Science**, v. 24, n. 3, p. 173-180, 2017.

SMITH, H. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, 7, 240-250, 1936.

STEPHENS, M.J.; ALSPACH, P.A.; BEATSON, R.A.; WINEFIELD, C.; BUCK, E.J. Genetic parameters and development of a selection index for breeding red raspberries for processing. **Journal of the American Society of Horticultural Science**, 137, 236–242.

TEIXEIRA, D. H. L.; OLIVEIRA, M. S. P.; GONÇALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R. Índices de seleção no aprimoramento simultâneo dos componentes da produção de frutos em açaizeiro. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 47, n. 2, p. 237-243, 2012.

VOLPATO, L.; ROCHA, J. R. A. S. de C.; ALVES, R. S.; LUDKE, W. H.; BORÉM, A.; SILVA, F. A. da. Inference of population effect and progeny selection via a multi-trait index in soybean breeding. **Acta Scientiarum**, v. 43, e44623, 2019.

WOYANN, L. G.; MEIRA, D.; MATEI, G.; ZDZIARSKI, A. D.; DALLACORTE, L. V.; MADELLA, L. A.; BENIN, G. Selection indexes based on linear-bilinear models applied to soybean breeding. **Agronomy Journal**, p. 1-8, 2020.

YUE, H.; WEI, J.; XIE, J.; CHEN, S.; PENG, H.; CAO, H.; BU, J.; JIANG, X. A Study on Genotype-by-Environment Interaction Analysis for Agronomic Traits of Maize Genotypes Across Huang-Huai-Hai Region in China. **Phyton**, v. 91, n. 1, p. 57–81, 2022.

ZETOUNI, L.; HENRYON, M.; KARGO, M.; LASSEN, J. Direct multitrait selection realizes the highest genetic response for ratio traits. **Journal of Animal Science**, v. 95, n. 5, p. 1921-1925, 2017.

5 CAPÍTULO III – ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE AVEIA PRETA UTILIZANDO ANÁLISE GGE BIPLLOT

RESUMO

O desenvolvimento de novas cultivares possui entre suas etapas, a testagem da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos para maior assertividade na seleção e recomendação. Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi identificar os genótipos mais adaptados e estáveis para massa seca e produtividade de sementes utilizando a técnica GGE Biplot. O experimento foi conduzido na Universidade Federal de Santa Maria, campus de Frederico Westphalen/RS. Foram utilizadas 5 linhagens homozigotas de aveia preta e 2 cultivares brasileiras comerciais. O experimento foi conduzido nos anos de 2018, 2019, 2020 e 2021, sendo nas avaliações cada ano considerado como um ambiente. Para condução dos experimentos, foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições. As características avaliadas foram produtividade de massa seca total (kg ha^{-1}) e produtividade de sementes (PDS, kg ha^{-1}). O estudo da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e o comportamento dos ambientes foram realizados utilizando GGE Biplot. Verificada a presença de interação entre genótipos e ambientes, foi realizada a decomposição da interação em partes simples e complexas, que revelou a presença de interação complexa entre alguns pares de ambientes. A análise GGE Biplot revelou que os genótipos mais produtivos para MST foram UFSMFW 2-07 e UPFA 21 - Moreninha, porém foram instáveis entre os ambientes. O genótipo UFSMFW 2-07 também foi o mais produtivo para PDS, porém instável. Os ambientes E1, E3 e E4 são representativos, enquanto o ambiente E2 apresentou médias superiores, podendo ser usado para a discriminação de genótipos. O genótipo UFSMFW 2-07 se mostrou adaptado a ambientes específicos.

Palavras-Chave: *Avena strigosa*. Interação genótipo e ambiente. Seleção. Produtividade.

ADAPTABILITY AND STABILITY OF BLACK OATS GENOTYPES USING GGE BILOT ANALYSIS

5.1 ABSTRACT

The development of new cultivars has, among its stages, the test of adaptability and stability of genotypes for greater assertiveness in selection and recommendation. In this sense, the objective of this work was to identify the most adapted and stable genotypes for dry mass and seed yield using the GGE Biplot technique. The experiment was conducted at the Federal University of Santa Maria, campus Frederico Westphalen/RS. Five homozygous black oat lines and two Brazilian commercial cultivars were used. The experiment was conducted in the years 2018, 2019, 2020 and 2021, with each year considered as an environment in the evaluations. To conduct the experiments, a randomized block design was used, with three replications. The characteristics evaluated were total dry mass yield (kg ha⁻¹) and seed yield (PDS, kg ha⁻¹). The study of the adaptability and stability of the genotypes and the behavior of the environments were carried out using GGE Biplot. Once the presence of interaction between genotypes and environments was verified, the interaction was decomposed into simple and complex parts, which revealed the presence of complex interaction between some pairs of environments. GGE Biplot analysis revealed that the most productive genotypes for MST were UFSMFW 2-07 and UPFA 21 - Moreninha, but were unstable between environments. The UFSMFW 2-07 genotype was also the most productive for PDS, but unstable. Environments E1, E3 and E4 are representative, while environment E2 presented higher averages, which can be used for genotype discrimination. The UFSMFW 2-07 genotype was adapted to specific environments.

Key words: *Avena strigose*. Genotype by environment interaction. Selection. Yield.

5.2 INTRODUÇÃO

A Região Sul do Brasil é caracterizada por ser uma grande produtora de cereais de estação fria. Dentre as opções disponíveis aos produtores, a aveia preta tem sido preferida pelos produtores nos últimos anos. Dentre os fatores que impulsionam o seu cultivo, destacam-se a excelente cobertura do solo gerada por sua alta produção de biomassa, podendo ser utilizada para produção de forragem (LEITE et al., 2012), associada a maior rusticidade encontrada entre espécies de inverno. As vantagens do cultivo da aveia preta se reforçam com a possibilidade de ao final do ciclo se realizar a colheita das sementes, as quais são utilizadas na alimentação animal.

Diante da crescente importância da aveia preta no mercado, o processo de desenvolvimento de novas cultivares têm ganhado espaço. São buscados genótipos que apresentem características como precocidade e elevada produtividade de massa seca e de sementes.

O cultivo eficiente, seja de uma espécie ou de uma cultivar específica, em uma região agroclimática, depende de sua adaptabilidade e da estabilidade do rendimento (FAYEUN; ALAKE; AKINLOLU, 2016). A avaliação da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos deve ser feita pela possibilidade da presença de interação genótipo-ambiente (GEI). A GEI é responsável pelas variações no desempenho de genótipos em diferentes ambientes de cultivo e é um grande desafio para seleção e recomendação de cultivares (BRANQUINHO et al., 2014).

As informações sobre o genótipo e a interação deste com o ambiente é muito importante para estimar o desempenho das variedades quando cultivadas em ambientes diferentes. Testes do genótipo em vários ambientes ajudarão a identificar cultivares com ampla adaptação e adaptações específicas (KARTIKA NOERWIJATI et al., 2014). Ainda, a avaliação de genótipos em ambientes específicos permite a seleção e recomendação de genótipos que exploram seu potencial máximo de rendimento (YAN, 2016).

Diferentes métodos foram desenvolvidos para estudar o efeito da GEI na seleção de genótipos superiores em ensaios multi-ambiente (MET) (EBERHART; RUSSEL, 1966; KANG et al., 1987; CROSSA, 1990; GAUCH, 1992; YAN, 2001). Entre esses métodos, o Efeito Principal do Genótipo mais interação do Genótipo com o Ambiente (GGE) biplot (GABRIEL, 1971; YAN et al., 2000) têm ganhado popularidade na avaliação de ensaios MET por fornecer imagens gráficas e uma visão geral eficaz dos resultados (YAN, 2015). Esta metodologia usa um biplot para mostrar os dois fatores (G mais GE), importantes na avaliação de cultivares.

Desde a introdução do GGE biplot, estudos já foram realizados aplicando esta técnica com diversas culturas, entre elas algodão (BAXEVANOS et al., 2008), trigo (SILVA et al., 2015), cevada (KENDAL, 2016), soja (BHARTIA et al., 2017; SOUZA et al., 2021) e batata doce (KARUNIAWAN et al., 2021). Os objetivos dos pesquisadores em geral vão desde a identificação e seleção genótipos superiores, mais adaptados e estáveis, até a identificação de mega-ambientes e ambientes mais representativos e discriminativos.

Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi identificar os genótipos mais estáveis e promissores para produtividade de massa seca e produtividade de sementes ao longo de quatro anos de cultivo, utilizando a técnica GGE biplot.

5.3 MATERIAIS E MÉTODOS

O experimento foi conduzido nos anos de 2018, 2019, 2020 e 2021, na Universidade Federal de Santa Maria, Campus de Frederico Westphalen/RS (27° 23'26" S, 53°25'43" W, 461,3 metros de altitude). O clima, de acordo com Köppen, é classificado como Cfa, ou seja, subtropical úmido, com precipitação média anual de 2.100 mm (ALVARES et al., 2013) e o solo é classificado como Latossolo Vermelho Distrófico Típico.

Foram utilizadas 5 linhagens homozigotas de aveia preta, denominadas de UFSMFW 2-01, UFSMFW 2-02, UFSMFW 2-04, UFSMFW 2-05 e UFSMFW 2-07, juntamente com 2 cultivares brasileiras comerciais, sendo elas UPFA 21 - Moreninha e IPR Cabocla. Para condução dos experimentos, foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições.

Cada unidade experimental foi composta por 6 linhas de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,17 metros, com densidade de semeadura de 300 sementes aptas por m². A semeadura nos quatro anos de cultivo foi realizada no final do mês de maio. A adubação utilizada teve como base a análise de solo e os tratos culturais realizados foram visando o controle de plantas daninhas, pragas e doenças sempre que necessário, seguindo as indicações técnicas para a cultura da aveia preta (COMISSÃO, 2014).

As características analisadas foram massa seca total (MST, kg ha⁻¹), aferida após o corte realizado em 1 m², no florescimento pleno, quando 50% das plantas da parcela emitiram a inflorescência, seguido de secagem em estufa até atingir massa constante. Após a maturação fisiológica, realizou-se a colheita e foi avaliada a produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹), aferida através da colheita das sementes da parcela.

Os dados meteorológicos, referente a precipitação total quinzenal, dos meses de maio, junho, julho, agosto, setembro e outubro, dos quatro anos de cultivo (2018, 2019, 2020 e 2021), quando se realizou a condução do experimento, foram coletados da estação automática de Frederico Westphalen/RS (A854) e apresentados em gráficos.

Buscando identificar a presença de interação entre os genótipos e os ambientes para as características estudadas, a partir do delineamento experimental utilizado foi realizada a análise de variância (ANOVA) conjunta e o teste F ($p < 0,05$), utilizando o modelo estatístico abaixo, considerando dados balanceados.

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

onde Y_{ijk} é a observação obtida na parcela com i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco, μ a média geral do ensaio, G_i o efeito do i -ésimo genótipo considerado fixo, A_j o efeito do j -ésimo ambiente considerado fixo, GA_{ij} o efeito da interação do i -ésimo genótipo com o j -ésimo ambiente, B/A_{jk} efeito do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente, considerado aleatório e ε_{ijk} o efeito do erro aleatório. Após identificada diferença significativa pela ANOVA, procedeu-se o teste de agrupamento de médias de Scott e Knott (1974).

A decomposição do quadrado médio da interação GEI em partes simples e complexa foi realizada utilizando a metodologia de Cruz e Castoldi (1991). O agrupamento dos ambientes similares foi realizado com base na Distância Euclidiana média e o agrupamento utilizado foi o *Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average* (UPGMA).

Verificada a presença da interação entre genótipos e ambientes, avançou-se para a análise GGE para identificar os genótipos ideais, mais adaptados e estáveis, além de identificar o desempenho dos genótipos em cada ambiente e selecionar o melhor ambiente para cada genótipo. A análise GGE foi procedida seguindo o seguinte modelo estatístico:

$$\phi_{ij} = \hat{Y}_{ij} - \mu - \beta_j = \sum_{k=1}^p \xi_{ik}^* \eta_{jk}^*$$

onde ϕ_{ij} é o efeito de interação entre genótipo i e o ambiente j ; \hat{Y}_{ij} é o rendimento médio do genótipo i no ambiente j ; μ é a média geral; β_j é o efeito principal do ambiente j ; $\xi_{ik}^* = \lambda_k^\alpha \xi_{ik}$; $\eta_{jk}^* = \lambda_k^{\alpha-1} \eta_{jk}$ sendo λ_k o k -ésimo autovalor da *Singular Value Decomposition* (SVD) ($k = 1, \dots, p$), com $p \leq \min(e, g)$; α é o fator de partição do valor singular para o Componente Principal (PC) k (YAN, 2002). ξ_{ik}^* e η_{jk}^* são os escores do PC k para o genótipo i e ambiente j , respectivamente.

Nas figuras geradas, a notação *Transform* = 0 indica que os dados não foram transformados. *Scaling* = 1 (SD), os valores são divididos pelo desvio padrão de cada ambiente, conferindo a cada ambiente importância similar. A notação *Centering* refere-se ao modelo

utilizado, em que *Centering* = 2 contém o efeito de GGE (genótipo + interação genótipo × ambiente). O *Singular Value Partitioning* (SVP) = 1, com foco no desempenho genotípico, foi utilizado para a análise dos genótipos ideais, e o SVP = 2, com foco no ambiente, foi utilizado para as demais inferências testadas (YAN et al., 2000).

A manipulação dos dados, análise de variância e análise GGE biplot foram realizados no software R, versão 4.0.2 (R Core Team, 2020), utilizando o pacote “metan” (OLIVOTO e LÚCIO, 2020).

5.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.4.1 Análise de variância conjunta

A análise de variância conjunta revelou significância para os efeitos de ambiente, genótipos e da interação entre genótipos e ambientes (GEI) (Tabela 1) para as características MST e PDS. Esse resultado demonstra que há uma variação na resposta dos genótipos testados durante os 4 anos de cultivo. A presença de GEI possibilitou a aplicação da análise GGE e sugere a possibilidade da existência de mega-ambientes com diferentes genótipos vencedores (YAN; KANG, 2003).

Tabela 1 – Resumo da análise de variância conjunta para as características massa seca total (MST, kg ha⁻¹) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹) de 7 genótipos de aveia preta conduzidos em Frederico Westphalen/RS, nos anos de 2018, 2019, 2020 e 2021.

Fontes de variação	Análise de Variância Conjunta			
	GL ¹	QM ²		PDS
		MST		
Bloco/Ambientes	8	463.500,44		9.031,89
Ambientes	3	55.801.139,70*		8.425.655,81*
Genótipos	6	2.860.729,81*		1.604.300,16*
Genótipos x Ambientes	18	752.977,32*		391.446,61*
Erro	48	280.534,21		21.046,00
Total	83			
Média (kg ha ⁻¹)		7.333,07		2.283,16
CV (%)		7,22		6,35
S [‡] (%)		49,05		66,59
C (%)		50,95		33,41
Ambientes	CV (%)	Média (kg ha ⁻¹)	CV (%)	Média (kg ha ⁻¹)
E1	7,83	7.823,11	7,40	2.917,01
E2	7,38	9.368,02	4,70	2.739,34
E3	2,94	6.520,22	6,91	1.721,50
E4	8,56	5.621,00	4,70	1.755,12

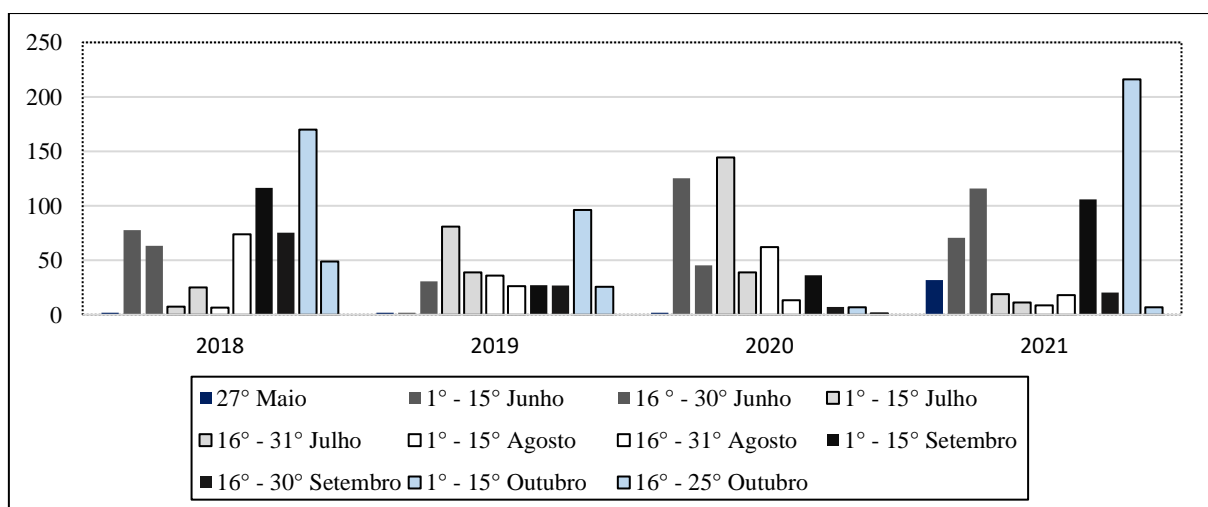
¹GL: graus de liberdade ²QM: quadrados Médios; [‡]Componentes Simples (S) e complexo (C) da GEI; * Significativo a 5% de probabilidade de erro.

5.4.2 Interação genótipos x ambientes

O sucesso de uma nova cultivar no mercado depende do seu desempenho agrônomo e da interação com o ambiente de cultivo (NORNBERG et al., 2014). A ocorrência da interação entre genótipos e ambientes dificulta a seleção e recomendação de cultivares (SILVA et al., 2011). Neste sentido, é necessário realizar avaliações mais precisas, a fim de identificar genótipos mais adaptados (SILVA et al., 2015).

A flutuação da resposta dos genótipos para os anos de cultivo pode ser observada de forma geral na Figura 2 e na Tabela 2. O ano de 2019 (E2) foi o mais favorável para a produtividade de massa seca total (MST), apresentando as maiores médias, que foram superiores à média geral do ensaio. Já os anos de 2020 (E3) e 2021 (E4) foram menos favoráveis para a característica MST, pois apresentaram médias inferiores à média geral. O baixo volume de precipitação acumulada para o período compreendendo a segunda quinzena de agosto até a segunda quinzena de outubro acabou prejudicando assim o acúmulo de massa seca (Figura 1). Já E4 foi marcado por um período seco, seguido de outro muito chuvoso, condições extremas que prejudicaram o desenvolvimento dos genótipos. A fenologia das plantas é influenciada pelo clima e fortemente governada pela disponibilidade de água e temperatura do ar (OTEROS et al., 2015), em que quando estes fatores fogem do ótimo para a planta, podem ocasionar diferentes respostas fisiológicas, podendo alterar o ranqueamento dos genótipos vencedores.

Figura 1 – Precipitação quinzenal acumulada, compreendendo os meses de maio a outubro, dos anos de 2018, 2019, 2020 e 2021 no município de Frederico Westphalen/RS.



Fonte: Autor.

No geral os genótipos UFSMFW apresentaram bom potencial para produtividade de MST comparado com as cultivares testemunhas. O genótipo UFSMFW 2-07 teve destaque apresentando médias elevadas para MST em E2 (10.466,67 kg ha⁻¹), E3 (7.082,93 kg ha⁻¹) e E4 (5.968,47 kg ha⁻¹), sendo superior que a cultivar IPR Cabocla nos quatro anos testados e que a cultivar UPFA 21 - Moreninha em E2 e E3 (Tabela 2). Já os genótipos UFSMFW 2-01, UFSMFW 2-02 e UFSMFW 2-05 se destacaram quando cultivados em E1, E3 e E4, neste último sendo superior estatisticamente que a cultivar UPFA 21 - Moreninha, a qual foi desenvolvida para apresentar elevada produtividade de massa seca.

As maiores produtividades de sementes foram obtidas no ano de 2018 (E1) e 2019 (E2), superiores à média geral do ensaio para esta característica. O mesmo comportamento da característica MST se observou para PDS, sendo E3 e E4 os anos menos favoráveis para maiores produtividades. O período de escassez hídrica em E3 e E4 prejudicou o período reprodutivo e a maturação fisiológica, diminuindo a produtividade de sementes. Em E4 houve ainda o agravante do excesso de chuvas próximo da colheita diminuindo a massa das sementes e consequentemente ocasionando perdas na produtividade.

No entanto, em E1, E2 e E3 ficou evidente o potencial de todos os genótipos UFSMFW para PDS, onde estes, na maioria, foram superiores que as testemunhas. Em E1, as médias dos genótipos UFSMFW não diferiram estatisticamente entre si. O genótipo UFSMFW 2-07 se destacou estando entre os mais produtivos nos 4 anos de cultivo e apresentou a maior produtividade em E2, com 4.152,10 kg ha⁻¹, além de ser o único a ultrapassar a marca de 2.000 kg ha⁻¹ em E3. Já o ambiente E4 se caracterizou como o menos favorável para PDS, com as médias produtivas mais baixas, sendo que não houve diferença estatística entre os genótipos avaliados.

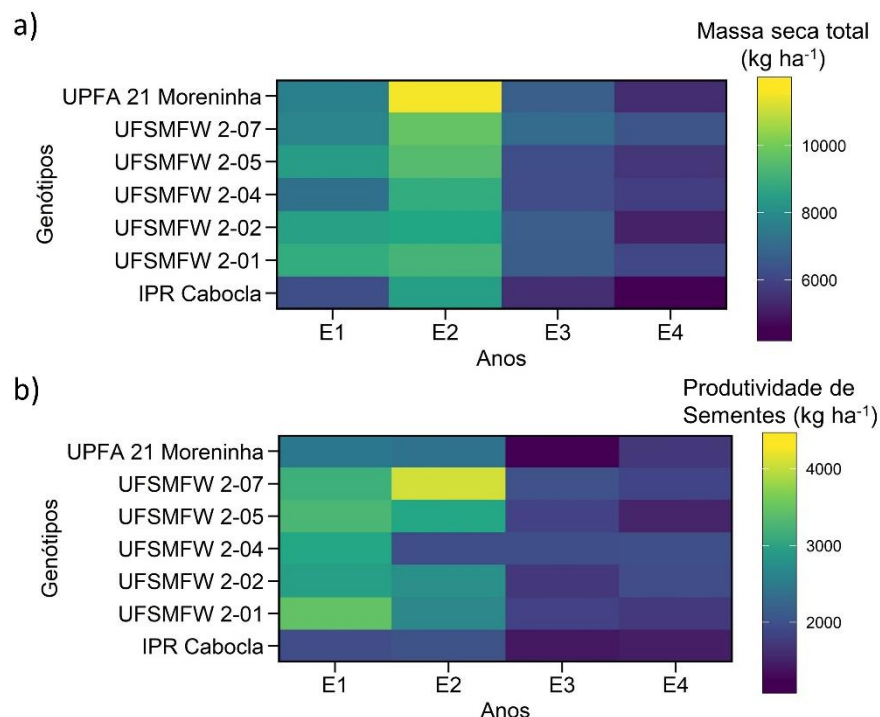
Em estudos com a cultura da aveia branca, pesquisadores já vêm observando efeitos pronunciados da GEI, como no caso de Carvalho et al. (1982) que concluiu que o ano de cultivo é o fator de maior contribuição para a instabilidade de produção. Benin et al. (2005) enfatiza que o desempenho da produtividade da aveia branca é altamente influenciado pelo ambiente, o que resulta em produções instáveis ao longo dos anos. Neste estudo, como cada ano de cultivo foi considerado um ambiente, as técnicas da avaliação da GEI permitiram a identificação dos genótipos mais adaptados e estáveis para a cidade de Frederico Westphalen/RS. A recomendação destes genótipos para outros locais, para maior assertividade, demanda da condução de ensaios nestes locais.

Tabela 2 – Médias das características massa seca total (MST, kg ha⁻¹) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹) para 7 genótipos de aveia preta cultivados nos anos de 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4).

	E1		E2		E3		E4	
Genótipos	Massa seca total (kg ha⁻¹)							
UFSMFW 2-01	8.440,80	Aa ¹	9.040,00	Ab	6.700,27	Ba	5.774,58	Ca
UFSMFW 2-02	8.094,67	Ba	8.933,33	Ab	6.530,53	Ca	5.830,97	Ca
UFSMFW 2-04	7.516,93	Bb	9.013,33	Ab	6.430,40	Ca	6.074,72	Ca
UFSMFW 2-05	7.962,27	Ba	9.440,00	Ab	6.544,00	Ca	5.585,55	Da
UFSMFW 2-07	7.622,93	Bb	10.466,67	Aa	7.082,93	Ba	5.968,47	Ca
UPFA 21 - Moreninha	8.000,67	Ba	10.933,33	Aa	6.746,13	Ca	5.305,14	Db
IPR Cabocla	7.125,87	Ab	7.746,67	Ac	5.606,40	Bb	4.808,33	Bb
Genótipos	Produtividade de sementes (kg ha⁻¹)							
UFSMFW 2-01	3.483,13	Aa	2.748,27	Bc	1.949,03	Ca	1.810,00	Ca
UFSMFW 2-02	2.999,85	Aa	2.725,90	Ac	1.579,72	Bb	1.863,50	Ba
UFSMFW 2-04	2.883,70	Aa	1.939,23	Bd	1.850,97	Ba	1.970,33	Ba
UFSMFW 2-05	3.202,47	Aa	3.234,43	Ab	1.886,66	Ba	1.580,00	Ba
UFSMFW 2-07	3.243,13	Ba	4.152,10	Aa	2.074,72	Ca	1.923,67	Ca
UPFA 21 - Moreninha	2.498,60	Ab	2.257,17	Ad	1.370,97	Bb	1.636,83	Ba
IPR Cabocla	2.108,77	Ab	2.114,70	Ad	1.337,50	Bb	1.503,33	Ba

¹Médias seguidas pela mesma letra maiúscula nas linhas e minúscula nas colunas não diferem entre si segundo teste de agrupamento de médias de Scott e Knott, considerando 5% de probabilidade de erro.

Figura 2 – Visão geral da GEI para as características massa seca total (MST, kg ha⁻¹) (a) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹) (b) de 7 genótipos de aveia preta cultivados nos anos de 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4).



Fonte: Autor.

5.4.3 Partes simples e complexas da GEI

O fracionamento da GEI revelou predominância para interação do tipo complexa para a variável MST, havendo inconsistência dos genótipos com a variação ambiental, e do tipo simples para PDS (Tabela 1). Cruz et al. (2012) classificaram a GEI em partes simples e complexas, sendo a parte simples representada pela resposta diferencial dos genótipos às variações do ambiente sem ocorrer alterações no ranking dos genótipos e a parte complexa quando ocorre alteração no ranking dos genótipos. Assim, quando da presença de interação complexa, um genótipo vencedor em um ambiente pode apresentar desempenho ruim em outro.

Valores superiores a 50% de interação do tipo complexa dificultam a discriminação e seleção de genótipos em análises multi-ambientes (SOUSA et al., 2015). Também indicam a presença de genótipos adaptados a ambientes específicos (COSTA et al., 2015). No mesmo sentido, Santos et al. (2016) indicam que havendo a presença de interação complexa, a simples análise da GEI não fornece informações suficientes sobre o desempenho dos genótipos estudados, necessitando de análises de adaptabilidade e estabilidade. Os valores em porcentagem da parte complexa podem ser observados entre todos os pares de ambientes na Tabela 3, juntamente com a correlação entre os ambientes.

Tabela 3 – Pares de ambientes, correlação entre ambientes e porcentagem da parte complexa resultante da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambiente, segundo metodologia de Cruz e Castoldi (1991), para as características produtividade de massa seca total (MST, kg ha⁻¹) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹) em aveia preta.

Pares de ambientes	MST		PDS	
	Correlação	Parte complexa da interação (%)	Correlação	Parte complexa da interação (%)
E1 e E2	0,36	48,13	0,61	47,41
E1 e E3	0,60	63,09	0,88	16,90
E1 e E4	0,39	77,86	0,56	30,84
E2 e E3	0,84	12,04	0,66	23,20
E2 e E4	0,32	51,12	0,23	33,80
E3 e E4	0,71	53,44	0,61	48,24

E1 = 2018; E2 = 2019; E3 = 2020; E4 = 2021.

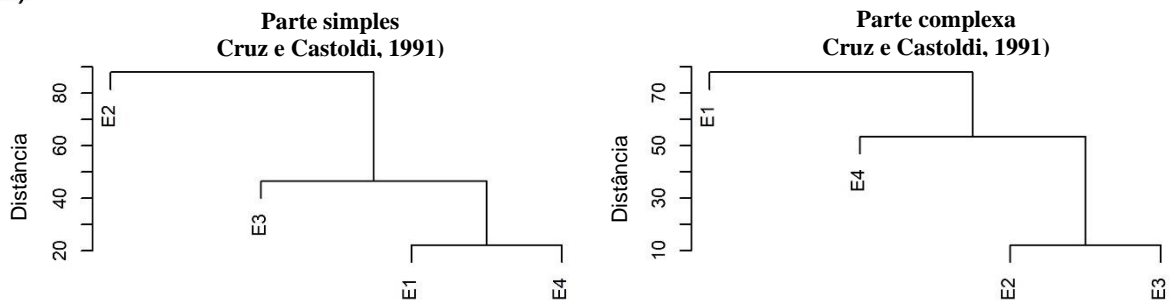
Visando simplificar os ambientes de acordo com a fração da interação, foi realizado o agrupamento dos ambientes utilizando o método *Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average* (UPMGA), com base na correlação entre os ambientes para as características MST e PDS, seguindo o método de Cruz e Castoldi (1991) (Figura 3a e 3b respectivamente). Para a característica MST, na interação simples, se observou uma semelhança

entre os anos de 2018 (E1) e 2021 (E4), alocados no mesmo grupo. Os anos de 2019 e 2020 formaram outros 2 grupos isolados. Já para a parte complexa da interação, o agrupamento revelou semelhança para os genótipos dos anos de 2019 (E2) e 2020 (E3), enquanto em 2018 (E1) e 2021 (E4) formaram grupos isolados.

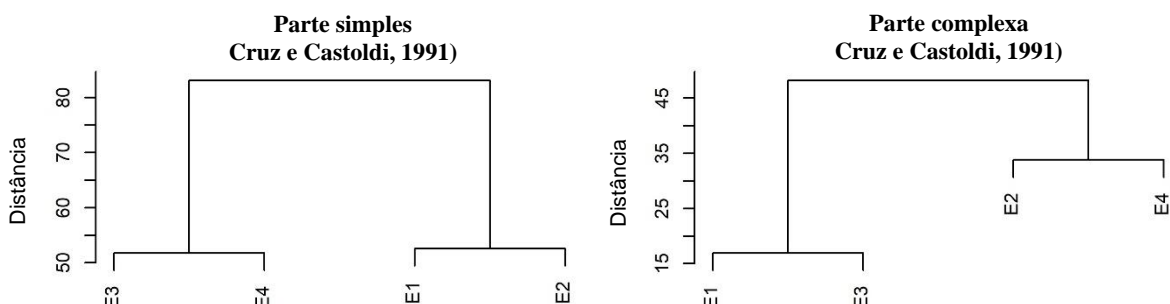
Para a característica PDS, a parte simples da interação revelou a formação de 3 grupos, onde 2018 (E1) e 2021 (E4) ficaram isolados, enquanto 2019(E2) e 2020 (E3) foram alocados no mesmo grupo. Já para a parte complexa, foram formados 2 grupos, sendo o primeiro 2018 (E1) e 2020 (E3) e o segundo (2019) E2 e (2021) E4.

Figura 3 – Agrupamento dos anos 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4) utilizando o método UPMGA, para as características MST e PDS.

a)



b)



Fonte: Autor.

5.4.4 GGE Biplot

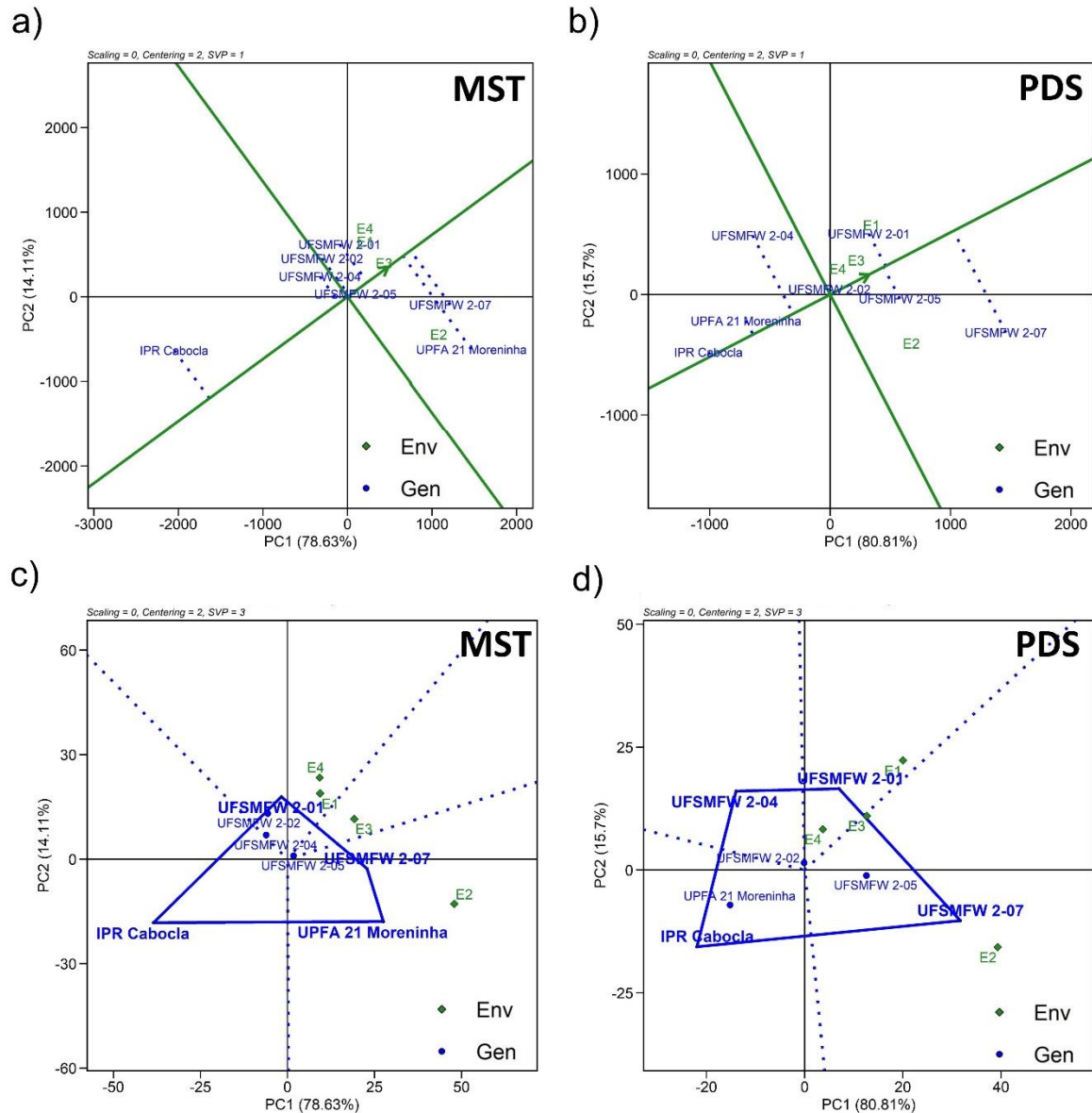
A análise GGE revelou que os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) justificaram o total de 92,74% da variação total (PC1 78,63% e PC2 14,11%) para a característica MST. Para PDS, o total da variação explicada pelos componentes principais foi de 96,51% (PC1 80,81% e PC2 14,11%). O primeiro componente principal (PC1) é representado no eixo X e os genótipos que possuem valores maiores de PC1 são considerados

mais produtivos, enquanto o segundo componente principal (PC2) é representado no eixo Y e descreve a estabilidade do genótipo (YAN et al., 2000).

Ao classificar os genótipos com base em seu desempenho em um ambiente, uma linha reta traçada, com uma seta na ponta, passando pela origem do biplot é chamada de *Average Environment Coordination* (AEC) (YAN; KANG, 2003). Ao longo desta linha está a classificação dos genótipos. A seta mostrada no eixo da abcissa AEC aponta na direção de maior desempenho médio dos genótipos e, conseqüentemente, classifica os genótipos em relação ao desempenho médio (YAN et al., 2007). A linha perpendicular ao eixo AEC representa a variabilidade de desempenho em termos de estabilidade, indicando que quanto maior a distância da origem maior a instabilidade do genótipo, em ambas as direções (YAN, 2011). Dessa forma, os genótipos que se destacaram com produtividades de matéria seca total acima da média foram os genótipos UFSMFW 2-07 e UPFA 21 - Moreninha (Figura 4a). Ao analisar a estabilidade de produção, observa-se que estes se mostraram instáveis, levando a conclusão da adaptação a condições específicas de ambiente. Os genótipos UFSMFW 2-05 e UFSMFW 2-04 se mostraram os genótipos mais estáveis às variações ambientais nos 4 anos de cultivo. Ao analisar o desempenho médio para PDS (Figura 4b), se observa que o genótipo UFSMFW 2-07 foi o mais produtivo, seguido dos genótipos UFSMFW 2-05 e UFSMFW 2-01. No entanto, para esta característica, novamente o genótipo se mostrou instável às variações ambientais entre os anos. O genótipo mais estável foi o UFSMFW 2-02.

A visualização do padrão “quem-ganhou-onde” em análises multi-ambientes é importante para estudar a possível existência de diferentes mega-ambientes em uma região. Neste estudo, a presença de mega-ambientes pode indicar a semelhança entre os anos de cultivo. Um mega-ambiente é definido como um grupo de ambientes que consistentemente compartilham de 1 ou mais genótipos iguais (YAN; RAJCAN, 2002). A visualização do polígono de um biplot é a melhor maneira de visualizar os padrões de interação entre genótipos e ambientes. A Figura 4c mostra a formação de 4 setores diferentes para a característica MST. Os ambientes E4 e E1 foram agrupados no mesmo setor, revelando-se como um mega-ambiente e compartilham o genótipo UFSMFW 2-01 como o mais produtivo. Os genótipos dos vértices do polígono para cada setor são aqueles que deram o maior rendimento nos ambientes que se enquadram nesse setor (FARSHADFAR et al., 2013). O ambiente E2 ficou isolado em um setor e compreendeu 2 vértices, contendo os genótipos UFSMFW 2-07 e UPFA - 21 Moreninha, estes sendo os mais produtivos neste ambiente.

Figura 4 – GGE biplot nos padrões desempenho médio vs. estabilidade (a; b) e quem-ganhou-onde (c; d) para as características produtividade de massa seca total (MST, kg ha⁻¹) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹), avaliadas em 7 genótipos de aveia preta cultivados nos anos de 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4).



Fonte: Autor.

PC1: componente principal 1, PC2: Componente Principal 2, SVP: *Singular Value Partitioning*, Env: Anos e Gen: Genótipos

Para a característica PDS (Figura 4d), se formou 4 setores e 1 mega-ambiente contendo os ambientes E1, E4 e E3, compartilhando o genótipo UFSMFW 2-01 como mais produtivo. O ambiente E2 alocado de forma isolada em um setor e conteve os genótipos UFSMFW 2-07 (vértice) e UFSMFW 2-05. O fato de E2 ser alocado isolado dos demais pode ser explicado pelas maiores médias de produtividade para ambas as características avaliadas (MST e PDS) neste ambiente, enquanto em E1, E3 e E4 as médias foram mais baixas. Também, a semelhança

entre os dois ambientes, como observado por Silva et al. (2021) em trigo, pode ser explicada pelo fato de os testes terem sido realizados na mesma localização, com variação apenas entre os anos de avaliação. O efeito do ano é o mais fator importante na análise de vários anos e um alto desempenho ao longo dos anos é um atributo desejável em um genótipo (YAN, 2014).

No setor da parte inferior esquerda do biplot da MST e nos setores da parte esquerda superior e inferior do biplot para PDS, onde não foram compreendidos nenhum ambiente, estão as linhas que não tiveram desempenho produtivo satisfatório em todos os ambientes pelo método GGE biplot.

Um genótipo para poder ser considerado como ideal, deve apresentar alto desempenho produtivo associado a alta estabilidade (SILVA et al., 2021). Na análise GGE, este “genótipo ideal” é definido graficamente pelo vetor de maior comprimento no PC1, sem projeções em PC2, o que significa estar mais próximo do menor círculo concêntrico central (SILVA et al., 2015). Então, observando círculos concêntricos ao longo da ponta de seta, podemos classificar as linhas de acordo com a inclusão nos círculos e a distância da ponta da seta.

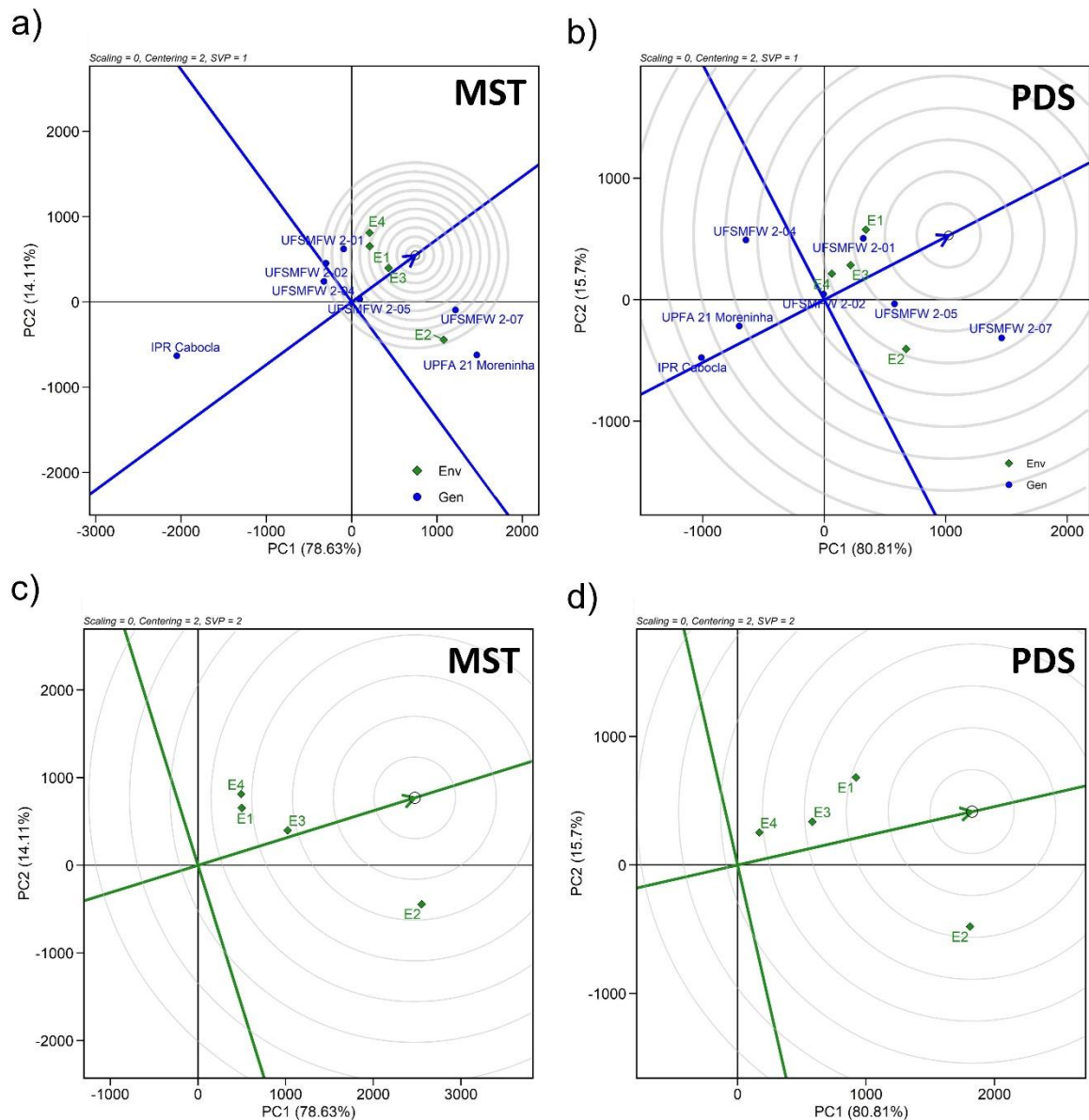
O ranqueamento dos genótipos evidenciou que não houve um genótipo ideal tanto para MST (Figura 5a) como para PDS (Figura 5b). Embora este genótipo seja apenas simbólico, serve de referência para avaliar outros genótipos (OLIVEIRA et al., 2019). No entanto, para MST podemos dizer que o genótipo que mais se aproximou do ideal foi o UFSMFW 2-07, podendo ser utilizado como referência na comparação dos genótipos. A classificação geral dos genótipos no biplot foi a seguinte: UFSMFW 2-07 > UFSMFW 2-01 > UFSMFW 2-05 > UFSMFW 2-02 > UFSMFW 2-04 > UPFA 21 - Moreninha > IPR Cabocla. Para a característica PDS, o genótipo mais próximo do ideal foram UFSMFW 2-01 e UFSMFW 2-05. A classificação geral foi a seguinte: UFSMFW 2-01 > UFSMFW 2-05 > UFSMFW 2-07 > UFSMFW 2-02 > UFSMFW 2-04 > UPFA 21 - Moreninha > IPR Cabocla.

O ranqueamento de ambientes pode ser observado nas Figuras 5c e 5d. O ambiente ideal é representado pelo círculo na ponta da seta. Para a característica MST, o ambiente mais próximo do ideal é E2. Os ambientes E4 e E1, que se mostraram um mega-ambiente, foram os mais distantes do ambiente ideal. Para a característica PDS, os ambientes E1 e E2 foram os mais próximos do ideal, tendo E4 como o mais distante.

Ambientes distintos são imprescindíveis em um programa de melhoramento para detecção e seleção de genótipos estáveis e adaptados (ALLARD; BRADSHAW, 1964). O biplot do padrão “Discriminante x Representativo) tem o objetivo da avaliação de um ambiente de teste é identificar, neste caso os anos de cultivo (ambientes), ideais para selecionar genótipos superiores de forma eficiente para um mega-ambiente. Um ambiente de teste ideal deve

discriminar os melhores genótipos e ser representativo de todos os ambientes de teste (MUSHAY et al., 2020).

Figura 5 – GGE biplot representando os genótipos (a; b) e ambientes (c; d) ideais para as características produtividade de massa seca total (MST, kg ha⁻¹) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹), avaliadas em 7 genótipos de aveia preta cultivados nos anos de 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4).



Fonte: Autor.

PC1: componente principal 1, PC2: Componente Principal 2, SVP: *Singular Value Partitioning*, Env: Anos e Gen: Genótipos

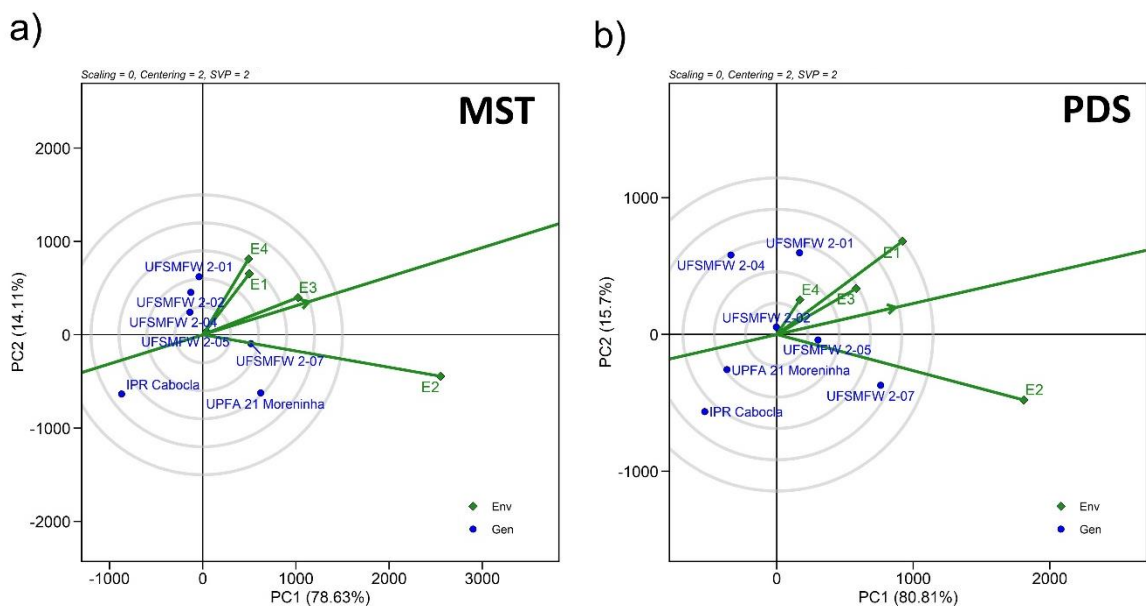
Quanto maior o comprimento do vetor de um local de teste, maior a sua capacidade discriminativa (diferenciação de genótipos) (YAN; TINKER, 2006). Neste sentido, para a característica MST (Figura 6a), o ano E2 foi o mais discriminante, apresentando o vetor mais

longo, superior ao dos genótipos, permitindo diferenciar o comportamento dos genótipos. Para a característica PDS os anos E2 e E1 foram os mais discriminantes (6b). Aqueles anos com vetores curtos são menos discriminantes, significando que todos os genótipos apresentam comportamento semelhante, e dessa forma, não devem ser utilizados como ano de teste (HONGYU et al., 2015).

Outro ponto possível de observar nesse padrão de biplot é a representatividade dos ambientes, ou seja, neste caso, quais os anos que representam os demais. Nessa análise, quanto menor o ângulo do vetor de local em relação ao eixo de seta única que representa a coordenada do ambiente médio, maior é a representatividade deste local em relação ao conjunto de locais avaliados. Na figura 6a e 6b se observa que o ano E3 foi o mais representativo, representando a média de todos os anos. Os demais anos podem ser considerados discriminantes e não representativos, servindo para seleção de genótipos com adaptação específica em mega-ambientes.

Ambientes discriminantes e representativos são eficientes para a seleção de cultivares com adaptação ampla, enquanto ambientes discriminantes, mas não representativos, podem ser úteis para descartar genótipos instáveis (SILVA et al., 2015).

Figura 6 – GGE biplot representando ambientes discriminativos e representativos para as características produtividade de massa seca total (MST, kg ha⁻¹) (a) e produtividade de sementes (PDS, kg ha⁻¹) (b), avaliadas em 7 genótipos de aveia preta cultivados nos anos de 2018 (E1), 2019 (E2), 2020 (E3) e 2021 (E4).



Fonte: Autor.

PC1: componente principal 1, PC2: Componente Principal 2, SVP: *Singular Value Partitioning*, Env: Anos e Gen: Genótipos

5.5 CONCLUSÃO

Os resultados indicaram que o desempenho do rendimento dos genótipos de aveia preta foi altamente influenciado pelas condições do ambiente ao longo dos quatro anos de cultivo.

A análise GGE revelou que os genótipos UFSMFW 2-07 e UPFA 21 - Moreninha apresentam adaptabilidade a ambientes específicos para produtividade de massa seca total. Para produtividade de sementes, novamente o genótipo UFSMFW 2-07, destaque produtivo, se adaptabilidade a um ambiente específico devido à alta instabilidade.

Os ambientes de teste revelaram similaridade entre os anos de 2018 e 2021, formando um mega-ambiente para a característica produtividade de massa seca total. Já os anos de 2018, 2020 e 2021 formaram um mega-ambiente para produtividade de sementes. O ano de 2019 mostrou-se como um ambiente de discriminação de genótipos, enquanto os demais foram representativos.

5.6 AGRADECIMENTOS

Agradecemos a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoas de Nível Superior (CAPES) do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro através da concessão de bolsa de estudos.

5.7 REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of Genotype-Environmental Interactions in Applied Plant Breeding. **Crop Science**, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.
- ALVARES, A. C.; ALCARDE, C.; STAPE, J.L.; SENTELHAS, P.C.; DE MORAES, J.L.G.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v.22, n.6, p.711–728, 2013.
- BHARTIYA, A.; ADITYA, J. P.; KUMARI, V.; KISHORE, N.; PURWAR, J. P.; AGRAWAL, A.; KANT, L. GGE biplot & AMMI analysis of yield stability in multi-environment trial of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] genotypes under rainfed condition of north western Himalayan hills. **Journal of Animal and Plant Sciences**, v. 27, n.1, p. 227–238, 2017.
- BAXEVANOS, D.; GOULAS, C.; ROSSI, J.; BRAOJOS, E. Separation of Cotton Cultivar Testing Sites based on Representativeness and Discriminating Ability Using GGE Biplots. **Agronomy Journal**, v. 100, n. 5, p. 1230-1236, 2008.
- BENIN, G.; CARVALHO, F. I. C.; OLIVEIRA, A. C.; LORENCETTI, C.; VIEIRA, E. A.; COIMBRA, J. L. M.; VALÉRIO, I. P.; FLOSS, E. L.; BERTAN, I.; SILVA, G. O.

Adaptabilidade e estabilidade em aveia em ambientes estratificados. **Ciência Rural**, v. 35, n. 2, p. 295-302, 2005.

BRANQUINHO, R. G.; DUARTE, J.B.; SOUZA, P. I. M.; SILVA NETO, S. P.; PACHECO, R. M. Estratificação ambiental e otimização de rede de ensaios de genótipos de soja no Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 10, p. 783–795, 2014.

CARVALHO, F. I. F.; FEDERIZZI, L. C.; NODARI, R. O.; FLOSS, E.; GANDIN, C. L.

Analysis of stability parameters and of genotype x environment interaction in oats grain yield in Rio Grande do Sul (Brazil). **Revista Brasileira de Genética**, v.5, p.517-532, 1982.

COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA. Informações técnicas para a cultura da aveia. Passo Fundo: Fundação ABC/Universidade de Passo Fundo, 136 p., 2014.

COSTA, A. F.; LEAL, N. R.; VENTURA, J. A.; GONÇALVEZ, L. S. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; COSTA, H. Adaptability and stability of strawberry cultivars using a mixed model. **Acta Scientiarum- Agronomy**, v. 37, p. 435–440, 2015.

CROSSA, J. Statistical analysis of multi-location trials. **Advances in Agronomy**, v. 44, p. 55-85, 1990.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. L. Simple and complex decomposition in parts of the genotypes × environments interaction. **Revista Ceres**, v. 38, p. 422–430, 1991.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Biometric models applied to genetic improvement**. UFV, Viçosa, Minas Gerais, Brazil, 2012.

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, p. 36-40, 1966.

FAYEUN, L. S.; ALAKE, G. C.; AKINLOLU, A. O. GGE biplot analysis of fluted pumpkin (*Telfairia occidentalis*) landraces evaluated for marketable leaf yield in Southwest Nigeria. **Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences**, 2016.

FARSHADFAR, E.; RASHIDI, M.; JOWKAR, M. M.; ZALI, H. GGE Biplot analysis of genotype × environment interaction in chickpea genotypes. **European Journal of Experimental Biology**, v. 3, n. 1, p. 417-423, 2013.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v. 58, p. 453-467, 1971.

GAUCH, H. G. Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs. **Elsevier**, 278 p., 1992.

HONGYU, K.; SILVA, F. L.; OLIVEIRA, A. C. S.; SARTI, D. A.; A RAU J O, L. B.; D I A S, C. T. S. Comparação entre os modelos AMMI e GGE Biplot para os dados de ensaios multi-ambientais. **Revista Brasileira de Biomassa**, v. 33, n. 2, p. 139 -155, 2015.

KANG, M. S.; MILLER, J. D.; DARRAH, L. L. A note on relationship between stability variance and ecovalence. **Journal of Heredity**, v. 78, n. 2, 1987.

- KARTIKA NOERWIJATI; NASRULLAH; TARYONO; DJOKO PRAJITNO. Fresh Tuber Yield Stability Analysis of Fifteen Cassava Genotypes Across Five Environments in East Java (Indonesia) Using GGE Biplot. **Energy Procedia**, v. 47, p. 156-165, 2014.
- KARUNIAWAN, A.; MAULANA, H.; USTARI, D.; DEWAYANI, S.; SOLIHIN, E.; SOLIHIN, M. A.; AMIEN, S.; ARIFIN, M. Yield stability analysis of orange - Fleshed sweet potato in Indonesia using AMMI and GGE biplot. **Heliyon**, v. 7, 2021.
- KENDAL, E. GGE Biplot Analysis of Multi-Environment Yield Trials in Barley (*Hordeum vulgare* L.) Cultivars. **Ekin Journal of Crop Breeding and Genetics**, v. 2, n. 1, p. 90-99, 2016.
- LEITE, J. G. D. B.; FEDERIZZI, L. C.; BERGAMASCHI, H. Mudanças climáticas e seus possíveis impactos aos sistemas agrícolas no Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 7, p. 337-343, 2012.
- MUSHAYI, M.; SHIMELIS, H.; DERERA, J.; SHAYANOWAKO, A. I. T.; MATHEW, I. Multi-environmental evaluation of maize hybrids developed from tropical and temperate lines. **Euphytica**, v. 216, n. 84, 1-14, 2020.
- NORNBERG, R.; RIBEIRO, G.; SILVEIRA, G. da; LUCHE, H. de S.; BARETTA, D.; TESSMANN, E. W.; WOYANN, L. G.; OLIVEIRA, A. C. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de aveia branca. **Revista Acadêmica: Ciências Agrárias e Ambientais**, v. 12, p. 181-190, 2014.
- OLIVEIRA, T. R. A. de; CARVALHO, H. W. L. C.; OLIVEIRA, G. U. F.; COSTA, E. F. N.; GRAVINA, G. A.; SANTOS, R. D. dos; CARVALHO FILHO, J. L. S. de. Hybrid maize selection through GGE biplot analysis. **Bragantia**, v. 78, n.2, p. 166-174, 2019.
- OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. metan: na R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 6, p. 783-789, 2020.
- OTEROS, J.; GARCÍA-MOZO, H.; BOTEY, R.; MESTRE, A.; GALÁN, C. Variations in cereal crop phenology in Spain over the last twenty-six years (1986–2012). **Climatic Change**, Dordrecht, v. 130, p. 545-558, 2015.
- R CORE TEAM (2020). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. Avaliado in: <<https://www.R-project.org>> (Acessado em dezembro de 2021).
- SANTOS, A.; CECCON, G.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; ALVAREZ, R. D. C. F.; SILVA, J. F.; ALVES, V. B. Adaptability and stability of erect cowpea lines via REML/BLUP and GGE Biplot. **Bragantia**, v. 75, n. 3, p. 299-306, 2016.
- SILVA, C. L.; BORNHOFEN, E.; TODESCHINI, M. H.; MILIOLI, A. S.; TREVISAN, D. M.; BENIN, G. Seleção de genótipos de trigo para rendimento de grãos e qualidade de panificação em ensaios multiambientales. **Revista Ceres**, v. 62, n. 4, p. 360–371, 2015.
- SILVA, C. M. e; MEZZOMO, H. C.; CASAGRANDE, C. R.; LIMA, W. L.; OLIVOTO, T.; NARDINO, M. Selection of tropical wheat lines based on classical and modern parameters of adaptability and stability. **Bulgarian Journal of Agricultural Science**, v. 27, n. 5, p. 933–941, 2021.

SILVA, R. R.; BENIN, G.; SILVA, G. O.; MARCHIORO, V. S.; ALMEIDA, J. L.; MATEI, G. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de trigo em diferentes épocas de semeadura, no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, p. 1439-1447, 2011.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**. Raleigh, v.30, n.3, p.507-512, 1974.

SOUSA, L.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; BATISTA, R. O.; OLIVEIRA, V. M. de; HAMAWAKI, R. L. Evaluation of soybean lines and environmental stratification using the AMMI, GGE biplot, and factor analysis methods. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, p. 12660–12674, 2015.

SOUZA, R. R.; TOEBE, M.; MARCHIORO, V. S.; CARGNELUTTI FILHO, A.; MELLO, A. C.; MANFIO, G.; SOLDATELI, F.; SOARES, F.; MARTINS, V.; JUNGUES, D. Soybean grain yield in highland and lowland cultivation systems: A genotype by environment interaction approach. **Annals of Applied Biology**, 45 p., 2021.

YAN, W. GGE biplot - a window application for graphical analysis of multi-environmental data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, v. 93, p. 1111-1118, 2001.

YAN, W. Singular-Value Partitioning in Biplot Analysis of Multienvironment Trial Data. **Agronomy Journal**, v. 94, n. 5, 990–996, 2002.

YAN, W. GGE Biplot vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis. **Journal of the India Society of Agricultural Statistics**, v. 65, n. 2, p. 181-193, 2011.

YAN, W. **Crop variety trials: data management and analysis**. Chichester: John Wiley & Sons, 2014.

YAN, W. Mega-environment analysis and test location evaluation based on unbalanced multiyear data. **Crop Science**, v. 55, n. 1, p. 113–122, 2015.

YAN, W. Analysis and handling of G E in a practical breeding program. **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2106–2118, 2016.

YAN, W. K.; HUNT, L. A.; SHENG, Q. L.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, v. 40, p. 597-605, 2000.

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. **Crop Science**, v. 40, p. 596-605, 2000.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists**. 1^a ed. Florida, CRC Press., 288p., 2003.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v. 47, n. 2, p. 643-653, 2007.

YAN, W.; TINKER, A. Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 86, n. 3, p. 623-645, 2006.

YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, v.42, p.11-20, 2002.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O melhoramento da aveia preta no Brasil por muito tempo não avançou como o de outros cereais de inverno, entre eles o trigo e a aveia branca. Fatores como área menor de cultivo e o cultivo apenas para produção de forragem, marginalizando a produção de grãos dessa cultura, acabou freando o interesse dos produtores por novas cultivares, que por sua vez aliada a pirataria de sementes, desestimulou os programas de melhoramento. Com a introdução da aveia preta no sistema de plantio direto houve um aumento expressivo na área cultivada, trazendo como consequência a demanda por cultivares mais produtivas, mas ao mesmo tempo com ciclo precoce para não interferir nas culturas subsequentes. Ainda, a colheita das sementes da aveia preta para utilização na alimentação animal passou a ser uma prática frequente, explorando ainda mais o potencial dessa cultura.

Junto com a crescente área de cultivo veio a demanda por novas cultivares, sendo que dentre as características mais desejadas pelos produtores estão precocidade, porte baixo e elevada produtividade de massa seca e de sementes, conferindo versatilidade de usos a essa cultura. No entanto, desenvolver uma nova cultivar requer tempo e disponibilidade de recursos. Assim, exige-se dos melhoristas que estes sejam eficientes.

A utilização de técnicas mais modernas, como a utilização de modelos multivariados, pode facilitar o processo de melhoramento, proporcionando maior assertividade na identificação de constituições genéticas superiores, economizando tempo e recursos. A análise de valores genéticos preditos tem apresentado vantagens se comparado com as demais técnicas, que além de ser precisa, permite trabalhar com experimentos desbalanceados, situação onde frequentemente os melhoristas se deparam. O agrupamento de várias características em um ideótipo, como foi buscado neste estudo, também não é uma tarefa simples. A utilização do MGIDI mostrou-se eficiente para a seleção simultânea, trazendo ganhos desejáveis para o conjunto de características e ainda permite a visualização dos pontos fortes e fracos dos genótipos. Assim, pode ser útil para definir uma finalidade de cultivo para um genótipo com potencial de vir a ser uma nova cultivar.

A análise do desempenho dos genótipos ao longo de locais e anos de cultivo é exigida pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) para proteção e registro de novas cultivares. Mas mais importante que isso é o melhorista ter posse dessas informações para maior assertividade na seleção e recomendação de genótipos. A análise GGE Biplot se mostrou uma ferramenta importante e de fácil visualização para a classificação de genótipos e de ambientes, além de mostrar os efeitos da interação entre genótipos e ambientes. Também,

esta análise se mostrou útil em agrupar os ambientes semelhante em um mega-ambiente. Assim, o melhorista pode optar pela redução no número de ambientes avaliados, optando por um ambiente que compõe o mega-ambiente, economizando em área cultivada e em recursos.

Os genótipos UFSMFW do programa de melhoramento genético em aveia preta da Universidade Federal de Santa Maria apresentam potencial de desenvolvimento de novas cultivares de aveia preta para atender a demanda do mercado de cultivares de ciclo precoce e porte baixo, aliados a elevada produtividade de massa seca e de sementes. A finalidade de cultivo dessas cultivares inclui a produção de forragem, cobertura de solo e produção de grãos.

Por fim, os genótipos UFSMFW 2-01 e UFSMFW 2-07 foram encaminhados ao Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) e protegidos com nome de cultivar UFSMFW 2101 (Certificado de proteção: 20210020) e UFSMFW 2202 (Certificado de proteção: 20210021), respectivamente. A partir de agora será solicitado o registro junto ao Registro Nacional de Cultivares (RNC) para cultivo na região de Frederico Westphalen/RS e na sequência ensaios serão conduzidos em objetivando verificar a adaptabilidade e estabilidade para outras regiões.

7 CONCLUSÃO GERAL

A análise da predição de valores genéticos mostrou que as linhagens UFSMFW 2-07, UFSMFW 2-05 e UFSMFW 2-01 apresentaram médias desejáveis para as características ciclo precoce, elevada produtividade de massa seca e de sementes. Dessa forma, as linhagens UFSMFW apresentam potencial de desenvolvimento de novas cultivares de aveia preta, sendo que para estas características avaliadas, são iguais ou superiores que as testemunhas utilizadas.

A divergência genética das linhagens para com as testemunhas pode ser observada na análise de agrupamentos, onde ocorreu o posicionamento de a maioria das linhagens de aveia preta da UFSMFW em grupos distintos das testemunhas.

A seleção de genótipos superiores para as características ciclo precoce, porte baixo e elevada produtividades de massa seca e de sementes, simultaneamente, utilizando o MGIDI foi eficiente em selecionar os melhores genótipos de aveia preta, apresentando ganhos de seleção desejáveis para a maioria das características, com ganhos equilibrados. O genótipo UFSMFW 2-04 teve destaque sendo selecionado em ambos os ambientes, Frederico Westphalen/RS e Pato Branco/PR. Este genótipo apresentou como ponto forte potencial de produtividade de sementes em Frederico Westphalen e maior potencial de produtividade de massa seca cultivado em Pato Branco. Já os genótipos UFSMFW 2-01 e UFSMFW 2-07 apresentam como pontos fortes as características relacionadas com a produtividade de massa seca e, portanto, possuem potencial no cultivo para cobertura de solo.

A análise de adaptabilidade e estabilidade indicou influência da interação genótipos x ambientes. O genótipo UFSMFW 2-07 como já destacado nas demais análises como um dos mais produtivos, teve o melhor desempenho no ano 2019 e foi classificado pela análise GGE Biplot como adaptado a um ambiente específico, pois apresentou elevada instabilidade. No geral as linhas UFWFW apresentaram-se mais próximas do genótipo ideal, o qual deve aliar produtividade com estabilidade de produção. Observando os anos de cultivo, as menores médias produtivas foram observadas em 2018, 2020 e 2021, sendo o ano de 2019 com as condições meteorológicas mais favoráveis para a cultura. Assim, 2019 foi um ano discriminante de genótipos, enquanto os demais anos representaram a média.

8 REFERÊNCIAS

- AGROALPHA. Genética em Aveias e Cevadas Forrageiras e Graníferas. 2021. Disponível em: <https://www.agroalpha.agr.br/#quem-somos>. Acesso em: Agosto de 2021.
- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Edgard Blücher Ltda: São Paulo, 1971. 485 p.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PRODUTORES DE SEMENTES E MUDAS - ABRASEM. Estatísticas – Aveia Preta, 2014. Disponível em: <http://www.abrasem.com.br/estatisticas/#>. Acesso em: Agosto de 2021.
- ASSIS, J. C. de. Progresso genético em três ciclos de seleção recorrente para tolerância ao calor em trigo. Tese de doutorado, Universidade Federal de Viçosa, 2011. Disponível em: <https://www.locus.ufv.br/bitstream/123456789/1329/1/texto%20completo.pdf>. Acesso em: Agosto de 2021.
- BALDISSERA, J. N. DA C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias = Journal of Agroveterinary Sciences**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BÁRBARO, I. M.; MAURO, A. O.; CENTURIM, M. A. P. C.; MACHADO, P. C.; BÁRBARO JUNIOR, S. B. Análise genética em populações de soja resistentes ao cancro da haste e destinadas para áreas de reforma de canavieiras. **Colloquium Agrariae**, v. 5, p. 07-24, 2009.
- BELMONTE, P. B. A. Qualidade física das sementes fiscalizadas de aveia-branca (*Avena sativa* L.) aveia preta (*Avena strigosa* Schreb), azevém-anual (*Lolium multiflorum* Lam.) e milheto (*Pennisetum americanum* L. Reeke) comercializadas na safra 2001/2002 no estado do Rio Grande do Sul. **Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia de Sementes)** - Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 25 p., 2002.
- BOREM, A. **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa: Ed.: UFV, 817 p., 1999.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. CultivarWeb: Registro Nacional de Cultivares – RNC e Proteção de Cultivares – SNPC. 2021. Disponível em: <https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/index.php>. Acesso em: Agosto de 2021.
- CARGNIN, A.; SOUZA, M. A. de; CARNEIRO, P. C. S.; SOFIATTI, V. Interação entre genótipos e ambientes e implicações em ganhos de seleção em trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n.6, p. 987-993, 2006.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; TOEBE, M.; ALVES, B. M.; BURIN, C.; SANTOS, G. O. dos; FACCO, G.; NEU, I. M. M. Relações lineares entre caracteres de aveia preta. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 6, p. 985-992, 2015.
- CARNEIRO, M. A. C.; CORDEIRO, M. A. S.; ASSIS, P. C. R.; MORAES, E. S.; PEREIRA, H. S.; PAULINO, H. B.; SOUZA, E. D. de. Produção de fitomassa de diferentes espécies de cobertura e suas alterações na atividade microbiana de solo de cerrado. **Revista Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 2, p. 455-462, 2008.

- CARVALHO, P.C.F. Forrageiras de clima temperado. In: FONSECA D.M., MARTUSCHELLO, J.A. **Plantas forrageiras**. Viçosa, Editora UFV, p.494-537, 2010.
- CHINI, S. O. Variabilidade em germoplasma de aveia-preta quanto a caracteres relacionados à aptidão forrageira ou cobertura de solo. **Tese de doutorado (Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da UPF)**, Universidade de Passo Fundo, 171 p., 2017. Disponível em: <http://tede.upf.br/jspui/handle/tede/1301>. Acesso em: Agosto de 2021.
- Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB. Acompanhamento da Safra Brasileira. Boletim de Safra de Grãos da Safra de Inverno de 2021. 2021. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/graos>. Acesso em: Agosto de 2021.
- CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C.; DESTRO, D.; SOUZA, L. C. F. de.; SOBRINHO, T. A. Estimates of genetic parameters in common bean genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 3, n. 3, p.223-230, 2003.
- CRUZ, C.D.; TORRES, R. A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, p. 567-580, 1989.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C. **Modelos biométricos**: VII. 1.ed. rev. Viçosa: UFV, 2003. 623p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. ed., v. 1. Viçosa, MG: UFV, 2004. 480 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012, 508 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 5.ed. Viçosa, MG: UFV, 2014. v.1, p.514.
- DEBIASI, H.; MARTINS, J. D.; MISSIO, E. L. Produtividade de grãos e componentes do rendimento da aveia preta (*Avena strigosa* Schreb.) afetados pela densidade e velocidade de semeadura. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 3, p. 649-655, 2007.
- DEMÉTRIO, J. V.; COSTA, A. C. T. da.; OLIVEIRA, P. S. R. de. Produção de Biomassa de cultivares de aveia sob diferentes manejos de corte. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 42, n. 2, p. 198-205, 2012.
- EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, p. 36-40, 1966.
- ERTIRO, B. T.; TWUMASI-AFRIYIE, S.; BLÜMMEL, M.; FRIESEN, D.; NEGERA, D.; WORKU, M.; ABAKEMAL, D.; KITENGE, K. Genetic variability of maize stover quality and the potential for genetic improvement of fodder value. **Field Crops Research**, v. 153, p. 79-85, 2013.

- FEDERIZZI, L. C.; ALMEIDA, J. L. de.; MORI, C. D.; LÂNGARO, N. C.; PACHECO, M. T. Importância da cultura da aveia. In: Indicações técnicas para a cultura da aveia. Ed. Universidade de Passo Fundo. p.13-23, 2014.
- FERREIRA, A.; CECON, P. R.; CRUZ, C. D.; FERRÃO, R. G.; SILVA, M. F. da; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, M. A. G. Seleção simultânea de *Coffea canéfora* por meio da combinação de análise de fatores e índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 12, p. 1189-1195, 2005.
- FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, 14:742-754, 1963.
- FLOSS, E. L.; BOIN, C.; PALHANO, A. L.; FILHO, C. V. S.; PREMAZZI, L. M. Efeito do estágio de maturação sobre o rendimento e valor nutritivo da aveia branca no momento da ensilagem. **Boletim de Industria Animal**, Nova Odessa, v.60, p. 117-126, 2003.
- FONTANELI, R. S.; SANTOS, H. P.; FONTANELI, R. S. Forrageiras para integração lavoura-pecuária floresta na região sul-brasileira, Passo Fundo - RS: EMBRAPA TRIGO, 329 p., 2009.
- GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, n. 4, p. 857-874, 1971.
- HAWERROTH, M. C.; BARBIERI, R.L.; SILVA, J. A. G.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C. Importância e dinâmica de caracteres na aveia produtora de grãos. Pelotas: **Embrapa Clima Temperado**, n. 376, p.56, 2014.
- KLEIN, L. A.; MARCHIORO, V. S.; SOUZA, V.Q. de.; MEIRA, D.; MEIER, C.; Dissimilaridade genética entre genótipos de aveia preta. **Revista Brasileira de Iniciação Científica (RBIC)**, Itaperetinga, v. 6, n. 6, p. 114-125, 2019.
- LÂNGARO, N. C.; CARVALHO, I. Q. (Orgs.). Indicações técnicas para a cultura da aveia. Passo Fundo: Editora da Universidade de Passo Fundo, 136 p., 2014.
- LEITE, J. G. D. B.; FEDERIZZI, L. C.; BERGAMASCHI, H. Mudanças climáticas e seus possíveis impactos aos sistemas agrícolas no Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 7, n. 2, p. 337-343, 2012.
- MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V. de.; OLIVEIRA, L. C. de.; ÁLVARES, V. de S.; MACIEL, V. T.; LIMA, A. C. de. Seleção de clones experimentais de cupuaçu para características agroindustriais via modelos mistos. **Revista Agro@mbiente Online**, v. 5, n. 1, p. 35-43, 2011.
- MARQUES, M. C. Adaptabilidade, estabilidade e diversidade genética de cultivares de soja em três épocas de semeadura, em Uberlândia – MG. 2010. 84f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- MEIRA, D. Caracterização de populações de aveia preta e estratégias de seleção de genótipos superiores. Dissertação de mestrado, Universidade Federal de Santa Maria, 2018. Disponível em: <https://repositorio.ufsm.br/handle/1/13890>. Acesso em: Agosto 2021.
- MEIRA, D.; MEIER, C.; OLIVOTO, T.; NARDINO, M.; RIGATTI, A.; KLEIN, L. A.; CARON, B.; MARCHIORO, V. S.; SOUZA, V. Q. de. Phenotypic variance of black oat

growing in crop seasons reveals genetic effects predominance. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 91, n. 3, 9 p., 2019.

MELO, A. V. de.; GALVÃO, J. C. C.; BRAUN, H.; SANTOS, M. M. dos.; COIMBRA, R. R.; SILVA, R. R. da.; REIS, W. F. dos. Extração de nutrientes e produção de biomassa de aveia-preta cultivada em solo submetido a dezoito anos de adubação orgânica e mineral. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 32, n. 2, p. 411-420, 2011.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, n. 4, p. 1235-1248, 2003.

NICK, C.; CARVALHO, S. P.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N.; MARIM, B. G.; ASSIS, L. H. B. de. Divergência genética entre sub amostras de mandioca. **Bragantia**, n. 69, n. 2, p. 289 - 298, 2010.

NIRMALAKUMARI, A.; SELLAMMAL, R.; THAMOTHARAN, G.; EZHILARASI, T.; RAVIKESAVAN, R. Trait association and path analysis for grain yield in oat in the western zone of Tamil Nadu. **International Journal of Agricultural Science and Research**, v.3, p.309-316, 2013.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. C.; SILVA, J. A. G. da.; SARI, B. G.; DIEL, M. I. Mean Performance and Stability in Multi-Environment Trials II: Selection Based on Multiple Traits. **Agronomy Journal**, v. 3, n. 111, p. 2961-2969, 2019.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M. MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments. **Bioinformatics**, 2020.

PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. **American Potato Journal**, v. 36, p. 381-385, 1959.

POUR-ABOUGHADAREH, A.; SANJANI, S.; NIKKHAH-CHAMANABAD, H.; MEHRVAR, M. R.; ASADI, A.; AMINI, A. Identification of salt-tolerant barley genotypes using multiple-traits index and yield performance at the early growth and maturity stages. **Bulletin of the National Research Centre**, v. 45, n. 117, p. 2-16, 2021.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012, 522 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

ROCHA, M. M.; CARVALHO, K. J. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; SOUSA, I. S. Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p. 270- 275, 2009.

ROCHA, M. C.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; SILVA, P. R. A. da; CARMO, M. G. F. do; ABBOUD, A. C. S. Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 3, p. 423-431, 2010.

SAYD, R. M. Parâmetros genéticos, índices de seleção e diversidade genética de genótipos de cevada irrigada no cerrado. **Tese de Doutorado**, Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 135 p., 2018.

SCHEFFER-BASSO, S. M. S.; ORSATO, J.; MORO, G. V.; ALBUQUERQUE, A. C. S. Divergência genética em germoplasma de aveias silvestres com base em caracteres multicategóricos e quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 5, p. 654-667, 2012.

SILVA, D. F. G.; COELHO, C. J.; ROMANEK, C; GARDING, J. R.; SILVA, A. R. da; GRACZYKI, B. L.; OLIVEIRA, E. A. T.; MATIELLO, R. R. Dissimilaridade genética e definição de grupos de recombinação em progênies de meios-irmãos de milho-verde. **Bragantia**, Campinas, v. 75, n. 4, p. 401-410, 2016.

SILVEIRA, G. da.; MOLITERNO, E.; RIBEIRO, G.; CARVALHO, F. I. F. C.; OLIVEIRA, A. C. de.; NORMBERG, R.; BARETTA, D.; MEZZALIRA, I. Variabilidade genética para características agrônômicas superiores em cruzamentos biparentais de aveia preta. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, p. 823-832, 2010.

SHANDS, H. L.; CISAR, G. L. Avena. In: HALEVY, A. H. **CRC handbook of flowering**. Boca Raton: CRC Press, 1988. P. 523 – 535.

SOUZA, R.; TOEBE, M.; MARCHIORO, V. S.; CARGNELUTTI FILHO, A.; MELLO, A.; MANFIO, G.; SOLDATELI, F.; SOARES, F.; MARTINS, V.; JUNGUES, D. Soybean grain yield in highland and lowland cultivation systems: A genotype by environment interaction approach. **Annals of Applied Biology**, 45 p., 2021.

STEVENS, E. J. Fodder oats: a world overview (Chapter II) In: SUTTIE, J. M.; REYNOLDS, S. G. Fodder oats: a world overview. Plant Production and Protection Series. Roma: FAO, 2004.

SUDRÉ, C. P., RODRIGUES, R., RIVA, E. M., KARASAWA, M. E AMARAL JUNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v. 23, p. 22-27, 2005.

SUTTIE, J. M.; REYNOLDS, S. G. Background to fodder oat worldwide (Chapter I) In: SUTTIE, J. M.; REYNOLDS, S. G. Fodder oats: a world overview. Plant Production and Protection Series, n. 33, Food And Agriculture Organization of the United Nations, Roma: FAO, 2004.

VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 53, p. 89-91, 1978.

VILELA, H. Portal agronomia. Série gramíneas tropicais - gênero Avena (*Avena strigosa* - aveia preta), 2007. Disponível em: http://www.agronomia.com.br/conteudo/artigos/artigos_gramineas_tropicais_avena.htm. Acesso em: Agosto de 2021.