

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)
autor(a), o texto completo desta
dissertação será disponibilizado
somente a partir de 28/09/2027

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTRATÉGIAS DE *MACHINE LEARNING* E ÍNDICES
TRADICIONAIS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS
SUPERIORES DE AMENDOIM PARA RESISTÊNCIA À
DOENÇAS E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS**

Thainá Ágata Ferreira Moura
Tecnóloga em Biocombustíveis

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTRATÉGIAS DE *MACHINE LEARNING* E ÍNDICES
TRADICIONAIS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS
SUPERIORES DE AMENDOIM PARA RESISTÊNCIA À
DOENÇAS E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS**

Discente: Thainá Ágata Ferreira Moura

Orientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Coorientador: Prof. Dr. Claudenir Facincani Franco

**Dissertação apresentada à Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp,
Câmpus de Jaboticabal, como parte das
exigências para a obtenção do título de
Mestre em Agronomia (Genética e
Melhoramento de Plantas).**

M929e	Moura, Thainá Ágata Ferreira Estratégias de machine learning e índices tradicionais na seleção de genótipos superiores de amendoim para resistência à doenças e produtividade de grãos / Thainá Ágata Ferreira Moura. -- Jaboticabal, 2026 63 f. : tabs., fotos Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal Orientadora: Sandra Helena Unêda Trevisoli Coorientador: Claudenir Facincani Franco 1. Plantas Melhoramento Genético. 2. Arachis hypogaea L.. 3. Seleção Multivariada. 4. Aprendizado de Máquina. 5. Avaliação de Resistência. I. Título.
-------	--

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: ESTRATÉGIAS DE *MACHINE LEARNING* E ÍNDICES TRADICIONAIS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE AMENDOIM PARA RESISTÊNCIA À DOENÇAS E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS

AUTORA: THAINÁ ÁGATA FERREIRA MOURA

ORIENTADORA: SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), área: Genética e Melhoramento de Plantas pela Comissão Examinadora:

 Documento assinado digitalmente
SANDRA HELENA UNEDA TREVISOLI
Data: 30/07/2026 16:27:38-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI (Participação Presencial)
Departamento de Produção Vegetal / UNESP / Câmpus de Jaboticabal - FCAV

 Documento assinado digitalmente
MARCOS DONISETI MICHELOTTO
Data: 30/07/2026 12:18:13-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. MARCOS DONISETI MICHELOTTO (Participação Presencial)
APTA Regional Centro-Norte / Pindorama/SP

 Documento assinado digitalmente
GABRIELA FRANCA OLIVEIRA
Data: 30/07/2026 10:25:41-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. GABRIELA FRANÇA OLIVEIRA (Participação Presencial)
Departamento de Ciências Exatas / UNESP / Câmpus de Jaboticabal - FCAV

Jaboticabal, 28 de julho de 2026.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

THAINÁ ÁGATA FERREIRA MOURA – nascida em 08 de maio de 2003, na cidade de Ribeirão Preto, São Paulo. Em fevereiro de 2018 ingressou no curso de Técnico em Agropecuária da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Jaboticabal – SP, recebendo o título de Técnica em Agropecuária em março de 2021. Em fevereiro de 2021 ingressou no curso superior de Tecnologia em Biocombustíveis da Fatec Jaboticabal “Nilo De Stéfani – Jaboticabal – SP, recebendo o título de Tecnóloga em Biocombustíveis em janeiro de 2024. Durante a graduação foi bolsista de monitoria e bolsista de Iniciação Científica – CPS e CNPq, durante 1 ano letivo, atuando em pesquisas voltadas à Físico-química, Processos fermentativos e Cálculo matemático. Em março de 2024 iniciou o mestrado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), pela Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP/FCAV – Câmpus de Jaboticabal, SP, como bolsista CAPES, com a orientação da Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli.

Aos meus amados e queridos pais, Igor Fernando Kavafara Moura e Jeane Heide Simogaki Ferreira Moura pela educação, incentivo, apoio e amor entregues a mim, DEDICO.

AGRADECIMENTOS

A Deus pelo dom da vida e por ser fortaleza em todos os momentos.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, pela oportunidade, aprendizado e infraestrutura para a realização deste trabalho.

À Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli, pela orientação, ensinamentos, paciência e todo o suporte durante o mestrado.

Ao Prof. Dr. Claudenir Facincani Franco, pela coorientação, amizade e suporte concedidos durante o mestrado.

Aos meus pais, Igor Fernando Kavafara Moura e Jeane Heide Simogaki Ferreira Moura, pelo cuidado e incentivo, e a todos os familiares que torceram pelo sucesso desta etapa.

Ao meu namorado João Roberto Bet Botaro, pelo carinho, paciência e apoio durante esse processo.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) pela entrega de conhecimentos importantes para meu crescimento profissional.

Ao Dr. Jardel da Silva Souza pelo suporte no ajuste dos modelos estatísticos.

Aos amigos do Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento de Plantas e estagiários, pela amizade, companhia e contribuição na condução dos experimentos.

À Simone Cunha e Rafaela Garcia, pela amizade, conselhos e momentos de descontração.

Aos membros da banca da defesa de dissertação, Dra. Gabriela França Oliveira e Dr. Marcos Doniseti Michelotto, pelas correções e direcionamentos.

Aos funcionários do Departamento de Produção Vegetal e da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da UNESP/FCAV, pelo suporte na condução dos experimentos.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES – Código de Financiamento 001.

A todos, o meu muito obrigada!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	iii
ABSTRACT	iv
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	5
2.1 Cultura do Amendoim: importância econômica, morfologia e fenologia	5
2.2 Doenças de Importância na Cultura do Amendoim	7
2.2.1 Complexo de Cercosporioses do amendoim	7
2.2.2 Viroses do amendoim	9
2.3 Melhoramento Genético.....	10
2.3.1 Melhoramento Genético no Amendoim.....	11
2.4 Cruzamentos Dialélicos	12
2.5 Índices de Seleção Tradicionais	13
2.6 <i>Machine Learning</i>	15
2.6.1 <i>Random Forest</i>	17
3 MATERIAL E MÉTODOS	18
3.1 Material Vegetal	18
3.2 Condução Experimental	19
3.3 Caracteres Avaliados	21
3.4 Análise Estatística.....	22
4 RESULTADOS	33
4.1 Análise de Componentes Principais (PCA)	33
4.2 Índice de Seleção Smith & Hazel	33
4.3 Índice de Seleção Pesek & Baker	34
4.4 Índice de Seleção Mulamba & Mock	35
4.5 Índice de Seleção <i>Random Forest</i>	36
4.6 Correlação entre os Índices	37
4.7 Correlação de Pearson entre Variáveis.....	39
5 DISCUSSÃO	41
5.1 Análise de Componentes Principais (PCA)	41
5.2 Índice de Seleção Smith & Hazel	41
5.3 Índice de Seleção Pesek & Baker	42

5.4 Índice de Seleção Mulamba & Mock	43
5.5 Seleção por <i>Random Forest</i>	44
5.6 Correlação de Spearman entre os Índices	45
5.7 Correlação de Pearson entre Variáveis	46
6 CONCLUSÃO	48
REFERÊNCIAS	49

ESTRATÉGIAS DE *MACHINE LEARNING* E ÍNDICES TRADICIONAIS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE AMENDOIM PARA RESISTÊNCIA À DOENÇAS E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS

RESUMO –

O amendoim é uma cultura de grande importância agrícola, econômica e alimentar. No entanto, em seu ciclo de cultivo, um dos maiores problemas enfrentados é a grande incidência de doenças, que afetam a qualidade dos grãos e a produtividade das lavouras. Assim, o presente estudo teve como principal objetivo a comparação de estratégias de *machine learning* e índices de seleção tradicionais na seleção de genótipos superiores de amendoim portadores de resistência às doenças e maior produção de grãos. Para tanto, foram comparados os índices de seleção de Smith-Hazel, Pesek & Baker e Mulamba & Mock com o algoritmo *Random Forest* na seleção de genótipos superiores em diferentes populações segregantes. Foram avaliadas 25 populações de geração F_{2:3}, oriundas de cruzamentos biparentais entre genitores resistentes à cercosporiose e genitores com caracteres agronômicos superiores, além de 12 testemunhas, conduzidas em campo no delineamento de blocos aumentados, no ano agrícola 2024/2025. Foram avaliados caracteres agronômicos, produção de grãos por planta e reação às doenças, além de avaliações de incidência de cercosporiose e virose aos 60 e 90 dias após a emergência. A seleção foi realizada por meio dos índices tradicionais e do modelo *Random Forest*, utilizando dados fenotípicos agregados e padronizados. Os métodos avaliados permitiram identificar genótipos superiores, com destaque para o cruzamento C18, correspondente a IAC_Sempre_Verde X IAC_OL6, que apresentou desempenho consistente nos índices Smith-Hazel, Mulamba & Mock e *Random Forest*. O cruzamento C25 (IAC_Caiapó X EC_Granoleico) também se destacou entre os genótipos promissores, enquanto o índice de Pesek & Baker indicou maior desempenho para os cruzamentos C4 (IAC_Caiapó X IAC_L1338) e C13 (IAC_Caiapó X BRS_423). Conclui-se que a integração entre índices tradicionais de seleção e ferramentas de *Machine Learning* é uma estratégia promissora para aumentar a eficiência da seleção simultânea de caracteres em programas de melhoramento genético do amendoim, contribuindo para o avanço de populações segregantes com maior potencial produtivo e resistência às doenças.

PALAVRAS-CHAVE: *Arachis hypogaea* L.; Plantas Melhoramento Genético; Seleção Multivariada; Aprendizado de Máquina; Avaliação de Resistência.

MACHINE LEARNING STRATEGIES AND TRADITIONAL SELECTION INDICES IN CHOOSING SUPERIOR PEANUT GENOTYPES RESISTANT TO DISEASES AND HIGH-YIELDING GRAIN

ABSTRACT -

Peanut is a crop of great agricultural, economic, and nutritional importance. However, throughout its cultivation cycle, one of the major challenges faced is the high incidence of diseases, which negatively affect grain quality and crop yield. Therefore, the main objective of this study was to compare machine learning strategies and traditional selection indices for the identification of superior peanut genotypes with disease resistance and higher grain yield. For this purpose, the Smith-Hazel, Pesek & Baker, and Mulamba & Mock selection indices were compared with the Random Forest algorithm for the selection of superior genotypes in different segregating populations. Twenty-five F_{2:3} generation populations, derived from biparental crosses between parents resistant to early and late leaf spot diseases and parents with superior agronomic traits, along with 12 checks, were evaluated under field conditions using an augmented block design during the 2024/2025 growing season. Agronomic traits, grain yield per plant, and disease responses were evaluated, including assessments of cercosporiosis and virus incidence at 60 and 90 days after emergence. Selection was performed using traditional indices and the Random Forest model, based on aggregated and standardized phenotypic data. The evaluated methods enabled the identification of superior genotypes, with emphasis on cross C18, corresponding to IAC_Sempre Verde × IAC_OL6, which showed consistent performance across the Smith-Hazel, Mulamba & Mock, and Random Forest approaches. Cross C25 (IAC_Caiapó × EC_Granoleico) also stood out among the promising genotypes, whereas the Pesek & Baker index indicated superior performance for crosses C4 (IAC_Caiapó × IAC_L1338) and C13 (IAC_Caiapó × BRS_423). It is concluded that the integration of traditional selection indices and machine learning tools represents a promising strategy to increase the efficiency of simultaneous trait selection in peanut breeding programs, contributing to the advancement of segregating populations with greater yield potential and disease resistance.

Keywords: *Arachis hypogaea* L.; Plant Genetic Improvement; Multivariate Selection; Machine Learning; Resistance Assessment.

1 INTRODUÇÃO

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma cultura de grande importância agrícola, econômica e alimentar, sendo originária da América do Sul e amplamente cultivada em diferentes regiões do mundo. No Brasil, a cultura tem apresentado expressiva expansão nos últimos anos, com destaque para o estado de São Paulo, responsável pela maior parte da produção nacional. Esse crescimento está associado à elevada demanda por grãos de qualidade, destinados tanto ao consumo interno quanto à exportação, além da utilização do amendoim em diferentes segmentos da indústria alimentícia e oleaginosa (Mingotte; Morello; Lemos, 2019; Conab, 2026; USDA, 2026).

Apesar da importância econômica da cultura, a produção de amendoim ainda enfrenta limitações relevantes, especialmente relacionadas à ocorrência de doenças. Entre os principais problemas fitossanitários destacam-se as cercosporioses, causadas principalmente por *Cercospora arachidicola* Hori e *Nothopassalora personata* (Berk. & MA Curtis), responsáveis por manchas foliares, desfolha precoce e redução da área fotossintética das plantas (Barreto; Scaloppi; Barreto, 2019). Quando ocorrem em estágios iniciais do desenvolvimento, essas doenças podem comprometer significativamente a produtividade, podendo ocasionar perdas superiores a 50% em situações de desfolha severa antes dos 90 dias de desenvolvimento da cultura (Barreto; Scaloppi; Barreto, 2019).

Além das doenças fúngicas, viroses também representam ameaça à cultura do amendoim, sobretudo aquelas associadas a tospovírus. No Brasil, o vira-cabeça do amendoim tem sido associado ao *Orthotospovirus arachianuli* (cujo vírus isolado é popularmente denominado *groundnut ringspot virus*, **GRSV**), transmitido por espécies de tripes, como *Frankliniella schultzei* (Barreto; Scaloppi; Barreto, 2019; Uzan *et al.*, 2025). Os sintomas podem incluir mosaico, manchas cloróticas, anéis foliares, necroses, nanismo, redução do tamanho das folhas e menor formação de vagens, comprometendo o desenvolvimento das plantas e o potencial produtivo da cultura (Culbreath; Srinivasan, 2011; Ávilla, 2022).

Nesse contexto, o melhoramento genético constitui uma das principais estratégias para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, adaptadas e

resistentes ou tolerantes a doenças. O melhoramento de plantas é uma atividade contínua e essencial para atender às demandas agrícolas, econômicas e ambientais, especialmente diante de desafios como crescimento populacional, mudanças climáticas e aumento da pressão de pragas e doenças (Borém; Miranda; Fritsche Neto, 2021). No caso do amendoim, os programas de melhoramento buscam reunir, em um mesmo genótipo, características como alta produtividade, adaptação regional, arquitetura adequada para colheita mecanizada, qualidade dos grãos e resistência a fatores bióticos e abióticos (Santos, Godoy e Favero, 2013; Sithole *et al.*, 2022).

A seleção de genótipos superiores, entretanto, é uma etapa complexa, pois envolve a avaliação simultânea de múltiplas características de interesse agrônomo. Em programas de melhoramento, a escolha dos genótipos mais promissores não deve considerar apenas a produção de grãos, mas também caracteres relacionados ao desenvolvimento vegetativo, arquitetura da planta, sanidade e estabilidade do desempenho em campo. Nesse sentido, os índices de seleção multivariada são ferramentas importantes, pois permitem integrar diferentes caracteres em um único critério de decisão, aumentando a eficiência da seleção e possibilitando ganhos simultâneos em características de interesse (Garcia; Souza Júnior, 1999).

Entre os índices tradicionais mais utilizados, destacam-se o índice clássico de Smith-Hazel, o índice de Pesek & Baker e o índice de Mulamba & Mock. O índice de Smith-Hazel busca maximizar a correlação entre o índice de seleção e o valor genotípico agregado, utilizando pesos econômicos associados às características avaliadas (Smith, 1936; Hazel, 1943). O índice de Pesek & Baker, por sua vez, utiliza ganhos genéticos desejados como critério de ponderação, permitindo direcionar o progresso genético para caracteres prioritários no programa de melhoramento (Pesek; Baker, 1969). Por sua vez, o índice de Mulamba & Mock baseia-se na soma de postos dos genótipos para cada característica, sendo uma alternativa prática e de fácil interpretação, por dispensar a definição de pesos econômicos e matrizes de variâncias e covariâncias (Mulamba; Mock, 1978).

Nos últimos anos, ferramentas de *Machine Learning* também têm sido incorporadas ao melhoramento de plantas, devido à sua capacidade de identificar padrões complexos em conjuntos de dados multivariados. A *Machine Learning* compreende métodos computacionais capazes de reconhecer relações entre

variáveis e realizar previsões ou classificações com base em dados previamente observados (Abdi, 2016). Entre essas ferramentas, o algoritmo *Random Forest* destaca-se por sua flexibilidade, robustez e capacidade de trabalhar com variáveis correlacionadas, sendo baseado na combinação de múltiplas árvores de decisão construídas a partir de amostras aleatórias dos dados (Cutler; Cutler; Stevens, 2011).

No melhoramento vegetal, o uso de métodos de *Machine Learning* (ML) pode complementar as abordagens estatísticas tradicionais, principalmente em situações que envolvem múltiplos caracteres, grande volume de dados e relações complexas entre variáveis fenotípicas. Essas ferramentas permitem classificar genótipos com base em padrões multivariados, auxiliando na identificação de genótipos superiores e tornando o processo de seleção mais eficiente (Najafabadi; Hesami; Eskandari, 2023; Farooq *et al.*, 2024).

Pesquisas recentes com a cultura do amendoim indicam que modelos de *Machine Learning* apresentam potencial para estimar características agronômicas relevantes a partir de informações provenientes de imagens RGB e multiespectrais, especialmente por meio dos valores obtidos nas diferentes bandas espectrais (Bagherian *et al.*, 2023; Shahi *et al.*, 2023). Apesar desses avanços, a aplicação de técnicas de Inteligência Artificial associadas a dados de sensoriamento remoto ainda é limitada quando se consideram avaliações conduzidas em múltiplos anos e com ampla diversidade de materiais genéticos, o que restringe a compreensão sobre a estabilidade e a capacidade de generalização desses modelos em amendoim (Bagherian *et al.*, 2023; Shahi *et al.*, 2023).

Nesse contexto, torna-se necessário desenvolver modelos de *Machine Learning* para a predição da produtividade do amendoim que sejam não apenas precisos, mas também robustos e capazes de manter bom desempenho diante de dados independentes daqueles utilizados no treinamento. Essa capacidade de generalização é fundamental para que os modelos possam ser aplicados com maior confiabilidade em diferentes condições experimentais, ambientais e genéticas, aumentando sua utilidade prática em programas de melhoramento da cultura (Pugh *et al.*, 2024).

Os modelos lineares tradicionais baseiam-se em uma estrutura matemática previamente especificada e em pressupostos acerca da relação entre as variáveis,

enquanto algoritmos de *Machine Learning* apresentam maior flexibilidade para identificar padrões complexos e relações não lineares diretamente a partir dos dados. Essa flexibilidade permite que métodos como *Random Forest* e *XGBoost* explorem interações e estruturas de alta dimensionalidade sem a necessidade de especificá-las previamente, embora geralmente apresentem menor interpretabilidade em comparação aos modelos de regressão clássica (Tiruneh *et al.*, 2024).

Dessa forma, a combinação entre índices tradicionais de seleção e métodos de *Machine Learning* pode representar uma estratégia promissora para identificar genótipos superiores de amendoim, especialmente quando o objetivo é reunir resistência a doenças e elevada produção de grãos em um mesmo genótipo.

Mediante o exposto, o presente trabalho teve como objetivo comparar índices de seleção tradicionais e o algoritmo *Random Forest* no processo de seleção de genótipos superiores de amendoim, considerando simultaneamente caracteres agronômicos, produção de grãos e resistência às principais doenças que afetam a cultura.

A hipótese deste estudo é que a avaliação conjunta de caracteres agronômicos, características relacionadas à severidade e progressão de doenças, associada ao uso de diferentes estratégias de seleção, permite discriminar genótipos superiores de amendoim, identificando cruzamentos com maior potencial para produtividade e resistência às principais doenças da cultura.

6 CONCLUSÃO

Os índices de seleção tradicionais e o modelo *Random Forest* permitiram discriminar os genótipos de amendoim quanto ao desempenho agrônômico, produção de grãos e reação às doenças avaliadas, demonstrando potencial para auxiliar a seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento genético.

Entre os genótipos avaliados, o cruzamento C18 (IAC Sempre Verde X IAC OL6) destacou-se de forma consistente, ocupando posições superiores nos índices Smith-Hazel, Mulamba & Mock e *Random Forest*, o que indica desempenho favorável para a combinação de caracteres relacionados à produção de grãos e resistência a doenças. O cruzamento C25 (IAC Caiapó X IAC OL5) também apresentou desempenho promissor, aparecendo entre os genótipos melhor classificados em diferentes métodos de seleção. Por outro lado, o índice de Pesek & Baker indicou maior destaque para os cruzamentos C4 (IAC Caiapó X IAC L1338) e C13 (IAC Caiapó X BRS 423), evidenciando que diferentes critérios de seleção podem priorizar genótipos distintos.

A combinação do ranqueamento probabilístico do *Random Forest* com os índices tradicionais indicou maior robustez, quando comparada com a utilização isolada de cada abordagem, evidenciando a complementaridade entre métodos estatísticos tradicionais e modelos de *Machine Learning* (ML). Adicionalmente, observou-se que, caracteres agrônômicos e de resistência às doenças exerceram influência conjunta sobre o desempenho produtivo dos genótipos, reforçando a importância da seleção simultânea desses atributos em análises com múltiplos caracteres.

REFERÊNCIAS

- ABDI, A. Three types of machine learning algorithms. **ResearchGate**, nov. 2016. DOI: 10.13140/RG.2.2.26209.10088. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/310674228_Three_types_of_Machine_Learning_Algorithms. Acesso em: 28 maio 2026.
- AMBROSIO, M. *et al.* Multi-trait index: selection and recommendation of superior black bean genotypes as new improved varieties. **BMC Plant Biology**, London, v. 24, art. 525, 2024. DOI: 10.1186/s12870-024-05248-5.
- ANJOS, R. S. R. dos, *et al.* Seleção de genitores de amendoim visando o melhoramento genético para resistência à mancha-preta. In: XX ENCONTRO SOBRE A CULTURA DO AMENDOIM, 20., 2023, Jaboticabal-SP. **Anais**. Jaboticabal: FCAV/UNESP, 2023. p. 12-18. ISSN 2358-355X.
- ARYA, S. S.; SALVE, A. R.; CHAUHAN, S. Peanuts as functional food: a review. **Journal of Food Science and Technology**, v. 53, n. 1, p. 31-41, 2016. DOI: 10.1007/s13197-015-2007-9.
- ASSUNÇÃO FILHO, J. R. de. **Potencial de cruzamentos dialélicos de soja para precocidade, produtividade de grãos e tolerância à ferrugem**. 2016. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2016.
- ÁVILA, A. C. de. Vira-cabeça. In: EMBRAPA. Agência de Informação Tecnológica: Cultivos – Tomate. Brasília, DF: **Embrapa**, [s.d.]. Disponível em: <https://www.embrapa.br/web/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/tomate/producao/doencas-e-pragas/doencas/virus/vira-cabeça>
- BAGHERIAN, K., *et al.* Phenotyping agronomic and physiological traits in peanut under mid-season drought stress using UAV-based hyperspectral imaging and machine learning. **Plant Phenome J.** v. 6, n. 1, e20081. 2023. DOI: 10.1002/ppj2.20081
- BARRETO, L. F.; SCALOPPI, E. A. G.; BARRETO, M. Manejo de doenças na cultura do amendoim. In: SILVA, R. P. da; SANTOS, A. F. dos; CARREGA, W. C. (org.). **Avanços na produção de amendoim**. Jaboticabal: Funep, 2019. cap. 11, p. 99-112. ISBN 978-85-7805-195-2.
- BELTRÃO, N. E. de M. *et al.* Ecofisiologia e Manejo Cultural. In: SANTOS, R. C. dos; FREIRE, R. M. M.; SUASSUNA, T. de M. F. (ed.). Amendoim: o produtor pergunta, a Embrapa responde. Brasília, DF: **Embrapa Informação Tecnológica**, 2009. Cap 1, p. 240. (Coleção 500 perguntas, 500 respostas). Disponível em: https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/578407/1/500pergunta_samendoim.pdf. Acesso em: 28 maio 2026.
- BLOCKEEL H., *et al* (2023). Decision trees: from efficient prediction to responsible AI. **Frontiers**. DOI: 10.3389/frai.2023.1124553

BOOTE, K. J. Growth stages of peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Peanut Science**, Raleigh, v. 9, n. 1, p. 35-40, 1982. DOI: 10.3146/i0095-3679-9-1-11.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Melhoria de plantas e a sociedade: importância do melhoramento de plantas. In: BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021. cap. 1, p. 2-6. ISBN 978-65-86235-35-7.

BURKOV, A. **The hundred-page machine learning book**. Quebec City: Andriy Burkov, 2019. v. 1.

Chao, H. Y. Improving surveillance strategies for orthotospoviruses and thrips. PhD Thesis, Queensland Alliance for Agriculture and Food Innovation, **The University of Queensland**. 2025. DOI: 10.14264/89c5d49

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Safra: série histórica dos grãos. **Portal de Informações Agropecuárias**. Brasília, DF: Conab, 2026. Disponível em: <https://portaldeinformacoes.conab.gov.br/safra-serie-historica-graos.html>. Acesso em: 28 maio 2026.

CULBREATH, A. K.; SRINIVASAN, R. Epidemiology of spotted wilt disease of peanut caused by Tomato spotted wilt virus in the Southeastern U.S. **Virus Research**, Amsterdam, v. 159, p. 101-109, 2011.

CUTLER, A.; CUTLER, D. R.; STEVENS, J. R. Random forests. **Ensemble machine learning: methods and applications**. Boston: Springer, 2011. cap. 5, p. 157-176. DOI: 10.1007/978-1-4419-9326-7_5. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/236952762_Random_Forests. Acesso em: 28 maio 2026.

DAUDI, H., *et al.* Genetic diversity and population structure of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) accessions using phenotypic traits and SSR markers: implications for rust resistance breeding. **Genet Resour Crop E** v. 68, p. 581–604. 2021. DOI: 10.1007/s10722-020-01007-1

ERCAN, U. *et al.* Identification and classification of snack-type watermelon (*Citrullus lanatus*) genotypes using seed morphology and machine learning techniques. **Foods**, Basel, v. 10, n. 6, p. 1-14, 2021. DOI: 10.3390/foods10061229. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/foods10061229>. Acesso em: 4 jan. 2026.

FAROOQ, M. A. *et al.* Artificial intelligence in plant breeding. **Trends in Genetics**, Cambridge, 2024. DOI: 10.1016/j.tig.2024.07.001. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.tig.2024.07.001>. Acesso em: 28 dez. 2025.

FEDERER, W. T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record**, Aiea, v. 55, p. 191-208, 1956.

FERRARI NETO, J.; COSTA, C. H. M. da; CASTRO, G. S. A. Ecofisiologia do amendoim. **Scientia Agraria Paranaensis**, [S. l.], v. 11, n. 4, p. 01–13, 2013. DOI: 10.18188/sap.v11i4.6033.

FULMER, A. M., *et al.* Relating Peanut Rx risk factors to epidemics of early and late leaf spot of peanut. **Plant Disease**, v. 103, n. 12, p. 3226–3233, 2019. DOI: 10.1094/PDIS-10-18-1782-RE

GARCIA, A. A. F. **Índice para a seleção de cultivares**. 1998. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 2, p. 253–267, 1999. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/hKv5jKhtJswPC73pJdpfjTC/?lang=pt>. Acesso em: 28 maio 2026.

GODOY, I. J. de, *et al.* Melhoramento genético do amendoim visando resistência a doenças foliares. **InfoAmendoim**, 16 jun. 2021. Disponível em: <https://infoamendoim.com.br/website/2021/06/16/melhoramento-genetico-do-amendoim-visando-resistencia-a-doencas-foliares/>. Acesso em: 28 maio 2026.

GRIFFING, B. Concept of general and specific ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, Melbourne, v. 9, n. 4, p. 462–493, 1956.

HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, Bethesda, v. 39, p. 789–809, 1954.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Bethesda, v. 28, p. 476–490, 1943.

HEUERT, J.; XAVIER, M. F. N.; SUASSUNA, T. de M. F. Características agronômicas de linhagens avançadas do Programa de Melhoramento do Amendoim. **South American Sciences**, v. 3, n. 2, 2022. DOI: 10.52755/sas.v3i2.181. Disponível em: <https://doi.org/10.52755/sas.v3i2.181>. Acesso em: 28 dez. 2025.

JORDAN, B.S., *et al.* Late Leaf Spot Severity and Yield of New Peanut Breeding Lines and Cultivars Grown Without Fungicides. **Plant Disease**, v. 101, n. 11, p. 1843–1850, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-0217-0165-RE>

MANOHARAN, V.; VARMAN, P. V.; RAMALINGAM, R. S. *Character association in groundnut (Arachis hypogaea L.) hybrids*. **Madras Agricultural Journal**, v. 77, p. 512–514, 1990. DOI: 10.29321/MAJ.10.A02010

MICHELOTTO, M. D., *et al.* Losses caused by Groundnut ringspot tospovirus in peanut crop in the State of São Paulo. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 40, n. 6, supl. 3, p. 3429–3442, 2019. DOI: 10.5433/1679-0359.2019v40n6Supl3p3429

MINGOTTE, F.; MORELLO, O. F.; LEMOS, L. B. Amendoim: origem, classificação e produção. In: SILVA, R. P. da; SANTOS, A. F. dos; CARREGA, W. C. (org.). **Avanços na produção de amendoim**. Jaboticabal: Funep, 2019. cap. 1, p. 1-16. ISBN 978-85-7805-195-2.

MORAES, A. R. A. de. **Efeito da infestação de *Enneothrips flavens* Moulton no desenvolvimento e produtividade de seis cultivares de amendoim, em condições de campo**. 2005. 104 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical, Área de Concentração em Tecnologia da Produção Agrícola) – Instituto Agrônômico, Campinas, 2005. Disponível em: https://www.iac.sp.gov.br/areadoinstitutoposgraduacao/repositorio/storage/teses_dissertacoes/pb1805003.pdf. Acesso em: 28 maio 2026.

MORAES, S. A. de. Amendoim: principais doenças, manejo integrado e recomendações de controle. **Infobibos**, 2006. Disponível em: https://www.infobibos.com.br/Artigos/2006_2/Amendoim/index.htm. Acesso em: 28 maio 2026.

MOREIRA, P. C. *et al.* Progeny selection to develop a sustainable Arabica coffee cultivar. **Agronomy**, Basel, v. 12, n. 5, artigo 1144, 2022. DOI: 10.3390/agronomy12051144. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4395/12/5/1144>. Acesso em: 28 maio 2026.

MUETANENE, B. A. *et al.* Selection indices and support vector machines in the selection of sugarcane families. **Revista de Agricultura**, Piracicaba, v. 98, n. 1, p. 23-37, 2023. DOI: 10.37856/bja.v98i1.4321. Disponível em: <https://www.fealq.org.br/ojs/index.php/revistadeagricultura/article/view/4321>. Acesso em: 28 maio 2026.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

NAJAFABADI, Y. M.; HESAMI, M.; ESKANDARI, M. Machine learning-assisted approaches in modernized plant breeding programs. **Genes**, Basel, v. 14, n. 4, artigo 777, 2023. DOI: 10.3390/genes14040777. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4425/14/4/777>. Acesso em: 28 maio 2026.

NAKAGAWA, J.; ROSOLEM, C. A. BOTÂNICA: descrição da planta. In: NAKAGAWA, J.; ROSOLEM, C. A. **O amendoim: tecnologia de produção**. Botucatu: FEPAF, 2011. cap. 2, p. 47-74. ISBN 978-85-98187-29-7.

NAKAGAWA, J.; ROSOLEM, C. A. Tratos Culturais: doenças da parte aérea. In: NAKAGAWA, J.; ROSOLEM, C. A. **O amendoim: tecnologia de produção**. Botucatu: FEPAF, 2011. cap. 10, p. 213-245. ISBN 978-85-98187-29-7.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 49, p. 803-804, 1969.

PUGH N. A., *et al.* Yield prediction in a peanut breeding program using remote sensing data and machine learning algorithms. **Front. Plant Sci.** v. 15. 2024 DOI: 10.3389/fpls.2024.1339864

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMANN, M. J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. p. 93-95.

RAMOS, P. C. S., *et al.* Selection indexes and economic weights applied to runner-peanut breeding. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, 2022. DOI: 10.1590/1807-1929/agriambi.v26n5p327-334

RASHIDI H.H., *et al* (2023). Common statistical concepts in the supervised Machine Learning arena. **Frontiers**. 2023. DOI: 10.3389/fonc.2023.1130229

SAH, S. Machine learning: a review of learning types. **ResearchGate**, 2020. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/342890321_Machine_Learning_A_Review_of_Learning_Types. Acesso em: 28 maio 2026.

SANTOS, R. C. dos; GODOY, I. J. De; FAVERO, A. P. Melhoramento do amendoim e cultivares comerciais. In: SANTOS, Roseane Cavalcanti dos; FREIRE, Rosa Maria Mendes; LIMA, Lígia Maria de Souza Moutinho de (ed.). **O agronegócio do amendoim no Brasil**. 2. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2013. cap. 4.

SCHÖBER, P.; BOER, C.; SCHWARTE, L. A. Correlation coefficients: appropriate use and interpretation. *Anesthesia & Analgesia*, v. 126, n. 5, p. 1763-1768, 2018. DOI: 10.1213/ANE.0000000000002864.

SHAHI, T. B., *et al.* Peanut yield prediction with UAV multispectral imagery using a cooperative machine learning approach. **Electron**. v. 31, n. 6, p. 3343–3361. 2023. DOI: 10.3934/era.2023169

SITHOLE, T. R. *et al.* Influence of peanut varieties on the sensory quality of peanut butter. **Foods**, Basel, v. 11, n. 21, p. 3499, 2022. DOI: 10.3390/foods11213499.

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

SREELATHA, P. *et al.* Interrelations between canopy architecture and growth yield attribute on selected growth habit peanut genotypes. **Legume Research**, Karnal, v. 47, n. 2, p. 214-217, 2024. DOI: 10.18805/LR-4606.

SUASSUNA, T. de M. F. *et al.* Identificação de tospovírus em amostras de amendoim com sintomas de clareamento das nervuras no estado de Goiás. In: **ENCONTRO**

SOBRE A CULTURA DO AMENDOIM, 13., 2016, Jaboticabal. Anais [...]. Jaboticabal: [s. n.], 2016. p. 97-102.

SUASSUNA, T. de M. F. *et al.* Yield, market quality, and leaf spots partial resistance of interspecific peanut progenies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 15, p. 175-180, 2015. DOI: 10.1590/1984-70332015v15n3n30.

SUBRAHMANYAM, P. *et al.* Resistance to rust and late leafspot diseases in some genotypes of *Arachis hypogaea* L. **Peanut Science**, Raleigh, v. 9, p. 6-10, 1982.

TIRUNEH, S.A., *et al.* Machine Learning Algorithms Versus Classical Regression Models in Pre-Eclampsia Prediction: A Systematic Review. **Springer Nature Link**. v. 26, p. 309-323. 2024. DOI: [10.1007/s11906-024-01297-1](https://doi.org/10.1007/s11906-024-01297-1)

USDA – UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. Foreign Agricultural Service. **World agricultural production**. Circular Series WAP 05-26. Washington, DC: USDA/FAS, maio 2026. 46 p. Disponível em: <https://www.fas.usda.gov/data/world-agricultural-production>. Acesso em: 28 maio 2026.

UZAN, J., *et al.* Groundnut Ringspot Orthotospovirus: An Emerging Problem for Soybean Production in São Paulo State. **Plant Pathol**, v. 74, n. 9, p. 2846-2856. 2025 DOI: [10.1111/ppa.70060](https://doi.org/10.1111/ppa.70060)

VIEIRA, R. A. *et al.* Optimizing the selection of quantitative traits in plant breeding using simulation. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 16, 2025. DOI: 10.3389/fpls.2025.1495662.

VOLPATO, L. **Seleção de progênies de soja para produção de grãos com uso de modelos mistos**. 2016. 78 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2016. Disponível em: <https://locus.ufv.br/items/6e0aa226-bb2a-4b48-b39c-b18f8d812829>. Acesso em: 5 jan. 2026.

ZARE, M. J. *et al.* Comparison of Multiple-Trait Selection Indices for Promising Barley Genotypes. **Journal of Crop Breeding**, v. 17, n. 3, p. 1-15, 2025. DOI: 10.61882/jcb.2024.1552.

ZHOU, X. J. *et al.* Quantitative Trait Locus Analysis of Late Leaf Spot Resistance and Plant-Type-Related Traits in Cultivated Peanut (*Arachis hypogaea* L.) under Multi-Environments. **PLoS ONE**, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0166873>