

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PRÉ-CULTIVARES DE FEIJÃO PRETO VIA MODELOS MISTOS

Maxwel Rodrigues Nascimento¹, Josilene Vargas Xavier², Ana Kesia Faria Vidal¹, Josefa Grasiela Silva Santana¹, Moisés Ambrósio¹, Rogério Figueiredo Daher¹, Benedito Fernandes de Souza Filho³

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Avenida Alberto Lamego, 2000, Parque Califórnia – 28013-602 – Campos dos Goytacazes-RJ, Brasil, maxwel.rn88@gmail.com, anakesia.vidal@hotmail.com, grasi_agronomia@hotmail.com, ambrosio_20007@hotmail.com, rogdaher@uenf.br.

²Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Fluminense, Avenida Dario Vieira Borges, 235, Parque do Trevo – 28360-000 – Bom Jesus do Itabapoana-RJ, Brasil, josielene.xavier@iff.edu.br.

³Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro, Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, Avenida Francisco Lamego, 134, Parque Jardim Carioca – 28080-000 – Campos dos Goytacazes-RJ, Brasil, beneditopesagro@yahoo.com.br.

Resumo

O feijoeiro comum no Brasil é amplamente cultivado em diferentes condições ambientais, épocas de semeadura e níveis tecnológicos empregados por pequenos, médios e grandes agricultores. Deste modo, a identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica tem sido uma alternativa muito utilizada para atenuar os efeitos da interação genótipos x ambientes (G x A). O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e selecionar genótipos superiores por meio da modelagem mista pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e pelo procedimento do Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP). Foi utilizado o modelo estatístico 54 do aplicativo computacional SELEGEN REML/BLUP. Foram avaliados 11 genótipos de feijão preto em três municípios fluminenses, no ano de 2013. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com três repetições. Cada unidade experimental foi constituída de quatro linhas de 4 m e espaçada a 0,50 m. As linhagens CNFP 15361 e CNFP 15290 e a cultivar BRS Campeiro apresentaram os melhores rendimentos de grãos com base, simultaneamente, na produtividade, adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. Cultivares. Interação G x A. Linhagens. REML/BLUP.

Área do Conhecimento: Engenharia Agrônoma.

Introdução

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) constitui a base alimentar da população brasileira e é cultivado por pequenos, médios e grandes produtores em todo o território nacional, destacando-se como uma cultura de significativa importância tanto econômica, quanto social.

O Brasil já foi o maior produtor mundial dessa leguminosa há 20 anos, mas, em razão das quedas de produtividade e de produção, perdeu espaço para os países asiáticos como a Índia e Myanmar (FAO, 2023). Já em consumo per capita, o Brasil é o primeiro do ranking mundial com média de 14,03 kg hab⁻¹ ano⁻¹ (CONAB, 2023).

O trabalho de desenvolvimento de uma nova cultivar é dificultado pelo surgimento da interação genótipos x ambientes (G x A), caracterizada pela resposta diferenciada dos genótipos quando submetidos a diferentes ambientes de cultivo, prejudicando a seleção e recomendação de materiais superiores (CRUZ *et al.*, 2014). Nesse contexto, devido ao comportamento dos genótipos de feijoeiro ser distinto frente às diferentes regiões, é necessário que novas cultivares sejam continuamente desenvolvidas e lançadas para atender desde o pequeno ao grande produtor em diferentes ambientes específicos importantes dentro de um programa de melhoramento.

A interação G x A tem por finalidade avaliar a resposta diferencial dos genótipos em relação às variações ambientais (CRUZ *et al.*, 2014). Tal interação é um grande desafio para o processo de identificação de indivíduos superiores, uma vez que, com esta, há a possibilidade do genótipo

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

apresentar desempenho inconsistente/diferencial de acordo com o ambiente a qual está submetido, ou seja, ser o melhor em um ambiente e não o ser em outro (CRUZ *et al.*, 2014).

Dessa forma, para se obter informações com maior precisão a respeito do desempenho dos genótipos frente às variações e entender o desdobramento dos seus efeitos são necessários estudos de adaptabilidade e estabilidade. Adaptabilidade é definida como a capacidade de um genótipo aproveitar vantajosamente as variações do ambiente. Já a estabilidade refere-se à resposta do genótipo, mais especificamente à sua capacidade de se apresentar como um organismo previsível (previsibilidade de resposta) mesmo quando submetido à variações ambientais (CRUZ *et al.*, 2014).

Com objetivo de explorar tal fenômeno, vários autores propuseram diferentes metodologias biométricas, algumas alternativas e outras complementares (CRUZ *et al.*, 2014) como: a análise de variância, modelos não paramétricos, os métodos de regressão, modelos mistos, métodos baseados na análise gráfica, entre outros. A escolha do método a ser utilizado deve levar em conta os atributos de execução e interpretação, assim como, estar relacionada com o número de ambientes envolvidos, precisão requerida e o tipo de informação desejada (CRUZ *et al.*, 2014).

Os modelos mistos, na análise da interação G x A, têm-se o método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), via REML/BLUP, sendo um dos mais utilizados e indicados para lidar com dados desbalanceados, delineamentos não ortogonais ou com a heterogeneidade de variâncias entre os diferentes ambientes de experimentação. Este procedimento apresenta interpretações mais simples e diretas para a seleção de materiais promissores quanto à produtividade, adaptabilidade ampla e estabilidade de uma maneira simples e direta com ordenamento dos genótipos (RESENDE, 2007).

Objetivou-se, com a realização deste trabalho, estimar os parâmetros genéticos e selecionar os melhores genótipos de feijão preto de ciclo normal com base, simultaneamente, na produtividade, adaptabilidade e estabilidade, utilizando-se os modelos mistos univariados via REML/BLUP.

Metodologia

Os experimentos foram conduzidos no ano de 2013 em três municípios do estado do Rio de Janeiro, sendo dois, Campos dos Goytacazes e Macaé, situados na região Norte Fluminense e um, Araruama, situado na Baixada Litorânea.

Foram instalados ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) contendo 11 genótipos de feijão preto de ciclo normal, sendo oito linhagens (identificadas com o prefixo 'CNFP'), desenvolvidas pela Embrapa Arroz e Feijão e três cultivares testemunhas (BRS Campeiro, BRS Esplendor e IPR Uirapurú).

Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos casualizados com três repetições. A parcela constituiu-se de quatro linhas de 4 m espaçadas a 0,50 m entre linhas. Considerou-se como área útil as duas linhas centrais eliminando 0,50 m das extremidades. Todos os ensaios foram semeados manualmente, distribuindo-se uniformemente 15 sementes por metro linear. Todas as práticas de manejo foram realizadas de acordo com os requisitos da cultura, seguindo Carneiro *et al.* (2015).

As colheitas dos experimentos foram realizadas na área útil de cada parcela, quando as plantas atingiram a maturação fisiológica, definida como a última etapa da fase reprodutiva do estágio de desenvolvimento da planta (R9), com cerca de 15% de umidade nos grãos. A característica avaliada foi rendimento de grãos, obtida em g m⁻², quando os grãos atingissem 13% de umidade. Posteriormente o peso dos grãos foram transformados para kg ha⁻¹.

Com os dados fenotípicos estimaram-se os parâmetros genéticos bem como o efeito da interação G x A, via modelagem mista, utilizando-se o programa SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2002). Para isso, foi adotado o modelo estatístico 54, correspondente a $y = Xb + Zg + Wc + e$, em que: y é vetor de valores observados; b efeitos de blocos dentro de diferentes ambientes (fixo); g efeitos de genótipos (aleatório); c efeitos da interação G x A (aleatório); e erros aleatórios; e X , Z e W são as matrizes de incidência para b , g e c , respectivamente. As distribuições e estruturas de médias (E) e variâncias (Var)

$$\text{assumidas foram: } E \begin{bmatrix} y \\ g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}.$$

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

O ajuste do modelo foi obtido a partir das equações de modelos misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{g} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que: } \lambda_1 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2} = \frac{(1-h_g^2-c^2)}{h_g^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_e^2} = \frac{(1-h_g^2-c^2)}{c_g^2}, \text{ em que } h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2 + \sigma_c^2},$$

= herdabilidade individual no sentido amplo em nível de bloco; $c^2 = \frac{\sigma_c^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_e^2 + \sigma_c^2)}$, corresponde ao coeficiente de determinação dos efeitos da interação G x A; σ_g^2 = é a variância genotípica; σ_e^2 = é a variância da interação G x A; σ_c^2 = é a variância residual entre parcelas; c_g^2 = é o coeficiente de determinação dos efeitos genotípicos; $\hat{g}_{loc} = \frac{\sigma_g^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_e^2)} = \frac{h_g^2}{(h_g^2 + c^2)}$, corresponde à correlação genotípica dos genótipos, através dos ambientes; $h_{mg}^2 = \frac{\sigma_g^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_e^2/I)}$, corresponde à herdabilidade da média dos genótipos; e $\hat{g}_{gg}^2 = \sqrt{\hat{h}_{mg}^2}$, corresponde a acurácia na seleção de genótipos.

Por meio do modelo utilizado, foram obtidos os preditores BLUP empíricos (BLUP ou REML/BLUP) dos valores genotípicos livres da interação, dados por $\hat{\mu} + \hat{g}_i$, em que $\hat{\mu}$ é a média de todos os ambientes e $\hat{g}_i$ é o efeito genotípico livre da interação G x A. Para cada ambiente j , os valores genotípicos (V_g) são preditos por $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + (\hat{g}a)_{ij}$, em que $\hat{\mu}_j$ é a média do ambiente j , $\hat{g}_i$ é o efeito genotípico do genótipo i , no ambiente j , e $(\hat{g}e)_{ij}$ é o efeito da interação G x A relativo ao genótipo i .

A predição dos valores genotípicos capitalizando a interação média (gem) nos diferentes ambientes é dada por: $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}a_m$, sendo calculada por: $\hat{\mu}_j + \frac{(\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2)}{\hat{\sigma}_g^2} \hat{g}_i$, em que $\hat{\mu}$ é a média geral de todos os ambientes; n é o número de ambientes e $\hat{g}_i$ é o efeito genotípico do genótipo i .

Para a avaliação da estabilidade os valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) foram obtidos pela seguinte equação: $MHVG_i = n / \sum_{j=1}^n (1/Vg_{ij})$, onde n é o número de ambientes ($n = 3$) que se avaliou o genótipo i e Vg_{ij} é o valor genotípico do genótipo i no ambiente j , expresso como proporção da média desse ambiente (RESENDE, 2002). Para a adaptabilidade, os valores da performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) foram obtidos conforme a expressão a seguir: $PRVG_i = 1/n \times (\sum_{j=1}^n Vg_{ij}) / M_j$, em que M_j é a média da produtividade no ambiente j . A seleção simultânea para produtividade, estabilidade e adaptabilidade, é dada pela estatística da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), de acordo com a seguinte expressão: $MHPRVG_i = n / (\sum_{j=1}^n x 1) / Vg_{ij}$.

A significância do efeito aleatório (genótipos) foi obtida através da Análise de Deviance (ANADEV), pelo método REML (máxima verossimilhança restrita), que substitui com vantagens a análise de variância (ANOVA) em casos de dados desbalanceados, pelo teste da razão da máxima verossimilhança (LRT) (RESENDE, 2007). As deviances foram obtidas conforme descrito por Resende (2007), utilizando-se o modelo com e sem os respectivos efeitos, subtraindo a deviance obtida no modelo completo do modelo sem o efeito e comparada com o valor do Qui-quadrado (χ^2) com um grau de liberdade. O fator bloco, assumido como efeito fixo, foi avaliado pelo teste F (Tabela 1).

Utilizou-se o modelo 54 do aplicativo computacional SELEGEM REML/BLUP (RESENDE, 2016), para avaliação de linhagens e cultivares em delineamento de blocos completos, em vários locais, e uma observação por parcela.

Resultados

A análise de deviance (Tabela 1) foi realizada para identificar diferença significativa entre os genótipos para o caractere avaliado.

Os parâmetros genéticos tem grande importância no melhoramento genético de qualquer cultura, pois possibilita conhecer a estrutura genética da população para fins de seleção e da sua variância genotípica (RAMALHO *et al.*, 2012). As estimativas de tais parâmetros estão apresentados na Tabela 1.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Tabela 1 – Resumo da Análise de Deviance e estimativas dos parâmetros genéticos para produtividade de grãos em kg ha⁻¹ de onze genótipos de feijão preto de ciclo normal avaliados em três municípios fluminenses, no ano de 2013.

Efeitos	Deviance	LRT
Genótipos	1.150,71	7,94*
Interação Genótipos x Ambientes (G x A)	1.151,73	8,96*
Modelo completo	1.142,77	-
Componentes de variância (REML individual)		
Variância genotípica		60.023,59
Variância da interação G x A		33.759,87
Variância residual		57.108,96
Variância fenotípica individual		150.892,42
Herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo		0,40 ± 0,18
Herdabilidade da média de genótipo		0,77
Acurácia da seleção de genótipos		0,88
Coeficiente de determinação dos efeitos da interação G x A		0,22
Correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes		0,64
Coeficiente de variação genotípica em %		12,41
Coeficiente de variação residual em %		12,11
Média geral		1.973,59

* ** para níveis de significância de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente; ns, não significativo.

Fonte: Os autores

A predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos à seleção, via REML/BLUP, utilizados na abordagem de modelos lineares mistos, fornece resultados que são interpretados diretamente como valores genotípicos, já penalizados ou capitalizados pelas estimativas da interação G x A (RESENDE, 2016). Na Tabela 3 estão os valores genéticos capitalizados pela interação com os ambientes e os valores da média harmônica dos valores genéticos preditos (MHPRVG).

Tabela 2 – Valores genotípicos capitalizados pela interação com os ambientes (u+g+ge), bem como adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos, via REML/BLUP, para produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de onze genótipos de feijão preto de ciclo normal avaliados em três municípios fluminenses, no ano de 2013.

Nº	Genótipos	Araruama		C. Goytacazes		Macaé		Ordem	MHPRVG
		Ordem	u+g+ge	Ordem	u+g+ge	Ordem	u+g+ge		
1	BRS Campeiro	5	2.356,9	11	2.523,5	11	1.994,6	11	2.294,5
2	BRS Esplendor	11	2.356,0	1	2.434,9	5	1.945,0	5	2.247,0
3	IPR Uirapuru	1	2.347,2	5	2.423,1	2	1.863,9	1	2.210,4
4	CNFP 15289	8	2.290,8	8	2.311,8	1	1.848,7	2	2.110,6
5	CNFP 15290	2	2.277,3	4	2.303,7	9	1.825,6	9	2.058,9
6	CNFP 15292	9	2.264,7	2	2.167,9	4	1.686,4	4	2.054,9
7	CNFP 15302	10	2.198,2	9	2.067,3	8	1.601,8	8	2.053,3
8	CNFP 15304	4	2.186,8	6	1.774,6	6	1.444,4	6	1.705,5
9	CNFP 15310	3	2.148,0	3	1.670,7	3	1.316,2	10	1.686,2
10	CNFP 15359	7	1.984,1	10	1.651,8	10	1.309,1	3	1.685,0
11	CNFP 15361	6	1.889,3	7	1.504,2	7	1.159,7	7	1.516,6

Fonte: Os autores

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Discussão

Observou-se, na Tabela 1, diferença significativa ($p < 0,05$) pelo teste qui-quadrado para todos os efeitos, o que comprovou a existência de variabilidade entre os genótipos e diferença no comportamento genotípico nos diferentes ambientes avaliados. A diferença na resposta em ambientes contrastantes gera dificuldades na escolha do genótipo ideal e de sua recomendação, uma vez que, o ranking de produtividade dos genótipos pode ser alterado em função de sua interação com o ambiente.

A presença de variabilidade genética pode ser confirmada e quantificada pelo coeficiente de variação genotípica, que expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter. De acordo com Sebbenn et al. (1998), os coeficientes de variação genotípica acima de 7% são considerados altos. No presente estudo, o valor estimado foi considerado alto (12,41%), corroborando com o valor da variância genética frente às variâncias da interação $G \times A$ e residual (Tabela 1).

Os componentes de variância, que são as variâncias associadas aos efeitos aleatórios do modelo estatístico, apontaram contribuição da variância genotípica na expressão fenotípica (Tabela 1). A variância genotípica contribuiu por aproximadamente 40% da variância fenotípica, seguida da variância residual e a variância da interação $G \times A$, com 38% e 22%, respectivamente. Dessa forma, destaca-se a importância dos modelos mistos, que seleciona com base no valor genético, e não nos fatores ambientais, permitindo uma seleção mais precisa dos genótipos superiores.

Outro parâmetro importante é a herdabilidade que se refere à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica das características que permite indicar o grau de facilidade ou dificuldade para melhorar determinada característica. Ou seja, expressa a confiabilidade no valor fenotípico como uma referência para o valor genético (FALCONER, 1987).

É possível estimar dois tipos de herdabilidade: no sentido amplo e no sentido restrito. No sentido amplo, a herdabilidade pode ser definida como a razão da variância genotípica pela variância fenotípica, enquanto no sentido restrito, a razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica, ou seja, leva em consideração apenas a parte da variação genética que passa para geração seguinte (FALCONER; MACKAY, 1996).

Na estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, o valor encontrado foi mediano, sendo estimado em 0,40 (Tabela 2), uma vez que considera os efeitos genotípicos puros para o caráter testado, ou seja, livre dos efeitos de interação com os ambientes. De acordo com Resende (2002) a herdabilidade é classificada como baixa ($h < 0,15$), mediana ($0,15 < h < 0,50$) e de alta magnitude ($h > 0,50$). Quando a herdabilidade de uma característica é baixa, ela evidencia que grande parte da variação da característica é devida aos diferentes ambientes aos quais os genótipos estão sujeitos. Altos valores para a herdabilidade significam que as diferenças genéticas entre os genótipos são responsáveis, em grande parte, pela variação da característica.

A maior parte dos caracteres de importância econômica e agrônoma estudados em espécies vegetais é de natureza quantitativa como, por exemplo, rendimento de grãos, que geralmente apresentam herdabilidades individuais baixas, mas levam às moderadas magnitudes de herdabilidades médias dos genótipos (RESENDE, 2002). Na estimativa da herdabilidade média dos genótipos, o valor encontrado foi elevado, sendo estimado em 0,77 (Tabela 1), uma vez que os efeitos ambientais foram minimizados, permitindo uma acurácia de seleção elevada, na ordem de 88% na seleção dos genótipos na média do ambiente.

A avaliação conjunta dos coeficientes de variação genotípica e experimental é refletida na estatística da acurácia seletiva. De acordo com Resende & Duarte (2007), a acurácia seletiva pode ser classificada em baixa ($as > 0,50$), moderada ($0,50 > as < 0,70$), alta ($0,70 < as < 0,90$) e muita alta ($as > 0,90$). A acurácia seletiva obtida neste estudo foi considerada alta (0,88), o que proporciona segurança ao melhorista na seleção de genótipos superiores quanto ao caractere avaliado.

Alterações sutis no ordenamento dos genótipos de feijão foram observadas em virtude da baixa magnitude do coeficiente de determinação da interação $G \times A$ (0,22) e moderada magnitude da correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes (0,64) (Tabela 1). Isso indica a ocorrência de interação complexa entre genótipos e ambientes, favorecendo a seleção de genótipos de adaptação mais específica (ROSADO et al., 2012).

A linhagem CNFP 15361 figurou-se em primeiro lugar no ranking da performance produtiva dos genótipos nos dois dos três ambientes avaliados, além de ser a primeira com base na média harmônica

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG). Nota-se, também, que a linhagem CNFP 15290 esteve entre os três melhores genótipos nos ambientes avaliados e em segundo com base no MHPRVG (Tabela 2). Por fim, a cultivar BRS Campeiro esteve entre os três melhores genótipos em dois dos três ambientes avaliados e em terceiro com base no MHPRVG (Tabela 2).

Conclusão

As linhagens CNFP 15361 e CNFP 15290 e a cultivar BRS Campeiro apresentaram os melhores rendimentos de grãos com base, simultaneamente, na produtividade, adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

Referências

CARNEIRO, J. E.; PAULA JÚNIOR, T.; BORÉM, A. **Feijão do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015. 384 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético: volume 2**. Viçosa: Editora UFV, 2014.

Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB. **Séries históricas das safras**. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras>. Acesso em 01 ago. 2023.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1987. 279 p.

FALCONER, D. S.; MAKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4ed. Harlow: Longman, 1996. 464 p.

Food and Agriculture Organization of the United Nations – FAO. **Statistics Division – FAOSTAT**. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#home>. Acesso em: 01 ago. 2023.

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

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

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

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.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; BHERING, L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 7, p. 964-971, 2012.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. **Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva – *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão**. Scientia Forestalis, n.53, p.31-38, 1998.