



FÁBIO SERAFIM MARQUES

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO
GENÉTICO DA SOJA**

**LAVRAS - MG
2019**

FÁBIO SERAFIM MARQUES

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi
Orientador

**LAVRAS - MG
2019**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Marques, Fábio Serafim.

Estratégias de seleção no melhoramento genético da soja /
Fábio Serafim Marques. - 2019.

47 p.

Orientador: Adriano Teodoro Bruzi.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de
Lavras, 2019.

Bibliografia.

1. *Glycine max* L. Merrill. 2. Modelos mistos. 3. Mérito da
população. 4. Índice multigerações I. Bruzi, Adriano Teodoro. II.
Título.

FÁBIO SERAFIM MARQUES

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA

SELECTION STRATEGIES IN SOYBEAN BREEDING

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADO em 20 de fevereiro de 2019.

Prof. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira UFU

Prof. Dr. Daniel Furtado Ferreira UFLA

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi
Orientador

LAVRAS - MG
2019

A Deus. Aos meus familiares e amigos.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela sua grandeza e perfeição e por me conceder o dom da vida.

Aos meus pais, Fábio e Lucimar, pelo amor, apoio, ensinamentos e exemplo de vida.

Ao meu irmão Pedro, pelo companheirismo e amizade.

À minha namorada Pollyanne, pelo carinho, paciência e compreensão nos momentos de ausência.

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Agricultura, pela oportunidade de realizar o curso de mestrado.

Ao professor Adriano Teodoro Bruzi, pela orientação, ensinamentos, e exemplo de dedicação e profissionalismo.

Aos colegas do grupo Pesquisa Soja, pela convivência e toda a ajuda durante o desenvolvimento do trabalho.

Aos grandes amigos feitos durante esta jornada, em especial ao Eric, companheiro de moradia, de estudo, de churrascos e de assistir aos jogos do 'Mengão'.

Aos funcionários do setor de Agricultura e grandes culturas da UFLA, pelo apoio na execução dos trabalhos.

O presente trabalho foi realizado com o apoio da (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Enfim, o meu reconhecimento a todos que contribuíram de forma direta ou indireta, para a realização do presente trabalho.

MEUS SINCEROS AGRADECIMENTOS!

RESUMO

O processo de seleção de progênies de soja é frequentemente conduzido avaliando-se o desempenho agrônômico das progênies oriundas de inúmeras populações em diferentes ambientes e em duas ou mais gerações. Estudos têm buscado aperfeiçoar os métodos de seleção em plantas autógamas a partir da aplicação da abordagem de modelos mistos, no qual a utilização do BLUP associado com o mérito da população, e com dados de múltiplas gerações tem tornado o processo seletivo mais eficiente. Assim, objetivou-se comparar estratégias de seleção de progênies de soja, e estudar as implicações das diferentes estratégias de seleção de progênies no ranqueamento de genótipos superiores em soja. Foram avaliadas progênies $F_{3:4}$ e $F_{3:5}$ de quatro populações distintas para maturação absoluta e produtividade de grãos. As progênies $F_{3:4}$ foram avaliadas nos municípios de Lavras e Itutinga, durante o ano agrícola de 2016/2017. Adotou-se parcelas de uma linha de 2,0 metros com duas repetições, em delineamento de látice simples 12 x 12 (136 progênies + 8 testemunhas). As progênies $F_{3:5}$ foram avaliadas nos municípios de Lavras, Itutinga e Ijaci, durante o ano agrícola de 2017/2018. Adotaram-se parcelas de uma linha de 3,0 metros com três repetições, em delineamento de látice triplo 8 x 8 (56 progênies + 8 testemunhas). Os dados foram analisados via modelos mistos por meio das seguintes estratégias: ignorando e considerando o efeito de populações em cada geração, e considerando o índice multigerações. Estimou-se os parâmetros genéticos e fenotípicos para cada análise. Ganhos com a seleção, correlação de Spearman e índice de coincidência foram usados para verificar a eficiência dos modelos com e sem o efeito da população e com os dados de múltiplas gerações. Observou-se que existe alteração na classificação e coincidência das progênies selecionadas em cada geração ao ignorar e considerar o mérito da população. O índice multigerações figura-se como estratégia promissora para a seleção de progênies de soja que associem precocidade e elevada produtividade de grãos.

Palavras-chave: *Glycine max* L. Merrill. Modelos mistos. Mérito da população. Índice multigerações.

ABSTRACT

Soybean progenies selection process is often conducted by evaluating the agronomic performance of progenies of several populations in different environments during two or more generations. Studies have sought to improve the selection methods in autogamous plants by the application of the mixed model approach, in which the use of BLUP associated with the merit of the population and data from multiple generations has made the selection process more efficient. Thus, the objective of this study was to compare soybean progeny selection strategies and to study the implications of different progeny selection strategies on the ranking of superior soybean genotypes. The $F_{3:4}$ and $F_{3:5}$ progenies from four distinct populations were evaluated for absolute maturity and grain yield. The $F_{3:4}$ progenies were evaluated in Lavras and Itutinga, during the crop year of 2016/2017. Plots of a 1.5 m row with two replications were taken in a 12 x 12 simple lattice design (136 progenies + 8 controls). The $F_{3:5}$ Progenies were evaluated in Lavras, Itutinga and Ijaci during the crop year of 2017/2018. Each plot consisted of one row of 3.0 m with three replications, in an 8 x 8 triple lattice design (56 progenies + 8 controls). The data were analyzed using mixed models approach through the following strategies: ignoring and considering the effect of populations in each generation, and considering the multigeneration index. The genetic and phenotypic parameters were estimated for each analysis. Genetic gains from selection, Spearman correlation and coincidence index were used to verify the efficiency of the models with and without the effect of the population and with the data of multiple generations. It was observed that there is alteration in the ranking and coincidence of the selected progenies in each generation by ignoring and considering the merit of the population. The multigeneration index is a promising strategy for selection of soybean progenies which associate early maturity and high grain yield.

Keywords: *Glycine max* L. Merrill. Mixed models. Population effect. Multigeneration index.

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1- Descrição dos genitores utilizados na formação das populações segregantes de soja.22**
- Tabela 2 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para maturação absoluta e produtividade de grãos, em diferentes gerações (F_{3:4} a F_{3:5}), ignorando e considerando a informação da população, para progênes de soja.....29**
- Tabela 3- Estimativa de ganhos genéticos esperados com a seleção em porcentagem (%), para maturação absoluta, em diferentes intensidades de seleção e em diferentes gerações, ignorando e considerando o efeito da população.30**
- Tabela 4 - Estimativa de ganhos genéticos esperados com a seleção em porcentagem (%), para produtividade de grãos, em diferentes intensidades de seleção e em diferentes gerações, ignorando e considerando o efeito da população.30**
- Tabela 5 -Estimativas da correlação de Spearman entre o ordenamento das progênes quanto as médias BLUP obtidas em diferentes gerações, ignorando e considerando a informação da população, para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD).....31**
- Tabela 6 - Índice de coincidência (%) na seleção das 10 melhores progênes de soja para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD), ignorando e considerando o efeito da população, em diferentes gerações.....31**
- Tabela 7- Número de progênes selecionadas por população entre as 10 melhores progênes para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD), em diferentes gerações, ignorando e considerando o efeito da população.32**
- Tabela 8 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD), utilizando o índice multigerações (F_{3:4} + F_{3:5}) para seleção de progênes de soja.33**
- Tabela 9 - Estimativa de ganhos genéticos esperados com a seleção em porcentagem (%), para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD), em diferentes intensidades de seleção, considerando o índice multigerações (F_{3:4} + F_{3:5}).34**

Tabela 10 - Estimativas de acurácia e eficiência do índice multigerações ($F_{3:4} + F_{3:5}$) em relação às demais estratégias de seleção, para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD).	34
Tabela 11 - Posicionamento das 10 melhores progênies de soja para maturação absoluta e produtividade de grãos, considerando cada estratégia de seleção.	35

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	11
2	REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1	A cultura da soja no Brasil	13
2.2	Estratégias para seleção de progênies em plantas autógamas.....	15
2.3	Aplicações de modelos mistos em melhoramento de plantas autógamas	18
3	MATERIAL E MÉTODOS	22
3.1	Ambientes	22
3.2	Tratamentos genéticos e condução experimental	22
3.3	Análise estatística dos dados	24
4	RESULTADOS	28
5	DISCUSSÃO	36
6	CONCLUSÃO.....	42
	REFERÊNCIAS.....	43

1 INTRODUÇÃO

Tradicionalmente, a identificação de genótipos superiores de soja é realizada na avaliação fenotípica de caracteres agronômicos. Contudo, grande parte dos caracteres de interesse, como rendimento de grãos, são quantitativos e estão sujeitos a variações na sua magnitude devido a influência do ambiente. Nesse caso, a avaliação de desempenho de progênies é recomendada, uma vez que permite inferir sobre o valor genotípico dos indivíduos (BERNARDO, 2010).

Devido a interação genótipos x ambientes, os ensaios de avaliação de progênies devem ser conduzidos no maior número de ambientes possíveis durante o processo seletivo. Isso resulta na ocorrência de dados desbalanceados, isto é, o número de genótipos, locais e repetição utilizados na avaliação das gerações, geralmente, são diferentes. Nesta situação, a aplicação de métodos baseados em modelos mistos é recomendada para análise dos dados, sobretudo, ao se considerar pelo menos um fator de efeito aleatório na estrutura dos tratamentos.

O Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP), é um preditor adequado de valores genéticos aditivos de indivíduos sob seleção, que permite o uso simultâneo de praticamente todas as fontes de informação, oriundas de vários ensaios avaliados em um ou mais locais, de modo a obter estimativas de valores genotípicos mais acurados (PETERNELLI; RESENDE, 2015).

No melhoramento de plantas autógamas, a cada ano, é gerado um grande número de progênies provenientes de vários cruzamentos, o que resulta em muitas populações diferentes. As progênies derivadas de cada população são avaliadas durante muitas gerações, nas quais, as melhores progênies, são comumente selecionadas com base nos dados da geração de referência, sem considerar o que ocorreu nas avaliações anteriores. Assim, a seleção de progênies é realizada ignorando o efeito da população e o passado de cada progênie. Alguns estudos têm demonstrado que o uso do BLUP com a inclusão do mérito da população e/ou com dados de múltiplas gerações, tornam o processo seletivo mais eficiente (PEREIRA et al., 2017; RESENDE et al., 2015, RESENDE et al., 2016; VOLPATO et al., 2018).

A utilização dessas abordagens em programas de melhoramento de soja, pode ser promissora, visto que os valores genotípicos preditos possuem maior acurácia e são livres das interações com o efeito de gerações e/ou com efeito de população. Ante o exposto, objetivou-se comparar estratégias de seleção de progênies de soja e; estudar as implicações das

diferentes estratégias de seleção de progênies no ranqueamento de genótipos superiores em soja.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A cultura da soja no Brasil

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma planta originária da China, onde foi domesticada há cerca de cinco mil anos a partir da espécie silvestre *Glycine soja* (HYMOWITZ, 1970). O seu comércio iniciou-se no século XVII, embora restrito aos países orientais, como China e Japão. Segundo Câmara (2011), no final do século XV e início do século XVI, a leguminosa foi trazida para o ocidente através de navios europeus e foi introduzida na Europa como planta ornamental. A partir deste ponto, foram realizados estudos científicos acerca da produtividade e do desenvolvimento da espécie. O interesse pelo cultivo da soja se deu no fim do século XIX e início do século XX, quando os norte-americanos iniciaram a sua exploração comercial, primeiro como forrageira e, posteriormente, como grãos.

No Brasil, as mais antigas citações encontradas na literatura sobre soja, se referem a experiências feitas na Bahia, por Gustavo Dutra, em 1882, onde foram conduzidos os primeiros estudos de avaliação da espécie no país. No entanto, a cultura não apresentou boa adaptação a latitude do estado, o que estimulou a introdução de novas cultivares nos estados de São Paulo e Rio Grande do Sul, em 1891, as quais obtiveram um melhor desempenho (SEDIYAMA, 2015).

No Rio Grande Sul, a soja encontrou condições favoráveis para se desenvolver e expandir, devido à semelhança climática com o local de origem dos genótipos nos Estados Unidos. Em meados dos anos 60, com a política de incentivos fiscais à produção de trigo, a soja passou a ser praticada em larga escala, sendo adotada como a melhor opção para o cultivo de verão na rotação com o trigo de inverno (EMBRAPA, 2004). Neste momento, o Brasil também iniciava um esforço para a produção de aves e suínos, no qual gerou-se uma demanda acentuada por farelo de soja.

A partir da década de 70, com a ampliação das indústrias de óleo, aumento da demanda internacional pelo grão, e com a elevação do preço no mercado mundial, o cultivo da soja passou a despertar maior interesse entre agricultores e governo, o que estabeleceu a leguminosa como a cultura de maior importância dentre as mais implantadas no Brasil. Nesse período, os estados do Rio Grande do Sul e Paraná eram os principais produtores do grão no país. O desenvolvimento de cultivares adaptadas para diferentes regiões e investimentos em

pesquisas, permitiram a expansão do cultivo para áreas de cerrado, o que colocou o Brasil como destaque entre os principais produtores de soja no mundo (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

A sojicultura contribuiu para uma revolução socioeconômica e tecnológica das lavouras brasileiras, proporcionando progresso e desenvolvimento de atividades agrícolas. O processo de mecanização e investimentos em novas tecnologias foi maximizado, o que resultou na expansão da fronteira agrícola, na profissionalização, e no incremento de transações comerciais internacionais. Isso ajudou a impulsionar outras áreas da agroindústria nacional, como a suinocultura e avicultura.

Hoje, o agronegócio brasileiro é responsável por quase um terço do Produto Interno Bruto (PIB), no qual arrecadou-se US\$ 59,2 bilhões no primeiro semestre de 2018 com vendas externas, o que representa 43,4% das exportações brasileiras (BRASIL, 2018). O complexo da soja (grão, farelo e óleo) é o principal setor exportador do agronegócio brasileiro, somando US\$ 27,26 bilhões em vendas e com participação de 50,9% do volume total exportado pelo segmento. Somente a soja em grão, principal produto do complexo, contribuiu com 82,5% do valor total exportado pelo setor (BRASIL, 2018).

Segundo o levantamento da safra brasileira de grãos 2017/18, divulgado em setembro, pela Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), as colheitas alcançaram a produção de aproximadamente 119,3 milhões de toneladas em 34,14 milhões de hectares cultivados. Em comparação com a safra de 2016/17, houve incremento de 4,6% na produção e crescimento de 3,7% na área colhida (CONAB, 2018). Isso manteve o Brasil como o segundo maior produtor mundial de soja, atrás somente dos Estados Unidos, com 119,52 milhões de toneladas produzidas (USDA, 2018).

O estado do Mato Grosso possui a maior área semeada de soja no território brasileiro, totalizando 9,5 milhões de hectares cultivados. O tamanho da área associado a uma produtividade média elevada, mantém o estado líder na produção do grão, onde houve uma produção inédita em 2017/18 de 32,3 milhões de toneladas. Paraná, Rio Grande do Sul, Goiás e Mato Grosso do Sul completam a lista dos cinco maiores produtores de soja do país (CONAB, 2018).

Minas Gerais produziu cerca de 5,5 milhões de toneladas na safra 2017/18 e, embora tenha aumentado a sua produção em 9,4% em relação à safra anterior, o estado aparece somente na sétima colocação entre os principais estados produtores de soja no território nacional. A produtividade média de 3676 quilogramas por hectare é considerada a segunda

maior do país, ficando atrás apenas da Bahia (CONAB, 2018). Esses números ressaltam o potencial produtivo do estado, e a perspectiva de um aumento considerável na produção, a partir da inclusão da cultura da soja nas rotações de cultivos em novas áreas, como vem acontecendo Sul do estado de Minas Gerais.

Visto que a demanda por alimentos e fontes bioenergéticas como a soja é crescente, cada vez mais se torna necessário ampliar a produção brasileira do grão, associando o aumento de produtividade, a adaptação da cultura a novas áreas agricultáveis, e sistemas de produção agrícola mais eficientes e sustentáveis.

2.2 Estratégias para seleção de progênies em plantas autógamas

A seleção é um processo associado a uma constante e permanente renovação, que tem por objetivo acumular alelos favoráveis à característica de interesse em determinada população. Desse modo, o progresso no melhoramento de plantas é dependente da habilidade em selecionar genótipos superiores, que, por conseguinte, está vinculado a existência de variabilidade genética.

No melhoramento de plantas autógamas, as unidades de seleção frequentemente utilizadas no processo seletivo, consideram o comportamento do indivíduo ou o desempenho da progênie, e, portanto, a escolha do procedimento de seleção dependerá do controle genético do caráter em questão. Para caracteres quantitativos, de baixa herdabilidade, a avaliação com base no fenótipo pode não ser eficiente, assim, é necessário a estruturação em progênies, que possibilita inferir sobre o valor genotípico dos indivíduos com base no desempenho médio de seus descendentes (BERNARDO, 2010).

A criteriosa avaliação das progênies em ensaios bem delineados é fundamental para o sucesso do melhoramento genético de plantas autógamas. Dessa forma, melhoristas procuram avaliar a performance das progênies em experimentos com repetições em um ou mais locais, com a finalidade de minimizar a influência de efeitos ambientais sobre a expressão fenotípica, e, assim, melhorar a eficiência na predição do valor genético aditivo (VGA), associado aos genótipos.

Uma vez avaliadas as progênies, os dados devem ser explorados adequadamente, de modo que seja adotado procedimentos rigorosos de seleção das progênies que associem os maiores VGA (RESENDE, 2002). Com o desenvolvimento de *softwares* computacionais, análises baseadas no método de modelos lineares mistos, têm ganhado importância dentre as

metodologias para identificação de genótipos superiores. Nesse sentido, o melhor preditor linear não viesado (BLUP), é considerado um procedimento ideal de avaliação genotípica e de seleção para efeitos genéticos aditivos, efeitos de dominância e efeitos genotípicos, dependendo da situação (RESENDE, 2016). Além disso, o BLUP aumenta a acurácia seletiva e permite o uso simultâneo de inúmeras fontes de informação.

Diferentes estratégias para seleção de progênes podem ser adotadas pelos melhoristas a partir da abordagem dos modelos mistos. Nos programas de melhoramento de plantas autógamas são realizados inúmeros cruzamentos a cada ano, a fim de obter populações segregantes para extração de genótipos superiores. Para isso, existem algumas alternativas para condução das populações e identificação dos melhores indivíduos, os quais incluem os métodos pedigree, bulk e bulk dentro de progênes. No método pedigree, os registros genealógicos dos indivíduos, até então considerados de pouca utilidade prática, tem sido explorado no processo seletivo (NUNES; RAMALHO; FERREIRA, 2008; RAMALHO; CARVALHO; NUNES, 2012a). Segundo Bernardo (2010), a informação de parentesco incorporada em análises de modelos mistos maximiza o uso dos dados disponíveis na comparação entre os genótipos.

Considerando o método pedigree em um estudo de simulação, Nunes, Ramalho e Ferreira (2008) investigaram o valor dos dados de genealogia na seleção dos melhores indivíduos via modelos mistos. Os autores concluíram que a inclusão da informação do parentesco resulta maiores ganhos preditos, sobretudo, para caracteres de baixa herdabilidade. A influência do mérito da população para a identificação de progênes/linhagens superiores de soja também foi verificada por Pereira et al. (2017), no qual foi constatado que o ganho com a seleção para produtividade de grãos e para maturação absoluta em soja é maior, quando o mérito da população não é ignorado.

Conceitualmente, os genótipos que são selecionados nas sucessivas etapas de avaliação de um programa de melhoramento, possuem um maior número de informações associados a eles, e, portanto, é esperado que a avaliação das gerações anteriores possa maximizar a eficiência do processo seletivo. No entanto, a seleção tem sido realizada tomando como referência a última geração no qual as progênes são avaliadas, em geral, com o uso do BLUP incorporado à informação da genealogia (PEREIRA et al., 2013; RAMALHO; CARVALHO; NUNES, 2012a).

A partir de estudos de simulação e de campo com a cultura do feijoeiro, como estratégia para melhorar o método bulk dentro de progênes, Resende et al. (2015) propuseram

o emprego de um índice que envolve os efeitos das progênies em todas as gerações de avaliação. Os resultados da simulação e análise de dados de campo mostraram que o índice multigerações, como é conhecido, é vantajoso por incrementar a acurácia, e também o ganho genético por geração com o aumento da endogamia, obtendo-se estimativas de 85% e 12% superiores em relação ao método tradicional, respectivamente. Outra vantagem do índice é a mitigação do efeito da interação genótipos x ambientes, uma vez que envolve a interação das progênies com épocas de semeadura.

Batista et al. (2017) determinaram a eficiência do índice multigerações na seleção de famílias de feijoeiro, no qual observaram que ao utilizar dados das gerações $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:6}$ simultaneamente, o ganho em acurácia em relação à seleção utilizando dados somente da geração de referência ($F_{2:6}$) foi de 21, 28 e 3% para os caracteres arquitetura de plantas, produtividade de grãos e aspecto de grãos, respectivamente. Portanto, os autores concluíram que o índice multigerações, incluindo dados de todas as gerações disponíveis, é o método mais eficiente para a seleção de famílias de feijoeiro comum.

Visto que no processo de seleção de progênies o mérito da população nem sempre é considerado e associado à cada progênie avaliada, Resende et al. (2016) realizaram um estudo para desenvolver um método de seleção que englobasse toda a estrutura genealógica de um programa de melhoramento de plantas autógamas. Assim, o estudo estendeu o índice multigerações proposto por Resende et al. (2015) por meio da inclusão não somente dos efeitos das progênies nas diferentes gerações, mas também dos efeitos das populações em que as progênies foram derivadas em todas as gerações, e das informações dos parentais e gerações F_1 e F_2 , simultaneamente. Os autores observaram que nos resultados do programa de melhoramento de feijão comum, o novo índice promoveu ganhos em eficiência de seleção que oscilaram de 5% a 28%, dependendo da variação genética existente entre as populações.

Paula (2016) e Volpato et al. (2018) adotaram o índice multigerações e o índice de seleção com efeito de progenitor, população, progênie e geração (ISPPPG) para predição dos valores genéticos de progênies, visando o melhoramento de feijão-preto. Para todas as características avaliadas, a acurácia do ISPPPG foi superior à do índice multigerações, indicando a sua superioridade, e a maior probabilidade de sucesso ao considerar o efeito de população na prática seletiva, uma vez que o ISPPPG é dado pela soma da acurácia das progênies com a acurácia de populações.

2.3 Aplicações de modelos mistos em melhoramento de plantas autógamas

Por muitos anos, nos programas de melhoramento genético de plantas, a seleção de genótipos vem sendo realizada procedendo-se análises de cada variável agrônômica individualmente, estimando-se parâmetros genéticos, aplicando-se índices de seleção para as características e procedendo-se análises conjuntas de ambientes, para verificar a interação genótipo por ambiente. Mais recentemente, com os avanços dos *softwares* computacionais, a abordagem dos modelos mistos tem ganhado importância nos estudos genéticos, visto a estimação mais robusta e precisa de parâmetros genéticos e ambientais, bem como da predição de valores genotípicos mais acurados (SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005).

A abordagem estatística sob modelos mistos proposta e desenvolvida por Henderson (1975) é utilizada para descrever dados de experimentos cuja estrutura de tratamentos envolve fatores fixos e aleatórios. Um modelo linear misto é representado da seguinte forma:

$$y = X\beta + Za + \varepsilon \quad (1)$$

em que, y é o vetor de observações ou fenótipos; X é matriz do modelo referente aos efeitos fixos b ; β é o vetor dos efeitos fixos; Z é a matriz do modelo referente aos efeitos aleatórios a ; a é o vetor dos efeitos aleatórios ou valores genéticos aditivos (VGA) das progênies; e é o vetor de erros, com $e \sim N(0;R)$. Para esse modelo, assume-se que os efeitos aleatórios de progênies são normalmente distribuídos, ou seja, $a \sim N(0,G)$, sendo $G = A\sigma_a^2$ a matriz de covariâncias genéticas aditivas dos VGA das progênies. A matriz A corresponde à matriz de parentesco genético aditivo entre progênies.

A aplicação de modelos lineares mistos, envolve predição de valores genotípicos por meio da melhor predição linear não viesada (BLUP), e estimativas de componentes de variância através das médias do modelo de máxima verossimilhança restrita (REML), que possibilita um processo de seleção mais acurado (RESENDE, 2016).

Como mencionado anteriormente, o modelo linear misto é composto por vetores e matrizes dos efeitos fixos e aleatórios. Frequentemente, os efeitos genotípicos são considerados como fixos e, portanto, tornam-se parte de β no modelo misto. Quando os genótipos são considerados aleatórios, no entanto, os efeitos genotípicos tornam-se parte de a e, portanto, são preditos pelo BLUP. Contudo, existe um debate pertinente sobre se é razoável supor que os genótipos são um fator aleatório. Um argumento contrário a essa suposição é que

os genótipos geralmente não são uma amostra aleatória de uma população definida. Para Piepho et al. (2008) os genótipos avaliados devem ser considerados como aleatórios, pois, representam várias populações que foram submetidas à seleção.

No melhoramento genético de plantas, é comum o uso de análise baseada em modelo fixo para estimação de médias de tratamentos, mesmo em situações em que o modelo é naturalmente misto. Por meio de exemplos simulados, Duarte (2005) ilustrou as possíveis diferenças na classificação das médias genotípicas, quando estas foram obtidas por modelo fixo ou misto. A análise teórica dos exemplos permitiu concluir que a abordagem dos modelos mistos com tratamentos aleatórios, em geral, produz médias mais uniformes, resultado do efeito *shrinkage*, que é o encolhimento da distribuição das médias ajustadas dos tratamentos em torno da média geral. Por outro lado, a ordem de classificação dos genótipos, em geral, não se altera no caso de ensaios que seguem delineamentos ortogonais e balanceados, logo, assumindo-se um modelo fixo quando, na verdade, é misto, não modificaria o resultado final da seleção.

Embora, a princípio, o emprego de modelos mistos tenha sido idealizado para o melhoramento animal, recentemente sua utilização tem ganhado cada vez mais espaço na avaliação estatística de genótipos em ensaios de melhoramento de plantas. Em relato a respeito das inúmeras possibilidades de emprego dos modelos mistos no melhoramento vegetal, Piepho et al. (2008) demonstraram a relevância da aplicação do BLUP em avaliações genéticas de indivíduos e de linhas puras e linhagens, com, e sem uso, da informação de pedigree, em análises uni e multicaracterística.

Existem inúmeras vantagens práticas acerca da aplicação do procedimento REML/BLUP em análises de estudos genéticos. Além da estimação dos componentes de variância e predição acurada e não viesada dos valores genéticos de forma simultânea, a abordagem permite lidar com estruturas de dados complexos, associados a diferentes anos, locais e delineamentos; e pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais (RESENDE, 2007a). Por exemplo, nas fases preliminares do processo seletivo, quando os genótipos são numerosos e a quantidade de material propagativo limita a avaliação em experimentos com repetições, é usual a utilização de delineamentos que são naturalmente não ortogonais, como o de blocos aumentados (FEDERER, 1956).

Segundo Bernardo (2010), no caso de dados desbalanceados, o procedimento BLUP retorna a predições mais confiáveis do que as obtidas pelo método dos quadrados mínimos (MQM). Entretanto, na ocorrência de balanceamento dos dados, BLUP e MQM fornecem

resultados semelhantes, o que leva a falsa impressão de que a escolha do estimador não é importante.

Panter e Allen (1995), avaliando estratégias de escolha de genitores em soja, compararam o método dos quadrados mínimos com o método de modelos mistos via BLUP. Em todos os casos analisados ficou evidenciado a superioridade dos cruzamentos obtidos por meio do BLUP, além de menor erro padrão e maior correlação dos valores preditos com o desempenho observado dos genótipos. Por outro lado, Lemos (2017) comparou estimativas obtidas pelos métodos MQM e os modelos mistos em progênies de feijoeiro, no qual verificou-se que ambos os métodos forneceram resultados similares, mesmo existindo desbalanceamento entre o número de progênies avaliadas dentro de cada população, que variou entre populações.

A eficiência do uso de modelos mistos no melhoramento de espécies autógamas, tem sido comprovada em diferentes culturas, como arroz (BORGES, et al. 2010), feijão-comum (BATISTA et al., 2017; LEMOS, 2017), soja (PINHEIRO et al., 2013; PEREIRA et al., 2017) e trigo (PIMENTEL et al., 2014). Ramalho e Araújo (2011) destacam a eficiência na estratégia de utilização de modelos mistos na identificação de progênies ou linhas com maior mérito genotípico. Segundo Ramalho, Carvalho e Nunes (2012b), em plantas autógamas, os melhoristas estão interessados na seleção de progênies que, ao atingirem a homozigose, acumulem maior quantidade de alelos favoráveis, que estão associados aos maiores valores genéticos aditivos (VGA).

Resende (2007a) afirma que para caracteres quantitativos, os valores fenotípicos nem sempre estão associados aos VGAs, por conterem efeitos de blocos, parcelas e efeitos ambientais aleatórios embutidos em alguma proporção em suas estimativas. Nesse caso, é importante a utilização de metodologias que otimizem o uso da informação disponível, para que se possa classificar as famílias o mais próximo possível da classificação que seria obtida com os verdadeiros VGAs (WHITE; HODGE, 2013).

A abordagem de modelos mistos permite também explorar a informação de parentesco entre indivíduos, maximizando o uso dos dados disponíveis na comparação entre os genótipos (BERNARDO, 2010). De acordo com Nunes, Ramalho e Ferreira (2008) e Ramalho, Carvalho e Nunes (2012a), o ganho genético com a seleção de plantas autógamas, pode ser incrementado utilizando-se o procedimento BLUP com dados genealógicos, sobretudo para caracteres de baixa herdabilidade. Em estudos com a cultura da soja, Pinheiro et al. (2013) e Pereira et al. (2017) constataram que a inclusão da informação de parentesco via

REML/BLUP resulta em maiores ganhos com a seleção, e torna a predição dos valores genéticos das progênes de soja mais acurada.

A ocorrência de desbalanceamento dos dados, conforme já comentado, é comumente observada em programas de melhoramento de plantas. Os ensaios de avaliações de progênes são frequentemente conduzidos em vários ambientes e anos agrícolas, nos quais genótipos com desempenho inferior são eliminados, ao passo que outros são inseridos aos programas. Uma vez que as progênes são avaliadas durante um grande número de gerações, é pertinente supor que a utilização das avaliações anteriores possa maximizar a eficiência do processo seletivo.

Em programas de seleção recorrente, por exemplo, a seleção das melhores progênes tem sido realizada, assumindo na análise, apenas a geração de referência. Nesse sentido, um questionamento que surge é a possibilidade da implementação da análise sequencial em programas de seleção recorrente, visando melhorar o processo seletivo. Assim, Resende (2002), Bruzi (2008) e Pereira (2016) consideraram as sucessivas avaliações de performance das progênes anteriores à geração de referência, e constataram melhora na eficiência do processo seletivo com a análise sequencial pelo procedimento BLUP.

Na mesma linha, Resende et al. (2015) apresentaram um índice multigerções que envolve a informação de todas as gerações e a covariância entre sucessivas gerações com o objetivo de identificar as melhores famílias, aumentando a eficiência de seleção. Por último, Resende et al. (2016) ampliaram o índice proposto por Resende et al. (2015), incluindo além do efeito de progênes, o mérito da população e dados dos pais e das gerações F_1 e F_2 simultaneamente.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Ambientes

Os experimentos foram conduzidos em Lavras-MG, nos anos agrícolas 2016/2017 e 2017/2018, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária - Fazenda Muquém, situada a 21°12'11''S de latitude, 44°58'47''W de longitude e 954 m de altitude; em Itutinga-MG na safra 2016/2017 e 2017/2018, área particular Fazenda Milanez, localizada a 21° 17' 53''S de latitude, 44° 39' 28'' W de longitude e 970 m de altitude; e em Ijaci-MG na safra 2017/2018, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária - Fazenda Palmital, localizada a 21°09'S de latitude, 44°54'W de longitude e 920 m de altitude.

3.2 Tratamentos genéticos e condução experimental

As progênies utilizadas neste estudo foram obtidas a partir de cruzamentos biparentais entre cultivares elite de soja, selecionadas conforme desempenho agrônomo para a região do Sul de Minas Gerais (TABELA 1). As hibridações foram realizadas em casa de vegetação na safra de 2013/2014. Posteriormente, as sementes F₁ foram multiplicadas na safra de inverno do mesmo ano em casa de vegetação, com duas plantas por vaso.

Tabela 1- Descrição dos genitores utilizados na formação das populações segregantes de soja.

População	Genitores	Maturidade relativa	Habito de crescimento
1	CD 2630 RR	6.3	indeterminado
	CD 215 RR	5.9	determinado
2	V-TOP RR	5.9	indeterminado
	NK 7074 RR	7.4	determinado
3	CD 250 RR	5.5	indeterminado
	NA 5909 RG	6.2	indeterminado
4	BMX Força RR	6.2	indeterminado
	5D690 RR	6.9	determinado

Fonte: Do autor (2019).

Na safra de verão 2014/2015, as sementes das populações F₂ foram semeadas em duas linhas de 5,0 metros, considerando-se 15 sementes/metro linear como densidade de semeadura. Na safra de verão 2015/2016, as populações F₃ foram cultivadas em quatro linhas de 5,0 metros, também com 15 sementes/metro linear.

Na maturação fisiológica, selecionou-se, visualmente, 55 plantas mais precoces de cada população, visando a obtenção das progênes F_{3:4}. As plantas foram trilhadas individualmente e verificou-se a produtividade de cada uma das plantas colhidas, no qual as 34 progênes F_{3:4} mais produtivas de cada população foram selecionadas.

Assim, foram avaliadas 136 progênes F_{3:4} e mais oito testemunhas (genitores) na safra de verão 2016/2017 em Lavras e Itutinga. Utilizou-se delineamento experimental de látice simples 12x12 com duas repetições e parcelas de 1 linha de 2,0 metros. Empregando a metodologia dos modelos mistos, foram identificadas as 56 melhores progênes em função da precocidade e do desempenho para produtividade. As progênes F_{3:5} selecionadas e oito testemunhas (genitores) foram avaliadas na safra de verão 2017/2018, nos municípios de Lavras, Itutinga e Ijaci. O delineamento experimental utilizado foi látice triplo 8x8, com parcelas de 1 linha de 3,0 metros.

Em todos os ensaios, a semeadura foi realizada manualmente em área de sistema de plantio direto, com espaçamento de 0,50 metros. A adubação foi realizada via sulco utilizando-se de 350 kg.ha⁻¹ do formulado N-P₂O₅-K₂O (02-30-20). A inoculação, via sulco de semeadura, foi realizada no momento do plantio, utilizando-se bactérias *Bradyrhizobium japonicum* na forma de inoculante líquido na dose de 18 mL p. c. kg⁻¹ de semente – estirpes SEMIA 5079 e 5080. O volume de calda aplicado foi equivalente a 150 L.ha⁻¹. Para o controle de pragas, utilizou-se inseticidas com ingrediente ativo Neonicotinoide, Piretroide e Clorpirifós, sendo as aplicações condicionadas à necessidade de controle das pragas. O controle de plantas daninhas em pós-emergência foi efetuado utilizando glifosato na dosagem de 2 L.ha⁻¹.

Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos:

- a) Maturação absoluta: número de dias contados a partir da emergência até quando 90% das plantas na parcela apresentaram maturação das vagens, estágio R8; segundo escala Fehr e Caviness (1977);
- b) Produtividade de grãos: produção média em kg.ha⁻¹ determinada a partir da colheita das parcelas e padronização da umidade de grãos para 13%.

3.3 Análise estatística dos dados

Os dados de maturação absoluta e produtividade de grãos foram analisados via abordagem de modelos mistos, visando a seleção das melhores progênies por meio das seguintes estratégias: ignorando e considerando o efeito de populações em cada geração e; considerando a informação de todas as gerações e a covariância entre sucessivas gerações – índice multigerações (BDP-BLUP).

Em um primeiro momento, realizou-se a análise conjunta por geração e a conjunta envolvendo as duas gerações desconsiderando o efeito de populações, de acordo com o seguinte modelo:

$$y_{ijkl} = \mu + f_i + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + a_l + (fa)_{il} + e_{ijkl} \quad (2)$$

em que:

y_{ijkl} : observação referente à progênie i , no bloco k dentro da repetição j , no ambiente l ;

μ : constante geral associada a todas as observações;

f_i : efeito aleatório da progênie i , $f_i \sim N(0, \sigma_f^2)$;

$r_{j(l)}$: efeito fixo da repetição j dentro do ambiente l , $r_{j(l)} \sim N(0, \sigma_r^2)$;

$b_{k(jl)}$: efeito aleatório do bloco k dentro da repetição j no ambiente l , $b_{k(jl)} \sim N(0, \sigma_b^2)$;

a_l : efeito fixo do ambiente l ;

$(fa)_{il}$: efeito aleatório da interação progênies x ambientes, $(fa)_{il} \sim N(0, \sigma_{(fa)}^2)$;

e_{ijkl} : erro experimental aleatório associado à observação y_{ijkl} , $e_{ijkl} \sim N(0, \sigma_e^2)$.

Posteriormente, considerou-se o efeito da população adotando o modelo:

$$y_{ijklm} = \mu + p_m + f_{i(m)} + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + a_l + (pa)_{ml} + (fa)_{iml} + e_{ijkl} \quad (3)$$

em que:

y_{ijklm} : observação referente à progênie i dentro da população m , no bloco k dentro da repetição j , no ambiente l ;

μ : constante geral associada a todas as observações;

p_m : efeito aleatório da população m , $p_m \sim N(0, \sigma_p^2)$;

$f_{i(m)}$: efeito aleatório da progênie i dentro da população m , $f_{i(m)} \sim N(0, \sigma_f^2)$;

- $r_{j(l)}$: efeito fixo da repetição j dentro do ambiente l , $r_{j(l)} \sim N(0, \sigma_r^2)$;
- $b_{k(jl)}$: efeito aleatório do bloco k dentro da repetição j no ambiente l , $b_{k(jl)} \sim N(0, \sigma_b^2)$;
- a_l : efeito fixo do ambiente l ;
- $(pa)_{ml}$: efeito aleatório da interação populações x ambientes, $(pa)_{ml} \sim N(0, \sigma_{(pa)}^2)$;
- $(fa)_{iml}$: efeito aleatório da interação progênies dentro de populações x ambientes, $(fa)_{iml} \sim N(0, \sigma_{(fa)}^2)$;
- e_{ijklm} : erro experimental aleatório associado à observação y_{ijklm} , $e_{ijklm} \sim N(0, \sigma_e^2)$.

O índice multigerações apresentado por Resende et al. (2015), é dado por:

$$\hat{a} = b_2 F_2 + b_3 F_3 + b_4 F_4 + b_5 F_5 + b_6 F_6 \quad (4)$$

sendo b_x os pesos que ponderam as fontes de informação associadas as gerações de endogamia. Como somente as gerações F_4 e F_5 foram avaliadas, o índice se reduz a: $\hat{a} = b_4 F_4 + b_5 F_5$, no qual os pesos são estimados pelo seguinte sistema:

$$\begin{bmatrix} (K_4/h^2) & 1.50 \\ sim. & (K_5/h^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b}_4 \\ \hat{b}_5 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1.50 \\ 1.75 \end{bmatrix} \quad (5)$$

em que: $K_x = \frac{(1 + Fh^2) + (n-1)rh^2}{n}$, sendo F o coeficiente de endogamia dos indivíduos em cada geração; n o número de indivíduos em cada geração; r o coeficiente de variância genética entre progênies em cada geração; e h^2 a herdabilidade em nível de progênies.

O modelo misto ajustado para o BDP-BLUP é o seguinte:

$$y = X\beta + Zg + Wb + Tc + e \quad (6)$$

em que, y é o vetor dos valores fenotípicos das progênies; β é o vetor dos efeitos fixos de repetições (gerações), somados à média geral; g é o vetor dos efeitos genotípicos das progênies (assumidos como aleatórios); b é o vetor dos efeitos de blocos incompletos (assumidos como aleatórios); c é o vetor dos efeitos da interação progênies x gerações

(assumidos como aleatórios); e é o vetor de erros (aleatórios); X , Z , W e T são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de β , g , b e c ao vetor y .

Os componentes de variância utilizados para resolução das equações de modelos mistos, e obtenção dos valores genéticos, foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) utilizando-se o ambiente R Core Team (2017) e o pacote estatístico computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007b). A significância das variâncias associadas aos efeitos aleatórios foi verificada por meio do teste da razão de verossimilhança (Likelihood Ratio Test).

Para aferir a qualidade experimental, foram estimados o coeficiente de variação residual (CVe%) e a acurácia (RESENDE; DUARTE, 2007; RESENDE et al., 2015). A acurácia seletiva das análises conjuntas que consideram e desconsideram o efeito da população foi determinada pelo seguinte estimador (GEZAN; MUNOZ, 2014):

$$r_{gg} = \sqrt{1 - \left(\frac{PEV}{\sigma_G^2} \right)} \quad (7)$$

em que:

PEV : variância do erro de predição dos BLUP;

σ_G^2 : variância genotípica.

O estimador da acurácia do índice multigerções (BDP-BLUP) é dado por:

$$\hat{r}_{aa_\infty} = \left[\sum b_x r_x / (1 + F) \right]^{1/2} = \left[(b_2 r_2 + b_3 r_3 + \dots + b_z r_z) / (1 + F) \right]^{1/2} \quad (8)$$

sendo:

b_x : coeficientes de ponderação das fontes de informação associadas à cada geração F_x ;

r_x : coeficiente de correlação entre as informações fenotípicas da geração F_x e os valores genéticos das linhagens em F_∞ ;

F : coeficiente de endogamia na geração F_∞ .

Foram obtidas as estimativas do ganho esperado com a seleção (GS) para todos os caracteres, considerando-se as intensidades de seleção de 5%, 10%, 15%, 20%, 25% e 30%. Os ganhos esperados com a seleção foram estimados por:

$$GS (\%) = \frac{\overline{BLUP's}}{\bar{Y}} \times 100 \quad (9)$$

em que:

$\overline{BLUP's}$: Média dos BLUP's das progênies selecionadas para cada proporção de seleção;

\bar{Y} : Média geral das progênies na geração i ou em todas as gerações.

A eficiência dos procedimentos de análise via modelos mistos foi aferida pelo ganho genético com a seleção e também pela correlação classificatória de Spearman e o índice de coincidência proposto por Hamblin e Zimmermann (1986). Para este último, utilizou-se a seguinte expressão:

$$IC = \left(\frac{A - C}{M - C} \right) \quad (10)$$

em que:

A: número de progênies coincidentes nas duas estratégias;

M: número de progênies selecionadas por determinada estratégia;

C: quantifica o número de progênies coincidentes devido ao acaso, considerando a seleção das 10 melhores progênies.

Ainda foi estimado a eficiência do índice multigerações em relação às demais análises por meio de correção das acurácias em cada geração, segundo proposto por Batista et al. (2017). Considerou-se a acurácia do índice multigerações, com informação das duas gerações ($F_{3:4} + F_{3:5}$), como a mais livre dos efeitos da interação progênies x gerações e ambientes. A acurácia deste índice total foi multiplicada pela correlação entre os valores genotípicos preditos via índice multigerações e os valores genotípicos preditos em cada tipo de análise ($F_{3:4}$, $F_{3:4}$ pop., $F_{3:5}$, $F_{3:5}$ pop., Conjunta, Conjunta pop.) para a obtenção de suas respectivas estimativas de acurácia corrigidas para a interação.

4 RESULTADOS

Constatou-se que, entre os caracteres avaliados, o avanço das gerações promoveu um incremento na precisão experimental somente para a maturação absoluta, evidenciado pelas estimativas do coeficiente de variação experimental e da acurácia seletiva (TABELA 2). No entanto, observa-se que com a inclusão do efeito da população, houve uma redução na magnitude da acurácia em todas as gerações, para ambos os caracteres estudados. O CVe para número de dias para maturidade foi de baixa magnitude ao longo das gerações. A acurácia variou de 73,29% a 96,17%. Por seu turno, para produtividade de grãos, as estimativas de acurácia foram, no geral, de baixa magnitude, atingindo o valor de 7,85% na análise conjunta das gerações $F_{3:4}$ e $F_{3:5}$. As estimativas do CVe para este caráter variaram de 4,93% a 22,66%.

Foi observada grande variação nos valores de herdabilidade entre os caracteres avaliados (TABELA 2). As estimativas da herdabilidade para maturação absoluta variaram entre 69,04% a 93,01% e 57,15% a 83,63% ignorando e considerando o efeito da população, respectivamente. Para produtividade de grãos, nota-se que a herdabilidade oscilou entre 29,78%-51,20% e 1,08%-22,21% desconsiderando e considerando a estrutura de população respectivamente.

O componente da variância genética associada às progênes foi significativamente diferente de zero ($P < 0,01$) para os dois caracteres nas gerações individuais e na análise conjunta das gerações (TABELA 2). Contudo, percebe-se que para a produtividade de grãos, quando é incorporada a informação da população, a variância genética entre progênes dentro de populações é não significativamente diferente de zero ($P < 0,01$). As estimativas da variância associada ao efeito de populações somente não foram significativas na geração $F_{3:4}$ para maturação absoluta, e na geração $F_{3:4}$ e $F_{3:5}$ para produtividade de grãos. A variância da interação progênes x ambientes foi significativa apenas para o caráter produtividade de grãos, enquanto que a variância da interação populações x ambientes foi significativa para ambos os caracteres em todas as análises, com exceção do rendimento de grãos na geração $F_{3:4}$.

Tabela 2 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para maturação absoluta e produtividade de grãos, em diferentes gerações (F_{3:4} a F_{3:5}), ignorando e considerando a informação da população, para progênes de soja.

Parâmetros	Maturação absoluta (Dias)					
	F _{3:4}		F _{3:5}		Conjunta	
	S/ pop.	C/pop.	S/ pop.	C/pop.	S/ pop.	C/pop.
$\hat{\sigma}_g^2$	9,90***	4,60***	14,32***	4,54***	11,98***	4,63***
$\hat{\sigma}_p^2$	-	7,15 ^{ns}	-	19,70***	-	12,01***
$\hat{\sigma}_{gxe}^2$	1,69 ^{ns}	3,57e ^{-13ns}	0,57 ^{ns}	3,49e ^{-13ns}	1,99***	0,53 ^{ns}
$\hat{\sigma}_{pxe}^2$	-	2,93***	-	0,96***	-	2,61***
$\hat{\sigma}_e^2$	14,38	13,80	7,98	7,99	10,99	10,89
h ² (%)	69,04	57,15	93,01	83,63	90,37	82,58
$\hat{r}_{gg'}$ (%)	82,26	73,29	96,17	88,07	90,31	81,90
CVe (%)	3,08	3,02	2,21	2,21	2,65	2,63
Média	122,93		127,61		125,29	
Parâmetros	Produtividade de grãos (Kg.ha ⁻¹)					
$\hat{\sigma}_g^2$	106109,50*	70077,75 ^{ns}	166995,3**	17086,24 ^{ns}	102667,00***	1007,68 ^{ns}
$\hat{\sigma}_p^2$	-	47448,47 ^{ns}	-	300744,20 ^{ns}	-	157484,20 *
$\hat{\sigma}_{gxe}^2$	251835,80***	242480,30***	169872,9**	72974,31 ^{ns}	218613,10***	167508,60 ***
$\hat{\sigma}_{pxe}^2$	-	8379,93 ^{ns}	-	136011,20***	-	108380,70***
$\hat{\sigma}_e^2$	497245,80	497005,60	923110,3	922881,90	729892,30	738192,10
h ² (%)	29,78	22,21	51,20	11,87	50,13	1,08
$\hat{r}_{gg'}$ (%)	53,13	45,27	70,35	32,25	59,20	7,85
CVe (%)	4,93	14,92	22,66	22,66	19,06	19,17
Média	4724,32		4239,21		4481,54	

Significância pelo teste de verossimilhança (Likelihood Ratio Test) - 0 '****' 0.001 '***' 0.01 '**', ^{ns}: não significativo; $\hat{\sigma}_g^2$: variância entre progênes dentro de populações; $\hat{\sigma}_p^2$: variância entre populações; $\hat{\sigma}_{gxe}^2$: variância da interação entre progênes dentro de populações x ambientes; $\hat{\sigma}_{pxe}^2$: variância da interação entre populações x ambientes; $\hat{\sigma}_e^2$: variância do erro; h²: herdabilidade em nível de média de progênes; $\hat{r}_{gg'}$: acurácia seletiva em nível de média de progênes; CVe: coeficiente de variação experimental.

Fonte: Do autor (2019).

Ao contemplar o efeito da população, as estimativas da variância entre progênes dentro de populações reduziram em todas as análises para os dois caracteres. O mesmo aconteceu para a variância do erro, com exceção da análise conjunta para produtividade (TABELA 2).

A obtenção de estimativas de ganhos genéticos advindos da seleção de genótipos superiores é oportuna em estudos de avaliação de progênes. Neste trabalho, a seleção foi direcionada para o aumento da produtividade de grãos e redução do número de dias para maturidade (TABELAS 3 e 4). Verifica-se que o ganho esperado para ambos os caracteres diminui à medida que a proporção de seleção aumenta. Os valores negativos associados às estimativas dos ganhos para dias para maturação evidenciam a redução do ciclo da cultura, visando a precocidade.

Tabela 3 - Estimativa de ganhos genéticos esperados com a seleção em porcentagem (%), para maturação absoluta (Dias), em diferentes proporções de seleção e em diferentes gerações, ignorando e considerando o efeito da população.

Estratégias	Proporção de seleção (%)					
	5	10	15	20	25	30
F _{3:4}	-3,06	-2,94	-2,87	-2,73	-2,55	-2,43
F _{3:4} c/ pop.	-2,01	-1,87	-1,72	-1,59	-1,46	-1,38
F _{3:5}	-7,45	-6,01	-4,94	-4,21	-3,57	-3,44
F _{3:5} c/ pop.	-3,82	-2,78	-2,23	-1,88	-1,57	-1,50
Conjunta	-6,19	-5,47	-4,66	-4,19	-3,80	-3,72
Conjunta c/ pop.	-3,48	-2,94	-2,54	-2,25	-1,95	-1,88

Fonte: Do autor (2019).

Tabela 4 - Estimativa de ganhos genéticos esperados com a seleção em porcentagem (%), para produtividade de grãos (kg.ha⁻¹), em diferentes proporções de seleção e em diferentes gerações, ignorando e considerando o efeito da população.

Estratégias	Proporção de seleção (%)					
	5	10	15	20	25	30
F _{3:4}	7,55	6,58	5,97	5,38	4,80	4,49
F _{3:4} c/ pop.	5,66	4,71	4,19	3,74	3,31	3,08
F _{3:5}	12,68	10,03	8,75	8,00	7,19	6,99
F _{3:5} c/ pop.	1,90	1,61	1,42	1,32	1,18	1,15
Conjunta	10,70	9,66	8,52	7,70	6,92	6,75
Conjunta c/ pop.	0,14	0,13	0,12	0,11	0,10	0,10

Fonte: Do autor (2019).

Quando se tem o efeito da população incluída nas estimativas, foi observado que os ganhos percentuais com a seleção para os dois caracteres foram de menor magnitude. Para

maturidade, obteve-se ganhos variando entre -2,13% a -7,45% ignorando-se o mérito da população. Ao considerar esta informação, os ganhos variaram entre -1,17% a -3,82%. As estimativas para produtividade de grãos oscilaram entre 3,71% a 12,68% e 0,09% a 5,66% ignorando e considerando a informação da população, respectivamente.

As correlações de Spearman entre os BLUP's das progênes, desconsiderando e considerando a informação da população nas gerações, são mostradas na Tabela 5. As estimativas das correlações foram significativamente diferentes de zero ($P < 0,01$) em todas as comparações, independente do caráter. Foi estimada a coincidência na classificação das 10 melhores progênes, no intuito de determinar o percentual de genótipos superiores que seriam selecionados, quando se ignora e considera o mérito da população em cada geração, e na análise conjunta com todas as gerações e ambientes. Pode se observar na Tabela 6, que a coincidência, na maior parte dos casos, foi de média magnitude. À exceção da geração F_{3:4}, deve ser salientado que o valor da coincidência variou entre os caracteres, e como esperado, foi menor para produtividade de grãos.

Tabela 5 - Estimativas da correlação de Spearman entre o ordenamento das progênes quanto as médias BLUP obtidas em diferentes gerações, ignorando e considerando a informação da população, para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD).

Gerações	MA (Dias)	PROD (kg.ha ⁻¹)
F _{3:4} vs F _{3:4} c/ pop.	0,78*	0,95*
F _{3:5} vs F _{3:5} c/ pop.	0,63*	0,64*
Conj. vs Conj. c/ pop.	0,73*	0,79*

*significativo a 1% de probabilidade pelo teste *t*.

Fonte: Do autor (2019).

Tabela 6 - Índice de coincidência (%) na seleção das 10 melhores progênes de soja para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD), ignorando e considerando o efeito da população, em diferentes gerações.

Gerações	MA (Dias)	PROD (kg.ha ⁻¹)
F _{3:4} vs F _{3:4} c/ pop.	59	59
F _{3:5} vs F _{3:5} c/ pop.	51	27
Conj. vs Conj. c/ pop.	76	51

Fonte: Do autor (2019).

A genealogia das 10 progênes superiores, considerando cada caráter isoladamente, pode ser visualizada na Tabela 7. No geral, observa-se que a inclusão do efeito da população

impactou na distribuição das progênies selecionadas por população ao longo das gerações. No entanto, determinados cruzamentos quase sempre deram origem ao maior número de progênies nas duas estratégias. Por exemplo, para maturação absoluta, destacou-se o cruzamento CD250 RR/NA5909 RG, e para produtividade de grãos, sobressaiu-se o cruzamento CD2630 RR/CD215 RR.

Tabela 7 - Número de progênies selecionadas por população entre as 10 melhores progênies para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD), em diferentes gerações, ignorando e considerando o efeito da população.

População	Número de progênies					
	MA (Dias)				Conjunta	Conjunta
	F _{3:4}	F _{3:4} c/pop.	F _{3:5}	F _{3:5} c/pop.		
CD2630 RR x CD215 RR	0	2	1	1	1	2
V-TOP RR x NK7074 RR	0	1	0	0	0	1
CD250 RR x NA5909 RG	6	7	7	3	7	5
BMX Força RR x 5D690 RR	4	0	2	6	2	2
	PROD (kg.ha ⁻¹)					
CD2630 RR x CD215 RR	2	3	6	3	5	2
V-TOP RR x NK7074 RR	4	3	4	1	4	3
CD250 RR x NA5909 RG	1	4	0	3	0	3
BMX Força RR x 5D690 RR	3	0	0	3	1	2

Fonte: Do autor (2019).

Neste trabalho, utilizou-se também o índice multigerações como estratégia de seleção das progênies. Por meio das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, verificou-se efeito de progênie significativamente diferente de zero ($P < 0,05$) apenas para maturação absoluta (TABELA 8). Por outro lado, a variância da interação progênies x gerações foi significativamente diferente de zero ($P < 0,05$) para os dois caracteres, o que indica comportamento não coincidente das progênies quando avaliadas em gerações diferentes. Vale ressaltar, que o efeito de geração está confundido com o de ambiente, uma vez que as progênies nas gerações F_{3:4} e F_{3:5} foram avaliadas em anos agrícolas e locais distintos.

Os valores do coeficiente de variação experimental (CVe) e acurácia para maturação absoluta foram de 2,81% e 85,29% respectivamente. Para a produtividade de grãos, o CVe foi de 21,33% e a acurácia de 52,12%. As estimativas de herdabilidade se apresentaram de moderada magnitude (72,74%) para maturação absoluta e de baixa magnitude (27,16%) para produtividade (TABELA 9).

Os ganhos percentuais esperados com a seleção ao utilizar o índice multigerações, com informação das duas gerações ($F_{3:4}$ e $F_{3:5}$) variaram de -2,93 a -4,76 e 2,36 a 3,89 para maturação absoluta e rendimento de grãos, respectivamente (TABELA 9). Esses ganhos foram inferiores aos ganhos obtidos nas análises das gerações individuais e conjunta que desconsideram o efeito da população (TABELAS 3 e 4), especialmente em relação a geração de referência ($F_{3:5}$), que teve ganhos mais expressivos para os dois caracteres. Porém, quando comparado com as estratégias que consideram o mérito da população, o índice multigerações gerou melhores ganhos com a seleção.

Tabela 8 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD), utilizando o índice multigerações ($F_{3:4} + F_{3:5}$) para seleção de progênies de soja.

Parâmetros	$F_{3:4}/F_{3:5}$	
	MA (Dias)	PROD (kg.ha ⁻¹)
$\hat{\sigma}_a^2$	10,35*	45642,00 ^{ns}
$\hat{\sigma}_{\text{txf}}^2$	2,60*	125950,16*
$\hat{\sigma}_e^2$	12,45	898746,05
$h^2(\%)$	72,74	27,16
$\hat{r}_{\text{gg}'(\%)}$	85,29	52,12
CVe(%)	2,81	21,33
Média	125,71	4444,44

*Significativo a 0,05 de probabilidade pelo teste de razão de verossimilhança; ^{ns}: não significativo; $\hat{\sigma}_a^2$: variância genética aditiva de progênies; $\hat{\sigma}_{\text{txf}}^2$: variância da interação progênies x gerações; $\hat{\sigma}_e^2$: variância do erro; h^2 : herdabilidade em nível de progênies; $\hat{r}_{\text{gg}'}$: acurácia seletiva em nível de progênies; CVe: coeficiente de variação experimental.

Fonte: Do autor (2019).

A eficiência do índice multigerações em relação às demais unidades seletivas, também foi estimada a partir dos valores de acurácia (TABELA 10). Houve um aumento na acurácia com o avanço das gerações de autofecundação, no qual para maturação absoluta o incremento foi de 11% de $F_{3:4}$ para $F_{3:5}$. Para a produtividade de grãos, a acurácia aumentou de 34% em $F_{3:4}$ para 48% em $F_{3:5}$. No entanto, observa-se que, ao considerar a estrutura de população, as magnitudes das estimativas da acurácia reduziram.

A acurácia do índice multigerações foi de 85% para maturação absoluta e 52% para produtividade de grãos. A eficiência seletiva sobre o modelo tradicional com uso apenas da geração de referência foi de 1,02 e 1,08 para maturação e produtividade respectivamente, ou seja, proporcionou 2% e 8% em mais acurácia (TABELA 10).

Tabela 9- Estimativa de ganhos genéticos esperados com a seleção em porcentagem (%), para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD), em diferentes proporções de seleção, considerando o índice multigerações ($F_{3:4} + F_{3:5}$).

Caracteres	Proporção de seleção %					
	5	10	15	20	25	30
MA (Dias)	-4,76	-4,23	-3,68	-3,33	-3,15	-2,93
PROD (kg.ha ⁻¹)	3,89	3,34	2,97	2,70	2,55	2,36

Fonte: Do autor (2019).

Tabela 10 - Estimativas de acurácia e eficiência do índice multigerações ($F_{3:4} + F_{3:5}$) em relação às demais estratégias de seleção, para maturação absoluta (MA) e produtividade de grãos (PROD).

Gerações	Acurácia		Eficiência ^{1/}	
	MA	PROD	MA	PROD
$F_{3:4}$	0,72	0,34	1,18	1,53
$F_{3:4}$ c/pop.	0,46	0,29	1,85	1,79
$F_{3:5}$	0,83	0,48	1,02	1,08
$F_{3:5}$ c/pop.	0,51	0,28	1,67	1,86
Conjunta	0,78	0,50	1,09	1,04
Conjunta c/pop.	0,52	0,37	1,63	1,40
$F_{3:4}/F_{3:5}$	0,85	0,52	-	-

^{1/} Razão entre a acurácia do índice multigerações ($F_{3:4} + F_{3:5}$) e da acurácia de cada estratégia de seleção.

Fonte: Do autor (2019).

As 10 melhores progênes selecionadas pelas diferentes estratégias estão apresentadas na Tabela 11. Foi estimada a coincidência das progênes selecionadas com o índice multigerações em relação as outras unidades seletivas. Observa-se para maturação absoluta, que das 10 progênes superiores selecionadas utilizando-se o BLUP com dados de todas as gerações ($F_{3:4}/F_{3:5}$), haveria coincidência de 88% com as progênes selecionadas pela geração de referência ($F_{3:5}$). Para produtividade, essa correspondência seria de 63%. A coincidência entre progênes identificadas pelo BDP-BLUP e pelas análises com efeito da população foram de baixa magnitude.

Considerando a comparação entre a geração de referência e o índice multigerações, nota-se que o ranqueamento entre as 10 melhores progênes de soja para ambos os caracteres se alterou ao considerar a informação das duas gerações. Contudo, para maturação e produtividade, mantiveram seu posto inalterado, quatro e duas progênes, respectivamente.

Também, pode ser observado que a progênie de número 89 foi sempre selecionada para maturação, ao passo que para produtividade não houve nenhuma progênie que seria selecionada em todas as situações.

Tabela 11 – Posicionamento das 10 melhores progênies de soja para maturação absoluta e produtividade de grãos, considerando cada estratégia de seleção.

Maturação absoluta (Dias)							
Posto	F _{3:4}	F _{3:4} c/pop.	F _{3:5}	F _{3:5} c/pop.	Conjunta	Conjunta c/pop.	F _{3:4} +F _{3:5}
1	135 ^{1/}	17	93	93	89	8	89
2	133	59	89	8	93	89	93
3	100	100	82	89	82	93	82
4	84	84	77	118	77	82	77
5	102	102	75	82	75	77	75
6	73	89	99	113	118	75	92
7	77	8	92	105	99	17	99
8	82	79	118	117	92	59	118
9	118	77	113	125	8	118	8
10	89	73	8	123	117	117	125
	0,35 ^{2/}	0,24	0,88	0,51	0,88	0,63	-
Produtividade de grãos (kg.ha⁻¹)							
Posto	F _{3:4}	F _{3:4} c/pop.	F _{3:5}	F _{3:5} c/pop.	Conjunta	Conjunta c/pop.	F _{3:4} +F _{3:5}
1	43	43	51	80	51	80	51
2	60	87	62	51	62	51	62
3	8	8	21	77	43	21	43
4	87	60	18	21	21	62	21
5	46	99	3	75	60	77	18
6	6	6	59	18	18	43	24
7	112	98	15	114	114	114	114
8	116	46	24	106	3	18	3
9	120	100	34	113	24	99	60
10	62	21	10	3	34	132	15
	0,24	0,13	0,63	0,39	0,88	0,51	-

^{1/} Identificador dos genótipos. ^{2/} Índice de coincidência das progênies selecionadas em cada estratégia com o índice multigerações (F_{3:4} + F_{3:5}).

Fonte: Do autor (2019).

5 DISCUSSÃO

A precisão experimental foi aferida por meio do coeficiente de variação experimental (CVe) e da acurácia seletiva (TABELAS 2 e 8). Para maturação absoluta e produtividade de grãos as estimativas do CVe indicaram ótima e regular qualidade experimental respectivamente (PIMENTEL GOMES, 2009). A precisão na predição do valor genotípico, comumente mensurada pela acurácia seletiva, oscilou de 7,85% a 70,35% para produtividade. Assim, a precisão na avaliação desse caráter pode ser considerada de baixa a alta, enquanto para maturação absoluta a precisão foi alta (>90%) em todas as análises (RESENDE; DUARTE, 2007).

A incorporação do efeito da população propiciou mudanças sutis nas magnitudes do CVe e pronunciadas nos valores da acurácia, no qual evidencia que o efeito da população neste caso, não contribuiu para melhorar as estimativas da acurácia. O uso dessa informação para o cômputo dos componentes genéticos e fenotípicos é tradicionalmente utilizado no melhoramento florestal (COSTA et al., 2010) e animal (VICENTE; CAROLINO; GAMA, 2016). No entanto, o mérito da população também tem sido empregado no melhoramento de plantas autógamas para melhorar a precisão de estimativas que auxiliam na seleção de genótipos superiores (VOLPATO et al., 2018; PEREIRA et al., 2017; LEMOS, 2017; RESENDE et al., 2016).

Diferenças significativamente diferente de zero ($P < 0,01$) entre as progênies, para os dois caracteres, foram detectadas em todas as análises, à exceção do caráter produtividade de grãos com efeito da população (TABELA 2). A significância dos componentes de variância entre progênies dentro de populações e entre populações indicam a existência de variabilidade entre e dentro das populações, que segundo Bernardo (2010) é essencial para o sucesso dos programas de melhoramento genético.

É pertinente ressaltar também, que ao desprezar a informação da população, tem-se uma variância genética total, uma vez que se considera que todas as progênies sejam oriundas de uma mesma população. Todavia, quando o efeito da população é computado, estima-se melhor a variância genética, pois esta representa uma média entre todas as populações. Assim, a variância genética é estimada em dois níveis, ou seja, variância genética entre populações e variância genética dentro de populações.

De acordo com Pereira et al. (2017), o efeito da população ocasiona um maior impacto nas gerações iniciais, pois existe menor variabilidade entre as populações e maior

variabilidade dentro delas, além do fato que esses experimentos geralmente são conduzidos em um único ou poucos locais e sob condições de baixa herdabilidade. Neste sentido, Volpato et al. (2018) sugerem que os experimentos que considerem o mérito da população e da progênie em diferentes locais, devem ser utilizados para uma seleção precisa e efetiva nas gerações futuras.

Por seu turno, Resende et al. (2016), em estudo proposto para adoção de um índice que leva em conta o mérito da população no processo de seleção de progênies, ressaltam que, neste tipo de análise, é recomendado ter 10 ou mais populações e pelo menos 10 progênies por população, sendo interessante adotar um tamanho efetivo de 100 ou mais progênies por população. Isto permite obter estimativas precisas da variância entre populações e é adequado para estimar os parâmetros genéticos e valores genotípicos. No presente trabalho, apenas quatro populações foram utilizadas (TABELA 1), das quais na geração $F_{3:4}$ haviam 34 progênies em cada população. Após seleção nesta geração, o número efetivo de progênies ficou desbalanceado entre as populações, bem como ocorreu forte redução no número de progênies em determinadas populações. Este fato pode ter influenciado na precisão com que as estimativas foram obtidas.

De modo geral, as estimativas da variância associada ao efeito da interação populações x ambientes foram significativamente diferentes de zero ($P < 0,01$) para os dois caracteres. Assim, a resposta relativa das populações variou nos diferentes ambientes ao longo das gerações. O mesmo foi observado para interação progênies x ambientes, que neste caso foi altamente significativa apenas para produtividade de grãos. Em muitos trabalhos realizados com a cultura da soja o efeito da interação G x A também tem sido expressivo (SILVA, 2018; SOUSA et al., 2015; BIANCHI, 2018; SILVA et al., 2016). Este fato evidencia a importância da avaliação extensiva das progênies em vários locais e anos agrícolas ao longo do processo de melhoramento.

As estimativas das herdabilidades variaram entre as gerações e caracteres avaliados, e também ao se considerar o mérito da população (TABELA 2). Considerando que a herdabilidade representa a proporção fenotípica explicada pelo efeito genético, é esperado uma diminuição das magnitudes desse parâmetro em função da complexidade do controle genético do caráter. Assim, a herdabilidade estimada para produtividade foi menor que para maturação absoluta em todas as gerações, ignorando e desconsiderando o efeito da população. As estimativas obtidas no presente estudo corroboram os relatos reportados na literatura (PEREIRA et al., 2017; SILVA, 2018).

Diante dos valores observados neste trabalho, constata-se grande possibilidade de identificação de genótipos superiores para os dois caracteres. Uma forma de se alcançar êxito na seleção de progênies é por meio da quantificação do ganho esperado com a seleção, no qual verifica-se que os ganhos percentuais foram de maior amplitude para o caráter produtividade de grãos.

Está evidente que a inclusão do efeito da população gerou ganhos de menor magnitude em todas as gerações para ambos os caracteres. Como dito anteriormente, o fato de se trabalhar com poucas populações e com número pequeno e desbalanceado de progênies por população, pode ter afetado na acurácia da obtenção das estimativas. Contudo, Pinheiro et al. (2013) e Pereira et al. (2017) avaliando o ganho esperado para produtividade em progênies de soja, relataram maior sucesso na seleção ao incluir o mérito da população. Volpato et al. (2018) observaram que, quando o efeito da população foi incluído no índice SIPP-BLUP, os ganhos esperados para a maturação absoluta nas progênies de soja, considerando proporções de seleção maiores que 5%, foram reduzidos em relação as estimativas sem o efeito da população.

Um dos objetivos deste trabalho foi o de comparar os valores genotípicos preditos ao ignorar e considerar a informação da população. Nas análises das gerações individuais e conjunta, as correlações entre o ranqueamento das médias BLUP das progênies foram significativas e acima de 60% (TABELA 5). Entretanto, mesmo existindo alta correlação entre as estratégias avaliadas, os genótipos selecionados não seriam necessariamente os mesmos ao considerar, ou não, o efeito da população. Esse fato pode ser constatado pelo índice de coincidência na seleção das 10 melhores progênies de soja em cada análise (TABELA 6), no qual o percentual de progênies correspondentes entre os métodos foi no geral moderada, ou seja, existe diferença entre os genótipos selecionados com e sem o efeito da população.

A inclusão do mérito da população também teve influência sobre a distribuição das progênies selecionadas por população ao longo das gerações (TABELA 7). Todavia, ficou evidente que mesmo com o efeito da população, determinados cruzamentos foram mais efetivos para seleção de progênies em função de cada característica.

A maior parte das progênies selecionadas para maturação absoluta vieram da população 3 (CD250 RR/NA5909 RG), composta pelas cultivares mais precoces entre as demais populações (TABELA 1). As populações 1 e 2 originaram a maioria das progênies selecionadas para produtividade. Nestes cruzamentos, existem pelo menos, uma cultivar com

ciclo mais tardio, o que explica o fato do maior rendimento de grãos. Entretanto, vários trabalhos têm demonstrado que é possível selecionar materiais precoces e produtivos (SILVA, 2018; PEREIRA et al., 2017; ZANON et al., 2015).

Uma nova estratégia de seleção em que o mérito da progênie é avaliado, não somente pelo desempenho na geração de referência, como também pelo uso de informação das gerações antecessoras, foi apresentado por Resende et al. (2015) por meio de um índice. Utilizando esse procedimento, os autores mostraram que usar as informações de gerações passadas aumenta a eficiência do processo seletivo tendo como referência, o que é tradicionalmente empregado, que são apenas as médias da última geração avaliada.

Neste trabalho, ao utilizar o índice proposto por esses autores observou-se que ocorreram alterações nas estimativas do componente de variância, na herdabilidade e na acurácia (TABELA 8). Isto ocorre, pois, ao considerar somente os dados de uma geração, a interação dos genótipos com os anos agrícolas não é computada, muito embora seja possível isolar os efeitos da interação genótipos x locais. Assim, ao contemplar dados de mais de uma geração tem-se a possibilidade de reduzir o viés das estimativas dos componentes de variância e das interações genótipos x locais e genótipos x anos (PIEPHO; MOHRING, 2006).

Nota-se que a magnitude da variância da interação progênie x gerações foi elevada para a produtividade de grãos. Visto que este caráter é poligênico e extremamente influenciado pelo ambiente, é possível inferir que no cômputo desta interação esteja embutido também a interação com o ambiente, o que pode ter contribuído para inflacionar o valor da estimativa. Conseqüentemente, isto pode ter prejudicado a estimação do componente de variância associado à progênie. Os valores obtidos para herdabilidade e acurácia, que foram menores em relação maturação absoluta, também evidenciam a influência do ambiente sobre a produtividade de grãos.

Os ganhos esperados com a seleção do índice multigerções para os dois caracteres foram superiores às análises com o efeito da população, porém, inferiores em relação as análises que desconsideram esse efeito (TABELA 9). O ganho *per se* não possui a capacidade de determinar qual estratégia é melhor, uma vez que as médias utilizadas para sua estimação podem estar viesadas. Dessa forma, primeiro é necessário que se tenha qualidade na predição dos valores genéticos, pois esta informação que possui maior impacto na eficiência do processo seletivo.

Vários autores têm relatado a obtenção de valores genéticos mais acurados adotando-se a abordagem de modelos mistos com a informação de mais de uma geração (BATISTA et

al., 2017; RESENDE et al., 2016; PEREIRA, 2016; PIEPHO; MOHRING, 2008). Essa precisão na predição dos valores genéticos aumenta a capacidade de discriminação entre os genótipos avaliados e potencializa a probabilidade de se encontrar a classificação correta entre as melhores progênies.

De modo geral, os programas de melhoramento de plantas autógamas conduzem as populações em bulk ou pelo método de Bulk dentro de progênies, com o intuito de obter linhagens superiores (RAMALHO; CARVALHO; NUNES, 2012). Entretanto, a seleção é baseada em análises que atribuem pesos idênticos às médias de progênies avaliadas em diferentes gerações, além de não levarem em consideração a presença da interação progênies x gerações.

No índice multigerações (BDP-BLUP) proposto por Resende et al. (2015), os efeitos ajustados de famílias ou valor fenotípico, são ponderados em cada geração, no qual a partir da soma destes produtos é obtido o valor genotípico de cada progênie. Os resultados experimentais do estudo destes autores mostraram que os valores dos coeficientes de ponderação aumentaram com o avanço das gerações e que o peso da $F_{3:5}$ foi aproximadamente o dobro do peso da $F_{3:4}$, mostrando a importância de postergar a seleção pelo menos até a geração $F_{3:5}$.

Como os valores genotípicos são melhores estimados pela ponderação em cada geração, espera-se que, utilizando o BDP-BLUP, as estimativas da acurácia sejam aumentadas. No presente trabalho, a acurácia do índice multigerações atingiu o valor de 85% para maturação absoluta e 52% para produtividade de grãos (TABELA 10). A partir destes valores foi possível determinar a eficiência do índice dentre as demais estratégias. Batista et al. (2017) trabalhando com a cultura do feijão, consideraram que a estimativa de acurácia do índice total, com informação de todas as gerações, é a mais livre dos efeitos da interação famílias x gerações. Assim, os autores propuseram que a fim de comparação, as acurácias obtidas nas análises das gerações individuais devem ser corrigidas para os efeitos da interação.

Diante do exposto, após a correção das acurácias em cada tipo de análise, houve um aumento desta estimativa com o avanço das gerações de autofecundação, independente do caráter analisado. Ao utilizar o BDP-BLUP com dados das duas gerações conjuntamente em relação a seleção com base apenas nos dados da geração de referência ($F_{3:5}$) houve ganhos em acurácia de 2% e 8% para maturação e produtividade, respectivamente (TABELA 10). Esses resultados são consistentes com os encontrados na literatura (BATISTA et al., 2017; LEMOS,

2017; PEREIRA, 2016; RESENDE et al., 2015) e comprovam novamente que, quando apenas a geração de referência é considerada para a seleção das melhores progênies, as estimativas da acurácia podem estar sub ou superestimadas.

O número das progênies que foram selecionadas nas diferentes gerações com, e sem o mérito da população e, considerando a seleção das 10 melhores progênies está apresentado na Tabela 11. Os resultados confirmam mais uma vez que a utilização de dados apenas de uma geração pode conduzir à seleção errônea de genótipos superiores. Isto ficou mais evidente nas análises que consideram o efeito da população, no qual a coincidência com o índice multigerações foi de baixa magnitude.

Os acentuados ganhos em acurácia seletiva e a baixa coincidência do índice multigerações em relação às demais análises que consideram o mérito da população indicam a necessidade de avaliar em que cenário seria recomendado o uso dessa informação. Neste trabalho por exemplo, no qual houve um desbalanceamento no número de progênies entre as gerações e no tamanho efetivo de progênies dentro de cada população, talvez o mérito da população não contribua de fato para a melhoria na estimação dos valores genotípicos e dos parâmetros genéticos. Como dito anteriormente, essas considerações já foram expostas por outros autores (VOLPATO et al., 2018; RESENDE et al., 2016; RAMALHO; CARVALHO; NUNES, 2012a).

6 CONCLUSÃO

Existe alteração na classificação e coincidência das progênies selecionadas em cada geração, ao ignorar e considerar o mérito da população.

O índice multigerações figura-se como estratégia promissora para a seleção de progênies de soja que associem precocidade e elevada produtividade de grãos.

REFERÊNCIAS

- BATISTA, L. G.; DOS ANJOS, R. S. R.; POERSCH, N. L.; NALIN, R. S.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. D. S.; RESENDE, M. D. V. de. Multigeneration Index in the Selection of Common Bean Inbred Families. **Crop Science**, 2017.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Relações Internacionais do Agronegócio. **Boletim da Balança Comercial do Agronegócio – julho/2018**. 2018. Disponível em: < <http://www.agricultura.gov.br/noticias/agro-registra-recorde-de-us-59-2-bi-em-vendas-externas-desde-janeiro>> Acesso em: set. 2018.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in Plants**. 2. ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. 400 p.
- BIANCHI, M. C. **Implicações da interação genótipos por ambientes na seleção de progênies de soja**. 2018. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2018.
- BORGES, V.; SOARES, A.A.; REIS, M.S.; RESENDE, M.D.V.; CORNÉLIO, V.M.O.; LEITE, N.A.; VIEIRA, A.R. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, v. 69, p.833-841, 2010.
- BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programas de seleção recorrente no feijoeiro comum**. 2008. 71 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2008.
- CÂMARA, G.M.S. **Introdução ao agronegócio da soja**. Piracicaba: ESALQ, LPV, 2011. p. 1-18.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 5 - Safra 2017/18, n. 12 – Décimo segundo levantamento, setembro 2018. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em: set. 2018.
- COSTA, R. B. D.; RESENDE, M. D. V. D.; GONÇALVES, P. D. S.; ROA, R. A. R.; FEITOSA, K. C. D. O. Predição de parâmetros e valores genéticos para caracteres de crescimento e produção de látex em progênies de seringueira. **Bragantia**, p. 49-56, 2010.
- DUARTE, J. B. Especificação do modelo de análise estatística de dados quantitativos e suas implicações na seleção de genótipos em plantas. SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, v. 11, p. 1-17, 2005.
- EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistemas de Produção, 6: Tecnologia de produção de soja – região central do Brasil - 2005**. Londrina: Embrapa Soja; Embrapa Cerrados; Embrapa Agropecuária Oeste; Fundação Meridional, 2004. 239 p.
- FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Record**, Hawaii, v. 55, n. 2, p. 191-208, 1956.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. Stages of soybean development. **Ames**: Iowa State University (Iowa State University. Special Report, 80), 1977. 12 p.

GEZAN, S. A.; MUNOZ, P. R. **Analysis of experiments using ASReml**: with emphasis on breeding trials. 2014. Disponível em:
<https://www.biostatgen.com/uploads/3/8/9/6/38964623/alldiap_sa_oct2014.pdf>. Acesso em: out. 2018.

HAMBLIN, J.; ZIMMERMAN, M. J. O. Breeding common bean for yield mixtures. **Plant Breeding Reviews**, v. 4, p. 245-272, 1986.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Raleigh, v. 31, n. 2, p. 423-447, June, 1975.

HYMOWITZ, T. On the domestication of the soybean. **Economic Botany**, New York, v. 24, p. 408-421, 1970.

LEMOES, R. C. **Procedimentos para a identificação de progênies superiores em gerações sucessivas de avaliação na cultura do feijoeiro**. 2017. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, n. 31, v. 1, p. 73-78, 2008.

PANTER, D. M.; ALLEN, F. L. Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: I choosing parents. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 2, p. 397-405, Mar./Apr. 1995.

PAULA, R. G. d. **Modelos mistos na avaliação do potencial genético de populações e progênies de feijoeiro**. 2016. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2016.

PEREIRA, F. C.; BRUZI, A. T.; MATOS, J. W.; REZENDE, B. A.; PRADO, L. C.; NUNES, J. A. R. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. **Plant Breeding**, 2017.

PEREIRA, F. C. **Estratégias para seleção de progênies em soja**. 2016. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2016.

PEREIRA, T. B.; CARVALHO, J. P. F.; BOTELHO, C. E.; RESENDE, M.D.V. de; REZENDE, J. C.; MENDES, A. N. G. Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Bragantia**, Campinas, v. 72, p. 230-236, 2013.

PETERNELLI, L. A.; RESENDE, M. D. V. Delineamentos experimentais para fenômica. In: BORÉM, A.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Fenômica**: como a fenotipagem de próxima geração está revolucionando o melhoramento de plantas. Viçosa: UFV, 2015. p. 30-55.

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J.; MELCHINGER, A. E. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, April, p. 209-228, 2008.
PIEPHO, H.; MOHRING, J. Selection in Cultivar – Is It Ignorable? **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 6, p. 192-201, 2006.

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

PIMENTEL, A. J. B. et al. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.

PINHEIRO, L.C. de M.; GOD, P.I.V.G.; FARIA, V.R.; OLIVEIRA, A.G.; HASUI, A.A.; PINTO, E.H.G.; ARRUDA, K.M.A.; PIOVESAN, N.D.; MOREIRA, M.A. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína de soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, p.1246-1253, 2013.

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Viena: R Foundation for Statistical Computing, 2018. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: dez. 2018.

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

RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, B. L.; NUNES, J. A. R. Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. **ISRN Genetics**, New York, v. 2013, p.16, 2012a.

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

RESENDE, M. D. V. de. 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. et al. Selection index with parentes, population, progenies and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science**, Madison, 2016.

RESENDE, M. D. V. et al. Multigeneration index in the Within - Progenies bulk method for breeding of Self-Pollinated plants. **Crop Science**, v. 55, n. 3, p. 1202-1211, 2015.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2007a. 362 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Software Selegen-REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Curitiba: Embrapa Florestas, 2007b, (Documentos, 77).

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

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

SEDIYAMA, T. **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecnas, v.1, 2015. 352 p.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R de C.; REIS, M. S. Melhoramento da Soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 553-604.

SILVA, E. V. V. **Parâmetros genéticos e fenotípicos associados à precocidade em soja**. 2018. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2018.

SILVA, K.B.; BRUZI, A.T.; ZUFFO, A.M.; ZAMBIAZZI, E.V.; SOARES, I.O.; DE REZENDE, P.M.; FRONZA, V.; VILELA, G.D.L.; BOTELHO, F.B.S.; TEIXEIRA, C.M.; DE O. COELHO, M.A. Adaptability and phenotypic stability of soybean cultivars for grain yield and oil content. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, p. 1-11, 2016.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **The Journal of Agricultural Science**, v. 143, n. 6, p. 449-462, 2005.

SOUSA, L. B. et al. Evaluation of soybean lines and environmental stratification using the AMMI, GGE biplot, and factor analysis methods. **Genet. Mol. Res**, v. 14, n. 4, p. 12660-12674, 2015.

USDA. United States Department of Agriculture. USDA.gov - **United States Department of Agriculture World Agricultural Supply and Demand Estimates, WASDE-581** – September 12, 2018. Disponível em: <
<https://www.usda.gov/oce/commodity/wasde/latest.pdf>>. Acesso em: out. 2018.

VICENTE, A.; CAROLINO, N.; GAMA, L. T. Avaliação genética para a funcionalidade no cavalo Lusitano: a equitação de trabalho. **Revista Equitação**, v. 118, p. 30-34, 2016.

VOLPATO, L et al. Selection of inbred soybean progeny (Glycine max): an approach with population effect. **Plant Breeding**, v. 137, n. 6, p. 865-872, 2018.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Springer Science & Business Media, 2013.

ZANON, A. J.; WINCK, J. E. M.; STRECK, N. A.; ROCHA, T. S. M. D.; CERA, J. C.; RICHTER, G. L.; LAGO, I.; SANTOS, P. M.; MACIEL, L.R.; GUEDES, J.V.C.; MARCHESAN, E. Development of soybean cultivars as a function of maturation group and growth type in high lands and in lowlands. **Bragantia**, AHEAD, 2015.