

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
CENTRO DE CIÊNCIAS RURAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

Vinicius Severo Trivisioi

**PRECISÃO EXPERIMENTAL, RELAÇÕES LINEARES E PROGRESSO
GENÉTICO EM CARACTERES DE TRIGO DE CICLO PRECOCE, MÉDIO
E TARDIO NA REGIÃO SUL DO BRASIL**

Santa Maria, RS
2023

Vinicius Severo Trivisiol

**PRECISÃO EXPERIMENTAL, RELAÇÕES LINEARES E PROGRESSO GENÉTICO EM
CARACTERES DE TRIGO DE CICLO PRECOCE, MÉDIO E TARDIO NA REGIÃO SUL
DO BRASIL**

Tese apresentada ao Curso/Programa de Pós-Graduação
em Agronomia, da Universidade Federal de Santa
Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para
obtenção do título de **Doutor em Agronomia**.

Orientador Prof. Dr. Alberto Cargnelutti Filho

Santa Maria, RS
2023

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

Trivisiol, Vinicius Severo
PRECISÃO EXPERIMENTAL, RELAÇÕES LINEARES E PROGRESSO
GENÉTICO EM CARACTERES DE TRIGO DE CICLO PRECOCE, MÉDIO E
TARDIO NA REGIÃO SUL DO BRASIL / Vinicius Severo
Trivisiol.- 2023.
73 p.; 30 cm

Orientador: Alberto Cargnelutti Filho
Coorientador: Alessandro Dal'col Lúcio
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Santa
Maria, Centro de Ciências Rurais, Programa de Pós
Graduação em Agronomia, RS, 2023

1. Triticum aestivum L. 2. Produtividade de grãos 3.
Peso de mil grãos 4. Peso do hectolitro 5. Proteína dos
grãos I. Cargnelutti Filho, Alberto II. Dal'col Lúcio,
Alessandro 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, VINICIUS SEVERO TRIVISIOL, para os devidos fins e sob as penas da lei, que a pesquisa constante neste trabalho de conclusão de curso (Tese) 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.

Vinicius Severo Trivisiol

**PRECISÃO EXPERIMENTAL, RELAÇÕES LINEARES E PROGRESSO GENÉTICO EM
CARACTERES DE TRIGO DE CICLO PRECOCE, MÉDIO E TARDIO NA REGIÃO SUL
DO BRASIL**

Tese apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do grau de **Doutor em Agronomia**.

Aprovado em 10 de Novembro de 2023:

Alberto Cargnelutti Filho, Dr. (UFSM)
(Presidente/Orientador)

Giovani Facco, Dr. (Biotrigo)

Fernando Machado Haesbaert, Dr. (UFT)

Sandra Maria Mazieiro, Dr^a. (UFFS)

Ivan Ricardo Carvalho, Dr. (Unijuí)

Santa Maria, RS
2023

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pelo dom da vida, o qual foi me proporcionado mais de uma vez.

À Universidade Federal de Santa Maria pela possibilidade da execução deste trabalho.

A CAPES com a concessão da Bolsa de Doutorado, recurso essencial para condução e incentivo à pesquisa acadêmica.

Aos meus professores orientadores, professor Dr. Alberto Cargnelutti Filho, Dr. Giovani Facco, Dr. Alessandro Dal'Col Lúcio, pelo auxílio na elaboração da Tese, bem como, os conselhos e demais auxílios que me deram na caminhada acadêmica e pessoal.

Aos meus pais Ireno Jair Trivisiol e Sônia Severo Trivisiol pelo apoio incontestável, amor, dedicação e por não medirem esforços na minha formação, que, muitas vezes, renunciaram aos seus sonhos, para a realização do meu.

A minha irmã Vanessa, que é o laço que sempre ligará o meu passado a meu presente e futuro. Obrigado pelos conselhos, incentivo, amor e confiança.

A minha namorada por estar sempre presente e me apoiando na caminhada e principalmente me aproximando de Cristo.

Ao meu melhor amigo Ricardo, pois em momentos que a razão começou a perder o sentido e o objetivo começou a ficar turvo, mesmo a distância, estava me incentivando a concluir o sonho da minha vida.

Ao grupo de pesquisa em experimentação agrícola, pela amizade e em especial ao amigo Murilo Loro, que em momentos difíceis, tanto na parte da elaboração da Tese, quanto auxílio nos momentos pessoais, foi um ombro amigo e não mediu esforços para ajudar.

Muito obrigado!

O Senhor é meu pastor, nada me faltará.

Em verdes campos ele me faz repousar. Conduz-me junto às águas refrescantes,
restaura as forças de minha alma. Pelos caminhos retos ele me leva, por amor do seu nome.
Ainda que eu atravesse o vale escuro, nada temerei, pois estais comigo. Vosso bastão e vosso
cajado são o meu amparo.

Preparais para mim a mesa à vista de meus inimigos. Unges minha cabeça com óleo, e
transborda minha taça.

A vossa bondade e misericórdia não de seguir-me por todos os dias de minha vida. E habitarei
na casa do Senhor por longos dias.

(Salmo, 22)

RESUMO

Precisão experimental, relações lineares e progresso genético em caracteres de trigo de ciclo precoce, médio e tardio na região sul do Brasil

AUTOR: Vinicius Severo Trivisiol
ORIENTADOR: Alberto Cargnelutti Filho

Os objetivos deste trabalho foram avaliar a precisão experimental da produtividade de grãos, verificar se há relações lineares entre caracteres produtivos e a proteína dos grãos e avaliar o progresso genético da produtividade de grãos, em ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, conduzidos nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná. Foram utilizados os dados dos seguintes caracteres produtivos: produtividade de grãos (PROD, em kg ha⁻¹), peso de mil grãos (PMG, em g) e peso do hectolitro (PH, em kg hL⁻¹) e da proteína dos grãos (PROT, em %). Esses dados foram obtidos em 106 ensaios com genótipos de ciclo precoce, 36 de ciclo médio e 124 de ciclo tardio, conduzidos durante cinco anos (2015, 2016, 2017, 2018 e 2019), nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná, pela empresa Biotrigo Genética. Os 266 ensaios foram conduzidos no delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. Foram calculadas estatísticas de precisão experimental, coeficientes de correlação parcial entre esses quatro caracteres e utilizada a metodologia de Vencovsky et al. (1988) para o estudo do progresso genético. A precisão experimental em ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio é similar. De acordo com a herdabilidade, valor do teste F para genótipo, acurácia seletiva e coeficiente de repetibilidade, 95,86% dos ensaios de competição de genótipos de trigo apresenta precisão alta ou muito alta. Contudo, 1,13% dos ensaios poderiam ser descartados, em razão da insuficiência na precisão experimental. Há relações lineares entre caracteres produtivos e proteína em grãos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio. Os genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio apresentam correlação negativa entre a produtividade de grãos e a proteína nos grãos. Os genótipos de trigo de ciclo médio apresentam ausência de correlação entre produtividade de grãos e a proteína nos grãos. A seleção de genótipos de maior produtividade de grãos e peso do hectolitro pode ser realizada indiretamente por meio do peso de mil grãos. O progresso genético de trigo de ciclo precoce foi de 2,52% ano⁻¹ para a PROD, -0,13% ano⁻¹ para o PMG, 0,68% ano⁻¹ para o PH e 0,48% ano⁻¹ para a PROT. O progresso genético de trigo de ciclo tardio foi de 4,24% ano⁻¹ para a PROD, -0,10% ano⁻¹ para o PMG, -0,65% ano⁻¹ para o PH e 0,44% ano⁻¹ para a PROT. Houve ganho genético para a PROD e PROT e perda genética para o PMG nos genótipos de ciclos precoce e tardio. Houve ganho genético para o PH dos genótipos de ciclo precoce e perda genética para os genótipos de ciclo tardio.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L., produtividade de grãos, peso de mil grãos, peso do hectolitro, proteína dos grãos.

ABSTRACT

Experimental precision, linear relationships and genetic progress in early, medium and late cycle wheat traits in southern Brazil

AUTHOR: Vinicius Severo Trivisioi
ADVISOR: Alberto Cargnelutti Filho

The objectives of this work were to evaluate the experimental precision of grain productivity, verify whether there are linear relationships between productive traits and grain protein and evaluate the genetic progress of grain productivity, in competition trials of wheat genotypes from early, medium and late cycles, conducted in the states of Rio Grande do Sul and Paraná. Data on the following productive traits were used: grain productivity (PROD, in kg ha⁻¹), weight of a thousand grains (TGW, in g) and hectoliter weight (HW, in kg hL⁻¹) and grain protein (PROT, in %). These data were obtained in 106 trials with early-cycle, 36 medium-cycle and 124 late-cycle genotypes, conducted over five years (2015, 2016, 2017, 2018 and 2019), in the states of Rio Grande do Sul and Paraná, by company Biotrigo Genética. The 266 trials were conducted in a randomized block design, with four replications. Experimental precision statistics and partial correlation coefficients between these four traits were calculated and the methodology of Vencovsky et al. (1988) for the study of genetic progress. The experimental precision in competition trials of wheat genotypes from early, medium and late cycles is similar. According to heritability, F test value for genotype, selective accuracy and repeatability coefficient, 95.86% of wheat genotype competition trials present high or very high precision. However, 1.13% of the trials could be discarded, due to insufficient experimental precision. There are linear relationships between productive traits and protein in wheat grains from early, medium and late cycles. Wheat genotypes from early and late cycles show a negative correlation between grain productivity and grain protein. Medium cycle wheat genotypes show no correlation between grain productivity and grain protein. The selection of genotypes with higher grain productivity and hectoliter weight can be carried out indirectly through the weight of a thousand grains. The genetic progress of early cycle wheat was 2.52% year⁻¹ for PROD, -0.13% year⁻¹ for TGW, 0.68% year⁻¹ for HW and 0.48% year⁻¹ for PROT. The genetic progress of late cycle wheat was 4.24% year⁻¹ for PROD, -0.10% year⁻¹ for TGW, -0.65% year⁻¹ for HW and 0.44% year⁻¹ for PROT. There was genetic gain for PROD and PROT and genetic loss for TGW in early and late cycle genotypes. There was a genetic gain for the HW of the early cycle genotypes and genetic loss for the late cycle genotypes.

Keywords: *Triticum aestivum* L., grain productivity, thousand grain weight, hectoliter weight, grain protein.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I – PRECISÃO EXPERIMENTAL EM ENSAIOS DE COMPETIÇÃO DE GENÓTIPOS DE TRIGO NOS ESTADOS DO RIO GRANDE DO SUL E PARANÁ

FIGURA 1 - Representação geográfica dos 30 locais de condução dos ensaios de competição de genótipos de trigo durante cinco anos, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil. Municípios do estado do Rio Grande do Sul: 1 - Boa Vista do Cadeado, 2 - Cachoeira do Sul, 3 - Ciríaco, 4 - Condor, 5 - Coxilha, 6 - Ernestina, 7 - Ijuí, 8 - Passo Fundo, 9 - Santa Rosa, 10 - Santo Augusto, 11 - São Luiz Gonzaga e 12 - Vacaria; Municípios do estado do Paraná: 1 - Apucarana, 2 - Arapongas, 3 - Arapuã, 4 - Assaí, 5 - Astorga, 6 - Campo Mourão, 7 - Cascavel, 8 - Castro, 9 - Guarapuava, 10 - Ivaiporã, 11 - Mauá da Serra, 12 - Pinhão, 13 - Pitangueiras, 14 - Ponta Grossa, 15 - Santa Izabel do Oeste, 16 - Tamarana, 17 - Tibagi e 18 - Toledo.30

CAPÍTULO II – CORRELAÇÕES PARCIAIS ENTRE CARACTERES PRODUTIVOS E PROTEÍNA EM GRÃOS DE TRIGO

FIGURA 1 - Representação geográfica dos 28 locais de condução dos ensaios de competição de genótipos de trigo durante cinco anos, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil. Municípios do estado do Rio Grande do Sul: 1 - Boa Vista do Cadeado, 2 - Ciríaco, 3 - Condor, 4 - Coxilha, 5 - Ernestina, 6 - Ijuí, 7 - Passo Fundo, 8 - Santa Rosa, 9 - Santo Augusto, 10 - São Luiz Gonzaga e 11 - Vacaria. Municípios do estado do Paraná: 1 - Apucarana, 2 - Arapongas, 3 - Arapuã, 4 - Assaí, 5 - Astorga, 6 - Campo Mourão, 7 - Cascavel, 8 - Castro, 9 - Guarapuava, 10 - Ivaiporã, 11 - Pinhão, 12 - Pitangueiras, 13 - Ponta Grossa, 14 - Santa Izabel do Oeste, 15 - Tamarana, 16 - Tibagi e 17 - Toledo.46

FIGURA 2 - Gráficos de dispersão entre a produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), em genótipos de trigo de ciclo precoce (n = 4330 observações)48

FIGURA 3 - Gráficos de dispersão entre a produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), em genótipos de trigo de ciclo médio (n = 2497 observações).49

FIGURA 4 - Gráficos de dispersão entre a produtividade de grãos (PROD, kg ha ⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL ⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), em genótipos de trigo de ciclo tardio (n = 4714 observações).	50
FIGURA 5 - Diagrama de correlação parcial entre produtividade de grãos (PROD, kg ha ⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL ⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), e em genótipos de trigo de ciclo precoce (n = 4330 observações).	51
FIGURA 6 - Diagrama de correlação parcial entre produtividade de grãos (PROD, kg ha ⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL ⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), e em genótipos de trigo de ciclo médio (n = 2497 observações).	52
FIGURA 7 - Diagrama de correlação parcial entre produtividade de grãos (PROD, kg ha ⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL ⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), e em genótipos de trigo de ciclo tardio (n = 4714 observações).	51

CAPÍTULO III – PROGRESSO GENÉTICO DE TRIGO DE CICLOS PRECOCE E TARDIO NOS ESTADOS DO RIO GRANDE DO SUL E PARANÁ

FIGURA 1 - Representação geográfica dos 30 locais de condução dos ensaios de competição de genótipos de trigo durante cinco anos, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil. Municípios do estado do Rio Grande do Sul: 1 - Boa Vista do Cadeado, 2 - Cachoeira do Sul, 3 - Ciríaco, 4 - Condor, 5 - Coxilha, 6 - Ernestina, 7 - Ijuí, 8 - Passo Fundo, 9 - Santa Rosa, 10 - Santo Augusto, 11 - São Luiz Gonzaga e 12 - Vacaria. Municípios do estado do Paraná: 1 - Apucarana, 2 - Araçongas, 3 - Arapuã, 4 - Assaí, 5 - Astorga, 6 - Campo Mourão, 7 - Cascavel, 8 - Castro, 9 - Guarapuava, 10 - Ivaiporã, 11 - Mauá da Serra, 12 - Pinhão, 13 - Pitangueiras, 14 - Ponta Grossa, 15 - Santa Izabel do Oeste, 16 - Tamarana, 17 – Tibagi e 18 - Toledo.	61
--	----

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I – PRECISÃO EXPERIMENTAL EM ENSAIOS DE COMPETIÇÃO DE GENÓTIPOS DE TRIGO NOS ESTADOS DO RIO GRANDE DO SUL E PARANÁ

- TABELA 1 - Anos, locais e número de ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, conduzidos durante cinco anos, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil.....31
- TABELA 2 - Mínimo, percentil 5%, média, mediana, percentil 95%, máximo, desvio padrão e coeficiente de variação (CV) das estatísticas de precisão experimental da produtividade de grãos entre 106 ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclo precoce, conduzidos nos anos de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil. 34
- TABELA 3 - Mínimo, percentil 5%, média, mediana, percentil 95%, máximo, desvio padrão e coeficiente de variação (CV) das estatísticas de precisão experimental da produtividade de grãos entre 36 ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclo médio, conduzidos nos anos de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil. 34
- TABELA 4 - Mínimo, percentil 5%, média, mediana, percentil 95%, máximo, desvio padrão e coeficiente de variação (CV) das estatísticas de precisão experimental da produtividade de grãos entre 124 ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclo tardio, conduzidos nos anos de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil. 35
- TABELA 5 - Média das estatísticas de precisão experimental da produtividade de grãos entre ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, conduzidos nos anos de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil. 36
- TABELA 6 - Número (NE) e percentagem (PE) de ensaios de acordo com os limites das classes das estatísticas de precisão experimental em relação à produtividade de grãos em ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, nos anos de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil....37

CAPÍTULO III – PROGRESSO GENÉTICO DE TRIGO DE CICLOS PRECOCE E TARDIO NOS ESTADOS DO RIO GRANDE DO SUL E PARANÁ

TABELA 1 - Anos, locais e número de ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio, conduzidos durante cinco anos, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil	62
TABELA 2 - Taxas de inclusão (I), exclusão (E), manutenção (M) e renovação (R) de genótipos avaliados nos ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio no período de 2015 a 2019 nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná em relação aos caracteres produtividade de grãos, peso de mil grãos, peso do hectolitro e proteína dos grãos.....	65
TABELA 3 - Médias da produtividade de grãos (PROD), peso de mil grãos (PMG), peso do hectolitro (PH) e proteína dos grãos (PROT), de genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio, avaliados no período de 2015 a 2019 nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná.	66
TABELA 4 - Ganho genético em cada biênio e balanço do ganho genético do período de 2015 a 2019 para a produtividade de grãos (PROD, kg ha ⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL ⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), de genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio, avaliados nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná.....	67

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	14
1.1 JUSTIFICATIVA	15
1.2 OBJETIVO	16
1.2.1 Objetivo geral	16
1.2.2 Objetivo específico	16
2. REVISÃO DE LITERATURA	16
2.1 TRIGO	16
2.2 PRECISÃO EXPERIMENTAL	17
2.3 RELAÇÕES LINEARES	19
2.4 PROGRESSO GENÉTICO	20
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA	22
4. CAPÍTULO 1: PRECISÃO EXPERIMENTAL EM ENSAIOS DE COMPETIÇÃO DE GENÓTIPOS DE TRIGO NOS ESTADOS DO RIO GRANDE DO SUL E PARANÁ ..	26
INTRODUÇÃO	28
MATERIAL E MÉTODOS	29
RESULTADO E DISCUSSÃO	33
CONCLUSÃO	38
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA	39
5. CAPÍTULO 2: CORRELAÇÕES PARCIAIS ENTRE CARACTERES PRODUTIVOS E PROTEÍNA EM GRÃOS DE TRIGO	42
INTRODUÇÃO	44
MATERIAL E MÉTODOS	45
RESULTADO E DISCUSSÃO	47
CONCLUSÃO	54
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA	54
6. CAPÍTULO 3: PROGRESSO GENÉTICO DE TRIGO DE CICLOS PRECOCE E TARDIO NOS ESTADOS DO RIO GRANDE DO SUL E PARANÁ	57
INTRODUÇÃO	59
MATERIAL E MÉTODOS	60
RESULTADO E DISCUSSÃO	64
CONCLUSÃO	68
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA	69
7. CONSIDERAÇÕES FINAIS	72

1. INTRODUÇÃO

O Brasil contribui com 10,4 milhões de toneladas de grãos de trigo na produção mundial, com destaque para a região Sul (Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul), responsável por 90% da produção nacional, sendo o estado de maior produção o Rio Grande do Sul (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2023, p. 7). As características genéticas, condições edafoclimáticas e técnicas de cultivo podem diferenciar o crescimento e o desenvolvimento da planta além da expressão dos componentes de produção e qualidade de grãos (DENCIC et al., 2011).

No planejamento experimental, deve-se tomar cuidado com o tamanho de parcela, que é uma das formas de aumentar a precisão experimental e as informações obtidas, o que possibilita o pesquisador maximizar a utilização de recursos (SILVA et al., 2012). Benin et al. (2013) relatam que os erros na identificação da superioridade de um genótipo, em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), resultantes da precisão experimental insuficiente ou do uso de medidas de precisão inadequadas, repercutem na má avaliação da espécie cultivada. Os resultados do VCU são usados para a inscrição de novas cultivares no Registro Nacional de Cultivares, no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (RNC-Mapa) e pelos órgãos de assistência técnica para a indicação técnica de cultivares.

O estudo das relações lineares entre variáveis é uma alternativa para auxiliar os programas de melhoramento na seleção de caracteres. As metodologias que podem ser utilizadas para esse tipo de análise são as correlações lineares de Pearson (NOGUEIRA et al., 2012), pelos coeficientes de efeitos direto e indireto da análise de trilha (VESOHOSKI et al., 2011) e ainda pelas correlações canônicas (CRUZ, CARNEIRO e REGAZZI, 2014). Essas metodologias são utilizadas para destacar múltiplos caracteres de seleção para os genótipos. Ainda é possível determinar um genótipo que apresenta possibilidade de ganho baixo ou moderado da seleção indireta.

O melhoramento genético é um processo de grande importância para as culturas, sendo que, torná-lo mais eficiente, em cada uma de suas etapas, é um dos objetivos dos melhoristas. Para isso, planejar um experimento de forma adequada é primordial. Além das relações dos progressos gênicos para descobrir e demarcar alguns caracteres, que determinam diferenças no potencial de rendimento de trigo entre regiões de VCU, é decorrente da adaptação diferencial dos genótipos às variações edafoclimáticas, locais, épocas de semeadura e anos de avaliação (FRANCESCHI et al., 2010; SILVA et al., 2011; BENIN et al., 2012).

1.1 JUSTIFICATIVA

A cultura do trigo vem mantendo uma linearidade de produção, anos com uma maior área e outros com menor área, esse efeito ocorre devido a flutuação de preço da cultura. Acrescenta-se ainda que além do alto custo de produção, tem-se a concorrência da produção de milho safrinha em um sistema soja-milho. Com isso, o trabalho de empresas de melhoramento na busca de cultivares mais produtivas é primordial, isso aumenta a produção vertical reduzindo a relação custo-produção. Logo, para a confirmação e lançamento desta novas cultivares necessita de confiabilidade de dados e com uma alta precisão experimental.

Em experimentos que normalmente requerem grandes áreas para a sua execução, devem ser bem dimensionados para ter o máximo de aproveitamento da área experimental. A determinação do número ideal de repetições tem importância para manter um experimento bem dimensionado, bem como o tamanho ideal das parcelas para realizar as avaliações, resultando dados com o mesmo grau de confiabilidade e otimizando a área experimental. É possível avaliar se os experimentos foram realizados de maneira confiável utilizando-se estatísticas de precisão experimental.

Assim, a atualização de quais estatísticas para avaliar a precisão experimental e qual a mais indicada para algumas variáveis produtivas de trigo têm importância para a cultura e para os pesquisadores. Além do fato de não se ter relatos sobre a precisão experimental em diferentes ciclos produtivos da cultura.

Acrescenta-se ainda que, as relações lineares permitem identificar associação entre características, pois revela o sentido e o grau entre as variáveis aleatórias. Essas análises permitem entender as associações de causa e efeito, tanto diretos quanto os indiretos, auxiliando na escolha de caracteres para a seleção no melhoramento genético.

Outra importância desse estudo é identificar os progressos genéticos nos genótipos avaliados no estudo. Embora tendo dados de apenas cinco anos, pode-se encontrar resultados positivos e altos para os genótipos de trigo. Assim, a realização do progresso genético de forma precoce nos genótipos, aumenta a velocidade na identificação de genótipos com as características desejadas pelo programa de melhoramento a qual foi submetida.

1.2 OBJETIVO

1.2.1 OBJETIVO GERAL

O objetivo deste trabalho será avaliar a precisão experimental, identificar e quantificar as relações lineares e o progresso genético para produtividade de grãos, teor de proteína, peso do hectolitro e massa de mil grãos na cultura do trigo com diferentes ciclos produtivos e cultivados nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná.

1.2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Avaliar a adequação de estatísticas para medir o grau de precisão experimental, em ensaios de competição de genótipos trigo, considerando-se as variáveis: produtividade de grãos, teor de proteína, peso do hectolitro e massa de mil grãos.
- Avaliar os efeitos dos ciclos da cultura do trigo (precoce, médio e tardio) na precisão experimental.
- Identificar relações lineares entre produtividade de grãos, teor de proteína, peso do hectolitro e massa de mil grãos em genótipos de trigo avaliadas nos três estados da região Sul do Brasil.
- Identificar o progresso genético em genótipos de trigo, conduzidos nos estados da Rio Grande do Sul e Paraná.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 TRIGO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é um dos cereais mais produzidos no mundo, principalmente pela grande demanda de seus derivados, que se destacam na produção de diferentes tipos de farinhas (PINNOW et al., 2013). A produção de trigo no Brasil é em torno de 10.429,7 mil toneladas, sendo o estado de maior produção o Rio Grande do Sul (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2023, p. 7). O crescimento e o desenvolvimento da planta podem ser influenciados pelas características genéticas, condições edafoclimáticas e técnicas de cultivo, além de poder induzir diferentes expressões dos componentes de produção e qualidade de grãos (DENCIC et al., 2011).

O desempenho das cultivares de trigo pode ser afetado quando cultivadas em diferentes condições ambientais, resultando em diferenças expressivas, assim como o potencial de produtividade de grãos que depende de fatores genéticos e ambientais, bem como da interação entre ambos (YAN e HOLLAND, 2010). O termo ambiente (época de semeadura, ano, solo e práticas culturais) pode ser definido como o resultado dos componentes biofísicos que influenciam o desenvolvimento e o crescimento das plantas (SILVA et al., 2010).

A distinção de cultivares bem adaptadas e estáveis a determinadas épocas de semeadura é obtida a partir de ferramentas estatísticas-biométricas que não subestimem ou superestimem o efeito do ambiente sobre a produtividade de grãos. O método de modelos mistos (REML/BLUP) resultou em uma boa estimação simultânea dos parâmetros genéticos e valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro (RESENDE et al., 2001). Assim, ao acrescentar o efeito aleatório, a interação genótipo x ambiente não é subestimada (YANG, 2007).

A baixa eficiência na análise da interação genótipo por ambiente ($G \times A$) pode representar problemas aos melhoristas, por reduzir a precisão de seleção de um ambiente para outro (PELUZIO et al., 2012). Para tanto, o principal objetivo de um programa de melhoramento é selecionar genótipos com produtividade elevada e consistente, verificada em diversos ambientes.

A caracterização dos subperíodos vegetativo e reprodutivo do ciclo de desenvolvimento das culturas é muito importante, por que existe relação direta com a produtividade de grãos, como diferenças nas taxas de acúmulo de fotoassimilados a serem translocados para o enchimento de grãos, além de que uma fase reprodutiva longa aumenta o tempo desta translocação para o enchimento dos grãos (HEINEMANN et al., 2006).

Em um estudo realizado por Walter et al. (2009), os autores observaram que a diferença em cultivares de trigo de ciclo precoce e ciclo tardio estava na fase vegetativa da cultura, sendo a fase reprodutiva igual para ambas. Confirmando que esses resultados foram uma estratégia utilizada nos programas de melhoramento do trigo para a manutenção dos ciclos reprodutivos no desenvolvimento das plantas de trigo.

2.2 PRECISÃO EXPERIMENTAL

Dentro do planejamento experimental é importante fazer à escolha adequada do delineamento experimental, do número de repetições, do tamanho e forma da parcela. Cargnelutti Filho et al. (2023)

observaram em seu estudo, que a escolha do tamanho ideal de parcela, a precisão experimental estabilizada a partir deste tamanho. Além de adequar os manejos de pragas, doenças e plantas daninhas, pois são procedimentos indispensáveis para a execução de ensaios com precisão experimental de magnitude aceitável (STEEL et al., 1997; RAMALHO et al., 2012).

No estudo realizado por Resende e Duarte (2007), os valores da estatística F (de Snedecor), para os efeitos de tratamentos na análise da variância, obtiveram similaridade com o teste de acurácia seletiva. Segundo estes autores, para se atingir uma acurácia seletiva maior ou igual a 90%, ou seja, coeficiente de determinação de 81%, os valores de F para cultivares devem ser iguais ou superiores a 5,26. Por conseguinte, podendo ser um valor de referência para os experimentos de avaliação de VCU.

O coeficiente de variação (CV%) é utilizado como uma medida da precisão experimental. Acrescenta-se, ainda, que o CV% é uma estatística que identifica a relação entre o desvio padrão residual e a média do experimento. Assim, representa a precisão experimental, utilizado para medir a precisão experimental. Quanto menor for a estimativa do CV%, maior será a precisão do experimento e vice-versa (STEEL et al., 1997; CARGNELUTTI FILHO e STORCK, 2007). Segundo estes mesmo autores, os experimentos que estão sob condições específicas, as estatísticas CV e diferença mínima significativa (DMS) indicam uma maior precisão (maior qualidade) experimental.

Existe uma classificação do CV%, sugerida por Lúcio, Storck e Banzatto (1999), que auxiliam elucidar se os valores são altos ou baixos, para cada característica da cultura, facilitando a indicação da qualidade de experimentos quanto à precisão experimental. Para avaliar a precisão experimental pode-se utilizar também o coeficiente de herdabilidade (CRUZ; CARNEIRO e REGAZZI, 2014), a acurácia seletiva, a relação entre os coeficientes de variação genético e experimental, o valor do teste F e o índice de diferenciação de Fasoulas (FASOULAS, 1983). Cargnelutti Filho et al. (2018), evidenciaram que o uso do índice de diferenciação de Fasoulas é uma boa alternativa para se avaliar a precisão experimental em ensaios de competição de genótipos

A herdabilidade, coeficiente de determinação, valor do teste F para cultivar e índice de diferenciação de Fasoulas foram estatísticas, que foram confirmados por Cargnelutti Filho e Storck (2007), como uma boa alternativa para se avaliar a precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho.

Ribeiro et al. (2017) observaram que, para o rendimento de grãos, é mais promissor o uso da AS para avaliar a precisão experimental. Benin et al. (2013) concluíram que para diferentes regiões de adaptação, as estatísticas acurácia seletiva, coeficiente de determinação, coeficiente de herdabilidade e

coeficiente de repetibilidade são adequadas para avaliar a precisão experimental em ensaios de competição de genótipos de trigo.

2.3 RELAÇÕES LINEARES

A correlação linear de Pearson é uma das mais utilizadas para identificar associação entre variáveis, pois revela o sentido e o grau da associação linear entre essas (NOGUEIRA et al., 2012). Contudo, a quantificação e interpretação do sentido e magnitude das relações lineares podem ser errôneas para a estratégia de seleção, porque uma parte ou um grupo de variáveis podem interferir na resposta (CRUZ, CARNEIRO e REGAZZI, 2014).

A análise de trilha tem sido amplamente utilizada com o objetivo de mitigar possível viés causado pelo efeito de outras variáveis da correlação linear. Essa análise permite entender as associações de causa e efeito, tanto os efeitos diretos quanto os indiretos. A seleção indireta por características, como a medição mais fácil e alta herdabilidade que estão associadas à variável dependente, permitiu ganhos genéticos mais rápidos em relação ao uso da seleção direta (VESOHOSKI et al., 2011; CRUZ, CARNEIRO e REGAZZI, 2014). Santos et al. (2014) destacam que múltiplos caracteres de seleção podem ser usados para identificar de um genótipo superior, quando um determinado genótipo mostra possibilidade de ganho baixo ou moderado da seleção indireta.

As variáveis em estudo podem ser afetadas pelos efeitos de multicolinearidade, se for observado um alto grau de multicolinearidade procederá com uma análise de trilha sobre essa multicolinearidade. A multicolinearidade ocorre quando são correlacionadas suas combinações lineares ou as observações amostrais das variáveis (MATSUO, 1986; FERRARI, 1989). Carvalho (1995, p.163), relata que em presença de multicolinearidade, as variâncias associadas aos estimadores dos coeficientes de trilha podem atingir valores demasiadamente elevados, tornando-os pouco confiáveis. Além disso, as estimativas dos parâmetros podem assumir valores absurdos ou sem nenhuma coerência com o fenômeno biológico estudado.

As correlações parciais são uma alternativa utilizada para reduzir os equívocos causados nas análises envolvendo duas variáveis pelos coeficientes das correlações simples (CRUZ, CARNEIRO e REGAZZI, 2014). Segundo estes autores, as correlações parciais isolam a análise da associação em estudo afastando os efeitos de outras variáveis.

2.4. PROGRESSO GENÉTICO

A cultura do trigo possui ganhos genéticos variados entre as diversas regiões produtoras. Nos Estados Unidos foi obtido 0,8% ano⁻¹, entre os anos de 1980 e 2010 (GRAYBOSCH et al., 2014). Qin et al. (2015), na China obtiveram ganho de 1,29% ano⁻¹, entre os anos de 1950 e 2015. Acrescenta-se ainda que outros países apresentaram ganhos genéticos durante seus anos de pesquisa na cultura do trigo como: Espanha com 0,88% ano⁻¹ (SANCHEZ-GARCIA et al., 2013) e Argentina com 1,17% ano⁻¹ (Lo VALVO et al., 2017). Aisawi et al. (2015) obtiveram ganho genético de 0,59% ano⁻¹ (30 kg ha⁻¹ ano⁻¹), utilizando dados de cultivares do CIMMYT, lançadas entre 1966 e 2009.

No Brasil, há poucos estudos sobre o ganho genético para a cultura do trigo. Estes estudos envolveram diferentes metodologias de avaliação, períodos dentro do melhoramento da cultura no país, diferentes regiões geográficas e obtiveram diferenças significativas nos resultados. Follmann et al. (2017), no período de 2002 a 2013, relataram um ganho genético médio, em cultivares de trigo, de 2,86% ano⁻¹, tendo avaliado cultivares lançadas a partir de 1980, em 12 anos de estudos de ensaio de cultivares realizada em 23 municípios do Rio Grande do Sul.

Em dados de cultivares desenvolvidas desde o princípio do melhoramento de trigo no Brasil (1940) até 2009, foi obtido ganho de 29 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (0,92% ano⁻¹) (BECHE et al., 2014). Entretanto, estes mesmos autores, não encontraram ganhos genéticos significativos para cultivares lançadas entre 1999 e 2009. Por outro lado, outros estudos mostraram resultados intermediários a estes. Rodrigues et al. (2007) indicaram ganhos de 44,9 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (1,54% ano⁻¹) para cultivares lançadas entre 1940 e 1992, para a região Sul do Brasil. Já Cargnin et al. (2009), obtiveram valores de 37 kg ha⁻¹ ano⁻¹ entre o período de 1976 a 2005, para a região Central do Brasil.

Entretanto, a demanda por alimento para este século é muito maior em relação a estes ganhos genéticos observados. Nesse sentido, Lo Valvo et al. (2017) propuseram que cultivares argentinas, lançadas após 1999, apresentaram ganho genético de apenas 14 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (0,18% ano⁻¹). Esse platô nos ganhos genéticos foi observado por Graybosch e Peterson (2010), onde constataram a estagnação do ganho nas Grandes Planícies dos Estados Unidos, entre os anos de 1984 e 2008.

Acrescenta-se, ainda, que não foi apenas na cultura do trigo que apresentou este efeito, mas também tem sido observada em outras culturas, tais como: arroz (PENG et al., 1999; CASSMAN et al., 2003; PENG et al., 2010; LI et al., 2016) e milho (HAWKINS et al., 2012; LI et al., 2016). Brisson et al.

(2010) na região da França, identificaram que as mudanças climáticas influenciaram e contrabalancearam os ganhos genéticos na cultura do trigo, a partir dos anos 1990, em especial pelo estresse por calor.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AISAWI, K. A. B. et al. The physiological basis of the genetic progress in yield potential of CIMMYT spring wheat cultivars from 1966 to 2009. **Crop Science**, v. 55, n. 4, p. 1749-1764, 2015.

BECHE, E. et al. Genetic gain in yield and changes associated with physiological traits in Brazilian wheat during the 20th century. **European Journal of Agronomy**, v. 61, p. 49-59, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.eja.2014.08.005>

BENIN, G. et al. Análises biplot na avaliação de cultivares de trigo em diferentes níveis de manejo. **Bragantia**, v. 71, n.1, p. 28-36, 2012. DOI: 10.1590/S0006-87052012000100005.

BENIN, G. et al. Precisão experimental de ensaios de trigo em regiões homogêneas de adaptação. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 4, p. 365-372, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013000400003>

BUTT, M. S. et al. Development of predictive models for end-use quality of spring wheats through canonical analysis. **International Journal of Food Science and Technology**, v. 36, n. 4, p. 433-440, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1365-2621.2001.00477.x>.

BRISSON, N. et al. Why are wheat yields stagnating in Europe. A comprehensive data analysis for France. **Field Crops Research**, v. 119, n. 1, p. 201-212, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2010.07.012>

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 1, p. 17-24, 2007.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 2, p. 111-117, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009000200001>.

CARGNELUTTI FILHO, A. et al. Number of replicates and experimental precision statistics in corn. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 11, p. 1213-1221, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018001100003>

CARGNELUTTI FILHO, A. et al. Tamanho ótimo de parcela em trigo com comparação de três métodos. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 54, p. e20218267, 2023. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20230012>

CARGNIN, A. et al. Genetic and environmental contributions to increased wheat yield in Minas Gerais, Brazil. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 3, p. 317-322, 2009.

CARVALHO, Samuel Pereira de. **Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção, sob multicolinearidade**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1995.

CASSMAN, K. G. et al. Meeting cereal demand while protecting natural resources and improving environmental quality. **Annual Review of Environment and Resources**, v. 28, n.1, p. 315-358, 2003.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Análise mensal de julho: Trigo**. Brasília, 2023. p. 7.

CRUZ, C. D. **Programa Genes - Ampliado e integrado aos aplicativos R, Matlab e Selegen**. Acta Scientiarum Agronomic [online]. v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, v. 2, p. 688, 2014.

DENCIC, S.; MLADENOV, N.; KOBILJSKI, B. Effects of genotype and environment on breadmaking quality in wheat. **International Journal of Plant Production**, v. 5, n. 1, p. 71-82, 2011.

ERAYMAN, M. et al. Evaluation of seedling characteristics of wheat (*Triticum aestivum* L.) through canonical correlation analysis. **Cereal Research Communications**, v. 34, n. 4, p. 1231-1238, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1556/CRC.34.2006.4.263>.

FASOULAS, A. C. Rating cultivars and trials in applied plant breeding. **Euphytica**, v. 32, n. 3, p. 939-943, 1983.

FERRARI, Fernando. **Estimadores viesados para modelos de regressão em presença de multicolinearidade**. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de São Paulo, Piracicaba, 1989.

FOLLMANN, D. N. et al. Genetic progress in homogeneous regions of wheat cultivation in Rio Grande do Sul State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 1-9. 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16019517>

FRANCESCHI, L. et al. Métodos para análise de adaptabilidade e estabilidade em cultivares de trigo no Estado do Paraná. **Bragantia**, v. 69, n. 4, p. 797-805, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052010000400004>.

GRAYBOSCH, R. A.; PETERSON, C. J. Genetic improvement in winter wheat yields in the Great Plains of North America, 1959–2008. **Crop Science**, v. 50, n. 5, p. 1882-1890, 2010. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2009.11.0685>.

GRAYBOSCH, R. et al. Wheat. In: J. Specht, B. Carver, editors, Yield Gains in Major U.S. **Field Crops**, CSSA Spec. Publ. 33. ASA, CSSA, and SSSA, Madison, WI. p. 459-488. 2014. DOI: <https://doi.org/10.2135/cssaspecpub33.c16>

HAWKINS, E. et al. Increasing influence of heat stress on French maize yields from the 1960s to the 2030s. **Global Change Biology**, v. 19, n. 3, p. 937-947, 2013.

HEINEMANN, A. B. et al. Eficiência de uso da radiação solar na produtividade do trigo decorrente da adubação nitrogenada. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 10, n. 2, p. 352-356, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1415-43662006000200015>

LI, X. et al. Patterns of cereal yield growth across China from 1980 to 2010 and their implications for food production and food security. **PLOS One**, v. 11, n. 7, p. e0159061. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0159061>

LO VALVO, P. J., MIRALLES, D. J., SERRAGO, R. A. Genetic progress in Argentine bread wheat varieties released between 1918 and 2011: Changes in physiological and numerical yield components. **Field Crops Research**, v. 221, p. 314-321, 2018. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2017.08.014>

LÚCIO, A. D.; STORCK, L.; BANZATTO, D. A. Classificação dos experimentos de competição de cultivares quanto a sua precisão. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v. 5, n. 1, p. 99-103, 1999.

MATSUO, T. **O uso da regressão de cumeira em experimentos agrônômicos**. Dissertação (Mestre em Agronomia) – Universidade Federal de São Paulo, Piracicaba, 1986.

MATUS, I. et al. Genetic progress in winter wheat cultivars released in Chile from 1920 to 2000. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 72, n. 3, p. 303–308, 2012.

NOGUEIRA, A. P. O. et al. 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.

PENG, S. et al. The importance of maintenance breeding: A case study of the first miracle rice variety-IR8. **Field Crops Research**, v. 119, n. 2, p. 342-347, 2010.

PENG, S. et al. Yield potential trends of tropical rice since the release of IR8 and the challenge of increasing rice yield potential. **Crop Science**, v. 39, n. 6, p. 1552-1559, 1999.

PELUZIO, J. M. et al. Estratificação e dissimilaridade ambiental para avaliação de cultivares de soja no estado de Tocantins. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 3, p. 332-337, 2012.

PINNOW, C. et al. Qualidade industrial do trigo em resposta à adubação verde e doses de nitrogênio. **Bragantia**, v. 72, n. 1, p. 20-28, 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052013005000019>

QIN, M. et al. Bigenic epistasis between QTLs for heading date in rice analyzed using single segment substitution lines. **Field Crops Research**, v. 178, p. 16-25, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2015.03.020>

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3.ed. Lavras: UFLA, 2012. 322 p.

RIBEIRO, N. D. et al. Higher-precision experimental statistics for the selection of early and upright common bean lines. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 42, p. e42725, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v42i1.42725>

RODRIGUES, O. et al. Fifty years of wheat breeding in Southern Brazil: yield improvement and associated changes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 6, p. 817-825, 2007.

SANCHEZ-GARCIA, M. et al. Genetic improvement of bread wheat yield and associated traits in Spain during the 20th century. **The Journal of Agricultural Science**, v. 151, n. 1, p. 105-118, 2013.

SANTOS, A. et al. Correlations and path analysis of field components in cowpea. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, n. 2, p. 82-87, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332014v14n2a15>.

SILVA, R. R. et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de trigo em diferentes épocas de semeadura, no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n.11 p. 1439-1447, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2011001100004>.

SILVA, L. F. de O. et al. Tamanho ótimo de parcela para experimentos com rabanetes. **Revista Ceres**, v. 59, n. 5, p. 624-629, 2012.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3.ed. New York: McGraw Hill Book, p. 666, 1997.

TOEBE, M.; CARGNELUTTI FILHO, A. Não normalidade multivariada e multicolinearidade na análise de trilha em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 5, p. 466-477, 2013.

VENCOVSKY, R. et al. Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 9., 1986, Sete Lagoas. **Anais...** Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, p.300-307. 1986.

VESOHOSKI, F. et al. Componentes do rendimento de grãos em trigo e seus efeitos diretos e indiretos na produtividade. **Revista ceres**, v. 58, n. 3, p. 337-341, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2011000300014>.

WALTER, L. C. et al. Desenvolvimento vegetativo e reprodutivo de cultivares de trigo e sua associação com a emissão de folhas. **Ciência Rural**, v. 39, n. 8, p. 2320-2326, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782009005000169>

YANG, R. C. Mixed-model analysis of crossover genotypeenvironment interactions. **Crop Science**, v. 47, n. 3, p. 1051-1062, 2007.

YAN, W.; HOLLAND, J. B. A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. **Euphytica**, v. 171, n. 3, p. 355-369, 2010.

4 CAPÍTULO I

PRECISÃO EXPERIMENTAL EM ENSAIOS DE COMPETIÇÃO DE GENÓTIPOS DE TRIGO NOS ESTADOS DO RIO GRANDE DO SUL E PARANÁ

Precisão experimental em ensaios de competição de genótipos de trigo nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná

RESUMO - O planejamento experimental é de suma importância para a realização de ensaios com precisão experimental de magnitude aceitável. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar a precisão experimental em ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio conduzidos nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná. Foram utilizados os dados de produtividade de grãos obtidos em 106 ensaios com genótipos de ciclo precoce, 36 de ciclo médio e 124 de ciclo tardio, conduzidos durante cinco anos (2015, 2016, 2017, 2018 e 2019), nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná. Os 266 ensaios foram conduzidos no delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. Para cada ensaio foram calculadas estatísticas de precisão experimental. Foram calculadas medidas de tendência central e variabilidade das estatísticas e a frequência de ensaios em cada classe de precisão experimental. A precisão experimental em ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, avaliados nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná, é similar. De acordo com a herdabilidade, valor do teste F para genótipo, acurácia seletiva e coeficiente de repetibilidade, 95,86% dos ensaios de competição de genótipos de trigo apresentam precisão alta ou muito alta. Contudo, 1,13% dos ensaios poderiam ser descartados, em razão da insuficiência na precisão experimental.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L., ciclo da cultura, produtividade de grãos, controle de qualidade.

Experimental precision in wheat genotypes competition trials in the states of Rio Grande do Sul and Paraná

ABSTRACT - Experimental planning is extremely important for carrying out trials with experimental precision of acceptable magnitude. Therefore, the objective of this work was to evaluate the experimental precision in wheat genotypes competition trials from early, medium and late cycles conducted in the states of Rio Grande do Sul and Paraná. Grain productivity data obtained in 106 trials with early-cycle, 36 medium-cycle and 124 late-cycle genotypes, conducted over five years (2015, 2016, 2017, 2018 and 2019) in the states of Rio Grande do Sul and Paraná were used. The 266 trials were conducted in a randomized block design, with four replications. For each trial, experimental precision statistics were calculated. Measures of central tendency and variability of statistics and the frequency of trials in each class of experimental precision were calculated. The experimental precision in wheat genotypes competition trials from early, medium and late cycles evaluated in the states of Rio Grande do Sul and Paraná is similar. According to heritability, F test value for genotype, selective accuracy and repeatability coefficient, 95.86% of wheat genotypes competition trials present high or very high precision. However, 1.13% of the trials could be discarded due to insufficient experimental precision.

Keywords: *Triticum aestivum* L., crop cycle, grain productivity, quality control.

INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é umas das principais fontes energéticas para a alimentação humana e animal, além da sua utilização na produção de fármacos e cosméticos (BORÉM; SCHEEREN, 2015). Assim, a obtenção de genótipos produtivos é imprescindível. Para a identificação destes genótipos superiores é necessário que os experimentos sejam planejados adequadamente, priorizando a obtenção de resultados com alta precisão experimental.

Assim, o planejamento experimental é de suma importância, no qual, definir o delineamento experimental, número de repetições e o tamanho de parcela, além de realizar os tratamentos culturais adequadamente, são procedimentos indispensáveis para a execução de ensaios com precisão experimental de magnitude aceitável (STEEL; TORRIE; DICKY, 1997; PIMENTEL-GOMES, 2009; RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012; STORCK et al., 2016; CARGNELUTTI FILHO et al., 2023).

Para avaliar a precisão experimental existem estatísticas, tais como o coeficiente de variação experimental (CVe) (PIMENTEL-GOMES, 2009; STORCK et al., 2016), o índice de variação (IV) (PIMENTEL-GOMES, 1991) e a diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, em percentagem da média (DMS%) (LÚCIO; STORCK; BANZATTO, 1999). A DMS%, o IV e o CVe, nesta ordem, foram consideradas estatísticas adequadas para avaliar a precisão experimental (CARGNELUTTI FILHO et al., 2014). Esses autores destacaram que a DMS% é a estatística mais apropriada por considerar a média, o número de tratamentos e de repetições.

Quanto menores forem às estimativas do CVe, IV e DMS%, maior será a precisão (maior qualidade) do experimento e vice-versa (PIMENTEL-GOMES, 1991; STEEL; TORRIE; DICKY, 1997; LÚCIO; STORCK; BANZATTO, 1999; CARGNELUTTI FILHO; STORCK, 2007, 2009; PIMENTEL-GOMES, 2009). Limites de classes em relação ao CVe e a DMS% foram estabelecidos para a cultura de trigo (LÚCIO; STORCK; BANZATTO, 1999), permitindo classificar o experimento em muito alta, alta, média, baixa e muito baixa precisão experimental.

Outras estatísticas, tais como o coeficiente de variação genético (CVg) (CRUZ, 2016), o coeficiente de variação relativa (CVr) (CRUZ, 2016), a herdabilidade (h^2) (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), o valor do teste F para genótipo (F) (RESENDE; DUARTE, 2007), a acurácia seletiva (AS) (RESENDE; DUARTE, 2007), o coeficiente de repetibilidade (r) (CRUZ; REGAZZI;

CARNEIRO, 2012) e o índice de diferenciação de Fasoulas (IF) (FASOULAS, 1983) têm sido utilizadas para avaliar a qualidade dos experimentos.

Essas estatísticas foram utilizadas para avaliar a precisão experimental em ensaios de competição de genótipos de milho (CARGNELUTTI FILHO; STORCK, 2007, 2009; CARGNELUTTI FILHO et al., 2018), soja (CARGNELUTTI FILHO; STORCK; RIBEIRO, 2009; STORCK et al., 2010), feijão (CARGNELUTTI FILHO; STORCK; RIBEIRO, 2009; RIBEIRO; STECKLING; MEZZOMO, 2018; RIBEIRO et al., 2020; RIBEIRO; KLÄSENER; SANTOS, 2022), cana-de-açúcar (CARGNELUTTI FILHO; BRAGA JUNIOR; LÚCIO, 2012), arroz irrigado (CARGNELUTTI FILHO et al., 2012) e trigo (BENIN et al., 2013). Esses estudos apontam que quanto maior for o escore dessas estatísticas maior é a precisão experimental.

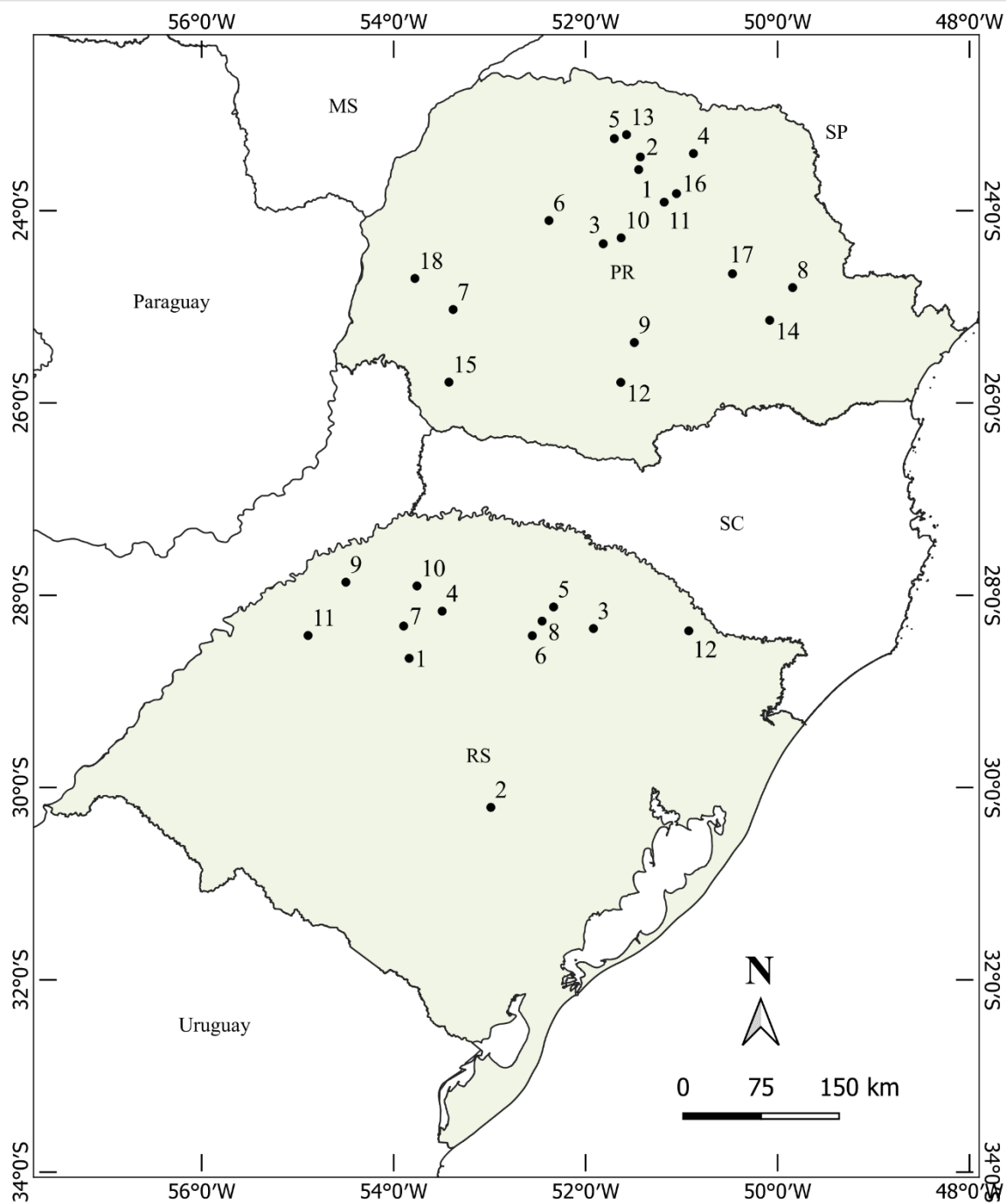
Limites de classes em relação herdabilidade (h^2) (RESENDE; DUARTE, 2007), valor do teste F para genótipo (F) (RESENDE; DUARTE, 2007), acurácia seletiva (AS) (RESENDE; DUARTE, 2007) e coeficiente de repetibilidade (r) (BENIN et al., 2013) foram estabelecidos permitindo classificar o experimento em muito alta, alta, moderada e baixa precisão experimental.

Em um programa de melhoramento de plantas é importante avaliar a qualidade dos experimentos para saber a confiabilidade dos resultados obtidos. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a precisão experimental da produtividade de grãos em ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio avaliados nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados os dados de produtividade de grãos obtidos em 266 ensaios de competição de genótipos de trigo conduzidos durante cinco anos (2015, 2016, 2017, 2018 e 2019) nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná (Figura 1, Tabela 1). Os ensaios foram separados por ciclo, sendo 106 ensaios com genótipos de ciclo precoce, 36 de ciclo médio e 124 de ciclo tardio. A classificação dos genótipos quanto à duração do ciclo de desenvolvimento, a condução dos ensaios e a coleta dos dados foram realizadas pela empresa Biotrigo Genética.

Figura 1. Representação geográfica dos 30 locais de condução dos ensaios de competição de genótipos de trigo durante cinco anos, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil. Municípios do estado do Rio Grande do Sul: 1 - Boa Vista do Cadeado, 2 - Cachoeira do Sul, 3 - Ciríaco, 4 - Condor, 5 - Coxilha, 6 - Ernestina, 7 - Ijuí, 8 - Passo Fundo, 9 - Santa Rosa, 10 - Santo Augusto, 11 - São Luiz Gonzaga e 12 - Vacaria; Municípios do estado do Paraná: 1 - Apucarana, 2 - Arapongas, 3 - Arapuã, 4 - Assaí, 5 - Astorga, 6 - Campo Mourão, 7 - Cascavel, 8 - Castro, 9 - Guarapuava, 10 - Ivaiporã, 11 - Mauá da Serra, 12 - Pinhão, 13 - Pitangueiras, 14 - Ponta Grossa, 15 - Santa Izabel do Oeste, 16 - Tamarana, 17 - Tibagi e 18 - Toledo.



Fonte: elaborada pelos autores (2023).

Tabela 1. Anos, locais e número de ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, conduzidos durante cinco anos, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil.

Local	2015 2016 2017 2018 2019 Total					2015 2016 Total			2015 2016 2017 2018 2019 Total						
	Precoce					Médio			Tardio						
Boa Vista do Cadeado	-	-	-	1	1	2	-	-	-	-	-	-	2	1	3
Cachoeira do Sul	-	-	1	1	-	2	-	-	-	-	-	1	1	-	2
Ciríaco	1	1	2	1	1	6	1	1	2	1	2	4	2	1	10
Condor	1	1	1	1	1	5	1	1	2	1	1	1	1	1	5
Coxilha	2	2	2	1	1	8	2	2	4	2	3	4	2	1	12
Ernestina	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	1	1
Ijuí	1	1	2	-	-	4	1	1	2	1	1	4	-	-	6
Passo Fundo	-	-	1	1	1	3	-	-	-	-	-	2	2	1	5
Santa Rosa	1	1	2	1	1	6	1	1	2	1	2	4	2	1	10
Santo Augusto	-	1	1	1	1	4	-	1	1	-	1	1	1	1	4
São Luiz Gonzaga	1	1	1	1	1	5	1	1	2	1	1	1	1	1	5
Vacaria	1	1	1	1	1	5	1	1	2	1	1	1	1	1	5
Total do RS	8	9	14	10	10	51	8	9	17	8	12	23	15	10	68
Apucarana	1	1	1	1	-	4	1	1	2	1	1	1	-	-	3
Arapongas	1	1	1	1	-	4	1	1	2	1	1	1	1	-	4
Arapuã	-	1	1	-	-	2	-	1	1	-	1	1	-	-	2
Assaí	-	1	1	1	-	3	-	1	1	-	1	1	1	-	3
Astorga	1	1	1	1	-	4	1	1	2	1	1	1	1	-	4
Campo Mourão	-	-	2	2	-	4	-	-	-	-	-	2	2	-	4
Cascavel	-	1	1	1	-	3	-	1	1	-	1	1	1	-	3
Castro	1	1	1	1	-	4	1	1	2	1	1	2	2	-	6
Guarapuava	-	-	1	-	1	2	-	-	-	-	-	2	-	1	3
Ivaiporã	-	1	1	1	-	3	-	1	1	-	1	1	1	-	3
Mauá da Serra	-	-	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	1	-	1
Pinhão	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	1	1
Pitangueiras	1	1	1	1	-	4	1	1	2	1	1	1	1	-	4
Ponta Grossa	-	1	1	1	1	4	-	1	1	-	1	1	1	1	4
Santa Izabel do Oeste	-	1	1	1	-	3	-	1	1	-	1	1	1	-	3
Tamarana	1	1	1	-	-	3	-	1	1	-	1	1	-	-	2
Tibagi	-	1	1	1	-	3	-	1	1	-	1	1	1	-	3
Toledo	-	1	1	1	-	3	-	1	1	-	1	1	1	-	3
Total do PR	6	14	17	15	3	55	5	14	19	5	14	19	15	3	56
Total geral	14	23	31	25	13	106	13	23	36	13	26	42	30	13	124

- ausência de ensaio. Fonte: elaborada pelos autores (2023).

Os 266 ensaios foram conduzidos no delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições, sendo avaliados 169 genótipos ciclo precoce, 95 de ciclo médio e 206 de ciclo tardio. O número de genótipos avaliados por ensaio variou entre 20 e 36 nos ensaios de ciclo precoce, 27 e 44 nos ensaios de ciclo médio e 14 e 44 nos ensaios de ciclo tardio.

As parcelas foram constituídas por sete fileiras de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,17 m entre fileiras, totalizando 5,95 m². Em cada ensaio a semeadura foi realizada com a densidade de 350 sementes m⁻² para todos os genótipos. Os manejos fitossanitários foram realizados para evitar a interferência de estresse biótico no desenvolvimento da cultura.

Na plena maturidade fisiológica, foram colhidas as plantas de cada parcela para avaliar a produtividade de grãos (PROD, em kg ha⁻¹), corrigida a 13% de umidade por meio de secagem dos grãos em um secador de ar forçado (65 °C).

A partir dos dados de PROD foi realizada a análise de variância de cada ensaio e anotadas as seguintes estatísticas: média geral do ensaio (\bar{m} , em kg ha⁻¹), amplitude (A, em kg ha⁻¹) calculada pela diferença entre as médias dos genótipos com maior e menor PROD, quadrado médio de genótipo (QMg), quadrado médio do erro (QMe) e coeficiente de variação experimental, em % [$CVe=100(QMe)^{0.5}/\bar{m}$] (PIMENTEL-GOMES, 2009; STORCK et al., 2016). Foram calculadas as seguintes estatísticas: índice de variação, em % ($IV=CVe/J^{0.5}$) (PIMENTEL-GOMES, 1991), diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, com α de 5% de significância [$DMS=q_{\alpha(g;GLe)}(QMe/J)^{0.5}$], diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, em percentagem da média ($DMS\%=100DMS/\bar{m}$), em que J é o número de repetições, \bar{m} é a média geral do ensaio, g é o número de genótipos e GLe é o número de graus de liberdade do erro (STORCK et al., 2016).

Também foram calculados o coeficiente de variação genético, em % [$CVg=100((QMg-QMe)/J)^{0.5}/\bar{m}$] (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), o coeficiente de variação relativo ($CVr=CVg/CVe$), a herdabilidade [$h^2=(QMg-QMe)/QMg$] e o valor do teste F para genótipo ($F=QMg/QMe$). A acurácia seletiva foi calculada por $AS=(1-1/F)^{0.5}$ (RESENDE; DUARTE, 2007).

Foi calculado o coeficiente de repetibilidade por meio de $r = [(QMg-QMe)/J]/[(QMg-QMe)/J+QMe]$ (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012) e o índice de diferenciação de Fasoulas pela expressão $IF = 200 \sum_{i=1}^g m_i / [g(g - 1)]$, sendo g o número de genótipos e m_i o número de médias as quais o i-ésimo genótipo supera estatisticamente, após a aplicação do teste de Tukey (FASOULAS, 1983).

Para cada ciclo (precoce, médio e tardio), foram obtidos os valores mínimo, percentil 5%, média, mediana, percentil 95%, máximo, desvio padrão e coeficiente de variação para as estatísticas \bar{m} , A, QMg, QMe, CVe, IV, DMS, DMS%, CVg, CVr, h^2 , F, AS, r e IF. As médias dessas estatísticas obtidas em cada ciclo foram comparadas pelo teste t de *Student* (bilateral) a 1% de significância. Utilizaram-se os limites das classes de precisão experimental do CVe e DMS% (LÚCIO; STORCK; BANZATTO, 1999), h^2 , F

e AS (RESENDE; DUARTE, 2007) e r (BENIN et al., 2013) para calcular as frequências simples e relativas dos ensaios, em cada ciclo (precoce, médio e tardio) e no geral (todos os ciclos).

As análises estatísticas foram realizadas por meio do aplicativo Microsoft Office Excel® e do software Genes (CRUZ, 2016).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estatísticas m, A, QMg, QMe, CVe, IV, DMS, DMS%, CVg, CVr, h^2 , F, AS, r e IF em relação à produtividade de grãos em ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, realizados pela empresa Biotrigo Genética, nos anos de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019, apresentaram ampla variação (máximo - mínimo) (Tabelas 2, 3 e 4). Menores amplitudes de variação (máximo - mínimo) para todas estatísticas foram observadas nos ensaios ciclo médio. Isso é explicado, possivelmente, pelo menor número de ensaios de ciclo médio (36) em relação ao número de ensaios dos ciclos precoce (106) e tardio (124) (Tabela 1).

Menores escores das estatísticas CVe, IV, DMS e DMS% são almejados, pois estão associados a maior precisão experimental (PIMENTEL-GOMES, 2009; RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012; STORCK et al., 2016). A mediana indica que 50% dos ensaios apresentaram valores abaixo e 50% dos ensaios valores acima de CVe = 7,44%; IV = 3,72%; DMS = 493,36 kg ha⁻¹; DMS% = 20,52% nos ensaios de ciclo precoce (Tabela 2), CVe = 7,38%; IV = 3,69%; DMS = 547,23 kg ha⁻¹; DMS% = 20,52% nos ensaios de ciclo médio (Tabela 3) e CVe = 7,93%; IV = 3,96%; DMS = 521,54 kg ha⁻¹; DMS% = 21,42% nos ensaios de ciclo tardio (Tabela 4). Percebe-se, nessas quatro estatísticas, valores próximos entre os ensaios de ciclos precoce, médio e tardio, o que sugere precisão similar entre os ciclos. Ainda, 95% dos ensaios apresentaram valores de CVe, IV, DMS e DMS% menores que o percentil 95%, o que indica que estes ensaios teriam maior precisão quando comparados aos ensaios com valores superiores ao percentil 95% (Tabelas 2, 3 e 4).

Maiores escores das estatísticas CVg, CVr, h^2 , F, AS, r e IF são almejados, pois estão associados a maior precisão experimental (CARGNELUTTI FILHO; STORCK, 2007, 2009; RESENDE; DUARTE, 2007; BENIN et al., 2013). Nessa situação, 95% dos ensaios mais precisos são aqueles com valores superiores ao percentil 5% (Tabelas 2, 3 e 4).

Tabela 2. Mínimo, percentil 5%, média, mediana, percentil 95%, máximo, desvio padrão e coeficiente de variação (CV) das estatísticas de precisão experimental da produtividade de grãos entre 106 ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclo precoce, conduzidos nos anos de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil.

Estatística ⁽¹⁾	Mínimo	Percentil 5%	Média	Mediana	Percentil 95%	Máximo	Desvio padrão	CV(%)
m, em kg ha ⁻¹	359,84	1.018,65	2.562,39	2.588,06	3.822,04	4.338,02	812,29	31,70
A, em kg ha ⁻¹	418,90	540,62	1.003,86	967,50	1.487,31	2.150,50	301,71	30,05
QMg	45.566,57	81.433,87	279.378,25	253.776,93	557.631,90	765.193,77	147.273,95	52,71
QMe	10.308,00	13.583,23	41.905,30	33.142,69	97.490,21	177.830,37	30.529,16	72,85
CVe, em %	2,92	4,03	8,67	7,44	17,07	32,13	4,67	53,91
IV, em %	1,46	2,01	4,34	3,72	8,54	16,06	2,34	53,91
DMS, em kg ha ⁻¹	276,39	310,37	529,96	493,36	858,66	1.156,28	172,51	32,55
DMS%, em %	7,82	10,72	23,61	20,52	47,22	88,68	12,80	54,22
CVg, em %	1,36	4,40	10,92	8,78	19,00	75,43	9,27	84,84
CVr	0,26	0,63	1,30	1,18	2,35	3,94	0,58	44,62
h ²	0,22	0,61	0,82	0,85	0,96	0,98	0,13	16,33
F	1,28	2,58	9,06	6,59	23,18	63,03	8,12	89,64
AS	0,46	0,78	0,90	0,92	0,98	0,99	0,08	9,29
r	0,06	0,28	0,57	0,58	0,85	0,94	0,19	32,33
IF, em %	0,32	1,36	17,47	13,92	43,41	54,74	13,43	76,90

⁽¹⁾ m - é a média geral do ensaio, A - amplitude, QMg - quadrado médio de genótipo, QMe - quadrado médio do erro, CVe - coeficiente de variação experimental, IV - índice de variação, DMS - diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, DMS% - diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, em percentagem da média, CVg - coeficiente de variação genético, CVr - coeficiente de variação relativa, h² - herdabilidade, F - valor do teste F para genótipo, AS - acurácia seletiva, r - coeficiente de repetibilidade e IF - índice de diferenciação de Fasoulas. Fonte: elaborada pelos autores (2023).

Tabela 3. Mínimo, percentil 5%, média, mediana, percentil 95%, máximo, desvio padrão e coeficiente de variação (CV) das estatísticas de precisão experimental da produtividade de grãos entre 36 ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclo médio, conduzidos nos anos de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil.

Estatística ⁽¹⁾	Mínimo	Percentil 5%	Média	Mediana	Percentil 95%	Máximo	Desvio padrão	CV(%)
m, em kg ha ⁻¹	1.081,97	1.566,68	2.662,85	2.506,87	3.951,59	4.021,38	755,37	28,37
A, em kg ha ⁻¹	540,50	712,38	952,07	876,75	1.510,69	1.558,00	242,80	25,50
QMg	77.523,03	93.727,00	204.241,86	178.035,72	471.225,18	490.479,46	106.979,13	52,38
QMe	5.371,79	11.207,69	45.166,92	38.762,61	95.376,69	116.404,86	27.591,65	61,09
CVe, em %	2,45	4,42	8,13	7,38	13,72	15,71	3,29	40,47
IV, em %	1,22	2,21	4,07	3,69	6,86	7,86	1,65	40,47
DMS, em kg ha ⁻¹	208,93	293,47	569,14	547,23	855,06	968,09	187,68	32,98
DMS%, em %	6,98	12,42	22,78	20,52	37,93	44,59	9,19	40,34
CVg, em %	3,56	4,07	7,99	6,66	15,01	21,46	4,04	50,60
CVr	0,33	0,50	1,05	0,95	1,93	2,54	0,47	44,58
h ²	0,31	0,50	0,76	0,78	0,94	0,96	0,14	17,96
F	1,44	2,02	6,26	4,59	16,16	26,74	5,38	85,82
AS	0,55	0,71	0,87	0,88	0,97	0,98	0,09	9,86
r	0,10	0,20	0,48	0,47	0,78	0,87	0,18	36,37
IF, em %	0,16	0,95	10,42	6,45	32,03	42,92	10,83	103,94

⁽¹⁾ m - é a média geral do ensaio, A - amplitude, QMg - quadrado médio de genótipo, QMe - quadrado médio do erro, CVe - coeficiente de variação experimental, IV - índice de variação, DMS - diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, DMS% - diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, em percentagem da média, CVg - coeficiente de variação genético, CVr - coeficiente de variação relativa, h² - herdabilidade, F - valor do teste F para genótipo, AS - acurácia seletiva, r - coeficiente de repetibilidade e IF - índice de diferenciação de Fasoulas. Fonte: elaborada pelos autores (2023).

Tabela 4. Mínimo, percentil 5%, média, mediana, percentil 95%, máximo, desvio padrão e coeficiente de variação (CV) das estatísticas de precisão experimental da produtividade de grãos entre 124 ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclo tardio, conduzidos nos anos de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil.

Estatística ⁽¹⁾	Mínimo	Percentil 5%	Média	Mediana	Percentil 95%	Máximo	Desvio padrão	CV(%)
m, em kg ha ⁻¹	749,61	1.533,39	2.666,82	2.653,02	3.987,42	4.319,58	767,60	28,78
A, em kg ha ⁻¹	458,45	673,73	1.152,46	1.086,64	1.839,20	2.583,50	394,01	34,19
QMg	53.350,35	96.807,49	355.734,13	268.044,99	766.775,82	2.047.106,47	276.829,99	77,82
QMe	9.971,18	14.572,88	49.118,68	38.587,75	100.170,64	309.946,93	41.306,81	84,10
CVe, em %	2,92	4,32	8,46	7,93	15,19	20,43	3,57	42,23
IV, em %	1,46	2,16	4,23	3,96	7,60	10,21	1,79	42,23
DMS, em kg ha ⁻¹	262,29	319,16	561,82	521,54	836,91	1.406,22	198,21	35,28
DMS%, em %	7,57	11,60	22,69	21,42	39,87	53,04	9,61	42,35
CVg, em %	2,26	3,98	10,63	9,05	20,42	39,18	5,94	55,85
CVr	0,20	0,49	1,34	1,29	2,34	3,83	0,61	45,36
h ²	0,14	0,49	0,82	0,87	0,96	0,98	0,15	18,22
F	1,16	1,98	9,60	7,63	22,97	59,65	9,01	93,86
AS	0,37	0,70	0,90	0,93	0,98	0,99	0,10	10,92
r	0,04	0,20	0,59	0,62	0,85	0,94	0,19	32,22
IF, em %	0,28	2,58	18,99	16,78	42,26	69,23	13,61	71,65

⁽¹⁾ m - é a média geral do ensaio, A - amplitude, QMg - quadrado médio de genótipo, QMe - quadrado médio do erro, CVe - coeficiente de variação experimental, IV - índice de variação, DMS - diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, DMS% - diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, em percentagem da média, CVg - coeficiente de variação genético, CVr - coeficiente de variação relativa, h² - herdabilidade, F - valor do teste F para genótipo, AS - acurácia seletiva, r - coeficiente de repetibilidade e IF - índice de diferenciação de Fasoulas. Fonte: elaborada pelos autores (2023).

As médias de produtividade de grãos dos genótipos de trigo de ciclos precoce (2.562,39 kg ha⁻¹), médio (2.662,85 ha⁻¹) e tardio (2.666,82 ha⁻¹) não diferiram (Tabela 5). Essas médias foram superiores à média de produtividade de grãos de trigo dos estados do Rio Grande do Sul (2.497,20 kg ha⁻¹) e Paraná (2.523,20 kg ha⁻¹) dos anos de 2015 a 2019 (CONAB, 2023).

Por meio do teste t de *Student*, verificou-se que as médias de CVe, IV, DMS, DMS%, CVg, h², F e AS, não diferiram entre os ensaios de ciclos precoce, médio e tardio, o que reforça a inferência da similaridade de precisão experimental entre os ciclos (Tabela 5). Leves diferenças foram identificadas para as médias de CVr, r e IF, que apontariam menor precisão para os ensaios de ciclo médio (menores valores dessas estatísticas). Considerando que a maioria das estatísticas não identificou diferenças entre as médias, infere-se que os ensaios de ciclos precoce, médio e tardio apresentam precisão experimental similar.

Tabela 5. Média das estatísticas de precisão experimental da produtividade de grãos entre ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, conduzidos nos anos de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil.

Estatística ⁽¹⁾	Precoce (n = 106 ensaios)	Médio (n = 36 ensaios)	Tardio (n = 124 ensaios)
m, em kg ha ⁻¹	2.562,39 a ⁽²⁾	2.662,85 a	2.666,82 a
A, em kg ha ⁻¹	1.003,86 b	952,07 b	1.152,46 a
QMg	279.378,25 a	204.241,86 b	355.734,13 a
QMe	41.905,30 a	45.166,92 a	49.118,68 a
CVe, em %	8,67 a	8,13 a	8,46 a
IV, em %	4,34 a	4,07 a	4,23 a
DMS, em kg ha ⁻¹	529,96 a	569,14 a	561,82 a
DMS%, em %	23,61 a	22,78 a	22,69 a
CVg, em %	10,92 a	7,99 a	10,63 a
CVr	1,30 ab	1,05 b	1,34 a
h ²	0,82 a	0,76 a	0,82 a
F	9,06 a	6,26 a	9,60 a
AS	0,90 a	0,87 a	0,90 a
r	0,57 ab	0,48 b	0,59 a
IF, em %	17,47 a	10,42 b	18,99 a

⁽¹⁾ m - é a média geral do ensaio, A - amplitude, QMg - quadrado médio de genótipo, QMe - quadrado médio do erro, CVe - coeficiente de variação experimental, IV - índice de variação, DMS - diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, DMS% - diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, em percentagem da média, CVg - coeficiente de variação genético, CVr - coeficiente de variação relativa, h² - herdabilidade, F - valor do teste F para genótipo, AS - acurácia seletiva, r - coeficiente de repetibilidade e IF - índice de diferenciação de Fasoulas. ⁽²⁾ Médias não seguidas por mesma letra minúscula na linha (comparação das estatísticas entre os ciclos precoce, médio e tardio) diferem entre si pelo teste t de Student a 1% de significância. Fonte: elaborada pelos autores (2023).

De acordo com os limites de classe do CVe (LÚCIO; STORCK; BANZATTO, 1999), entre os 266 ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, 59, 140 e 54 foram classificados com muito alta, alta e média precisão experimental, respectivamente, totalizando 95,11% enquadrados nessas classes. Já em relação à DMS% (LÚCIO; STORCK; BANZATTO, 1999), 27, 167 e 59 foram classificados com muito alta, alta e média precisão experimental, respectivamente, totalizando, também, 95,11% enquadrados nessas classes (Tabela 6). Portanto, pelo CVe e DMS%, apenas 4,89% dos ensaios apresentaram precisão baixa e muito baixa.

Tabela 6. Número (NE) e percentagem (PE) de ensaios de acordo com os limites das classes das estatísticas de precisão experimental em relação à produtividade de grãos em ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, nos anos de 2015, 2016, 2017, 2018 e 2019, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil.

Limites de classe	Precisão	Precoce	Precoce	Médio	Médio	Tardio	Tardio	Geral	Geral
		NE	PE	NE	PE	NE	PE	NE	PE
Coeficiente de variação experimental (CVe, em %) (LÚCIO; STORCK; BANZATTO, 1999)									
CVe≤5,5	Muito alta	24	22,64%	10	27,78%	25	20,16%	59	22,18%
5,5<CVe≤10,0	Alta	56	52,83%	16	44,44%	68	54,84%	140	52,63%
10,0<CVe≤16,0	Média	19	17,92%	10	27,78%	25	20,16%	54	20,30%
16,0<CVe≤21,0	Baixa	4	3,77%	0	0,00%	6	4,84%	10	3,76%
CVe>21,0	Muito baixa	3	2,83%	0	0,00%	0	0,00%	3	1,13%
	Total	106	100,00%	36	100,00%	124	100,00%	266	100,00%
Diferença mínima significativa pelo teste de Tukey, em % da média (DMS%) (LÚCIO; STORCK; BANZATTO, 1999)									
DMS%≤12,5	Muito alta	10	9,43%	3	8,33%	14	11,29%	27	10,15%
12,5<DMS%≤26,0	Alta	70	66,04%	22	61,11%	75	60,48%	167	62,78%
26,0<DMS%≤44,0	Média	20	18,87%	10	27,78%	29	23,39%	59	22,18%
44,0<DMS%≤58,0	Baixa	3	2,83%	1	2,78%	6	4,84%	10	3,76%
DMS%>58,0	Muito baixa	3	2,83%	0	0,00%	0	0,00%	3	1,13%
	Total	106	100,00%	36	100,00%	124	100,00%	266	100,00%
Herdabilidade (h ²) (RESENDE; DUARTE, 2007)									
h ² ≥0,81	Muito alta	70	66,04%	13	36,11%	86	69,35%	169	63,53%
0,49≤h ² <0,81	Alta	33	31,13%	21	58,33%	32	25,81%	86	32,33%
0,25≤h ² <0,49	Moderada	2	1,89%	2	5,56%	4	3,23%	8	3,01%
h ² <0,25	Baixa	1	0,94%	0	0,00%	2	1,61%	3	1,13%
	Total	106	100,00%	36	100,00%	124	100,00%	266	100,00%
Valor do teste F para genótipo (F) (RESENDE; DUARTE, 2007)									
F≥5,2632	Muito alta	70	66,04%	13	36,11%	86	69,35%	169	63,53%
1,9608≤F<5,2632	Alta	33	31,13%	21	58,33%	32	25,81%	86	32,33%
1,3333≤F<1,9608	Moderada	2	1,89%	2	5,56%	4	3,23%	8	3,01%
F<1,3333	Baixa	1	0,94%	0	0,00%	2	1,61%	3	1,13%
	Total	106	100,00%	36	100,00%	124	100,00%	266	100,00%
Acurácia seletiva (AS) (RESENDE; DUARTE, 2007)									
AS≥0,90	Muito alta	70	66,04%	13	36,11%	86	69,35%	169	63,53%
0,70≤AS<0,90	Alta	33	31,13%	21	58,33%	32	25,81%	86	32,33%
0,50≤AS<0,70	Moderada	2	1,89%	2	5,56%	4	3,23%	8	3,01%
AS<0,50	Baixa	1	0,94%	0	0,00%	2	1,61%	3	1,13%
	Total	106	100,00%	36	100,00%	124	100,00%	266	100,00%
Coeficiente de repetibilidade (r) (BENIN et al., 2013)									
r≥0,516	Muito alta	70	66,04%	13	36,11%	86	69,35%	169	63,53%
0,194≤r<0,516	Alta	33	31,13%	21	58,33%	32	25,81%	86	32,33%
0,077≤r<0,194	Moderada	2	1,89%	2	5,56%	4	3,23%	8	3,01%
r<0,077	Baixa	1	0,94%	0	0,00%	2	1,61%	3	1,13%
	Total	106	100,00%	36	100,00%	124	100,00%	266	100,00%

Fonte: elaborada pelos autores (2023).

Outras estatísticas de precisão experimental, tais como o CVg, CVr, h^2 , F, AS, r e IF têm sido utilizadas para avaliar a qualidade de ensaios de competição de genótipos de diversas culturas agrícolas (CARGNELUTTI FILHO; STORCK, 2007, 2009; CARGNELUTTI FILHO; STORCK; RIBEIRO, 2009; STORCK et al., 2010; CARGNELUTTI FILHO; BRAGA JUNIOR; LÚCIO, 2012; CARGNELUTTI FILHO et al., 2012; BENIN et al., 2013; CARGNELUTTI FILHO et al., 2018; RIBEIRO; STECKLING; MEZZOMO, 2018; RIBEIRO et al., 2020; RIBEIRO; KLÄSENER; SANTOS, 2022). Esses estudos apontam que quanto maior for o escore dessas estatísticas maior é a precisão experimental.

Pelos limites de classe das estatísticas herdabilidade (h^2), valor do teste F para genótipo (F), acurácia seletiva (AS) e coeficiente de repetibilidade (r) (RESENDE; DUARTE, 2007; BENIN et al., 2013), 169 e 86 ensaios foram classificados com muito alta e alta precisão experimental, totalizando 95,86% nessas classes. Enquanto que 8 e 3 ensaios foram classificados com moderada e baixa precisão experimental, totalizando 4,14% nessas classes (Tabela 6). Considerando que as estatísticas h^2 , F, AS e r são mais adequadas que o CVe e DMS% (CARGNELUTTI FILHO; STORCK, 2007, 2009; RESENDE; DUARTE, 2007; BENIN et al., 2013) para avaliação da precisão experimental pode-se inferir que 95,86% dos ensaios de competição de genótipos de trigo apresentaram precisão alta ou muito alta. Verifica-se também que 1,13% dos ensaios poderiam ser descartados, em razão da insuficiência na precisão experimental (precisão baixa).

CONCLUSÕES

A precisão experimental em ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, avaliados nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná, é similar. De acordo com a herdabilidade, valor do teste F para genótipo, acurácia seletiva e coeficiente de repetibilidade, 95,86% dos ensaios de competição de genótipos de trigo apresentam precisão alta ou muito alta. Contudo, 1,13% dos ensaios poderiam ser descartados, em razão da insuficiência na precisão experimental.

AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq - Processos 304652/2017-2 e 304878/2022-7), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes, Finance Code 001) e à empresa Biotrigo Genética pela disponibilização do banco de dados.

REFERÊNCIAS

- BENIN, G.; STORCK, L.; MARCHIORO, V. S.; FRANCO, F. A.; SCHUSTER, I. Precisão experimental de ensaios de trigo em regiões homogêneas de adaptação. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 4, p. 365-372, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013000400003>
- BORÉM, A.; SCHEEREN, P. L. **Trigo do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015. 260 p.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; BRAGA JUNIOR, R. L. C.; LÚCIO, A. D. Medidas de precisão experimental e número de repetições em ensaios de genótipos de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 10, p. 1413-1421, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012001000001>
- CARGNELUTTI FILHO, A.; BUBANS, V. E.; SOMAVILLA, F. M.; COSTA, S. L.; DUMKE, G. E.; OSMARI, L. F. Optimal plot size in wheat with comparison of three methods. **Revista Ciência Agronômica**, v. 54, e20218267, 2023. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20230012>
- CARGNELUTTI FILHO, A.; MARCHESAN, E.; SILVA, L. S.; TOEBE, M. Medidas de precisão experimental e número de repetições em ensaios de genótipos de arroz irrigado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 3, p. 336-343, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000300004>
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 1, p. 17-24, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007000100003>
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 2, p. 111-117, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009000200001>
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; RIBEIRO, N. D. Medidas da precisão experimental em ensaios com genótipos de feijão e de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 10, p. 1225-1231, 2009. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009001000003>

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; TOEBE, M.; BURIN, C.; ALVES, B.M.; FACCO, G.; NEU, I.M.M. Precisão experimental relacionada a tamanhos de parcelas, números de tratamentos e repetições em nabo forrageiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 6, p. 428-439, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013000700007>

CARGNELUTTI FILHO, A.; TOEBE, M.; ALVES, B. M.; KLEINPAUL, J. A.; NEU, I. M. M. Number of replicates and experimental precision statistics in corn. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 11, p. 1213-1221, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018001100003>

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Séries históricas de produtividade: trigo**. Acessado em: 21 de novembro de 2023. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras/itemlist/category/913-trigo>

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: 4.ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

FASOULAS, A. C. Rating cultivars and trials in applied plant breeding. **Euphytica**, v. 32, n. 3, p. 939-943, 1983. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00042176>

LÚCIO, A. D.; STORCK, L.; BANZATTO, D. A. Classificação dos experimentos de competição de cultivares quanto a sua precisão. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v. 5, n. 1, p. 99-103, 1999.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15.ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

PIMENTEL-GOMES, F. **O índice de variação, um substituto vantajoso do coeficiente de variação**. Piracicaba: Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, 1991. 4 p. (IPEF. Circular técnica, 178).

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2012. 305 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RIBEIRO, N. D.; KLÄSENER, G. R.; SANTOS, G. G. Technological quality characters evaluated in common bean lines with higher precision statistics. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 57, e02079, 2022. DOI: <https://dx.doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2022.v57.02079>

RIBEIRO, N. D.; STECKLING, S. M.; MAZIERO, S. M.; KLÄSENER, G. R. Higher-precision experimental statistics for the selection of early and upright common bean lines. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 42, e42725, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v42i1.42725>

RIBEIRO, N. D.; STECKLING, S. M.; MEZZOMO, H. C. High precision experimental statistics for the selection of common bean lines that have superior agronomic performance. **Genetics and Molecular Research**, v. 17, n. 3, gmr18042, 2018. DOI: <https://dx.doi.org/10.4238/gmr18042>

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKY, D. A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3.ed. New York: McGraw Hill Book, 1997. 666 p.

STORCK, L.; CARGNELUTTI FILHO, A.; LÚCIO, A. D.; MISSIO, E. L.; RUBIN, S. A. L. Avaliação da precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de soja. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 34, n. 3, p. 572-578, 2010. <https://doi.org/10.1590/S1413-70542010000300007>

STORCK, L.; GARCIA, D. C.; LOPES, S. J.; ESTEFANEL, V. **Experimentação vegetal**. 3.ed. Santa Maria: UFSM, 2016. 200 p.

5 CAPÍTULO II

CORRELAÇÕES PARCIAIS ENTRE CARACTERES PRODUTIVOS E PROTEÍNA EM GRÃOS DE TRIGO

CORRELAÇÕES PARCIAIS ENTRE CARACTERES PRODUTIVOS E PROTEÍNA EM GRÃOS DE TRIGO

RESUMO - O objetivo desse estudo foi verificar se há relações lineares entre caracteres produtivos e proteína em grãos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio. Foram utilizados os dados de 204 ensaios de competição de genótipos de trigo conduzidos nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná, sendo 78 ensaios com genótipos de ciclo precoce, 34 de ciclo médio e 92 de ciclo tardio. Os ensaios foram conduzidos no delineamento de blocos casualizados, sendo avaliados 149 genótipos ciclo precoce, 95 de ciclo médio e 193 de ciclo tardio, nos anos de 2015 a 2019. Foram avaliados três caracteres produtivos (produtividade de grãos, em kg ha^{-1} , peso de mil grãos, em g e peso do hectolitro, em kg hL^{-1}) e a proteína dos grãos, em %. Foram confeccionados gráficos de dispersão e calcularam-se os coeficientes de correlação parcial entre esses quatro caracteres, a partir de 4330, 2497 e 4714 observações, dos ciclos precoce, médio e tardio, respectivamente. Há relações lineares entre caracteres produtivos e proteína em grãos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio. Os genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio apresentam correlação negativa entre a produtividade de grãos e a proteína nos grãos. Os genótipos de trigo de ciclo médio apresentam ausência de correlação entre produtividade de grãos e a proteína nos grãos. A seleção de genótipos de maior produtividade de grãos e peso do hectolitro pode ser realizada indiretamente por meio do peso de mil grãos.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L. Relações lineares. Produtividade de grãos.

PARTIAL CORRELATIONS BETWEEN PRODUCTIVE TRAITS AND PROTEIN IN WHEAT GRAINS

ABSTRACT - The objective of this study was to verify whether there are linear relations between productive traits and protein in wheat grains from early, medium and late cycles. Data from 204 competition trials of wheat genotypes conducted in the states of Rio Grande do Sul and Paraná were used, 78 trials with early cycle genotypes, 34 with medium cycle and 92 with late cycle. The trials were conducted in a randomized block design, with 149 early-cycle, 95 medium-cycle and 193 late-cycle genotypes being evaluated from 2015 to 2019. Three productive traits were evaluated (grain productivity, in kg ha^{-1} , weight of a thousand grains, in g and hectoliter weight, in kg hL^{-1}) and grain protein, in %.

Scatter plots were created and the partial correlation coefficients between these four traits were calculated, based on 4330, 2497 and 4714 observations, from the early, middle and late cycles, respectively. There are linear relations between productive traits and protein in wheat grains from early, medium and late cycles. Wheat genotypes from early and late cycles show a negative correlation between grain productivity and grain protein. Medium-cycle wheat genotypes show no correlation between grain productivity and grain protein. The selection of genotypes with higher grain productivity and hectoliter weight can be carried out indirectly through the weight of a thousand grains.

Keywords: *Triticum aestivum* L. Linear relationships. Grain productivity.

INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é amplamente utilizado na alimentação humana e tem importantes propriedades funcionais em seus grãos (LORO et al., 2023). O desenvolvimento e seleção de genótipos superiores (SILVA et al., 2015) tem sido eficiente para aumentar o desempenho produtivo, afim de atender a demanda de grãos de trigo. É importante que os grãos de trigo apresentem qualidade suficiente para utilização na indústria de panificação.

A qualidade dos grãos e da farinha de trigo para a panificação está diretamente relacionada com o teor de proteína (KAUR et al., 2016; LYU et al., 2022). A qualidade e a quantidade de proteína no trigo é um dos principais aspectos a ser considerado no melhoramento de genótipos de trigo. Assim, faz-se necessário o desenvolvimento de genótipos que atendam o ideótipo agrônômico caracterizado por alta produtividade e qualidade dos grãos (SILVA et al., 2015).

Compreender as relações entre os componentes da produtividade e proteína nos grãos permite desenvolver estratégias para seleção indireta de genótipos com base em multi-características. Para isso, a análise de correlação linear tem sido amplamente utilizada para compreender o sentido e a magnitude das relações entre caracteres na cultura do trigo (CARVALHO et al., 2015; GIANCASPRO et al., 2019; BAYE et al., 2020; SOLOMON, 2021). No entanto, o coeficiente de correlação linear entre pares de caracteres pode ser influenciado pelo efeito de outro(s) caractere(s). Para isso, a análise de correlação parcial pode ser utilizada, uma vez que é possível remover o efeito dos demais caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Estudos revelaram que o peso de mil grãos (KAVALCO et al., 2014; JANMOHAMMADI et al., 2014; LIU et al., 2018) e o peso do hectolitro (SOLOMON, 2021) correlacionam-se positivamente com a produtividade de grãos de trigo. Além disso, estudos realizados por Carvalho et al. (2015) e Baye et al. (2020) indicam correlações positivas entre o peso de mil grãos e o peso do hectolitro de trigo. Essas relações positivas revelam a possibilidade de maximizar, simultaneamente, a magnitude desses caracteres em genótipos de trigo.

Relações negativas foram evidenciadas entre a produtividade e o teor de proteína dos grãos de trigo, ou seja, os genótipos mais produtivos expressam menor teor de proteína nos grãos (SILVA et al., 2015; THORWARTH et al., 2018; GIANCASPRO et al., 2019; NIGRO et al., 2019; THORWARTH et al., 2019). Essa relação negativa também foi identificada na cevada (WIEGMANN et al., 2019) e na aveia branca (MANTAI et al., 2020). Isso dificulta a seleção simultânea dos caracteres para o ideótipo de trigo com incremento da produtividade e da proteína. No entanto, não foram encontrados na literatura, estudos sobre a correlação linear em genótipos de trigo, classificados de acordo com o seu ciclo de desenvolvimento.

Assim, compreender as relações lineares entre os caracteres de trigo por ciclo de desenvolvimento permite maximizar a eficiência na seleção de genótipos. Nesse sentido, o objetivo desse estudo foi verificar se há relações lineares entre caracteres produtivos e proteína em grãos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados os dados de 204 ensaios de competição de genótipos de trigo durante cinco anos (2015, 2016, 2017, 2018 e 2019), conduzidos nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná (Figura 1). Os ensaios foram separados por ciclo, sendo 78 ensaios com genótipos de ciclo precoce, 34 de ciclo médio e 92 de ciclo tardio. Nos ensaios foram avaliados 149 genótipos de ciclo precoce, 95 de ciclo médio e 193 de ciclo tardio. O número de genótipos avaliados por ensaio variou entre 13 e 36 nos ensaios de ciclo precoce, 27 e 44 nos ensaios de ciclo médio e 14 e 44 nos ensaios de ciclo tardio. A classificação dos genótipos quanto à duração do ciclo de desenvolvimento, a condução dos ensaios e a coleta dos dados foram realizados pela empresa Biotrigo Genética.

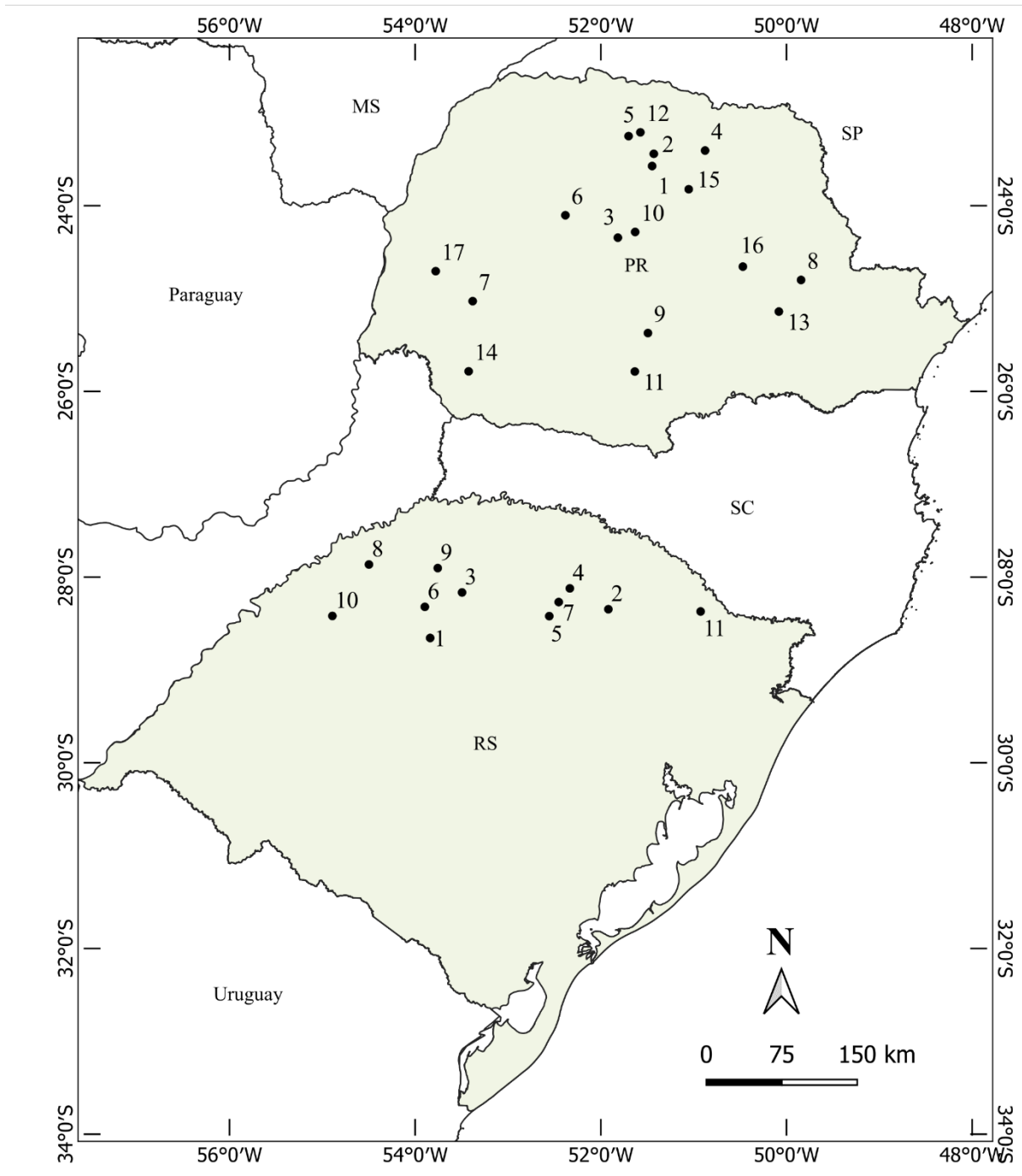


Figura 1. Representação geográfica dos 28 locais de condução dos ensaios de competição de genótipos de trigo durante cinco anos, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil. Municípios do estado do Rio Grande do Sul: 1 - Boa Vista do Cadeado, 2 - Ciríaco, 3 - Condor, 4 - Coxilha, 5 - Ernestina, 6 - Ijuí, 7 - Passo Fundo, 8 - Santa Rosa, 9 - Santo Augusto, 10 - São Luiz Gonzaga e 11 - Vacaria.

Municípios do estado do Paraná: 1 - Apucarana, 2 - Arapongas, 3 - Arapuã, 4 - Assaí, 5 - Astorga, 6 - Campo Mourão, 7 - Cascavel, 8 - Castro, 9 - Guarapuava, 10 - Ivaiporã, 11 - Pinhão, 12 - Pitangueiras, 13 - Ponta Grossa, 14 - Santa Izabel do Oeste, 15 - Tamarana, 16 - Tibagi e 17 - Toledo.

O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com quatro repetições. As parcelas foram constituídas por sete fileiras de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,17 m entre fileiras, totalizando 5,95 m². Em cada ensaio a semeadura foi realizada com a densidade de 350 sementes m² para todos os genótipos. Os manejos fitossanitários foram realizados para evitar a interferência de estresse biótico no desenvolvimento da cultura.

Na plena maturidade fisiológica, foram colhidas as plantas de cada parcela para avaliar a produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), corrigida a 13% de umidade por meio de secagem dos grãos em um secador de ar forçado (65 °C). Posteriormente, o peso de mil grãos (PMG, g) foi determinado pelo equipamento Data Count S25. A determinação do peso do hectolitro (PH, kg hL⁻¹) e da proteína dos grãos (PROT, %) foi realizada a partir de uma amostragem de 400 g de grãos inteiros e analisados por meio do equipamento NIR-Infratec1241®. Os dados de PMG, PH e PROT, foram avaliados em dois dos quatro blocos, obtendo-se o total de 4330, 2497 e 4714 observações, para os ciclos precoce, médio e tardio, respectivamente.

A partir dos dados de PROD, PMG, PH e PROT, para cada ciclo de desenvolvimento dos genótipos de trigo (precoce, médio e tardio) foram confeccionados gráficos de dispersão e, a fim de isolar os efeitos de outros caracteres entre os pares de caracteres, foi realizado o cálculo dos coeficientes de correlação parcial. A significância dos coeficientes de correlação parcial foi avaliada pelo teste t de *Student* a 5% (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). As análises estatísticas foram realizadas por meio do aplicativo Microsoft Office Excel® e dos softwares Genes (CRUZ, 2016) e R (R CORE TEAM, 2023).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os gráficos de dispersão auxiliam na compreensão das relações entre os pares de caracteres e na verificação de padrão de associação linear (BUSSAB; MORETTIN, 2017). Nos genótipos de ciclos precoce, médio e tardio observaram-se relações lineares positivas entre os três caracteres produtivos (PROD, PMG e PH) (Figuras 2, 3 e 4). Resultados similares foram obtidos por Kavalco et al. (2014), Janmohammadi et al. (2014), Liu et al. (2018) e Solomon (2021). Nos três ciclos de desenvolvimento,

foram observadas relações lineares negativas dos caracteres produtivos (PROD, PMG e PH) com a PROT. Logo, pode-se visualizar que o padrão de linearidade entre os caracteres foi similar entre ciclos de desenvolvimento dos genótipos de trigo.

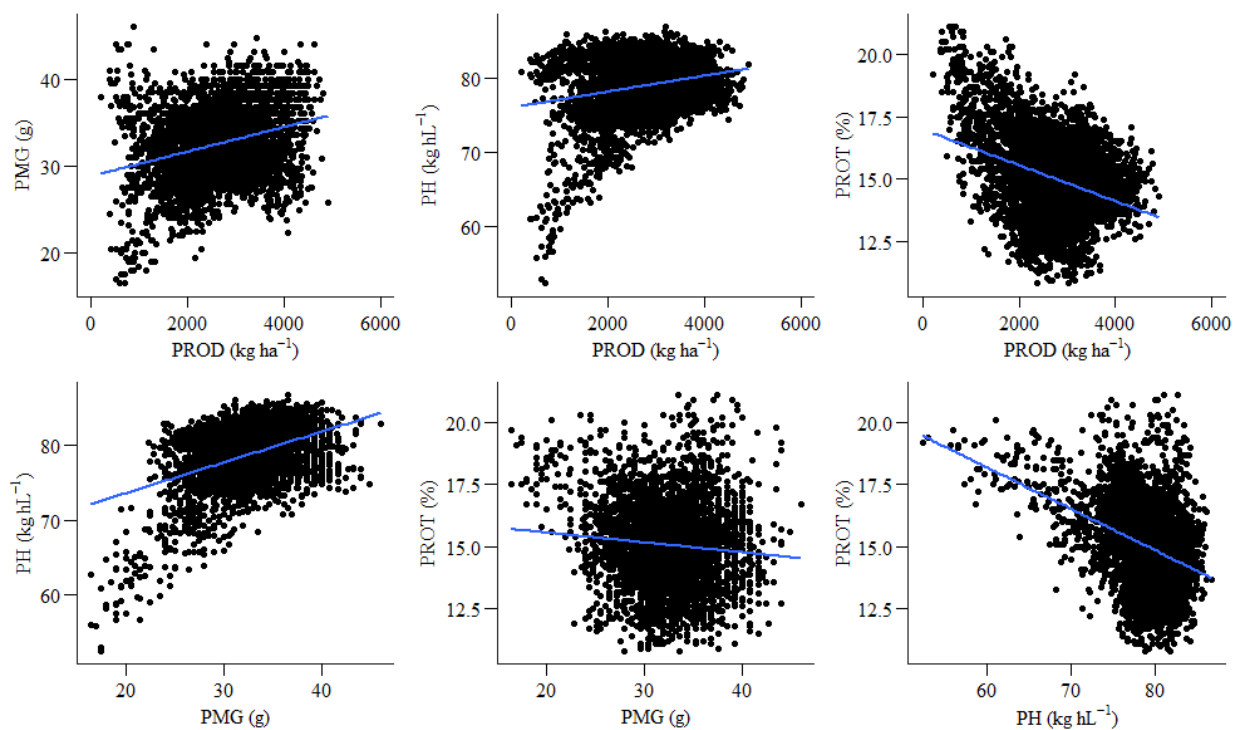


Figura 2. Gráficos de dispersão entre a produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), em genótipos de trigo de ciclo precoce (n = 4330 observações).

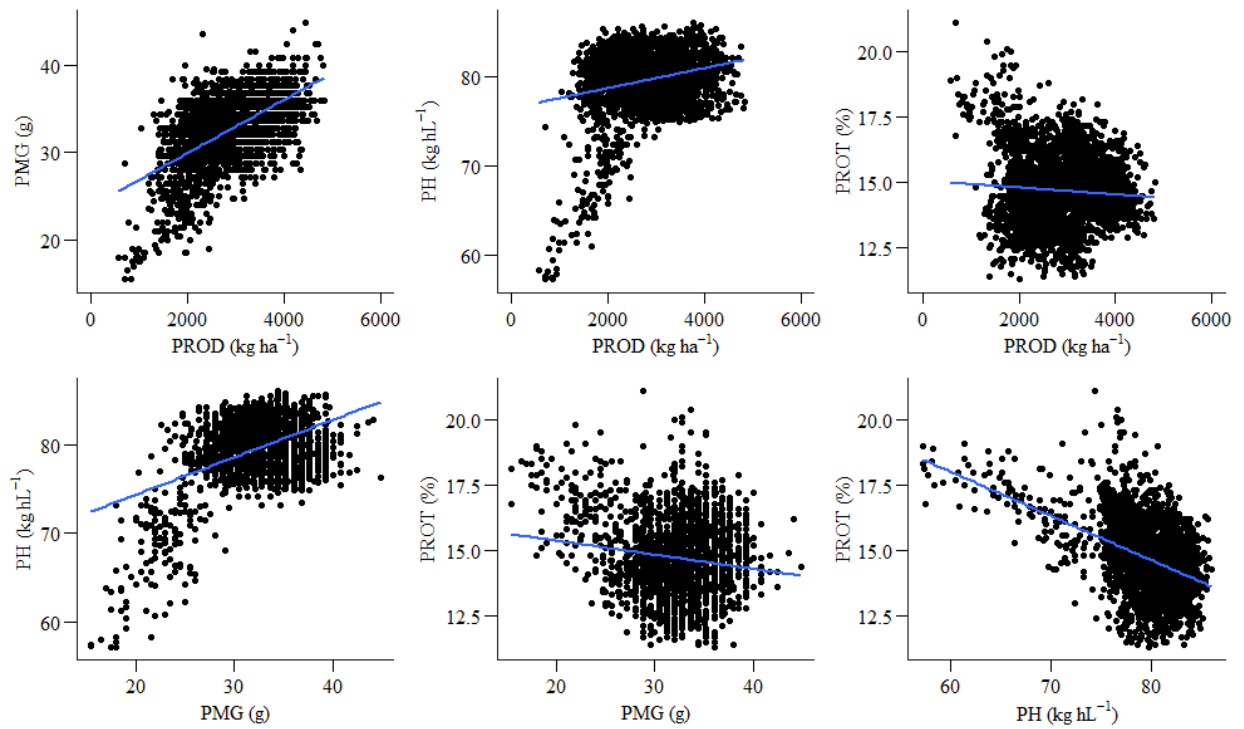


Figura 3. Gráficos de dispersão entre a produtividade de grãos (PROD, kg ha^{-1}), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL^{-1}) e proteína dos grãos (PROT, %), em genótipos de trigo de ciclo médio ($n = 2497$ observações).

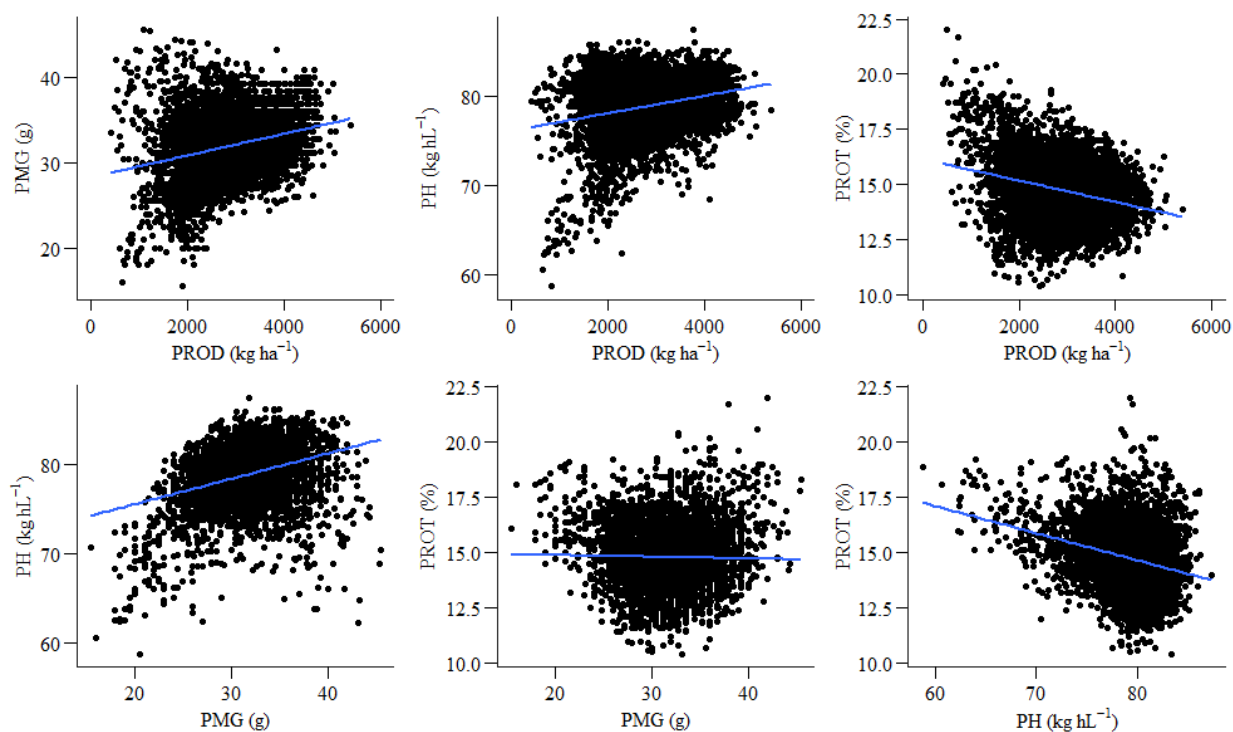


Figura 4. Gráficos de dispersão entre a produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), em genótipos de trigo de ciclo tardio (n = 4714 observações).

Os coeficientes de correlação parcial (r) variaram de -0,43 (PH vs PROT) a 0,56 (PROD vs PMG) entre os genótipos de ciclos precoce, médio e tardio (Figuras 5, 6 e 7). A PROD correlacionou-se positivamente com o PMG independentemente do ciclo dos genótipos de trigo. Isso indica que o ciclo dos genótipos de trigo não altera o sentido da correlação entre os caracteres. A magnitude da correlação entre os dois caracteres decresceu de acordo com os ciclos na seguinte ordem: médio ($r = 0,56$), precoce ($r = 0,25$) e tardio ($r = 0,24$). Logo, pode-se inferir que os genótipos de ciclo médio apresentaram maior magnitude da correlação entre PROD e PMG. O peso de mil grãos apresenta efeito direto sobre a produtividade de grãos em trigo (KAVALCO et al., 2014). Valores similares para a relação entre PROD e PMG foram observados por Janmohammadi et al. (2014). Liu et al. (2018) observaram que o aumento do peso de mil grãos promoveu o aumento da produtividade de grãos em trigo. Isso indica que os genótipos de trigo de alto desempenho produtivo podem ser selecionados indiretamente pelo peso de mil grãos, independentemente do ciclo.

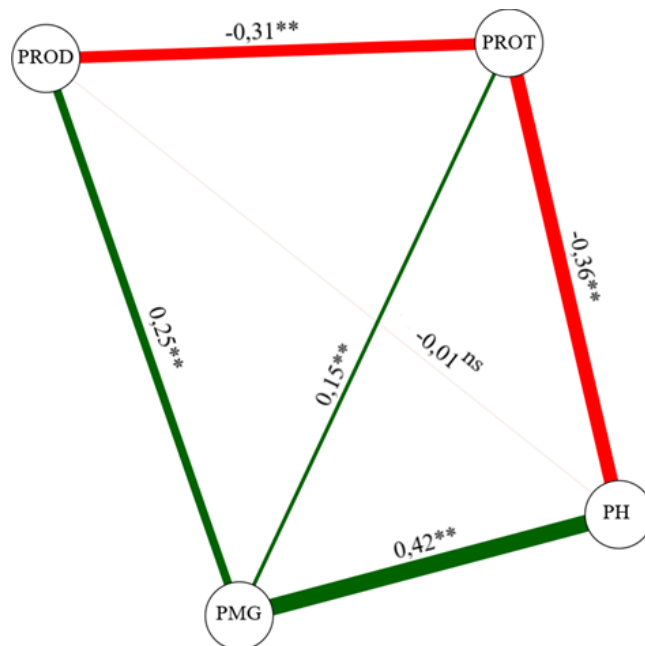


Figura 5. Diagrama de correlação parcial entre produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), e em genótipos de trigo de ciclo precoce (n = 4330 observações).

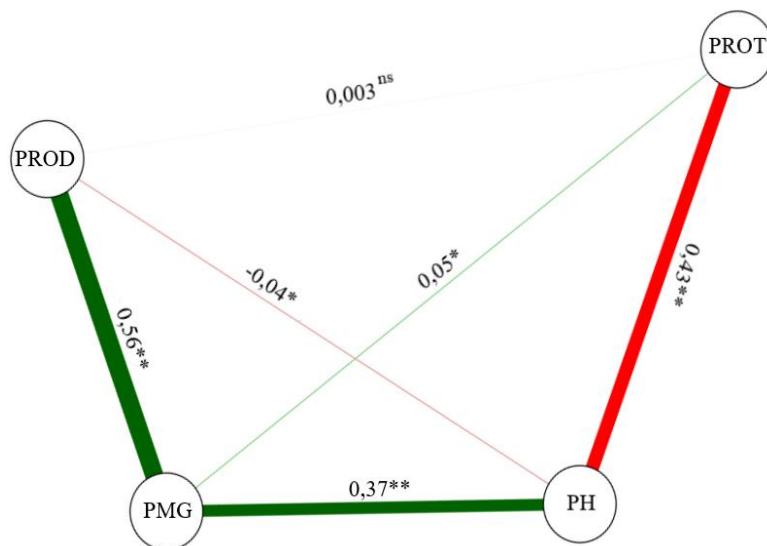


Figura 6. Diagrama de correlação parcial entre produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), e em genótipos de trigo de ciclo médio (n = 2497 observações).

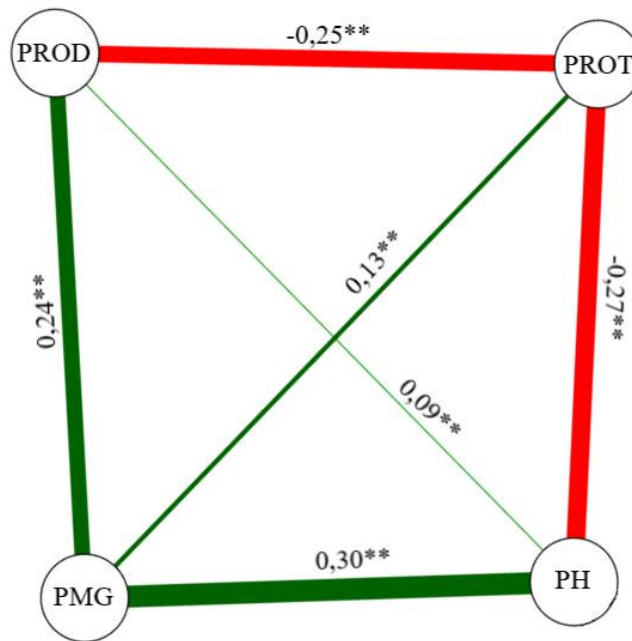


Figura 7. Diagrama de correlação parcial entre produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), e em genótipos de trigo de ciclo tardio (n = 4714 observações).

Os coeficientes de correlação entre PROD e PH foram de baixa magnitude nos genótipos de ciclo precoce (r = -0,01), médio (r = -0,04) e tardio (r = 0,09). Embora esses coeficientes foram estatisticamente significativos nos genótipos de ciclos médio e tardio, não apresentam significância prática, uma vez que a significância estatística se deve ao elevado número de graus de liberdade incluídos no teste t de *Student* (BUSSAB; MORETTIN, 2017). Isso indica ausência de correlação parcial entre PROD e PH. Em um estudo realizado por Solomon (2021), o autor observou relação positiva entre peso do hectolitro e a produtividade de grãos.

Foram observados coeficientes de correlação parcial negativos entre a PROD e PROT nos genótipos de trigo precoce (r = -0,31) e tardio (r = -0,25) (Figuras 5 e 7). Houve ausência de relação linear entre os caracteres PROD e PROT nos genótipos de ciclo médio (Figura 6). Logo, pode-se inferir que com o aumento da PROD dos genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio ocorre a redução nos teores de PROT. Estes resultados corroboram com os de Silva et al. (2015), Thorwarth et al. (2018), Giancaspro et al. (2019), Nigro et al. (2019) e Thorwarth et al. (2019), os quais observaram redução no teor de proteína dos grãos de trigo com o aumento da produtividade de grãos. A relação negativa entre esses caracteres também foi identificada em cevada (WIEGMANN et al., 2019) e aveia branca (MANTAI et al., 2020).

Logo, pode-se compreender a dificuldade em selecionar e desenvolver genótipos de trigo de alta produtividade associados a altos teores de proteína nos grãos. Isso ocorre porque a alocação de recursos dentro da planta é limitada, e direcionar mais nutrientes para a produção de proteína pode reduzir a quantidade de grãos produzidos (TAIZ et al., 2017). A proteína é um caráter de natureza complexa, ou seja, de baixa herdabilidade, influenciada pelas variações ambientais (GINCASPRO et al., 2019), o que dificulta a seleção de genótipos ricos em proteína.

No entanto, a ausência de relação linear entre PROD e PROT nos genótipos de trigo de ciclo médio pode indicar a possibilidade de seleção de genótipos para o incremento desses caracteres. Logo, o estudo estratificado por ciclo de desenvolvimento, das relações lineares entre produtividade e proteína, representa uma importante estratégia para isolar os efeitos fenológicos nas relações entre os caracteres de trigo.

O PMG e o PH correlacionaram-se positivamente, independentemente do ciclo dos genótipos de trigo ($r \geq 0,30$), indicando que quanto maior o PMG maior foi o PH. Em trigo duplo propósito e trigo para pão, Carvalho et al. (2015) e Baye et al. (2020), respectivamente, também observaram correlação positiva entre o PMG e PH.

O PMG correlacionou-se positivamente com a PROT, independentemente do ciclo dos genótipos de trigo. Os coeficientes de correlação entre PMG e PROT foram significativos, no entanto de baixa magnitude, sendo observado um decréscimo na seguinte ordem: precoce ($r = 0,15$), tardio ($r = 0,13$) e médio ($r = 0,05$). Giancaspro et al. (2019) relataram que a relação entre o PMG e PROT varia conforme as condições do ano de cultivo. Isso pode explicar as menores magnitudes de relacionamento linear.

O PH correlacionou-se negativamente com a PROT, independentemente do ciclo dos genótipos de trigo. A magnitude dos coeficientes entre PH e PROT decresceu de acordo com os ciclos na seguinte ordem: médio ($r = -0,43$), precoce ($r = -0,36$) e tardio ($r = -0,27$). Assim, pode-se inferir que genótipos de trigo de elevado PH apresentam baixo teor de PROT. A relação negativa da PROD e PH com a PROT dificulta o desenvolvimento e seleção de genótipos de trigo que atendam a um ideótipo agrônomico de alto desempenho produtivo, que atenda as exigências das indústrias ($PH \geq 78$) associado a altos teores de proteína nos grãos.

A relação entre PMG e PROT foi negativa de acordo com os gráficos de dispersão (Figuras 2, 3 e 4), enquanto que a correlação parcial revelou relação positiva. Isso pode ser explicado pelo fato de a correlação parcial isolar os efeitos dos demais caracteres em relação à correlação entre um par de caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Logo, a tendência negativa observada no gráfico de

dispersão foi em função do efeito dos caracteres PROD e PH sobre a correlação entre PMG e PROT. Isso ressalta a importância da utilização da correlação parcial para o estudo de relações lineares entre pares de caracteres.

CONCLUSÕES

Há relações lineares entre caracteres produtivos e proteína em grãos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio.

Os genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio apresentam correlação negativa entre a produtividade de grãos e a proteína nos grãos.

Os genótipos de trigo de ciclo médio apresentam ausência de correlação entre produtividade de grãos e a proteína nos grãos.

A seleção de genótipos de maior produtividade de grãos e peso do hectolitro pode ser realizada indiretamente por meio do peso de mil grãos.

AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq - Processos 304652/2017-2 e 304878/2022-7), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes, Finance Code 001) e à empresa Biotrigo Genética pela disponibilização do banco de dados.

REFERÊNCIAS

BAYE, A. et al. Genotypic and phenotypic correlation and path coefficient analysis for yield and yield-related traits in advanced bread wheat (*Triticum aestivum* L.) lines. **Cogent Food & Agriculture**, 6: 1-17, 2020.

BUSSAB, W. O.; MORETTIN, P. A. **Estatística Básica**. 9. ed. São Paulo: Saraiva, 2017. 554 p.

CARVALHO, I. R. et al. Correlações canônicas entre caracteres morfológicos e componentes de produção em trigo de duplo propósito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 50: 690-697, 2015.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, 38: 547-552, 2016.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. CARNEIRO, P. C. S.; **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

GIANCASPRO, A. et al. Genetic variation for protein content and yield-related traits in a durum population derived from an inter-specific cross between hexaploid and tetraploid wheat cultivars. **Frontiers in Plant Science**, 10: 1509, 2019.

JANMOHAMMADI, M. et al. Path analysis of grain yield and yield components and some agronomic traits in bread wheat. **Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis**, 62: 945-952, 2014.

KAUR, A. et al. Physicochemical and rheological properties of starch and flour from different durum wheat varieties and their relationships with noodle quality. **Journal of Food Science and Technology**, 4: 2127-2138, 2016.

KAVALCO, S. A. F. et al. Análise de trilha em genótipos de trigo submetidos ao estresse por encharcamento. **Semina: Ciências Agrárias**, 35: 1683-1695, 2014.

LIU, Y. et al. Genome-wide linkage mapping of quantitative trait loci for late-season physiological and agronomic traits in spring wheat under irrigated conditions. **Agronomy**, 8: 1-25, 2018.

LYU, X. et al. Foliar applications of various nitrogen (N) forms to winter wheat affect grain protein accumulation and quality via N metabolism and remobilization. **The Crop Journal**, 10: 1165-1177, 2022.

LORO, M. V. et al. Wheat grain biofortification for essential amino acids. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 58: e02860, 2023.

MANTAI, R. D. et al. Nitrogen levels in oat grains and its relation to productivity. **Genetics and Molecular Research**, 19: gmr18569, 2020.

NIGRO, D. et al. Candidate genes and genome-wide association study of grain protein content and protein deviation in durum wheat. **Planta**, 249: 1157-1175, 2019.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. Disponível em: <https://www.R-project.org>. 2023.

SILVA, C. L. et al. Seleção de genótipos de trigo para rendimento de grãos e qualidade de panificação em ensaios multiambientais. **Revista Ceres**, 62: 360-371, 2015.

SOLOMON, T. Correlation and path coefficient studies on advanced bread wheat lines in Ethiopia. **Cell Biology**, 9: 1-20, 2021.

TAIZ, L. et al. **Fisiologia e desenvolvimento vegetal**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.

THORWARTH, P. et al. Dissecting the genetics underlying the relationship between protein content and grain yield in a large hybrid wheat population. **Theoretical and Applied Genetics**, 132: 489-500, 2019.

THORWARTH, P. et al. Higher grain yield and higher grain protein deviation underline the potential of hybrid wheat for a sustainable agriculture. **Plant Breed**, 137: 129-787, 2018.

WIEGMANN, M. Wild barley serves as a source for biofortification of barley grains. **Plant Science**, 283: 83-94, 2019.

6 CAPÍTULO III

PROGRESSO GENÉTICO DE TRIGO DE CICLOS PRECOCE E TARDIO NOS ESTADOS DO RIO GRANDE DO SUL E PARANÁ

Progresso genético de trigo de ciclos precoce e tardio nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná

RESUMO - O objetivo deste trabalho foi determinar o progresso genético da produtividade de grãos, peso de mil grãos, peso do hectolitro e proteína em grãos de trigo de ciclos precoce e tardio, nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná. Foram utilizados os dados de 106 ensaios com genótipos de ciclo precoce e 124 de ciclo tardio, conduzidos durante cinco anos (2015, 2016, 2017, 2018 e 2019), nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná. Foram avaliados os seguintes caracteres: produtividade de grãos (PROD, em kg ha⁻¹), peso de mil grãos (PMG, em g), peso do hectolitro (PH, em kg hL⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, em %). Para cada ciclo (precoce e tardio) e caractere (PROD, PMG, PH e PROT) foi utilizada a metodologia de Vencovsky et al. (1988) para o estudo do progresso genético. O progresso genético de trigo de ciclo precoce foi de 2,52% ano⁻¹ para a PROD, -0,13% ano⁻¹ para o PMG, 0,68% ano⁻¹ para o PH e 0,48% ano⁻¹ para a PROT. O progresso genético de trigo de ciclo tardio foi de 4,24% ano⁻¹ para a PROD, -0,10% ano⁻¹ para o PMG, -0,65% ano⁻¹ para o PH e 0,44% ano⁻¹ para a PROT. Houve ganho genético para a PROD e PROT e perda genética para o PMG nos genótipos de ciclos precoce e tardio. Houve ganho genético para o PH dos genótipos de ciclo precoce e perda genética para os genótipos de ciclo tardio.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L., ganho genético, melhoramento de plantas.

Genetic progress of early and late cycle wheat in the states of Rio Grande do Sul and Paraná

ABSTRACT - The objective of this work was to determine the genetic progress of grain productivity, thousand grain weight, hectoliter weight and protein in wheat grains from early and late cycles, in the states of Rio Grande do Sul and Paraná. Data from 106 trials with early-cycle and 124 late-cycle genotypes were used, conducted over five years (2015, 2016, 2017, 2018 and 2019), in the states of Rio Grande do Sul and Paraná. The following traits were evaluated: grain productivity (PROD, in kg ha⁻¹), thousand grain weight (TGW, in g), hectoliter weight (HW, in kg hL⁻¹) and grain protein (PROT, in %). For each cycle (early and late) and traits (PROD, TGW, HW and PROT) the methodology of Vencovsky et al. (1988) for the study of genetic progress. The genetic progress of early cycle wheat was 2.52% year⁻¹ for PROD, -0.13% year⁻¹ for TGW, 0.68% year⁻¹ for HW and 0.48% year⁻¹ for PROT. The genetic progress of late-cycle wheat was 4.24% year⁻¹ for PROD, -0.10% year⁻¹ for TGW, -0.65% year⁻¹ for HW and 0.44% year⁻¹ for PROT. There was genetic gain for PROD and PROT and genetic loss for TGW in early and late cycle genotypes. There was a genetic gain for the HW of the early cycle genotypes and genetic loss for the late cycle genotypes.

Keywords: *Triticum aestivum* L., genetic gain, plant breeding.

INTRODUÇÃO

O desenvolvimento e seleção de genótipos de trigo têm demonstrado um aumento efetivo no desempenho produtivo (BECHE et al., 2014), em resposta à crescente demanda por grãos. A seleção dos genótipos de trigo depende da expressão fenotípica dos caracteres de interesse, influenciada pela interação entre a constituição genética e o ambiente (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Os caracteres de natureza complexa são mais sensíveis às variações ambientais, enquanto os de natureza simples têm influência predominante de fatores genéticos na expressão do caráter (GIANCASPRO et al., 2019). Portanto, a seleção de caracteres complexos requer estratégias dinâmicas de seleção, pois as variações no fenótipo podem ser, principalmente, devido ao ambiente e não serem herdadas nas gerações seguintes.

Isso enfatiza a necessidade de investimento em programas de melhoramento genético para a identificação de genótipos superiores em relação a caracteres quantitativos. Para avaliar o progresso genético em melhoramento de plantas, foram desenvolvidos métodos estatísticos com o propósito de quantificar a eficiência dos programas de melhoramento genético. O método proposto por Vencovsky et al. (1988) permite estimar o ganho genético a cada dois anos consecutivos (biênios), com base nos resultados das médias do caráter em estudo (exemplo: produtividade de grãos) dos genótipos obtidos nos ensaios de competição.

No Brasil, para a produtividade de grãos de trigo foram relatadas estimativas de ganho genético de 0,92% ano⁻¹ (BECHE et al., 2014) e 2,86% ano⁻¹ (FOLLMANN et al., 2017), enquanto em aveia branca com fungicida, aveia branca sem fungicida, arroz e milho, foram obtidos ganhos genéticos de 1,02% ano⁻¹ (FOLLMANN et al., 2016), 4,02% ano⁻¹ (FOLLMANN et al., 2016), 1,99% ano⁻¹ (VALE et al., 2012) e 7,78% ano⁻¹ (SANTOS et al., 2021), respectivamente. Também foram relatados ganhos genéticos de 0,18% ano⁻¹ na Argentina (LO VALVO; MIRALLES; SERRAGO, 2018), 0,59% ano⁻¹ no México (AISAWI et al., 2015), 0,67% ano⁻¹ no Canadá (THOMAS; GRAF, 2014), 0,88% na Espanha (SANCHEZ-GARCIA et al., 2013), 1,37% ano⁻¹ na Turquia (GUMMADOV et al., 2015) e 1,00% ano⁻¹ (WU et al., 2014), 1,09% ano⁻¹ (ZHANG et al., 2016) e 0,70% ano⁻¹ (GAO et al., 2017) na China. Ainda, abrangendo vários países, Crespo-Herrera et al. (2018) obtiveram ganho genético de 1,60% ano⁻¹ para produtividade de grãos de trigo.

Para o peso de mil grãos de trigo, ganhos genéticos de 0,029 g ano⁻¹ foram relatados por Beche et al. (2014) no Brasil e de -0,14% ano⁻¹ por Sanchez-Garcia et al. (2013) na Espanha. Foram descritos ganhos genéticos para o peso do hectolitro da aveia branca de 0,08% para ensaios com uso de fungicida

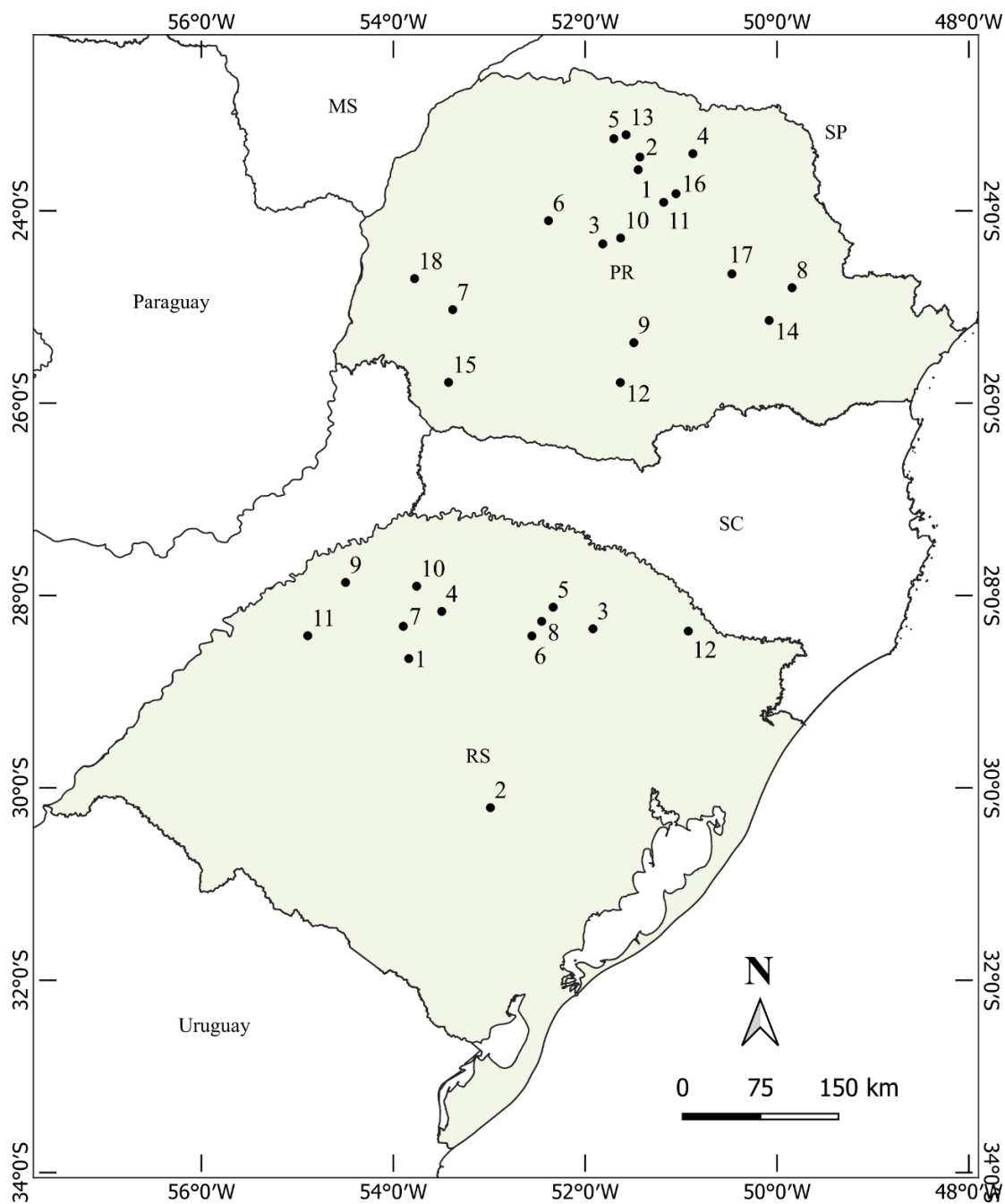
e 0,71% para ensaios sem uso de fungicida no Brasil (FOLLMANN et al., 2016). Foram obtidos ganhos genéticos negativos para proteína dos grãos de trigo nos Estados Unidos (SOUZA et al., 2012) e de centeio na Alemanha (LAIDIG et al., 2017).

Estudo de progresso genético com base em uma série reduzida de anos, como realizado por Santos et al. (2021), possibilita avaliar com antecedência a evolução do programa de melhoramento genético. A importância de determinar o progresso genético por regiões homogêneas foi destacada por Follmann et al. (2017). Com base nisso, não foram encontrados estudos que tenham estimado o progresso genético do trigo por ciclos de desenvolvimento. Logo, a estimativa do progresso genético estratificada por ciclos pode gerar informações mais específicas e precisas em relação ao progresso genético. Portanto, o objetivo deste trabalho foi determinar o progresso genético da produtividade de grãos, peso de mil grãos, peso do hectolitro e proteína em grãos de trigo de ciclos precoce e tardio, nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná, durante cinco anos (2015, 2016, 2017, 2018 e 2019).

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados os dados de 230 ensaios de competição de genótipos de trigo, conduzidos durante cinco anos (2015, 2016, 2017, 2018 e 2019) nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná (Figura 1). Os ensaios foram separados por ciclo, sendo 106 ensaios com genótipos de ciclo precoce e 124 de ciclo tardio (Tabela 1). A classificação dos genótipos quanto à duração do ciclo de desenvolvimento, a condução dos ensaios e a coleta dos dados foram realizados pela empresa Biotrigo Genética.

Figura 1. Representação geográfica dos 30 locais de condução dos ensaios de competição de genótipos de trigo durante cinco anos, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil. Municípios do estado do Rio Grande do Sul: 1 - Boa Vista do Cadeado, 2 - Cachoeira do Sul, 3 - Ciríaco, 4 - Condor, 5 - Coxilha, 6 - Ernestina, 7 - Ijuí, 8 - Passo Fundo, 9 - Santa Rosa, 10 - Santo Augusto, 11 - São Luiz Gonzaga e 12 - Vacaria. Municípios do estado do Paraná: 1 - Apucarana, 2 - Arapongas, 3 - Arapuã, 4 - Assaí, 5 - Astorga, 6 - Campo Mourão, 7 - Cascavel, 8 - Castro, 9 - Guarapuava, 10 - Ivaiporã, 11 - Mauá da Serra, 12 - Pinhão, 13 - Pitangueiras, 14 - Ponta Grossa, 15 - Santa Izabel do Oeste, 16 - Tamarana, 17 - Tibagi e 18 - Toledo.



Fonte: elaborada pelos autores (2023).

Tabela 1. Anos, locais e número de ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio, conduzidos durante cinco anos, nos estados do Rio Grande do Sul (RS) e Paraná (PR), Brasil.

Local	Precoce						Tardio					
	2015	2016	2017	2018	2019	Total	2015	2016	2017	2018	2019	Total
Boa Vista do Cadeado	-	-	-	1	1	2	-	-	-	2	1	3
Cachoeira do Sul	-	-	1	1	-	2	-	-	1	1	-	2
Ciríaco	1	1	2	1	1	6	1	2	4	2	1	10
Condor	1	1	1	1	1	5	1	1	1	1	1	5
Coxilha	2	2	2	1	1	8	2	3	4	2	1	12
Ernestina	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	1	1
Ijuí	1	1	2	-	-	4	1	1	4	-	-	6
Passo Fundo	-	-	1	1	1	3	-	-	2	2	1	5
Santa Rosa	1	1	2	1	1	6	1	2	4	2	1	10
Santo Augusto	-	1	1	1	1	4	-	1	1	1	1	4
São Luiz Gonzaga	1	1	1	1	1	5	1	1	1	1	1	5
Vacaria	1	1	1	1	1	5	1	1	1	1	1	5
Total do RS	8	9	14	10	10	51	8	12	23	15	10	68
Apucarana	1	1	1	1	-	4	1	1	1	-	-	3
Arapongas	1	1	1	1	-	4	1	1	1	1	-	4
Arapuã	-	1	1	-	-	2	-	1	1	-	-	2
Assaí	-	1	1	1	-	3	-	1	1	1	-	3
Astorga	1	1	1	1	-	4	1	1	1	1	-	4
Campo Mourão	-	-	2	2	-	4	-	-	2	2	-	4
Cascavel	-	1	1	1	-	3	-	1	1	1	-	3
Castro	1	1	1	1	-	4	1	1	2	2	-	6
Guarapuava	-	-	1	-	1	2	-	-	2	-	1	3
Ivaiporã	-	1	1	1	-	3	-	1	1	1	-	3
Mauá da Serra	-	-	-	1	-	1	-	-	-	1	-	1
Pinhão	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	1	1
Pitangueiras	1	1	1	1	-	4	1	1	1	1	-	4
Ponta Grossa	-	1	1	1	1	4	-	1	1	1	1	4
Santa Isabel do Oeste	-	1	1	1	-	3	-	1	1	1	-	3
Tamarana	1	1	1	-	-	3	-	1	1	-	-	2
Tibagi	-	1	1	1	-	3	-	1	1	1	-	3
Toledo	-	1	1	1	-	3	-	1	1	1	-	3
Total do PR	6	14	17	15	3	55	5	14	19	15	3	56
Total	14	23	31	25	13	106	13	26	42	30	13	124

- ausência de ensaio. Fonte: elaborada pelos autores (2023).

O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com quatro repetições. As parcelas foram constituídas por sete fileiras de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,17 m entre fileiras, totalizando 5,95 m². Em cada ensaio a semeadura foi realizada com a densidade de 350 sementes m² para

todos os genótipos. Os manejos fitossanitários foram realizados para evitar a interferência de estresse biótico no desenvolvimento da cultura.

Na plena maturidade fisiológica, foram colhidas as plantas de cada parcela para avaliar a produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), corrigida a 13% de umidade por meio de secagem dos grãos em um secador de ar forçado (65 °C). Posteriormente, o peso de mil grãos (PMG, g) foi determinado pelo equipamento Data Count S25. A determinação do peso do hectolitro (PH, kg hL⁻¹) e da proteína dos grãos (PROT, %) foi realizada a partir de uma amostragem de 400 g de grãos inteiros e analisados por meio do equipamento NIR-Infratec1241®.

Durante os cinco anos (2015, 2016, 2017, 2018 e 2019), nos ensaios de ciclo precoce, os caracteres PROD, PMG, PH e PROT foram avaliados em 169, 155, 169 e 163 genótipos, respectivamente. Nos ensaios de ciclo tardio, os caracteres PROD, PMG, PH e PROT foram avaliados em 206, 197, 206 e 202 genótipos, respectivamente.

Para cada ciclo de desenvolvimento dos genótipos de trigo (precoce e tardio) e caracteres (PROD, PMG, PH e PROT) foi utilizada a metodologia proposta por Vencovsky et al. (1988) para o estudo do progresso genético. Essa metodologia destina-se à obtenção de estimativas de ganhos genéticos, sendo o balanço do ganho genético realizado pelo método dos quadrados mínimos generalizados (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014; CRUZ, 2016).

Inicialmente foram estimadas as taxas de genótipos incluídos (I), excluídos (E) mantidos (M) e renovados (R) nos ensaios, em %, pelas seguintes expressões:

$$\%I = \frac{100I}{M + E + I}$$

$$\%E = \frac{100E}{M + E + I}$$

$$\%M = \frac{100M}{M + E + I}$$

$$\%R = \frac{100I}{M + I}$$

Em que: I = número de genótipos novos em relação ao ano anterior; E = número de genótipos excluídos da avaliação no ano posterior; M = número de genótipos mantidos para avaliação no ano posterior; e R = renovação de genótipos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014; CRUZ, 2016).

Após, foi estimado o ganho genético, em cada biênio, com o modelo da regressão linear, proposto por Vencovsky et al. (1988), que consiste em:

$$\hat{G}g = (\bar{y}2 - \bar{y}1) - (\bar{y}c2 - \bar{y}c1)$$

Onde:

$\hat{G}g$ = Estimativa do ganho genético em cada biênio

$\bar{y}1$ = Média geral dos genótipos no ensaio do ano 1.

$\bar{y}2$ = Média geral dos genótipos no ensaio do ano 2.

$\bar{y}c1$ = Média dos genótipos comuns no ensaio do ano 1.

$\bar{y}c2$ = Média dos genótipos comuns no ensaio do ano 2.

Nessa metodologia a diferença bruta é obtida por ($\bar{y}2 - \bar{y}1$) e a diferença ambiental por ($\bar{y}c2 - \bar{y}c1$). Assim, a estimativa do ganho genético (diferença genética) é obtida pela diferença bruta menos a diferença ambiental (VENCOVSKY et al., 1988).

Foi determinado o balanço do ganho genético pelo método dos quadrados mínimos generalizados, conforme descrição em Cruz, Carneiro e Regazzi (2014). Obteve-se a média de ganho genético do período ($\mu\hat{G}g$) em $kg\ ha^{-1}\ ano^{-1}$ para a produtividade de grãos, em $g\ ano^{-1}$ para o peso de mil grãos, em $kg\ hL^{-1}\ ano^{-1}$ para o peso do hectolitro e em $\% \ ano^{-1}$ para a proteína dos grãos. Depois, calculou-se o ganho genético anual (Gga, em %), pela expressão: $Gga = \frac{\mu\hat{G}g}{\bar{y}_{2015}} \times 100$. Nessa expressão, \bar{y}_{2015} refere-se à média geral dos genótipos no ano de 2015 (primeiro ano do estudo). As análises estatísticas foram realizadas por meio do aplicativo Microsoft Office Excel® e do software Genes (CRUZ, 2016).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em relação aos caracteres produtividade de grãos (PROD, $kg\ ha^{-1}$), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, $kg\ hL^{-1}$) e proteína dos grãos (PROT, %), na média dos cinco anos de avaliação, as taxas de inclusão, exclusão, manutenção e renovação de genótipos de ciclo precoce, variaram entre 35,5% a 36,0%, 48,9% a 49,2%, 14,8% a 15,7% e 67,6% a 69,8%, respectivamente (Tabela 2). As taxas de inclusão, exclusão, manutenção e renovação de genótipos de ciclo tardio, variaram entre 34,3% a 34,7%, 48,3% a 48,8%, 16,5% a 17,4% e 65,1% a 65,9%, respectivamente. Portanto, pode-se inferir que as taxas foram similares entre os ciclos precoce e tardio e diminuíram na seguinte ordem: renovação, exclusão, inclusão e manutenção. As elevadas taxas de renovação ($\geq 65,1\%$ na média de cinco anos) revelam o dinamismo do programa de melhoramento genético e a possibilidade de ganhos genéticos com a introdução de novos genótipos em cada ano de avaliação.

Tabela 2. Taxas de inclusão (I), exclusão (E), manutenção (M) e renovação (R) de genótipos avaliados nos ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio no período de 2015 a 2019 nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná em relação aos caracteres produtividade de grãos, peso de mil grãos, peso do hectolitro e proteína dos grãos.

Bênios	Precoce				Tardio			
	I (%)	E (%)	M (%)	R (%)	I (%)	E (%)	M (%)	R (%)
	Produtividade de grãos							
2015-2016	26,2	57,1	16,7	61,1	48,6	34,2	17,1	74,0
2016-2017	53,8	32,1	14,1	79,2	43,0	43,0	14,1	75,3
2017-2018	36,1	47,0	16,9	68,2	31,1	55,7	13,2	70,2
2018-2019	27,9	60,7	11,5	70,8	16,1	62,5	21,4	42,9
Média de 5 anos	36,0	49,2	14,8	69,8	34,7	48,8	16,5	65,6
	Peso de mil grãos							
2015-2016	26,2	57,1	16,7	61,1	48,6	34,2	17,1	74,0
2016-2017	53,8	32,1	14,1	79,2	43,0	43,0	14,1	75,3
2017-2018	23,2	60,9	15,9	59,3	22,3	64,9	12,8	63,6
2018-2019	38,6	45,5	15,9	70,8	23,3	51,2	25,6	47,6
Média de 5 anos	35,5	48,9	15,7	67,6	34,3	48,3	17,4	65,1
	Peso do hectolitro							
2015-2016	26,2	57,1	16,7	61,1	48,6	34,2	17,1	74,0
2016-2017	53,8	32,1	14,1	79,2	43,0	43,0	14,1	75,3
2017-2018	36,1	47,0	16,9	68,2	31,1	55,7	13,2	70,2
2018-2019	27,9	60,7	11,5	70,8	16,1	62,5	21,4	42,9
Média de 5 anos	36,0	49,2	14,8	69,8	34,7	48,8	16,5	65,6
	Proteína dos grãos							
2015-2016	26,2	57,1	16,7	61,1	48,6	34,2	17,1	74,0
2016-2017	53,8	32,1	14,1	79,2	43,0	43,0	14,1	75,3
2017-2018	30,3	51,3	18,4	62,2	27,7	58,4	13,9	66,7
2018-2019	32,7	56,4	10,9	75,0	19,2	59,6	21,2	47,6
Média de 5 anos	35,8	49,2	15,0	69,4	34,6	48,8	16,5	65,9

Fonte: elaborada pelos autores (2023).

As médias das taxas de inclusão, exclusão e renovação de genótipos de ciclos precoce e tardio foram superiores as observadas em arroz (VALE et al., 2012), aveia branca (FOLLMANN et al., 2016), trigo (FOLLMANN et al., 2017) e milho (SANTOS et al., 2021). Consequentemente, as taxas de manutenção foram menores em relação as obtidas por esses autores. Isso indica a maior dinâmica de seleção e desenvolvimento de genótipos superiores do presente programa de melhoramento de trigo.

A média da PROD dos genótipos de ciclo precoce variou entre 2104,31 kg ha⁻¹ no ano de 2015 a 3102,10 kg ha⁻¹ no ano de 2019. Enquanto que nos genótipos de ciclo tardio variou entre 2186,28 kg ha⁻¹ no ano de 2015 a 3338,08 kg ha⁻¹ no ano de 2016 (Tabela 3). Essa variação está associada aos ambientes e aos genótipos avaliados em cada ano. Follmann et al. (2017) constatou estas oscilações na produtividade de grãos do trigo. Zhang et al. (2016) constatou aumento na produtividade de grãos de trigo de 127,11% em pouco mais de meio século, ou seja, em 1950 obteve produtividade de 4,78 t ha⁻¹ e em 2011 de 10,86 t ha⁻¹.

O PMG, PH e PROT também variaram entre os anos de avaliação dentro de cada ciclo (precoce e tardio), mas foram similares entre os ciclos precoce e tardio. Giancaspro et al. (2019) observaram que com o aumento da produtividade de grãos houve redução no teor de proteína dos grãos de trigo, similar ao observado nesse estudo.

Tabela 3. Médias da produtividade de grãos (PROD), peso de mil grãos (PMG), peso do hectolitro (PH) e proteína dos grãos (PROT), de genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio, avaliados no período de 2015 a 2019 nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná.

Ano	PROD, em kg ha ⁻¹	PMG, em g	PH, em kg hL ⁻¹	PROT, em %
Precoce				
2015	2104,31	31,50	78,31	15,54
2016	2961,30	35,09	79,72	14,51
2017	2425,12	32,07	78,58	15,42
2018	2339,03	31,33	77,59	16,62
2019	3102,10	32,48	79,05	15,41
Média do período	2586,37	32,49	78,65	15,50
Tardio				
2015	2186,28	28,78	78,04	15,47
2016	3338,08	33,23	79,95	14,34
2017	2490,74	30,70	76,97	15,39
2018	2489,14	32,65	76,42	15,39
2019	3077,37	31,80	78,95	14,93
Média do período	2716,32	31,43	78,07	15,10

Fonte: elaborada pelos autores (2023).

Em relação à PROD, em ambos os ciclos de desenvolvimento dos genótipos de trigo (precoce e tardio), houve ganho genético (diferença genética positiva) em três dos quatro biênios e perda genética (diferença genética negativa) em um biênio, de acordo com a metodologia proposta por Vencovsky et al. (1988). No balanço do ganho genético do período de 2015 a 2019, realizado pelo método dos quadrados mínimos generalizados (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014; CRUZ, 2016), obteve-se ganho genético de 52,93 kg ha⁻¹ ano⁻¹ e 92,63 kg ha⁻¹ ano⁻¹, para os genótipos de ciclos precoce e tardio, respectivamente (Tabela 4). A partir da média geral dos genótipos no ano de 2015 (primeiro ano do estudo), obteve o ganho genético de 2,52% ano⁻¹ (52,93/2104,31×100) e de 4,24% ano⁻¹ (92,63/2186,28×100), para os genótipos de ciclos precoce e tardio, respectivamente. Isso significa que para os genótipos de ciclos precoce e tardio houve incremento, atribuído ao melhoramento genético, de 2,52% ano⁻¹ e 4,24% ano⁻¹, respectivamente, em relação à PROD do primeiro ano do período de estudo, ou seja, do ano de 2015.

Tabela 4. Ganho genético em cada biênio e balanço do ganho genético do período de 2015 a 2019 para a produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), peso de mil grãos (PMG, g), peso do hectolitro (PH, kg hL⁻¹) e proteína dos grãos (PROT, %), de genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio, avaliados nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná.

Biênios	PROD, em kg ha ⁻¹	PMG, em g	PH, em kg hL ⁻¹	PROT, em %
Precoce				
Ganho genético em cada biênio				
2015-2016	56,76	0,46	1,20	0,12
2016-2017	126,35	-0,67	0,03	0,26
2017-2018	-209,92	1,22	0,57	0,28
2018-2019	351,63	-0,95	-0,03	-0,63
Balanço do ganho genético do período de 2015 a 2019				
Ganho genético por ano	52,93	-0,04	0,53	0,07
Ganho genético em % ano ⁻¹	2,52	-0,13	0,68	0,48
Tardio				
Ganho genético em cada biênio				
2015-2016	152,56	-0,97	-2,06	0,21
2016-2017	-39,26	-0,22	-1,29	0,27
2017-2018	23,78	1,33	0,86	-0,16
2018-2019	181,60	0,35	0,82	-0,09
Balanço do ganho genético do período de 2015 a 2019				
Ganho genético por ano	92,63	-0,03	-0,51	0,07
Ganho genético em % ano ⁻¹	4,24	-0,10	-0,65	0,44

Fonte: elaborada pelos autores (2023).

Ganhos genéticos para a produtividade de grãos de trigo entre 0,18% ano⁻¹ a 2,86% ano⁻¹ (SANCHEZ-GARCIA et al., 2013; BECHE et al., 2014; THOMAS; GRAF, 2014; WU et al., 2014; AISAWI et al., 2015; GUMMADOV et al., 2015; ZHANG et al., 2016; FOLLMANN et al., 2017; GAO et al., 2017; CRESPO-HERRERA et al., 2018; LO VALVO; MIRALLES; SERRAGO, 2018) foram obtidos. O ganho genético de apenas 0,18% ano⁻¹, obtido em genótipos de trigo lançados após 1999 na Argentina (LO VALVO; MIRALLES; SERRAGO, 2018) é, provavelmente, devido à estabilidade na produtividade dos genótipos de trigo. Portanto, pode-se verificar que os resultados deste estudo demonstram ganhos genéticos superiores em comparação com estudos anteriores, possivelmente devido às maiores taxas de inclusão, exclusão e renovação e menores taxas de manutenção. Isso sugere que as estratégias de melhoramento genético e as técnicas de cultivo empregadas no presente estudo são eficientes para a obtenção de aumentos expressivos na produtividade de grãos de trigo.

Em relação ao PMG, PH e PROT também houve biênios com ganhos genéticos positivos e negativos nos dois ciclos de desenvolvimento (precoce e tardio) (Tabela 4). No balanço do ganho genético do período de 2015 a 2019, para o PMG, obteve-se ganho genético de -0,04 g ano⁻¹ (-0,13% ano⁻¹) e -

0,03 g ano⁻¹ (-0,10% ano⁻¹), para os genótipos de ciclos precoce e tardio, respectivamente. Isso significa que no período houve diminuição do PMG nos genótipos de ciclos precoce e tardio. Os resultados sugerem que o PMG atingiu um valor máximo pela expressão genética, uma vez que outros estudos também revelaram ganhos genéticos limitados, como 0,029 g ano⁻¹ (BECHE et al., 2014), bem como ganhos genéticos negativos de -0,14 % ano⁻¹ (SANCHEZ-GARCIA et al., 2013). Isso sugere que o PMG pode ter atingido um valor máximo em termos de variação genética disponível para a melhoria dessa característica. Essa informação é importante para os programas de melhoramento genético, pois indica que outras estratégias ou caracteres podem ser mais promissoras para melhorar a produtividade de grãos de trigo.

Para o PH, o balanço do ganho genético do período de 2015 a 2019, evidenciou ganho genético de 0,53 kg hL⁻¹ ano⁻¹ (0,68% ano⁻¹) e -0,51 kg hL⁻¹ ano⁻¹ (-0,65% ano⁻¹), para os genótipos de ciclos precoce e tardio, respectivamente (Tabela 4). Portanto, houve aumento do PH nos genótipos de ciclo precoce e redução nos genótipos de ciclo tardio. Em aveia branca, foram obtidos ganhos genéticos para o PH de 0,08% com uso de fungicida e 0,71% sem uso de fungicida (FOLLMANN et al., 2016).

Conforme o balanço do ganho genético do período de 2015 a 2019 da PROT obteve-se ganho genético de 0,07% ano⁻¹ (0,48% ano⁻¹) e 0,07 g ano⁻¹ (0,44% ano⁻¹), para os genótipos de ciclos precoce e tardio, respectivamente (Tabela 4). Isso evidencia que o teor de proteínas nos grãos de trigo de ciclos precoce e tardio, aumentou durante o período. Diferentemente, dos ganhos genéticos negativos obtidos para proteína dos grãos de trigo nos Estados Unidos (SOUZA et al., 2012) e de centeio na Alemanha (LAIDIG et al., 2017).

CONCLUSÕES

O progresso genético de trigo de ciclo precoce, no período de cinco anos (2015-2019), foi de 2,52% ano⁻¹ para a produtividade de grãos, -0,13% ano⁻¹ para o peso de mil grãos, 0,68% ano⁻¹ para o peso do hectolitro e 0,48% ano⁻¹ para a proteína dos grãos.

O progresso genético de trigo de ciclo tardio, no período de cinco anos (2015-2019), foi de 4,24% ano⁻¹ para a produtividade de grãos, -0,10% ano⁻¹ para o peso de mil grãos, -0,65% ano⁻¹ para o peso do hectolitro e 0,44% ano⁻¹ para a proteína dos grãos.

Houve ganho genético para a produtividade de grãos e proteína dos grãos e perda genética para o peso de mil grãos nos genótipos de ciclos precoce e tardio. Houve ganho genético para o peso do hectolitro dos genótipos de ciclo precoce e perda genética para os genótipos de ciclo tardio.

AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq - Processos 304652/2017-2 e 304878/2022-7), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes, Finance Code 001) e à empresa Biotrigo Genética pela disponibilização do banco de dados.

REFERÊNCIAS

- AISAWI, K. A. B.; REYNOLDS, M. P.; SINGH, R. P.; FOULKES, M. J. The physiological basis of the genetic progress in yield potential of CIMMYT spring wheat cultivars from 1966 to 2009. **Crop Science**, v. 55, n. 4, p. 1749-1764, 2015. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.09.0601>
- BECHE, E.; BENIN, G.; SILVA, C. L.; MUNARO, L. B.; MARCHESE, J. A. Genetic gain in yield and changes associated with physiological traits in Brazilian wheat during the 20th century. **European Journal of Agronomy**, v. 61, p. 49-59, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.eja.2014.08.005>
- CRESPO-HERRERA, L. A.; CROSSA, J.; HUERTA-ESPINO, J.; VARGAS, M.; MONDAL, S.; VELU, G.; PAYNE, T. S.; BRAUN, H.; SINGH, R. P. Genetic gains for grain yield in CIMMYT's semi-arid wheat yield trials grown in suboptimal environments. **Crop Science**, v. 58, n. 5, p. 1890-1898, 2018. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.01.0017>
- CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.38, n. 4, p. 547-552, 2016.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, v. 2, 2014. 688 p.
- FOLLMANN, D. N.; CARGNELUTTI FILHO, A.; LÚCIO, A. D.; SOUZA, V. Q.; CARAFFA, M.; WARTHA, C. A. Genetic progress in homogeneous regions of wheat cultivation in Rio Grande do Sul State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, gmr16019517, 2017. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr16019517>

FOLLMANN, D. N.; CARGNELUTTI FILHO, A.; LÚCIO, A. D.; SOUZA, V. Q.; CARAFFA, M.; WARTHA, C. A. Genetic progress in oat associated with fungicide use in Rio Grande do Sul, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 4, gmr15049390, 2016. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr15049390>

GAO, F.; MA, D.; YIN, G.; RASHEED, A.; DONG, Y.; XIAO, Y.; XIA, X.; WU, X.; HE, Z. Genetic progress in grain yield and physiological traits in Chinese wheat cultivars of Southern Yellow and Huai Valley since 1950. **Crop Science**, v. 57, n. 2, p. 760-773, 2017. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.05.0362>

GIANCASPRO, A.; GIOVE, S. L.; ZACHEO, S. A.; BLANCO, A.; GADALETA, A. Genetic variation for protein content and yield-related traits in a durum population derived from an inter-specific cross between hexaploid and tetraploid wheat cultivars. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, p. 1509, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01509>

GUMMADOV, N.; KESER, M.; AKIN, B.; CAKMAK, M.; MERT, Z.; TANER, S.; OZTURK, I.; TOPAL, A.; YAZAR, S.; MORGOUNOV, A. Genetic gains in wheat in Turkey: Winter wheat for irrigated conditions. **The Crop Journal**, v. 3, n. 6, p. 507-516, 2015. DOI: <https://dx.doi.org/10.1016/j.cj.2015.07.007>

L Aidig, F.; Piepho, H. P.; Rentel, D.; Drobek, T.; Meyer, U.; Huesken, A. Breeding progress, variation, and correlation of grain and quality traits in winter rye hybrid and population varieties and national on-farm progress in Germany over 26 years. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, p. 981-998, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-017-2865-9>

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

SANCHEZ-GARCIA, M.; ROYO, C.; APARICIO, N.; MARTÍN-SÁNCHEZ, J. A.; ÁLVARO, F.; Genetic improvement of bread wheat yield and associated traits in Spain during the 20th century. **Journal of Agricultural Science**, v. 151, n. 1, p. 105-118, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0021859612000330>

SANTOS, V. B.; LIMA, S. R.; MESQUITA, A. G. G.; FRANKE, I. L.; NEGREIROS, J. R. S.; BEBER, P. M.; RESENDE, M. D. V. Progresso genético do programa de melhoramento de variedades de milho da Embrapa no Acre. **Scientia Naturalis**, v. 3, n. 5, p. 2346-2357, 2021.

SOUZA, E. J.; SNELLER, C.; GUTTIERI, M. J.; STURBAUM, A.; GRIFFEY, C.; SORRELLS, M.; OHM, H.; SANFORD, D. V. Basis for selecting soft wheat for end-use quality. **Crop Science**, v. 52, p. 21-31, 2012. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2011.02.0090>

THOMAS, J. B.; GRAF, R. J. Rates of yield gain of hard red spring wheat in western Canada. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 94, n. 1, p. 1-13, 2014. DOI: <https://doi.org/10.4141/CJPS2013-160>

VALE, J. C.; SOARES, P. C.; CORNÉLIO, V. M. O.; REIS, M. S.; BORGES, V.; BISI, R. B.; SOARES, A. A.; FRITSCHÉ-NETO, R. Contribuição genética na produtividade do arroz irrigado em Minas Gerais no período de 1998 a 2010. **Bragantia**, v. 71, n. 4, p.460-466, 2012.

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento do milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., 1986, Belo Horizonte. **Anais...** Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, p. 300-307. 1988.

WU, W.; LI, C.; MA, B.; SHAH, F.; LIU, Y.; LIAO, Y. Genetic progress in wheat yield and associated traits in China since 1945 and future prospects. **Euphytica**, v. 196, p. 155-168, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-013-1033-9>

ZHANG, Y.; XU, W.; WANG, H.; DONG, H.; QI, X.; ZHAO, M.; FANG, Y.; GAO, C.; HU, L. Progress in genetic improvement of grain yield and related physiological traits of Chinese wheat in Henan Province. **Field Crops Research**, v. 199, p. 117-128, 2016. DOI: <https://dx.doi.org/10.1016/j.fcr.2016.09.022>

7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

No primeiro artigo, pode-se concluir que a precisão experimental em ensaios de competição de genótipos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio, avaliados nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná, é similar. De acordo com a herdabilidade, valor do teste F para genótipo, acurácia seletiva e coeficiente de repetibilidade, 95,86% dos ensaios de competição de genótipos de trigo apresentam precisão alta ou muito alta. Contudo, 1,13% dos ensaios poderiam ser descartados, em razão da insuficiência na precisão experimental.

No segundo artigo chegou à conclusão de que há relações lineares entre caracteres produtivos e proteína em grãos de trigo de ciclos precoce, médio e tardio. Os genótipos de trigo de ciclos precoce e tardio apresentam correlação negativa entre a produtividade de grãos e a proteína nos grãos. Os genótipos de trigo de ciclo médio apresentam ausência de correlação entre produtividade de grãos e a proteína nos grãos. A seleção de genótipos de maior produtividade de grãos e peso do hectolitro pode ser realizada indiretamente por meio do peso de mil grãos.

O progresso genético foi abordado no terceiro artigo, o qual foi possível observar e concluir que o progresso genético de trigo de ciclo precoce, no período de cinco anos (2015-2019), foi de 2,52% ano⁻¹ para a produtividade de grãos, -0,13% ano⁻¹ para o peso de mil grãos, 0,68% ano⁻¹ para o peso do hectolitro e 0,48% ano⁻¹ para a proteína dos grãos. O progresso genético de trigo de ciclo tardio, no período de cinco anos (2015-2019), foi de 4,24% ano⁻¹ para a produtividade de grãos, -0,10% ano⁻¹ para o peso de mil grãos, -0,65% ano⁻¹ para o peso do hectolitro e 0,44% ano⁻¹ para a proteína dos grãos. Relatando que houve ganho genético para a produtividade de grãos e proteína dos grãos e perda genética para o peso de mil grãos nos genótipos de ciclos precoce e tardio. Houve ganho genético para o peso do hectolitro dos genótipos de ciclo precoce e perda genética para os genótipos de ciclo tardio.

Por fim, a cultura de trigo é de suma importância para o cenário mundial, como mencionado anteriormente nos artigos, assim a realização de ensaios que apresentem confiabilidade em seus dados é de suma importância. A precisão experimental dos resultados, a relação linear entre os caracteres e o progresso genético fazem com que haja avanço na produção de genótipos com maior qualidade. Além de auxiliar o produtor no incremento de produtividade, rentabilidade e escolhas de genótipos mais adaptáveis a sua região. Assim, a partir deste, novos trabalhos podem ser realizados a fim de identificar, por região, quais os genótipos que apresentam melhor desempenho, avaliar as relações lineares entre outros caracteres que futuramente sejam desejáveis aos programas de melhoramento. E realizar o progresso

genético da cultura para auxiliar no crescimento da região verificando se tem incremento na produtividade frente aos anos de cultivo da cultura.