



FRANCIELLY DE CÁSSIA PEREIRA

**ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO DE
PROGÊNIES EM SOJA**

**LAVRAS – MG
2016**

FRANCIELLY DE CÁSSIA PEREIRA

ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO DE PROGÊNIES EM SOJA

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Orientador

Dr. José Airton Rodrigues Nunes

Coorientador

Dr. Adriano Teodoro Bruzi

**LAVRAS-MG
2016**

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

Pereira, Francielly de Cássia.

Estratégias para seleção de progênies em soja / Francielly de
Cássia Pereira. – Lavras : UFLA, 2016.

111 p. : il.

Dissertação (mestrado acadêmico)–Universidade Federal de
Lavras, 2016.

Orientador(a): José Airton Rodrigues Nunes.

Bibliografia.

1. Mérito da população. 2. Modelos mistos. 3. Parâmetros
genéticos e fenotípicos. 4. Análise sequencial. I. Universidade
Federal de Lavras. II. Título.

FRANCIELLY DE CÁSSIA PEREIRA

ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO DE PROGÊNIES EM SOJA

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 25 de agosto de 2016

Dr. Magno Antônio Ramalho Patto

UFLA

Dr. José Wilacildo de Matos

DUPONT- DIVISÃO PIONEER

Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Dr. Adriano Teodoro Bruzi
Coorientador

LAVRAS-MG
2016

*Aos meus pais José Heitor e Clara e a minha irmã Priscilla que sempre ao meu lado estiveram e ao meu companheiro de caminhada Ricardo, **Dedico.***

AGRADECIMENTOS

À Deus, em quem sempre mantive minha fé e nunca deixou que eu fraquejasse nos momentos inoportunos. A Ele que sempre me fortaleceu e permitiu que eu alcançasse essa vitória.

Aos meus pais, que mais uma vez fizeram dos meus sonhos os seus, que sempre lutaram e colocaram suas vontades em segundo plano para que hoje eu me tornasse mestre. Por todas os momentos em que tiveram paciência e sabedoria para me guiar e por todas as lágrimas que enxugaram, agradeço a vocês as alegrias que hoje eu colho.

À minha irmã, que em mais uma etapa dos meus estudos sempre esteve ao meu lado me dando forças e acreditando no meu potencial, pelo amor, carinho e companheirismo em todos os dias.

Ao meu namorado, pelo amor e carinho dedicado nessa caminhada. Que com sua paciência e sabedoria tornava sempre minhas lágrimas em sorrisos. Por sempre me mostrar que eu seria capaz, pelo apoio, paciência, companheirismo e por ser a pessoa com quem amo partilhar a vida, agradeço.

À toda minha família, que sempre esteve muito presente.

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela estrutura à disposição para busca de conhecimentos e pela oportunidade concedida.

À Dupont- divisão Pioneer, pela concessão dos dados para realização deste trabalho, em especial ao Wila e ao Breno pelo apoio, atenção e paciência durante a execução desse projeto, sempre dispostos a atender meus questionamentos. E ainda a Sybelli que tornou possível o início dessa parceria.

Aos meus orientadores Dr. José Airton Rodrigues Nunes e Dr. Adriano Teodoro Bruzi, pela confiança, disponibilidade, paciência no dia a dia, por terem permitido que esse trabalho se tornasse realidade e pelos conselhos e conhecimentos transmitidos que foram essenciais à minha formação acadêmica e profissional.

Aos professores do programa, Magno, João Bosco, João Cândido, Elaine, e César por todo conhecimento e experiência transmitidos.

Aos meus queridos amigos, que tornaram essa caminhada mais prazerosa Thaíse, Kellen, Camilinha, Suellen, Emanuel, Vavá, Gabis, Jess e Isa que com certeza fizeram meus dias mais alegres.

Aos colegas do G-Sorgo, pelo trabalho em equipe e momentos de descontração.

Aos funcionários do departamento de Biologia Zélia, Raffaella, Lamartine, D. Iron e Roselice pelos imensos favores prestados e pela boa vontade no dia a dia, em especial a Lilian que durante esse período se tornou uma amiga.

Ao Conselho Nacional de Pesquisa (CNPq) pela concessão de bolsa de estudos.

Aos colegas do GEN, pelos momentos compartilhados e a todos que direta ou indiretamente contribuíram para o meu crescimento profissional durante esses dois anos.

MUITO OBRIGADA!

“ Completam a minha alegria, tendo o mesmo modo de pensar, o mesmo amor, um só espírito e uma só atitude. ”

Filipenses 2:2

RESUMO

Em programas de melhoramento de soja, o mérito da população tem sido, por vezes, desconsiderado para fins de seleção das progênes ou linhagens. Além disso, tradicionalmente a seleção dos melhores genótipos é realizada utilizando apenas a geração de referência, isto é, não são incluídas as avaliações em gerações anteriores. Diante disso, objetivou-se neste trabalho verificar a influência do mérito da população nas estimativas dos componentes genéticos e fenotípicos e na identificação das melhores progênes ou linhagens de soja, bem como quantificar a melhoria na eficiência do processo seletivo de linhagens por meio da análise sequencial. Foram utilizados dados de produtividade de grãos (sacas/ha) e de maturação absoluta (dias) do programa de melhoramento de soja da empresa Dupont – Divisão Pioneer. Os experimentos foram conduzidos nos anos agrícolas de 2012/2013, 2013/2014 e 2015/2016 em 17 municípios dos estados do Mato Grosso do Sul, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Os dados foram analisados usando a abordagem de modelos mistos. Foram estimados os parâmetros, ganho genético com a seleção, correlação, índice de coincidência, ganho realizado e a resposta correlacionada, considerando e ignorando o mérito da população sob sete intensidades de seleção (1%, 5%, 10%, 15%, 20%, 25% e 30%). Para verificar a eficiência da análise sequencial considerou-se algumas estratégias: A) análise considerando apenas a geração de referência (VCU); B) análise sequencial considerando a combinação dos experimentos W-teste e VCU; C) análise sequencial considerando os experimentos X-teste, W-teste e VCU; D) análise sequencial considerando os experimentos Y-teste, X-teste, W-teste e VCU; E) análise sequencial considerando os experimentos Z-teste, Y-teste, X-teste, W-teste e VCU; F) análise sequencial considerando os experimentos X-teste e VCU; G) análise sequencial considerando os experimentos Z-teste, X-teste e VCU. Nas estratégias B, C, D e E utilizaram-se dados de todos os genótipos nos ensaios, enquanto que nas estratégias F e G, apenas dados dos trinta genótipos comuns aos experimentos Z-teste, X-teste e VCU foram incluídos. As comparações das estratégias foram realizadas considerando as seguintes situações: 1) seleção das dez melhores linhagens na estratégia A e verificação do ranqueamento destas nas estratégias B, C, D e E; 2) Coincidência na seleção das dez melhores linhagens em cada estratégia de análise sequencial (B, C, D e E); 3) Seleção das dez melhores linhagens comuns aos experimentos Z-teste, X-teste e VCU. Concluiu-se que os componentes de variância, a herdabilidade e o coeficiente de variação experimental foram melhor estimados quando o mérito da população foi considerado, proporcionando consequentemente maior ganho com a seleção tanto para produtividade como para maturação absoluta. A coincidência e o

ranqueamento entre as progênies selecionadas, considerando e ignorando o mérito da população, foram de maior magnitude em gerações de endogamia mais avançadas e sob intensidades de seleção mais elevadas. Houve alteração na classificação e na coincidência das linhagens selecionadas quando se considera a análise sequencial envolvendo as gerações prévias relativo à geração de referência, demonstrando sua influência na recomendação de novas cultivares. Esta alteração é mais evidente em condições de grande desbalanceamento.

Palavras-chave: Mérito da população. Parâmetros genéticos. Análise sequencial. Modelos mistos.

ABSTRACT

In soybean breeding programs usually the merit of the population is not considered in the selection of progenies or lines. Traditionally the selection of the best genotypes is performed using only the reference generation, i.e., it is not included the evaluations of the previous generations. Thus, the aim of this study was to verify the influence of population merit in the estimation of phenotypic and genetic components and identification of the best soybean lines, and to quantify the efficiency of the sequential analysis in the selective process of soybean lines. Grain yield (bags/ha) and absolute maturity (days) data from soybean breeding program of the Dupont company - Pioneer Division were used. The experiments were carried out in the crop seasons 2012/2013, 2013/2014 e 2015/2016 in 17 cities in the Mato Grosso do Sul, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul states. We estimated the parameters genetic gain with selection, correlation, coincidence index, realized gain and correlated response, considering and ignoring the population merit, under seven selection intensities (1%, 5%, 10%, 15%, 20%, 25% e 30%). To evaluate the efficiency of sequential analysis we considered the following strategies: A) analysis considering only the reference generation (VCU trial); B) sequential analysis considering the combination of W-test and VCU experiments; C) sequential analysis considering the X-test, W-test and VCU experiments; D) sequential analysis considering the Y-test, X-test, W-test and VCU experiments; E) sequential analysis considering the Z-test, Y-test, X-test, W-test and VCU experiments; F) sequential analysis considering the X-test and VCU experiments; G) Sequential analysis considering the Z-test, X-test and VCU experiments. In the strategies B, C, D and E were used all data of the experiments, while for strategies F and G only data of thirty common genotypes from the Z-test, X-test and X-VCU experiments were used. Furthermore we consider the following situations to assess the efficiency of the sequential analysis: 1) selection of the top-ten lines in strategy A and check the ranking of the same lines considering the strategies B, C, D and E; 2) Coincidence selection of the top-ten lines in each sequential analysis strategy (B, C, D and E); 3) Selection of the top-ten common lines form experiments Z-test, X-test and VCU. The parameters variance components, heritability and experimental variation coefficient were better estimated when the population merit was considered, providing consequently greater gain with selection for both traits (grain yield and absolute maturity). The coincidence and ranking among the selected progenies considering and ignoring the population merit were of greater in more advanced generations of inbreeding and higher intensity selection. There was change in the ranking of lines when considering the sequential analysis involving the previous generations relative to reference generation, showing its influence on the

recommendation of new cultivars. This change is most evident in higher unbalance conditions.

Keywords: Population Merit. Genetic parameters. Sequential analysis. Mixed model approach.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Caracterização dos locais avaliados de acordo com as variáveis altitude (m), latitude (S) e longitude (W).	34
Tabela 2 - Descrição dos experimentos quanto a geração, ao delineamento experimental empregado e ao número de locais, de repetições (REP), de populações (POP) e de testemunhas (TEST) avaliadas. ...	34
Tabela 3 - Modelos estatísticos adotados para realização das análises em cada experimento (EXP) ignorando e considerando a estrutura de populações.....	36
Tabela 4 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para produtividade de grãos (sacas/ha), em diferentes experimentos/gerações (F4:5 a F4:7), considerando e desconsiderando a informação da população, para progênies/linhagens de soja.....	42
Tabela 5 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para maturação absoluta (dias), em diferentes experimentos/gerações (F4:5 a F4:7), considerando e desconsiderando a informação da população, para progênies/linhagens de soja.....	44
Tabela 6 - Índice de coincidência na seleção das melhores progênies/linhagens de soja para produtividade de grãos (sacas/ha) considerando e desconsiderando o efeito da população, em diferentes intensidades de seleção e em diferentes experimentos/gerações.	48
Tabela 7 - Índice de coincidência na seleção das melhores progênies/linhagens de soja para maturação absoluta (dias), considerando e desconsiderando o efeito da população, em diferentes intensidades de seleção e em diferentes experimentos/gerações.	49
Tabela 8 - Ganho percentual esperado com a seleção de progênies/linhagens de soja, para produtividade de grãos (sacas/ha), em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população.....	50
Tabela 9 - Ganho percentual esperado com a seleção de progênies/linhagens de soja, para maturação absoluta (dias), em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população.	51
Tabela 10 - Ganho realizado para produtividade de grãos (sacas/ha) de progênies/linhagens de soja, em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população.....	52

Tabela 11 - Ganho realizado para maturação absoluta (dias) de progênies/linhagens de soja, em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população.....	53
Tabela 12 - Resposta correlacionada para seleção de progênies/linhagens de soja quanto à produtividade de grãos (sacas/ha) e resposta para a maturação absoluta (dias), em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população.....	55
Tabela 13 - Resposta correlacionada para seleção de progênies/linhagens de soja quanto a maturação absoluta (dias) e resposta para a produtividade (sacas/ha), em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população.....	56
Tabela 14 - Estimativas das componentes da variância fenotípica, da herdabilidade na média das progênies ($h^2\mu$) e da acurácia (rgg) nas análises sequenciais referente ao caráter produtividade de grãos (sacas/ha).....	58
Tabela 15 - Estimativas das componentes da variância fenotípica, da herdabilidade na média das progênies ($h^2\mu$) e da acurácia (rgg) nas análises sequenciais referente ao caráter maturação absoluta (dias).	59
Tabela 16 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV) e acurácias (rgg) dos dez melhores genótipos selecionados na estratégia A (experimento VCU) quanto a produtividade de grãos de grãos, ao longo das análises sequenciais.	59
Tabela 17 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV) e acurácias (rgg) dos dez melhores genótipos selecionados na estratégia A (experimento VCU) quanto a maturação absoluta (dias), ao longo das análises sequenciais.....	62
Tabela 18 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias (rgg) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (B e C) quanto a produtividade de grãos (sacas/ha).	67
Tabela 19 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias (rgg) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (B e C) quanto a produtividade de grãos (sacas/ha).	68
Tabela 20 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias (rgg) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (B e C) quanto a maturação absoluta (dias).....	69

Tabela 21 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias (<i>rgg</i>) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (B e C) quanto a maturação absoluta (dias).....	70
Tabela 22 - Estimativas das componentes da variância fenotípica, da herdabilidade na média das progênies ($h^2\mu$) e da acurácia (<i>rgg</i>) nas análises sequenciais referente ao caráter produtividade de grãos (sacas/ha).....	72
Tabela 23 - Estimativas das componentes da variância fenotípica, da herdabilidade na média das progênies ($h^2\mu$) e da acurácia (<i>rgg</i>) nas análises sequenciais referente ao caráter maturação absoluta (dias).	73
Tabela 24 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV) e acurácias (<i>rgg</i>) dos dez melhores genótipos selecionados na estratégia A (experimento VCU) quanto a produtividade de grãos, ao longo das análises sequenciais.....	75
Tabela 25 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV) e acurácias (<i>rgg</i>) dos dez melhores genótipos selecionados na estratégia A (experimento VCU) quanto a maturação absoluta (dias), ao longo das análises sequenciais.....	76
Tabela 26 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias (<i>rgg</i>) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (F e G) quanto a produtividade de grãos (sacas/ha).	77
Tabela 27 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias (<i>rgg</i>) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (F e G) quanto a maturação absoluta (dias).....	78

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Localização dos experimentos nos estados do Mato Grosso do Sul (MS), Paraná (PR), Santa Catarina (SC) e Rio Grande do Sul (RS).	33
Figura 2 - Intervalo de predição dos genótipos no experimento VCU quanto a produtividade de grãos (sacas/ha).	63
Figura 3 - Intervalo de predição dos genótipos no experimento VCU quanto a maturação absoluta (dias).	64
Figura 4 - Intervalo de predição dos genótipos considerando a estratégia A e as análises sequenciais F e G, para produtividade de grãos (sacas/ha).	80
Figura 5 - Intervalo de predição dos genótipos considerando a estratégia A e as análises sequenciais F e G, para maturação absoluta (dias).	81

LISTA DE GRÁFICOS

- Gráfico 1: Ranqueamento dos genótipos selecionados na estratégia A e nas análises sequenciais (B, C, D e E) quanto à produtividade (sacas/ha).....65
- Gráfico 2: Ranqueamento dos genótipos selecionados na estratégia A e nas análises sequenciais (B, C, D e E) quanto a maturação absoluta (dias).....65
- Gráfico 3: Ranqueamento dos genótipos selecionados na estratégia A e nas análises sequenciais (F e G) quanto a produtividade (sacas/ha).....79
- Gráfico 4: Ranqueamento dos genótipos selecionados na estratégia A e nas análises sequenciais (F e G) quanto a maturação absoluta (dias).....79

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	18
2	REFERENCIAL TEÓRICO	20
2.1	O melhoramento da soja (<i>Glycine max</i> (L.) Merrill) no Brasil.....	20
2.2	Interação genótipos x ambientes na cultura da soja.....	20
2.3	Emprego da Abordagem de modelos mistos na seleção de genótipos de soja.....	26
3	MATERIAL E MÉTODOS	32
3.1	Localização e descrição dos experimentos	32
3.2	Análises estatísticas	35
3.2.1	Estratégias de seleção de progênes	35
3.3	Crítérios para melhorar a eficiência das estratégias de seleção das progênes.....	37
3.4	Análise sequencial para identificação de linhagens de soja em experimentos de valor de cultivo e uso (VCU)	38
4	RESULTADOS.....	42
4.1	Estratégias de seleção de progênes	42
4.2	Análise sequencial para seleção de linhagens de soja em experimentos de valor de cultivo e uso (VCU).....	57
	PSG10305:292.....	69
5	DISCUSSÃO	82
5.1	Estratégias de seleção de progênes	82
5.2	Análise sequencial para identificação de linhagens de soja em experimentos de valor de cultivo e uso (VCU)	86
6	CONCLUSÃO	86
	REFERÊNCIAS	94
	ANEXO	106

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é considerada o principal produto do agronegócio brasileiro sendo responsável por 50,73% da produção de grãos no Brasil, em uma área de 57,12% do total cultivado no país. No mundo, o Brasil ocupa o título de maior exportador e de segundo maior produtor da commodity e por isso, o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e resistentes as principais pragas e doenças, perfaz-se como o sucesso do agronegócio brasileiro (CONAB, 2016).

A obtenção de genótipos superiores a cada ano pode ser considerada como um dos principais desafios do melhorista e por isso algumas etapas do programa de melhoramento são fundamentais para que o objetivo final seja alcançado. Dentre elas destacam-se a escolha de parentais/genitores para a realização das hibridações, a identificação das melhores progênies para avanço nas etapas do programa, a avaliação dessas progênies em diferentes locais e anos agrícolas visando mitigar o efeito da interação genótipos x ambientes, e por fim, a escolha da melhor linhagem a ser lançada no mercado agrícola.

Em programas de melhoramento soja, é comum obter-se um grande número de progênies de diferentes cruzamentos, que posteriormente originarão populações distintas. Contudo, frequentemente o mérito da população não é considerado no momento da seleção. Esse fato associado a outros efeitos como o da interação genótipos x ambientes pode levar a obtenção de estimativas viesadas dos valores genéticos e dos componentes de variância bem como a redução no ganho com a seleção e alteração no ranqueamento das progênies (DUARTE; VENKOVSKY, 2001; ROCHA; VELLO, 1999). Apesar disso, não há relatos na literatura quanto a inclusão do mérito da população no modelo para a cultura da soja, porém alguns trabalhos evidenciam a importância do uso de parentesco no melhoramento vegetal pois esta informação pode contribuir para melhorar as

estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos (NUNES et al., 2008; PIEPHO; MOHRING, 2008; PINHEIRO et al., 2013).

Durante as gerações de avanço das progênies ou até mesmo nos ensaios-elite, os genótipos vão sendo sequencialmente descartados por ocasião das avaliações realizadas. Assim, apenas alguns genótipos superiores serão avaliados em todas as etapas do programa de melhoramento. Tecendo um olhar para estes experimentos realizados ao longo das gerações, tem-se um conjunto de dados desbalanceados. Isto é, ocorre diferença no número de locais, de repetições e no do tamanho das parcelas experimentais, como também no número de tratamentos avaliados. Para lidar de forma mais adequada com dados não balanceados e explorar a informação do parentesco entre os indivíduos, maximizando o uso dos dados disponíveis na comparação entre os genótipos no melhoramento de plantas, a abordagem de modelos mistos tem sido recomendada (BERNARDO, 2010).

O bom êxito da seleção das progênies/ linhagens de soja irá depender do método utilizado. Tradicionalmente a seleção dos genótipos promissores tem sido realizada considerando apenas a geração de referência. Contudo, estudos realizados por Piepho; Mohring (2006) e Bruzi (2008) evidenciam que a eficiência do processo seletivo pode ser aumentada utilizando-se informações de gerações anteriores a de referência.

Do exposto, objetivou-se verificar a influência do mérito da população para a identificação das melhores progênies/linhagens de soja bem como para obtenção das estimativas dos componentes genéticos e fenotípicos. Adicionalmente quantificar a melhoria na eficiência do processo seletivo de linhagens de soja por meio da análise sequencial.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 O melhoramento da soja (*Glycine max* (L.) Merrill) no Brasil

O cultivo da soja em território brasileiro iniciou-se em 1882, quando alguns genótipos foram introduzidos no Estado da Bahia. Após dez anos, o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) iniciou estudos com a cultura, não com interesse no grão, mais sim para seu uso como forrageira e em rotação de culturas. O cultivo comercial de grãos dessa leguminosa só começou a ter expressão econômica no país por volta de 1940, no estado do Rio Grande do Sul, que apresentava fotoperíodo longo semelhante às regiões produtoras dos Estados Unidos, local de origem das primeiras cultivares (EMBRAPA, 2004).

Nos dias atuais, a soja é cultivada de norte a sul no Brasil, sendo considerada o principal produto do setor do agronegócio no país. Sua expansão para regiões de baixa latitude só foi possível a partir do melhoramento genético praticado para obtenção de cultivares com período juvenil longo, condição que retarda o florescimento das plantas em dias curtos (HARTWIG; KIIHL, 1979; KIIHL et al., 1985; HINSON, 1989; KIIHL; GARCIA, 1989).

Na safra de 2015/2016, mais de 45% da produção nacional foi colhida na região centro-oeste, com destaque para o estado de Mato Grosso, que a partir da conquista do cerrado tornou-se o principal protagonista do agronegócio brasileiro, sendo responsável por aproximadamente 30% da soja produzida no país (CONAB, 2016).

O avanço da cultura da soja em áreas como os cerrados do Centro-Oeste, Triângulo Mineiro, Rondônia, Oeste da Bahia e sul do Maranhão e do Piauí, mobilizou todo um aparato tecnológico para a sua produção, provocando uma profunda transformação na organização dessas regiões em vários setores da

economia, contribuindo substancialmente para o desenvolvimento e ampliação, por exemplo, de sistemas de transporte e comunicação (VALARINI, 2006).

Atualmente, a soja apresenta produção mundial de 313,2 milhões de toneladas em uma área correspondente a 120,29 milhões de hectares, sendo os Estados Unidos considerado o maior produtor desse grão (USDA, 2016). O Brasil é o maior exportador e o segundo maior produtor mundial, com uma produção na safra de 2015/2016 em 95,57 milhões de toneladas em 33,13 milhões de hectares. O estado de Mato Grosso é considerado o maior produtor da oleaginosa no país (26,03 milhões de toneladas em 9,14 milhões de hectares), seguido pelo estado do Paraná (16,98 milhões de toneladas e 5,44 milhões de hectares). A produtividade média brasileira, hoje gira em torno de 2,876 Kg/ha (CONAB, 2016).

Nas décadas de 1980, 1990 e 2000 a soja foi a *commodity* que apresentou maior crescimento no Brasil, ocupando uma área de 56,7% do total cultivado no país. Diante desses dados, é possível perceber que a soja possui grande potencial de expansão tanto em produtividade por hectare como em área plantada, como está ocorrendo nos estados do Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia, podendo o Brasil tornar-se o principal produtor mundial de soja em um curto espaço de tempo (CONAB, 2016).

2.2 Interação genótipos x ambientes na cultura da soja

Devido a diversidade de ambientes de cultivo da soja, a obtenção de genótipos com uma ampla adaptação ambiental e alta produtividade perfaz-se de grande importância. A diferença de comportamento dos genótipos em função de fatores ambientais tais como: temperatura, umidade, fotoperíodo, latitude, altitude e fertilidade do solo, é provocada pela interação genótipos x ambientes (G x A).

A interação G x A é caracterizada pelas diferentes respostas dos genótipos frente às variações ambientais, resultando em mudanças nos seus desempenhos relativos. Essas variações podem ser classificadas como: previsíveis, quando

decorrem de fatores ambientais sistemáticos ou estão sob o controle do homem, como épocas de plantio, espaçamento, níveis de adubação, tipo de solo, elementos permanentes do clima, altitude, latitude, entre outros; ou imprevisíveis, quando flutuam de forma inconsistente ao longo dos anos, como precipitação pluviométrica, veranicos, geadas, ventos, incidência de insetos-praga e doenças, etc. (ALLARD; BRADSHAW, 1964).

A natureza da interação G x A tem sido considerada como um dos principais complicadores dos trabalhos de melhoristas na recomendação de cultivares. Segundo Robertson (1959), a interação é considerada simples quando não causa mudanças na classificação dos genótipos em diferentes ambientes, podendo sua recomendação ser de forma mais generalizada, visto que estes genótipos se adaptam a uma ampla faixa de ambientes. Por outro lado, a interação do tipo complexa provoca a alteração na classificação dos genótipos nos ambientes e, por isso, a recomendação é mais restrita devido ao genótipo exibir adaptação a ambientes específicos.

A interação G x A pode afetar um grande número de características, alterando a produtividade da soja drasticamente. O crescimento e desenvolvimento da cultura e, conseqüentemente, o rendimento de grãos resulta da interação entre as cultivares e fatores decorrentes do ambiente. Logo, a redução na correlação entre o fenótipo e o genótipo, devido ao efeito da interação G x A no caráter em estudo, pode subestimar parâmetros como variância genética, herdabilidade e ganho com a seleção (ROCHA; VELLO, 1999).

Diante disto, a interação G x A tem sido um dos principais objetos de estudo nos principais países produtores da cultura da soja, como Estados Unidos (GRINNAN; CARTER; JOHNSON, 2013; NATARAJAN et al., 2016), Brasil (BUENO et al., 2013; CLIDEANA et al., 2014; SILVA et al., 2016;) Argentina (DARDANELLI et al., 2006; CUNIBERTI; HERRERO; CONDE, 2014) e China (LI et al., 2014), visando lidar mais adequadamente com este fenômeno por meio

da caracterização dos genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade ao longo dos ambientes. Assim, a fim de minimizar o efeito da interação na seleção de cultivares para caracteres de interesse, principalmente os de natureza quantitativa, e na recomendação de cultivares, faz-se necessário a avaliação dos genótipos em uma maior quantidade de ambientes.

A produtividade de grãos pode ser considerada, dentre as características de interesse do melhorista, como a mais afetada pela interação G x A, por ser controlada por muitos genes e se constituir em um índice de seleção natural considerando uma série de características fisiológicas, anatômicas e agrônômicas. Gurmu et al. (2009), sob condições de clima temperado, observaram que mais de 85% da variação obtida na produção de grãos de soja ocorreu devido ao ambiente e a interação G x A. Experimentos realizados nos Estados Unidos e no Brasil, em condições ambientais diferentes, mostraram que grande parte da oscilação na produção de genótipos de soja ocorre devido a interação (SILVA et al., 2016; FELIPE et al., 2015; SALMERON et al., 2014; SILVA; DUARTE, 2006; CARVALHO et al., 2002) e, por isso, recomenda-se um aumento no número de locais avaliados, a fim de melhorar a acurácia e a segurança na recomendação de cultivares.

Em um estudo com linhagens de soja visando avaliar o efeito da interação G x A sobre o teor de óleo, observou-se que a interação das linhagens com os anos agrícolas foi responsável pela maior parte da interação e que a interação locais x anos contribuiu mais que os efeitos isolados de locais e de anos para a variação fenotípica, ratificando a necessidade de realizar ensaios em mais de um ano agrícola e em locais representativos da região, para amenizar os efeitos da interação G x A e assim realizar recomendações de cultivares com maior confiança (ROCHA et al., 2002). Resultados semelhantes a este mostram fortes efeitos da interação G x A sobre os caracteres produtividade e o teor de óleo em genótipos promissores de soja (SILVA et al., 2016).

A produção de grãos, o teor de proteína e o teor de óleo nas sementes de soja são fortemente influenciados pela interação G x A, como observado por Bueno et al. (2013). A produção de grãos pode ser considerada a característica mais afetada pela mudança de ambiente. Porém, tanto a produção, como o teor de óleo e de proteínas, sofre mais com o efeito do ano de plantio do que com o efeito de local de plantio (SUDARIĆ; ŠIMIĆ; VRATARIĆ, 2006). Esses resultados foram semelhantes ao observado por Zhe et al. (2010), que mostraram que produtividade é mais sensível à variação ambiental do que a quantidade de proteína e óleo.

Além da produção de grãos, do teor de óleo e de proteína, outras características de interesse da cultura da soja são influenciadas pela interação G x A, a exemplo o ciclo de cultivo que representa o número de dias decorrentes do plantio até a colheita. O ciclo de cultivo da soja é mais especificamente influenciado pelo efeito do fotoperíodo, que provoca a redução do período de desenvolvimento (da emergência a floração), tendo como consequência a redução do ciclo da planta e, conseqüentemente, redução da altura e produtividade da soja. Morais et al. (2008) observaram que os efeitos da interação G x A foram significativos para todos os ciclos de maturação avaliados. Resultados semelhantes a esses também foram encontrados por Felipe et al. (2015); Lima et al. (2008) e Rocha e Vello (1999).

A interação G x A é um fenômeno comum na soja e deve ser levada em consideração em todas as etapas do ciclo de melhoramento da cultura. Todavia, durante os processos de avanço de gerações, tem-se variações que provocam desbalanceamento nos dados, como tamanho de parcela, número de repetições, quantidade de progênies de diferentes cruzamentos, número de locais e anos agrícolas, a própria eliminação sequencial de genótipos e o uso de testemunhas variadas. Este fato dificulta o estudo da interação G x A requerendo o emprego de

métodos estatísticos, robustos e acurados, de modo a resultar em classificações dos genótipos mais coerentes.

O método dos quadrados mínimos e/ou análise de variância, corriqueiramente utilizados para investigações da interação $G \times A$ e de adaptabilidade e estabilidade, pode apresentar baixa acurácia sob situações de desbalanceamento (CARVALHO et al., 2013; PELUZIO et al., 2008; JÚNIOR; DUARTE, 2006). Por outro lado, a abordagem de modelos mistos (REML/BLUP –Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction) a qual têm sido intensificada no melhoramento vegetal, constitui-se uma alternativa mais adequada para lidar com desbalanceamentos, além de permitir incorporar eventuais informações de parentesco (CROSSA et al., 2006; BURGUEÑO et al., 2012; FILHO et al., 2014; GONÇALVES et al., 2014) resultando em um ranqueamento e seleção mais eficiente dos genótipos.

Em um estudo com a cultura da soja envolvendo uma série de experimentos avaliados durante dez anos e utilizando a metodologia de modelos mistos para prever o comportamento das cultivares e comparar o poder de discriminação dos genótipos baseado em dados de um único ano e de vários anos, observou-se que a predição com base em um único ano e em vários locais é suficiente para identificar genótipos superiores. Entretanto, quando a predição é feita considerando a informação de mais de um ano a capacidade de discriminar esses genótipos aumenta (YAN; RAJCAN, 2003). Esse resultado também foi observado por Ma e Stützel (2014) com a cultura do trigo na Alemanha, concluindo que dados de dois ou mais anos possuem um maior poder preditivo na seleção de cultivares superiores quando comparado com apenas um único ano.

2.3 Emprego da Abordagem de modelos mistos na seleção de genótipos de soja

A abordagem estatística sob modelos mistos foi proposta e desenvolvida por Henderson e colaboradores e descrita em uma série de publicações presentes na literatura (HENDERSON 1949, 1950, 1959, 1975; HENDERSON et al., 1963). Este método de análise é especialmente vantajoso sob condições de desbalanceamento e/ou quando se dispõe de informações de parentesco via registros genealógicos ou marcadores moleculares (BERNARDO, 2010; PIEPHO; MOHRING, 2008).

As análises baseadas em modelos mistos fundamentam - se no modelo misto na forma matricial apresentado a seguir:

$$y = X\beta + Za + \varepsilon$$

y: vetor de observações ou fenótipos;

X: matriz do modelo referente aos efeitos fixos;

ε : vetor dos efeitos fixos;

Z: matriz do modelo referente aos efeitos aleatórios a;

a: vetor dos efeitos aleatórios dos genótipos, com $a \sim \text{NMV}(0;G)$;

ε : vetor de erros, com $e \sim \text{NMV}(0; R)$.

Assume-se para esse modelo que os efeitos aleatórios de genótipos e dos erros são normalmente distribuídos. Para os erros, tem-se assumido geralmente o pressuposto de independência e homocedasticidade, de modo que a matriz R é denotada na forma $R= I$, sendo I a matriz identidade da ordem dos dados e a variância ambiental comum. Para genótipos, assume-se a matriz $G = A$, sendo que G é a matriz de covariâncias genéticas dos genótipos, que permite incorporar

a informação de parentesco existente, a variância aditiva e A a matriz de parentesco genético aditivo entre genótipos, sendo o elemento a_{ij} dessa matriz correspondente ao parentesco genético aditivo entre os genótipos i e j , equivalente ao coeficiente de parentesco de Wrigth (relationship coefficient), igual a duas vezes o coeficiente de parentesco ou de coancestria de Malecot (r_{ij}) (LYNCH; WALSH, 1998; SOUZA JÚNIOR, 1989), calculado a partir da informação da genealogia decorrente do método de condução (NUNES et al., 2008) ou via marcadores moleculares (SILVA FILHO, 2004). Na medida que a matriz G expressa o parentesco aditivo entre genótipos, os valores do vetor a correspondem as predições dos valores genéticos aditivos dos genótipos.

A princípio, a abordagem de modelos mistos foi desenvolvida para o melhoramento animal (HENDERSON, 1975) porém, vem sendo muito utilizada no melhoramento vegetal (PIEPHO et al., 2008), em culturas como: soja (PANTER; ALLEN, 1995; YAN; RAJCAN, 2003; CARVALHO et al., 2008; RINCKER et al., 2014; HU et al., 2014; ZHANG et al., 2015), milho (BERNARDO, 1994, 2010; VIANA et al., 2011; FIGUEIREDO, 2014), canola (PIEPHO; MOHRING, 2006), feijão (NUNES et al., 2008; BRUZI, 2008; RESENDE et al., 2015) e cana-de-açúcar (SILVA, 2014), graças ao avanço dos recursos computacionais com o desenvolvimento de softwares estatísticos e algoritmos especializados, a popularização do método via livros-texto e a qualificação de melhoristas e/ou biometristas e ainda a inclusão de disciplinas nos programas de ensino.

As análises via modelos mistos, na presença de dados desbalanceados, retornam predições mais confiáveis do que as obtidas pelo método dos quadrados mínimos (MQM). Dentre outras vantagens também resultam em maior eficiência de seleção dos genótipos em ensaios cujo os tratamentos podem representar diferentes linhagens ou progênies de diferentes populações. Além disso, a abordagem de modelos mistos permite explorar a informação de parentesco entre

indivíduos, maximizando o uso dos dados disponíveis na comparação entre os genótipos (BERNARDO, 2010).

No melhoramento de soja algumas etapas são fundamentais para se obter sucesso com a seleção de genótipos superiores, entre elas destacam-se a escolha de parentais/genitores para a realização de hibridação e a identificação das melhores progênies para avanço nas etapas do programa. Visando avaliar estratégias de escolha de genitores, Panter e Allen (1995) compararam o método dos quadrados mínimos com o método de modelos mistos via BLUP (HENDERSON, 1975), utilizando uma série de dados históricos de soja. Em todos os casos analisados ficou comprovado 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.

A identificação das melhores progênies durante o processo seletivo, pode ser considerada como uma das etapas mais dispendiosas para o melhorista, por isso, a fim de tornar esse processo menos oneroso, melhorar o ganho com a seleção e a acurácia na predição dos valores genéticos, a aplicação dos modelos mistos tem sido recomendada (BORGES et al., 2010; RAMALHO et al., 2012; PINHEIRO et al., 2013).

Nas etapas preliminares de avaliação de cada ciclo de melhoramento vegetal, é muito comum adotar-se o delineamento de blocos aumentados (DBA) devido ao grande número de genótipos a serem avaliados e a pouca quantidade de material vegetal disponível. Neste tipo de delineamento apenas as testemunhas estão repetidas, possibilitando a estimativa do erro, enquanto os tratamentos regulares (progênies segregantes) encontram-se não repetidos no experimento, caracterizando um forte desbalanceamento. Nessas condições, justifica-se o emprego de modelos mistos, visto que outros modelos podem levar a classificação equivocada de genótipos, desperdício de tempo e recursos com a avaliação de

materiais genéticos pouco promissores, sobretudo se esses genótipos forem de efeito aleatório e provenientes de diferentes populações (DUARTE, 2002).

Em programas de melhoramento de plantas autógamas, como a soja, é comum anotar-se o pedigree, ou seja, a genealogia das progênes durante as gerações de endogamia, com o intuito de retornar a algum cruzamento que tenha originado indivíduos superiores e assim realizar-se uma nova seleção. Associado a essa prática, tem sido recomendado utilizar a metodologia de modelos mistos, visando tornar o processo seletivo mais eficaz e com resultados mais satisfatórios (PIEPHO; MOHRING, 2008).

Em um estudo de simulação utilizando o método pedigree procedeu-se a seleção dos melhores indivíduos mediante a incorporação do parentesco advindo dos registros genealógicos via modelos mistos (NUNES et al., 2008). Para isso, utilizaram 20 genes segregantes, sobre modelo genético puramente aditivo, com frequência alélica de 0,5 e herdabilidade de 10%, 25%, 50% e 75% para seleção com base na média de progênes F4:5. Para cada herdabilidade foram simuladas 1000 populações segregantes. Ao comparar a eficiência da seleção considerando a média, o BLUP sem informação do parentesco e o BLUP com informação do parentesco (BLUPA), verificou-se que a seleção com o BLUPA resultou em maior ganho, sobretudo para caracteres de baixa herdabilidade, justificando o trabalho investido para a obtenção do registro genealógico.

Pinheiro et al. (2013) avaliaram dados de produtividade e de teores de óleo e proteína utilizando a abordagem de modelos mistos e o MQM. Os autores evidenciaram que os valores genéticos preditos das progênes utilizando a abordagem de modelos mistos e ignorando a informação de parentesco apresentaram alta correlação e alta coincidência com as médias fenotípicas das progênes pelo MQM. Com a inclusão da informação de parentesco via REML/BLUP, obtiveram maiores ganhos com a seleção e predição mais acurada dos valores genéticos das progênes de soja.

A inclusão da informação de parentesco via BLUP para aumentar a precisão na obtenção dos valores genéticos com melhor acurácia e conseqüentemente incrementar os ganhos genéticos com a seleção também foi destacada por Ramalho et al. (2012). Em um estudo de simulação esses autores concluíram que quando a informação de parentesco é considerada, os ganhos genéticos são em geral de maior magnitude do que quando essa informação é ignorada, e por isso o uso da metodologia BLUP utilizando o pedigree no momento da seleção para incrementar os ganhos genéticos é recomendada.

Nas sucessivas etapas de avaliação dos programas de melhoramento, alguns genótipos são descartados e outros permanecem, gerando um desbalanceamento. Neste caso, os genótipos selecionados possuem um maior número de informações associados a eles, o que possibilita a adoção da informação de todas as gerações para a seleção das melhores linhagens. Em um estudo no Canadá, utilizando-se a abordagem de modelos mistos e o desempenho produtivo de cultivares de soja em vários anos, verificou-se que a seleção dos melhores genótipos, foi mais eficiente considerando-se vários anos do que quando considerou-se apenas a geração de referência, ou seja, apenas um ano. (YAN; RAJCAN, 2003).

Piepho e Mohring (2006) utilizaram dados da avaliação de cultivares de canola em experimentos de VCU, conduzidos na Alemanha, para comparar a acurácia seletiva na identificação das melhores linhagens, levando em consideração apenas dados da geração de referência em relação a análise sequencial, que considera a performance nas gerações anteriores, adotando-se a abordagem de modelos mistos. Segundo os autores a análise realizada utilizando dados de todas as gerações propiciou maior precisão em relação a análise considerando apenas a geração de referência.

Considerando o desbalanceamento de dados em um programa de seleção recorrente de feijoeiro visando o aumento da produtividade de grãos, Bruzi (2008)

adotou três estratégias de análise para avaliar a produtividade de grãos: a) análise sequencial considerando a combinação das gerações S0:1 a S0:3; S0:1 a S0:4; S0:1 a S0:5 e todas as progênies; b) análise sequencial envolvendo as progênies comuns nas gerações S0:1 a S0:5 ou S0:1 a S0:4 e c) análise sequencial envolvendo as progênies comuns nas gerações S0:1 a S0:10 ou S0:1 a S0:8, utilizando o método REML/BLUP. Todas as estratégias foram comparadas com o MQM/ANAVA tradicionalmente utilizado no programa de seleção recorrente em que se considera a média da geração anterior. Constatou-se que a análise realizada tradicionalmente é de baixa eficiência, sobretudo em gerações iniciais, em comparação ao BLUP e que a acurácia na seleção das progênies pode ser incrementada utilizando a análise sequencial por meio do procedimento BLUP. Ramalho e Araújo (2011) também concluíram que a análise tradicional possui eficiência reduzida e que se torna mais pronunciada nas primeiras gerações, uma vez que a interação progênies X ambientes não é considerada.

Resende et al. (2015) propuseram o emprego de um índice multigerações via REML/ BLUP para aumentar a eficiência do método do bulk dentro de progênies, método esse muito utilizado na condução de progênies segregantes de plantas autógamas, a exemplo da soja. Os autores realizaram estudos de simulação e de campo com a cultura do feijoeiro a fim de comparar o índice multigerações com o procedimento padrão utilizado pelos melhoristas. O índice multigerações se mostrou extremamente vantajoso por incrementar a acurácia e também o ganho genético por geração com o aumento da endogamia, obtendo-se estimativas de 85% e 12% respectivamente em relação ao método tradicional. Segundo os autores este índice poderia adiantar até uma geração de seleção, além de minimizar o efeito da interação genótipos x ambientes.

3 MATERIAL E MÉTODOS

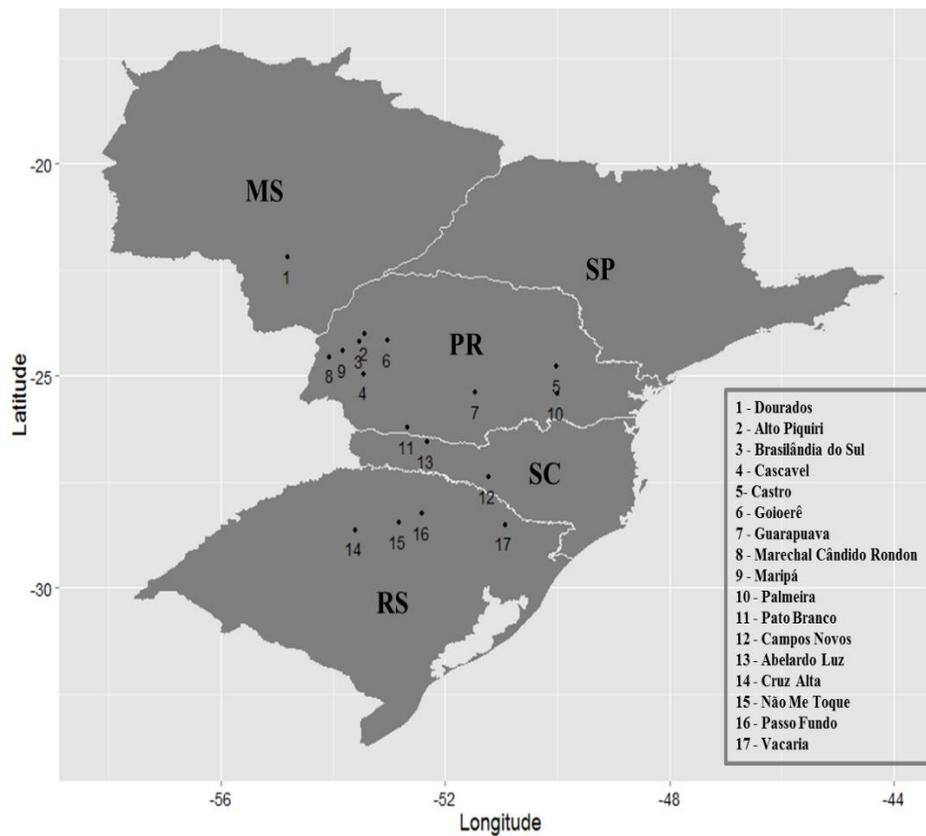
3.1 Localização e descrição dos experimentos

Os dados de produtividade (sacas/ha), corrigidos para 13% de umidade, e de maturação absoluta (número de dias até atingir a maturidade fisiológica) de progênies/linhagens de soja, cedidos pelo programa de melhoramento da empresa Dupont – Divisão Pioneer localizado na cidade de Guarapuava – Paraná.

Os experimentos foram conduzidos nos anos agrícolas de 2012/2013, 2013/2014 e 2015/2016 em 17 municípios dos estados do Mato Grosso do Sul, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul em diferentes localizações englobando as macrorregiões sojícolas 1 e 2 (KASTER, 2012), conforme descrito na Figura 1 e na Tabela 1.

Para condução das populações segregantes de soja utilizou-se o método bulk. O número de populações, progênies dentro de populações e de testemunhas comuns avaliados em cada experimento estão apresentados na tabela 2, bem como as informações adicionais referentes a cada geração como o número de locais e de repetições em cada experimento. Nos experimentos Z-teste e Y-teste adotou-se o delineamento de blocos aumentados com parcelas de 1 linha de 2,0 m e espaçamento entre linhas de 90 cm para o ensaio Z-teste e de 2 linhas de 5,0 m com espaçamento de 50 cm para o ensaio Y-teste. Os demais experimentos foram conduzidos no delineamento de blocos completos casualizados, sendo o experimento X-teste e W-teste com parcelas de 2 linhas de 5,0 m e espaçamento de 50 cm e o experimento VCU com parcelas de 4 linhas de 5,0 metros e espaçamento de 50 cm.

Figura 1 - Localização dos experimentos nos estados do Mato Grosso do Sul (MS), Paraná (PR), Santa Catarina (SC) e Rio Grande do Sul (RS).



Fonte: Do autor (2016).

Tabela 1 - Caracterização dos locais avaliados de acordo com as variáveis altitude (m), latitude (S) e longitude (W).

Locais	Altitude	Latitude	Longitude
Dourados – MS	430	22° 13' 16"	54° 48' 20"
Alto Piquiri – PR	436	24° 01' 41"	53° 26' 26"
Brasilândia do Sul – PR	378	24° 11' 49"	53° 31' 29"
Cascavel – PR	781	24° 57' 21"	53° 27' 19"
Castro – PR	999	24° 47' 28"	50° 00' 43"
Goioerê – PR	505	24° 11' 05"	53° 01' 39"
Guarapuava - PR	1098	25° 23' 43"	51° 27' 29"
Marechal Cândido Rondon - PR	410	24° 33' 22"	54° 03' 24"
Maripá – PR	402	24° 25' 06"	53° 49' 48"
Palmeira – PR	865	25° 25' 46"	50° 00' 23"
Pato Branco - PR	761	26° 13' 43"	52° 40' 14"
Campos Novos - SC	934	27° 24' 06"	51° 13' 30"
Abelardo Luz - SC	760	26° 33' 53"	52° 19' 42"
Cruz Alta – RS	452	28° 38' 19"	53° 36' 23"
Não Me Toque - RS	514	28° 27' 33"	52° 49' 15"
Passo Fundo - RS	687	28° 15' 46"	52° 24' 24"
Vacaria – RS	971	28° 30' 44"	50° 56' 02"

Tabela 2 - Descrição dos experimentos (EXP) quanto à geração, ao delineamento experimental (DELIN) e ao número de locais, de repetições (REP), de populações (POP), de progênies dentro de populações (PROG) e de testemunhas (TEST).

EXP	LOCAIS	DELIN	REP	GERAÇÃO	POP	PROG	TEST
Z-teste	1	DBA	1	F _{4:5}	94	22660	11
Y-teste	5	DBA	1	F _{4:6}	29	1494	16
X-teste	12	DBC	2	F _{4:6}	221	825	23
W-teste	9	DBC	2	F _{4:7}	61	222	27
VCU	12	DBC	3	F _{4:7}	18	53	11

3.2 Análises estatísticas

3.2.1 Estratégias de seleção de progênies

Os dados de produtividade de grãos e de maturação absoluta foram analisados via abordagem de modelos mistos, visando a seleção/ identificação das melhores progênies/linhagens por meio de duas estratégias: ignorando e considerando a estrutura de populações de acordo com os modelos apresentados na Tabela 3.

Para estimação dos componentes da variância utilizou-se o método da máxima verossimilhança residual (REML). A significância das variâncias associadas aos efeitos aleatórios foi verificada pelo teste da razão de verossimilhança (Likelihood Ratio Test). Para aferir a qualidade experimental foram determinados o coeficiente de variação experimental (CVe) e a acurácia seletiva ($r_{\tilde{g}g}$) pelos seguintes estimadores:

$$CVe = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}^2_e}}{\bar{y}} \qquad r_{\tilde{g}g} = \sqrt{h^2}$$

Em que:

$\hat{\sigma}^2_e$: variância do erro;

\bar{y} : média;

h^2 : herdabilidade em nível de progênie.

Tabela 3 - Modelos estatísticos adotados para realização das análises em cada experimento (EXP) ignorando e considerando a estrutura de populações.

EXP	ESTRUTURA DE POPULAÇÕES	
	IGNORANDO	CONSIDERANDO
Z-teste	$Y_{jl} = \mu + S_j + G_l + e_{jl}$	$Y_{jlm} = \mu + S_j + P_m + G_{l(m)} + e_{jlm}$
Y-teste	$Y_{ijl} = \mu + L_i + S_{j(i)} + G_l + GL_{li} + e_{ijl}$	$Y_{ijlm} = \mu + L_i + S_{j(i)} + P_m + G_{l(m)} + PL_{mi} + GL_{l(m)i} + e_{ijlm}$
X-teste		
W-teste	$Y_{ijkl} = \mu + L_i + S_{j(i)} + R_{k(ij)} + G_l + GL_{li} + e_{ijkl}$	$Y_{ijklm} = \mu + L_i + S_{j(i)} + R_{k(ij)} + P_m + G_{l(m)} + GL_{l(m)i} + PL_{mi} + e_{ijklm}$
VCU		

Em que: $Y_{jl} = Y_{ijl} = Y_{ijkl} = Y_{jlm} = Y_{ijlm} = Y_{ijklm}$: valor observado; μ : constante associada a todas as observações; L_i : efeito aleatório de local i , $L_i \sim N(0; \sigma^2_{L_i})$; $S_{j(i)}$: efeito aleatório de sub experimentos j no local i , $S_j \sim N(0; \sigma^2_{S_j})$; $R_{k(ij)}$: efeito aleatório de repetições k , no local i e no sub experimento j , $R_k \sim N(0; \sigma^2_{R_k})$; P_m : efeito aleatório de população m , $P_m \sim N(0; \sigma^2_{P_m})$; $G_{l(m)}$: efeito aleatório de progênes l dentro da população m $G_l \sim N(0; \sigma^2_{G_l})$; PL_{mi} : efeito aleatório da interação populações x locais; GL_{li} : efeito aleatório da interação progênes dentro de populações x locais; e_{ijklm} : erro experimental associado à observação Y_{ijklm} , $E \sim N(0; \sigma^2_e)$.

3.3 Critérios para melhorar a eficiência das estratégias de seleção das progênes

A eficiência dos procedimentos de análise via modelos mistos foi avaliada pelo ganho genético com a seleção, calculada a partir da média dos BLUP's das progênes selecionadas em sete intensidades de seleção (1%, 5%, 10%, 15%, 20%, 25% e 30%). Também foi estimada a correlação classificatória de Spearman que teve sua significância verificada pelo teste de Mantel baseando em 5000 simulações e pelo índice de coincidência proposto por Hamblin e Zimmermann (1986). Para este último utilizou-se a seguinte expressão:

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

Em que:

A: número de progênes (ou indivíduos) coincidentes nas duas estratégias;

M: número de progênes (ou indivíduos) selecionadas pela estratégia de modelos mistos;

C: quantifica o número de progênes coincidentes devido ao acaso. Utilizou-se para o cálculo o mesmo percentual dos indivíduos selecionados.

Ainda visando avaliar a eficiência das estratégias de seleção de progênes/linhagens de soja, considerando e desconsiderando o mérito da população, foi estimado o ganho realizado com a seleção e a resposta correlacionada (RAMALHO et al., 2012). Considerando o caráter produtividade de grãos, selecionou-se os genótipos com maiores BLUP's na geração i e

verificou-se a média dos mesmos na geração j, em sete intensidades de seleção: 1%, 5%, 10%, 15%, 20%, 25% e 30%. O mesmo foi feito para maturação absoluta, porém com intuito de reduzir os dias para maturação, selecionando então os genótipos com menores BLUP's.

As estimativas de ganho realizado em porcentagem (GR %) e resposta correlacionada em porcentagem (RC %) foram obtidas pelos seguintes estimadores:

$$GR(\%) = \frac{\overline{BLUP's}_{j/i}}{\bar{y}_j} * 100$$

$$RC_{y/y'}(\%) = \frac{\overline{BLUP's}_{y/y'}}{\bar{y}} * 100$$

Em que:

$\overline{BLUP's}_{j/i}$: média dos BLUP's dos genótipos na geração j, pela seleção efetuada na geração i;

\bar{y}_j : média geral dos genótipos na geração j.

$\overline{BLUP's}_{y/y'}$: média dos BLUP's dos genótipos para característica y, pela seleção efetuada na característica y';

\bar{y} : média geral dos genótipos para característica Y;

3.4 Análise sequencial para identificação de linhagens de soja em experimentos de valor de cultivo e uso (VCU)

Para selecionar as melhores linhagens no experimento VCU foram consideradas algumas estratégias de seleção:

- A) Análise considerando todos os dados da geração de referência F_{4:7} (VCU).
- B) Análise sequencial com todos os dados considerando a combinação das gerações/experimentos F_{4:7} (W-Test) e F_{4:7} (VCU).
- C) Análise sequencial com todos os dados considerando a combinação das gerações/experimentos F_{4:6} (X-Test), F_{4:7} (W-Test) e F_{4:7} (VCU);
- D) Análise sequencial com todos os dados considerando a combinação das gerações/experimentos F_{4:6} (Y-Test), F_{4:6} (X-Test), F_{4:7} (W-Test) e F_{4:7} (VCU);
- E) Análise sequencial com todos os dados considerando a combinação das gerações/experimentos F_{4:5} (Z- Test), F_{4:6} (Y-Test), F_{4:6} (X-Test), F_{4:7} (W-Test) e F_{4:7} (VCU);
- F) Análise sequencial tomando em conta os dados dos trinta genótipos comuns aos experimentos Z-teste, X-teste e VCU, considerando a combinação das gerações/experimentos F_{4:6} (X-Test) e F_{4:7} (VCU);
- G) Análise sequencial tomando em conta os dados dos trinta genótipos comuns aos experimentos Z-teste, X-teste e VCU, considerando a combinação das gerações/experimentos F_{4:5} (Z- Test), F_{4:6} (X-Test) e F_{4:7} (VCU);

O modelo empregado na estratégia A foi previamente apresentado no tópico anterior. Para as estratégias de análise sequencial B, C, D, E, F e G adotou-se o modelo descrito a seguir:

$$Y_{hijklm} = \mu + E_h + L_i + P_m + G_{l(m)} + S_{j(hi)} + R_{k(hij)} + EL_{hi} + EP_{hm} + EG_{hl(m)} + GL_{li} + PL_{mi} + EPL_{hmi} + ELG_{hil(m)} + e_{ijklm}$$

Em que:

Y_{ijklm} : valor observado referente ao efeito aleatório de progênes l, dentro da população m, no local i, no experimento h, no sub experimento j e na repetição k;

μ : constante associada a todas as observações;

E_h : efeito fixo de experimento h;

L_i : efeito aleatório de local i, $L_i \sim N(0; \sigma^2_L)$;

P_m : efeito aleatório de população m, $P_m \sim N(0; \sigma^2_P)$;

$G_{l(m)}$: efeito aleatório de progênes l dentro da população m, $G_l \sim N(0; \sigma^2_G)$;

$S_{j(i)}$: efeito aleatório de sub experimentos j, no local i e no experimento h, $S_j \sim N(0; \sigma^2_S)$;

$R_{k(ij)}$: efeito aleatório de repetições k, no local i, no experimento h e no sub experimento j, $R_k \sim N(0; \sigma^2_k)$;

EL_{hi} : efeito aleatório da interação experimento x locais;

EP_{hm} : efeito aleatório da interação experimento x populações;

$EG_{hl(m)}$: efeito aleatório da interação experimento x progênes dentro de populações;

PL_{mi} : efeito aleatório da interação populações x locais;

GL_{li} : efeito aleatório da interação progênes x locais;

EPL_{hmi} : efeito aleatório da interação experimento x populações x locais;

$ELG_{hil(m)}$: efeito aleatório da interação experimento x progênes x locais;

e_{ijklm} : erro experimental associado à observação Y_{ijklm} .

Além das estratégias citadas acima, para determinar os melhores genótipos a partir das análises sequencias foram consideradas três situações:

- 1) Seleção das dez melhores linhagens considerando a estratégia A (experimento VCU) e verificação do comportamento das mesmas linhagens considerando as análises sequenciais B, C, D e E.

- 2) Seleção das dez melhores linhagens em cada estratégia de análise sequencial (B, C, D e E).
- 3) Seleção das dez melhores linhagens comuns aos experimentos Z-teste, X-teste e VCU.

Para quantificar a eficiência dos procedimentos de análise foi verificada a coincidência das progênies selecionadas pelas estratégias B, C, D e E, que levam em conta dados de duas ou mais gerações, com a estratégia A que considera apenas a geração de referência. A acurácia seletiva visando verificar a melhoria na precisão das estimativas foi determinada pelo seguinte estimador (GEZAN; MUNOZ, 2014):

$$rgg' = \sqrt{1 - \left(\frac{PEV}{\hat{\sigma}^2_G + \hat{\sigma}^2_P} \right)}$$

Em que:

PEV: variância do erro de predição dos BLUP's;

$\hat{\sigma}^2_G$: variância entre progênies dentro de populações;

$\hat{\sigma}^2_P$: variância entre populações.

Todas as análises foram realizadas utilizando os softwares estatísticos R (R Core Team, 2016) e *Genes* (CRUZ, 2013).

4 RESULTADOS

4.1 Estratégias de seleção de progênies

Verifica-se para os caracteres avaliados, produtividade de grãos (sacas/ha) e maturação absoluta (dias), que com o avanço das gerações ocorreu um aumento na precisão experimental, o que pode ser confirmado pelas estimativas da acurácia e do coeficiente de variação experimental (TABELAS 4 e 5).

Para produtividade de grãos ao se considerar a informação da população ocorreu uma redução sutil na magnitude do coeficiente de variação experimental (CVe) nos experimentos Z-teste e Y teste, nos demais ensaios a estimativa do CVE se manteve praticamente constante. Nos experimentos Z-teste e W-teste ocorreu um aumento na acurácia ao se considerar a informação da população. O mesmo não pode ser observado nos demais experimentos. Contudo as estimativas da acurácia nas duas situações foram muito próximas. Muito embora pode-se inferir que as estimativas considerando a informação da população foram melhor estimadas. Na maioria das gerações/experimentos as estimativas de acurácia foram próximas a 80% e as do CVE abaixo de 11%, indicando uma boa precisão experimental na avaliação dessa característica (PIMENTEL-GOMES, 2009; RESENDE; DUARTE, 2007). Por fim observou-se que as estimativas da herdabilidade variaram entre 0,25-0,78 e 0,37-0,75 considerando e desconsiderando o mérito da população, respectivamente (TABELA 4).

Tabela 4 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para produtividade de grãos (sacas/ha), em diferentes experimentos/gerações (F_{4:5} a F_{4:7}), considerando e desconsiderando a informação da população, para progênies/linhagens de soja.

Componentes de variância	Experimentos/Gerações									
	Z- teste (F _{4:5})		Y- teste (F _{4:6})		X- teste (F _{4:6})		W- teste (F _{4:7})		VCU (F _{4:7})	
	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.						
σ_p^2	-	27,82*	-	15,52*	-	13,76*	-	15,49*	-	11,28*
σ_G^2	21,14*	6,14*	21,63*	7,82*	34,09*	13,92*	32,24*	26,07*	21,15*	9,57*
σ_{PxL}^2	-	-	-	23,02*	-	20,05*	-	21,38*	-	4,76*
σ_{GxL}^2	-	-	29,84*	17,10*	44,04*	20,99*	30,45*	20,63*	15,98*	12,26*
σ_e^2	62,32	56,14	32,44	30,49	30,67	30,16	57,56	57,39	36,76	36,76
h_g^2	0,2533	0,3769	0,6346	0,6231	0,7806	0,7503	0,6392	0,6795	0,6482	0,6430
$r_{\tilde{g}g}$ (%)	50,33	61,39	79,66	78,93	88,35	86,62	79,95	82,43	80,51	80,19
CVe (%)	19,72	18,72	11,01	10,67	10,69	10,60	10,21	10,20	7,76	7,76
Média	40,02		51,71		51,78		74,26		78,09	

* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança; σ_p^2 - variância entre populações; σ_G^2 - variância entre progênies dentro de populações; σ_{PxL}^2 - variância da interação entre populações x local; σ_{GxL}^2 - variância da interação entre progênies dentro de populações x locais; σ_e^2 - variância do erro; h_p^2 - herdabilidade em nível de progênies; $r_{\tilde{g}g}$ - acurácia em nível de progênies; CVe – coeficiente de variação experimental.

Tabela 5 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para maturação absoluta (dias), em diferentes experimentos/gerações (F4:5 a F4:7), considerando e desconsiderando a informação da população, para progênies/linhagens de soja.

Componentes de variância	Experimentos/Gerações									
	Z- teste (F4:5)		Y- teste (F4:6)		X- teste (F4:6)		W- teste (F4:7)		VCU (F4:7)	
	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.
σ_p^2	-	26,73*	-	3,40*	-	65,98*	-	30,05*	-	32,90*
σ_G^2	10,21*	1,85*	3,49*	2,45*	13,26*	4,58*	9,77*	5,89*	27,93*	13,38*
σ_{PxL}^2	-	-	-	3,53*	-	2,60*	-	0,78*	-	3,14*
σ_{GxL}^2	-	-	3,55*	2,61*	3,14*	1,91*	2,80*	2,37*	3,71*	1,96*
σ_e^2	13,51	8,35	16,08	14,76	37,75	3,09	4,92	4,75	3,48	3,48
h^2	0,4305	0,7739	0,4705	0,5833	0,9375	0,9864	0,8607	0,9578	0,9560	0,9704
$r\tilde{g}g$ (%)	65,61	87,97	68,59	76,37	96,82	99,32	92,78	97,87	97,77	98,51
CVe (%)	2,66	2,09	3,15	3,02	1,59	1,47	1,78	1,75	1,45	1,46
Média	137,98		126,92		118,71		123,96		127,80	

* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança; σ_p^2 - variância entre populações; σ_G^2 - variância entre progênies dentro de populações; σ_{PxL}^2 - variância da interação entre populações x local; σ_{GxL}^2 - variância da interação entre progênies dentro de populações x locais; σ_e^2 - variância do erro; h^2 - herdabilidade em nível de progênies; $r\tilde{g}g$ - acurácia em nível de progênies; CVe - coeficiente de variação experimental.

Para maturação absoluta, em todos os casos estudados ocorreu uma pequena melhoria nas estimativas da acurácia e do C_{Ve} ao se considerar a informação da população, exceto no experimento VCU em que o C_{Ve} permaneceu praticamente constante. Nota-se que a herdabilidade variou entre 0,43-0,95 e 0,58-0,98 ignorando e considerando o mérito da população respectivamente. Pode-se observar também uma ótima precisão experimental na avaliação deste caráter, visto que as estimativas de acurácia foram sempre acima de 75% e do C_{Ve} sempre abaixo de 3,2% (PIMETEL-GOMES, 2009; RESENDE; DUARTE, 2007) (TABELA 5).

Para os dois caracteres avaliados, é possível evidenciar que as estimativas da variância associada ao efeito de populações, de progênies dentro de populações e das interações populações x locais e progênies dentro de populações x locais foram significativas ($P \leq 0,01$). O fato dos componentes de variância entre progênies dentro de populações e entre populações terem sido significativos evidenciam que há variabilidade entre e dentro das populações, possibilitando ganhos com a seleção. Esse fato pode ser ratificado pela distribuição dos BLUP's em cada geração (FIGURAS 1A, 2A, 3A, 4A, 5A e 6A). Ainda é oportuno salientar que ao ignorar a informação da população tem-se uma variância genética total, pois considera-se que todos os indivíduos sejam provenientes de uma mesma população. Porém quando o mérito da população é contemplado a variância genética é melhor estimada pois representa uma média entre todas as populações, sendo estimada em dois níveis, variância genética entre populações e variância genética entre progênies dentro de populações (TABELAS 4 e 5).

Quando se considerou a informação da população as estimativas da variância entre progênies dentro de populações e do erro reduziram em todos os experimentos para a característica maturação absoluta. Já para produtividade apenas a variância entre progênies dentro de populações reduziu em todos os experimentos avaliados ao considerar essa informação. Muito embora notou-se

redução da variância do erro nos experimentos Z-teste e Y-teste, nos demais ensaios esse componente se manteve constante, podendo concluir que os componentes de variância entre progênies dentro de populações e do erro foram melhor estimados ao contemplar o mérito da população (TABELAS 4 e 5).

Para produtividade percebe-se que a magnitude dos componentes de variância associados a interação populações x locais e progênies dentro de populações x locais foi maior, que os efeitos isolados da variância de populações e de progênies dentro de populações na maioria dos experimentos (TABELA 4). O mesmo não pode ser observado para a maturação absoluta, pois em todos os experimentos a variância associada ao efeito das interações foi de menor magnitude que a variância de populações e de progênies dentro de populações, exceto no experimento Y-teste. Contudo a superioridade das interações em relação aos efeitos isolados de progênies dentro de populações e de populações neste experimento, foi pequena (TABELA 5).

As correlações entre os BLUP's considerando e desconsiderando a informação da população foram significativas em todos os experimentos. Apenas no experimento Z-teste observou-se valores medianos de correlação para produtividade (0,61) e para maturação absoluta (0,76). A medida em que se avançou aos experimentos/gerações observou-se um aumento na magnitude das correlações. Esses resultados foram ratificados pela obtenção do índice de coincidência. Para os dois caracteres, verificou-se que com o avanço das gerações de endogamia ocorreu um aumento no percentual de coincidentes. O mesmo pode ser observado com o aumento da intensidade de seleção. Nota-se que para produtividade o índice de coincidência variou entre 0,26 (Z-teste) a 1,0 (VCU) enquanto para maturação absoluta o intervalo foi de 0,000 (Z-teste) a 1,0 (VCU) (TABELAS 6 e 7).

Neste estudo, a seleção foi realizada com o intuito de aumentar a produtividade, ou seja, o número de sacas por hectare, e reduzir a maturação

absoluta (número de dias para atingir a maturação fisiológica) das progênies/linhagens, como pode ser observado pela média dos experimentos nas Tabelas 4 e 5. Quando se estimou o ganho esperado com a seleção, ficou evidente, para os dois caracteres avaliados, que a medida em que a intensidade de seleção foi aumentada o ganho esperado reduziu. Porém, quando o mérito da população foi contemplado as estimativas do ganho esperado foram de maior magnitude em todos os experimentos/gerações avaliados. Para produtividade obteve-se ganhos variando entre 6,31% a 20,82% sem considerar o mérito da população. Quando esta informação foi considerada os ganhos variaram entre 7,27% a 31,22% ao longo dos experimentos. Para maturação absoluta os ganhos esperados foram negativos, ou seja, reduziram o número de dias para maturação. As estimativas para esta característica variaram entre -1,0% a -11,71% e entre -1,25% a -15,16% desconsiderando e considerando a informação da população respectivamente (TABELAS 8 e 9).

Ao analisar as estimativas do ganho realizado considerando a combinação dos experimentos/gerações dois a dois fica evidente para produtividade de grãos que quando se considerou a informação da população, as estimativas de ganho realizado foram de maior magnitude do que quando esta informação foi ignorada. (TABELA 10). Apesar da seleção ter sido realizada com intuito de reduzir a maturação absoluta é possível perceber que este fato ocorreu apenas em algumas gerações e intensidades de seleção. Fica claro que quando o mérito da população não foi levado em consideração, a magnitude do ganho realizado foi menor, ou seja, ocorreu uma maior redução no número de dias para maturação. Porém quando a informação da população foi contemplada observou-se um aumento no número de dias para a maturação absoluta (TABELA 11).

Tabela 6 - Índice de coincidência na seleção das melhores progênies/linhagens de soja para produtividade de grãos (sacas/ha) considerando e desconsiderando o efeito da população, em diferentes intensidades de seleção e em diferentes experimentos/gerações.

Percentual Selecionados	Experimentos/ Gerações				
	Z-teste (F _{4:5})	Y-teste (F _{4:6})	X-teste (F _{4:6})	W-teste (F _{4:7})	VCU (F _{4:7})
1	0,3367	0,6843	0,6633	0,6633	1,0000
5	0,2646	0,7784	0,6818	0,8381	1,0000
10	0,3682	0,7351	0,6863	0,8222	1,0000
15	0,3494	0,7357	0,6691	0,9364	1,0000
20	0,3291	0,7268	0,6544	0,8980	1,0000
25	0,3275	0,7354	0,7107	0,8907	1,0000
30	0,3813	0,7446	0,7535	0,9217	1,0000
Correlação	0,6058*	0,9207*	0,9698*	0,9901*	0,9970*

* Significativo a 5% de probabilidade, pelo teste de Mantel baseado em 5000 simulações.

Tabela 7 - Índice de coincidência na seleção das melhores progênies/linhagens de soja para maturação absoluta (dias), considerando e desconsiderando o efeito da população, em diferentes intensidades de seleção e em diferentes experimentos/gerações.

Percentual selecionado	Experimentos/ Gerações				
	Z-teste (F _{4:5})	Y-teste (F _{4:6})	X-teste (F _{4:6})	W-teste (F _{4:7})	VCU (F _{4:7})
1	0,0000	0,4949	0,5511	0,6633	1,0000
5	0,1430	0,6122	0,7552	0,4332	0,7368
10	0,1864	0,6983	0,8039	0,7333	1,0000
15	0,0848	0,7460	0,8346	0,7138	1,0000
20	0,2795	0,7724	0,8382	0,7704	1,0000
25	0,2080	0,7778	0,8239	0,7814	0,9167
30	0,3161	0,7856	0,8151	0,7847	1,0000
Correlação	0,7569 *	0,8944 *	0,8744 *	0,9061 *	0,9999 *

* Significativos a 5% de probabilidade, pelo teste de Mantel baseado em 5000 simulações.

Tabela 8 - Ganho percentual esperado com a seleção de progênies/linhagens de soja, para produtividade de grãos (sacas/ha), em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população.

IS	Experimentos/ Gerações									
	Z-teste (F _{4:5})		Y-teste (F _{4:6})		X-teste (F _{4:6})		W-teste (F _{4:7})		VCU (F _{4:7})	
	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.						
1	14,07	31,22	14,84	16,01	17,65	19,66	20,82	24,93	14,47	15,17
5	10,88	26,75	12,38	14,04	14,47	16,17	13,05	16,67	11,57	12,60
10	9,34	24,21	10,84	12,82	12,85	14,81	11,11	14,71	10,02	11,14
15	8,35	22,74	9,80	12,00	11,86	13,94	10,11	13,69	8,92	9,83
20	7,58	21,55	8,96	11,31	11,01	13,20	9,21	12,78	7,90	8,77
25	6,94	20,27	8,25	10,70	10,32	12,58	8,39	11,93	7,08	7,96
30	6,36	18,87	7,62	10,14	9,69	12,01	7,68	11,22	6,31	7,27

Tabela 9 - Ganho percentual esperado com a seleção de progênies/linhagens de soja, para maturação absoluta (dias), em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população.

IS (%)	Experimentos/ Gerações									
	Z-teste (F _{4:5})		Y-teste (F _{4:6})		X-teste (F _{4:6})		W-teste (F _{4:7})		VCU (F _{4:7})	
	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.						
1	-4,94	-9,38	-3,28	-3,17	-10,61	-15,16	-6,71	-7,90	-11,71	-10,23
5	-4,03	-8,92	-2,06	-2,50	-6,48	-8,90	-5,65	-6,64	-9,86	-8,30
10	-3,50	-6,96	-1,63	-1,99	-5,26	-7,11	-4,67	-5,42	-8,17	-6,56
15	-2,98	-5,38	-1,39	-1,71	-4,51	-6,00	-4,00	-4,18	-7,17	-5,54
20	-2,50	-4,34	-1,23	-1,52	-3,97	-4,66	-3,54	-2,90	-6,16	-4,53
25	-2,14	-3,56	-1,11	-1,37	-3,55	-3,31	-3,14	-1,98	-5,37	-3,75
30	-1,84	-2,97	-1,00	-1,25	-3,21	-2,01	-2,77	-1,30	-4,78	-3,16

Tabela 10 - Ganho realizado para produtividade de grãos (sacas/ha) de progênies/linhagens de soja, em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população.

		Experimentos/ Gerações													
IS (%)	Z (F_{4:5})		Z (F_{4:5})		Y (F_{4:6})		Y (F_{4:6})		X (F_{4:6})		X (F_{4:6})		W (F_{4:7})		
	Y (F_{4:6})		X (F_{4:6})		X (F_{4:6})		W (F_{4:7})		W (F_{4:7})		VCU (F_{4:7})		VCU (F_{4:7})		
	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	
1	5,01	5,56	4,59	3,46	0,00	12,01	1,44	5,39	0,09	6,89	3,99	7,59	14,47	15,17	
5	4,07	7,24	3,47	4,46	9,32	12,57	1,01	5,48	3,89	7,46	1,57	4,63	12,59	13,53	
10	3,22	5,56	2,76	2,99	9,78	14,59	0,84	5,11	2,31	7,66	1,05	2,19	12,59	13,53	
15	2,28	5,87	1,80	4,64	9,78	13,33	0,85	5,05	1,53	7,05	0,38	2,10	11,57	12,00	
20	2,07	5,74	1,55	4,57	10,68	13,33	0,55	4,60	0,78	6,03	0,52	1,61	8,76	12,00	
25	1,75	4,45	1,47	4,00	10,68	13,33	0,46	4,45	1,07	5,45	0,52	1,19	7,77	11,38	
30	1,51	2,66	1,47	2,99	10,68	13,33	0,39	4,38	0,91	4,96	0,34	0,94	7,77	9,12	

Tabela 11 - Ganho realizado para maturação absoluta (dias) de progênie/linhagens de soja, em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população.

		Experimentos/ Gerações													
IS (%)	Z (F_{4:5})		Z (F_{4:5})		Y (F_{4:6})		Y (F_{4:6})		X (F_{4:6})		X (F_{4:6})		W (F_{4:7})		
	Y (F_{4:6})		X (F_{4:6})		X (F_{4:6})		W (F_{4:7})		W (F_{4:7})		VCU (F_{4:7})		VCU (F_{4:7})		
	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	
1	-1,90	-1,89	-1,22	0,85	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	
5	-0,97	2,01	0,89	1,40	-1,22	2,33	-2,54	5,17	-6,56	5,17	0,00	0,00	0,00	0,00	
10	-0,44	1,08	1,46	9,02	-1,22	1,80	-0,83	4,54	-5,63	4,71	0,00	0,00	0,00	0,00	
15	-0,05	0,40	1,52	8,22	-0,80	1,80	0,47	3,65	-4,96	4,43	-2,09	0,00	0,00	4,35	
20	0,17	-0,02	1,43	7,01	0,08	2,77	0,60	3,61	-4,54	4,45	-2,09	0,00	-7,08	3,00	
25	0,01	0,04	1,22	7,25	0,08	4,50	0,90	3,09	-4,54	4,25	-2,34	-3,10	-7,08	3,00	
30	0,01	-0,07	1,35	7,25	-0,21	4,50	0,88	2,66	-4,26	4,25	-2,34	-2,77	-4,16	3,00	

Ao avaliar o ganho obtido com a seleção de progênies/linhagens de soja quanto a produtividade e resposta para maturação absoluta, fica claro que ao selecionar as progênies mais produtivas, ocorreu também um aumento no número de dias para maturação em todos os casos analisados, exceto nas combinações Z-Y-teste considerando o mérito da população e X-W-teste sem considerar a informação da população, onde reduziu-se o número de dias para atingir a maturação absoluta (TABELA 12).

Quando a seleção foi realizada com intuito de reduzir o número de dias para a maturação absoluta e resposta para produtividade, observou-se em algumas situações que ocorreu um aumento na produtividade ao selecionar as progênies/linhagens mais precoces. Porém em algumas combinações analisadas, como Z-Y-teste, Z-X-teste, X-W-teste e X-VCU observou-se redução na produtividade em certas intensidades de seleção, como era esperado (TABELA 13).

Tabela 12 - Resposta correlacionada para seleção de progênies/linhagens de soja quanto à produtividade de grãos (sacas/ha) e resposta para a maturação absoluta (dias), em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população

IS (%)		Experimentos/ Gerações													
		Z (F _{4:5})		Z (F _{4:5})		Y (F _{4:6})		Y (F _{4:6})		X (F _{4:6})		X (F _{4:6})		W (F _{4:7})	
		Y (F _{4:6})		X (F _{4:6})		X (F _{4:6})		W (F _{4:7})		W (F _{4:7})		VCU (F _{4:7})		VCU (F _{4:7})	
	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	
1	0,21	-0,68	0,85	6,19	0,00	6,56	0,18	2,53	0,53	2,32	2,95	4,40	5,82	7,34	
5	0,08	-0,62	0,34	6,18	0,72	6,81	0,75	1,54	0,23	2,76	3,65	3,94	2,90	4,49	
10	0,00	-0,42	0,38	6,68	1,33	7,77	0,66	1,87	0,37	2,52	3,16	4,58	2,90	4,49	
15	0,01	-0,41	0,41	6,83	1,33	8,07	0,70	2,04	-0,17	2,82	2,57	4,31	3,82	5,12	
20	0,02	-0,39	0,46	6,96	1,80	8,07	0,73	2,20	-0,39	3,15	2,61	4,14	2,05	5,12	
25	0,01	-0,31	0,49	7,13	1,80	8,07	0,65	2,28	-0,26	3,17	2,61	4,12	2,43	5,27	
30	0,01	-0,16	0,50	7,27	1,80	8,07	0,64	2,35	-0,31	3,24	1,74	4,04	2,43	4,00	

Tabela 13 - Resposta correlacionada para seleção de progênies/linhagens de soja quanto a maturação absoluta (dias) e resposta para a produtividade (sacas/ha), em diferentes intensidades de seleção (IS) e em diferentes experimentos/gerações, considerando e desconsiderando o efeito da população

Experimentos/ Gerações															
IS	Z (F_{4:5})		Z (F_{4:5})		Y (F_{4:6})		Y (F_{4:6})		X (F_{4:6})		X (F_{4:6})		W (F_{4:7})		
	Y (F_{4:6})		X (F_{4:6})		X (F_{4:6})		W (F_{4:7})		W (F_{4:7})		VCU (F_{4:7})		VCU (F_{4:7})		
(%)	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.	Sem pop.	Com pop.									
1	-0,46	-0,13	3,75	5,51	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	
5	2,18	3,75	4,54	4,88	3,75	7,52	0,48	1,11	-37,66	-23,51	0,00	0,00	0,00	0,00	
10	0,45	2,58	1,99	3,52	3,75	5,71	3,30	1,61	-14,82	-14,18	0,00	0,00	0,00	0,00	
15	-1,82	2,52	0,29	3,30	3,67	5,71	3,10	2,84	-7,07	-9,77	-7,98	0,00	0,00	10,20	
20	-3,38	2,89	-1,39	3,97	5,08	5,93	3,07	3,99	-4,41	-3,23	-7,98	0,00	0,55	11,05	
25	-2,41	1,62	-1,47	3,61	5,08	7,61	1,60	4,54	-4,41	-2,36	-3,02	-3,24	0,55	11,05	
30	-2,49	2,87	-2,52	4,32	4,40	7,61	0,60	4,48	-4,77	-2,36	-3,02	-5,04	1,54	11,05	

4.2 Análise sequencial para seleção de linhagens de soja em experimentos de valor de cultivo e uso (VCU)

Observou-se que para o caráter produtividade de grãos (sacas/ha) ocorreu uma alteração na magnitude dos componentes de variância de genética entre populações e de progênies dentro de populações e das interações a medida que se considerou duas ou mais gerações. Nota-se também que há um pequeno incremento na variância do erro nas estratégias B, C, D e E quando comparado com a estratégia A e que ao considerar um maior número de experimentos a estimativa da acurácia reduz (TABELA 14).

Para maturação absoluta ocorreu um aumento na magnitude dos componentes de variância entre populações e do erro e um decréscimo na magnitude do componente de progênies dentro de populações ao longo das análises sequenciais. Os componentes de variância das interações também tiveram suas magnitudes alteradas ao se considerar as estratégias B, C, D e E. Ao contrário do observado para o caráter produtividade, nota-se para maturação absoluta que a medida que se considerou dois ou mais experimentos a estimativa da acurácia melhorou (TABELA 15).

Tabela 14 - Estimativas das componentes da variância fenotípica, da herdabilidade na média das progênieis ($h^2\mu$) e da acurácia ($r\tilde{g}g$) nas análises sequenciais referente ao caráter produtividade de grãos (sacas/ha).

Componentes de Variância	ESTRATÉGIAS				
	A	B	C	D	E
σ_P^2	11,28	17,53	4,89	11,09	8,89
σ_G^2	9,57	17,71	12,40	7,02	6,29
σ_{PxL}^2	4,76	12,59	6,64	12,16	11,71
σ_{GxL}^2	12,26	9,43	9,66	8,14	5,92
σ_{PxE}^2	-	0,00	11,33	5,02	6,68
σ_{GxE}^2	-	4,52	3,86	5,00	4,40
σ_{PxExL}^2	-	2,24	12,57	7,68	8,50
σ_{GxExL}^2	-	10,18	10,08	9,29	8,43
σ_e^2	36,76	49,25	38,58	37,15	39,91
$h^2\mu$	0,8422	0,7820	0,7026	0,7290	0,6579
$r\tilde{g}g$ (%)	91,77	88,43	83,82	85,38	81,11

A: experimento VCU; B: experimentos VCU e W-teste; C: experimentos VCU, W-teste e X-teste; D: experimentos VCU, W-teste, X-teste e Y-teste; E: experimentos VCU, W-teste, X-teste, Y-teste e Z-teste; σ_P^2 : variância entre populações; σ_G^2 : variância entre progênieis dentro de populações; σ_{PxL}^2 : variância da interação entre populações x locais; σ_{GxL}^2 : variância da interação entre progênieis dentro de populações x locais; σ_{PxE}^2 : variância da interação entre populações x experimentos; σ_{GxE}^2 : variância da interação entre progênieis dentro de populações x experimentos; σ_{PxExL}^2 : variância da interação entre populações x experimentos x locais; σ_{GxExL}^2 : variância da interação entre progênieis dentro de populações x experimentos x locais; σ_e^2 : variância do erro; $h^2\mu$: herdabilidade em nível de progênieis; $r\tilde{g}g$: acurácia em nível de progênieis;

Tabela 15 - Estimativas das componentes da variância fenotípica, da herdabilidade na média das progênieis ($h^2\mu$) e da acurácia ($r\tilde{g}g$) nas análises sequenciais referente ao caráter maturação absoluta (dias).

Componentes de Variância	ESTRATÉGIAS				
	A	B	C	D	E
σ_p^2	32,90	44,82	66,29	61,27	48,10
σ_G^2	13,38	9,17	4,43	4,11	1,87
σ_{PxL}^2	3,14	1,34	0,45	0,68	0,76
σ_{GxL}^2	1,96	2,20	0,42	0,04	0,00
σ_{PxE}^2	-	0,01	1,31	1,03	3,67
σ_{GxE}^2	-	0,00	1,09	0,62	1,06
σ_{PxExL}^2	-	0,17	1,64	0,87	1,00
σ_{GxExL}^2	-	0,21	1,65	4,89	3,09
σ_e^2	3,48	4,17	3,58	4,83	5,84
$h^2\mu$	0,9285	0,9573	0,9726	0,9722	0,9702
$r\tilde{g}g$ (%)	96,36	97,84	98,62	98,60	98,50

A: experimento VCU; B: experimentos VCU e W-teste; C: experimentos VCU, W-teste e X-teste; D: experimentos VCU, W-teste, X-teste e Y-teste; E: experimentos VCU, W-teste, X-teste, Y-teste e Z-teste; σ_p^2 : variância entre populações; σ_G^2 : variância entre progênieis dentro de populações; σ_{PxL}^2 : variância da interação entre populações x locais; σ_{GxL}^2 : variância da interação entre progênieis dentro de populações x locais; σ_{PxE}^2 : variância da interação entre populações x experimentos; σ_{GxE}^2 : variância da interação entre progênieis dentro de populações x experimentos; σ_{PxExL}^2 : variância da interação entre populações x experimentos x locais; σ_{GxExL}^2 : variância da interação entre progênieis dentro de populações x experimentos x locais σ_e^2 : variância do erro; $h^2\mu$: herdabilidade em nível de progênieis; $r\tilde{g}g$: acurácia em nível de progênieis;

Ao estimar os BLUP's, as variâncias dos erros de predição e as acurácias dos dez melhores genótipos selecionados no experimento VCU, para maior produtividade e menor número de dias para atingir a maturação absoluta, observou-se para produtividade que entre os dez melhores genótipos estão três testemunhas (PSG10025:1 e PSG10035:1). Verifica-se ainda que ao longo das análises sequenciais ocorreu um incremento nas estimativas da variância do erro

de predição (PEV), ocasionando consequentemente redução na acurácia dos genótipos (TABELA 16) e que apenas a linhagem PSG10195:38 e as testemunhas PSG10025:1 e PSG10035:1 diferiram-se da média, pois seus intervalos de confiança ficaram acima da média (FIGURA 2).

Também é possível perceber que ocorreu uma alteração no ranqueamento dos genótipos selecionados no experimento VCU ao se considerar dois ou mais experimentos. Observa-se que as linhagens PSG10025:1, PSG10035:1, PSG10195:38 e PSG10203:170 mantiveram seu posicionamento constante ao se considerar as estratégias B, C, D e E. As demais linhagens alteraram sua classificação ao longo das estratégias (GRÁFICO 1).

Para a maturação absoluta entre os dez genótipos selecionados com menor número de dias para atingir a maturação, estão três testemunhas PSG10032:1, PSG10034:1, PSG10012:1. Nota-se, de forma geral que nas estratégias B, C, D e E ocorreu uma redução na magnitude da variância do erro de predição (PEV) acarretando consequentemente um incremento nas estimativas da acurácia dos genótipos (TABELA 17). Para esta característica todos os genótipos selecionados diferiram-se da média, exceto a linhagem PSG1035:292, que apresentou seu intervalo de confiança acima média (FIGURA 3).

Ao observar o ranqueamento dos genótipos para maturação absoluta, percebe-se que ao considerar a informação de duas ou mais gerações ocorreu uma alteração na posição dos genótipos e que apenas as linhagens PSG20604:170 e PSG15180:38 mantiveram suas colocações inalteradas nas estratégias B, C, D e E (GRÁFICO 2).

Tabela 16 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV) e acurácias ($r_{\tilde{g}g}$) dos dez melhores genótipos selecionados na estratégia A (experimento VCU) quanto a produtividade de grãos de grãos, ao longo das análises sequenciais.

Genótipos	ESTRATÉGIAS														
	A			B			C			D			E		
	Blup	PEV	$r_{\tilde{g}g}$	Blup	PEV	$r_{\tilde{g}g}$	Blup	PEV	$r_{\tilde{g}g}$	Blup	PEV	$r_{\tilde{g}g}$	Blup	PEV	$r_{\tilde{g}g}$
PSG10195:38	7,93	2,47	93,90	2,28	6,30	90,65	7,10	3,57	89,07	5,58	3,01	91,31	6,32	2,62	90,95
PSG10025:1	6,02	2,26	94,43	9,88	4,15	93,93	9,49	3,41	89,60	7,45	2,89	91,68	7,51	2,57	91,16
PSG10035:1	3,47	2,15	94,72	5,42	4,07	94,04	5,15	3,36	89,75	4,12	2,86	91,77	4,06	2,53	91,28
PSG10196:35	3,34	3,02	92,46	2,85	6,21	90,77	2,80	5,48	82,66	1,82	4,14	87,83	2,07	3,73	86,84
PSG15178:38	3,10	2,49	93,83	2,28	6,30	90,61	4,49	3,63	88,90	3,45	3,05	91,21	3,98	2,65	90,86
PSG10194:35	3,07	3,04	92,43	2,48	6,22	90,75	1,89	4,07	87,43	1,36	3,25	90,58	2,19	2,83	90,22
PSG10295:170	2,63	2,37	94,13	1,93	5,90	91,24	2,29	4,91	84,60	1,59	3,91	88,54	1,64	3,52	87,64
PSG10040:1	2,57	2,12	94,78	3,91	4,03	94,11	4,56	2,58	92,22	3,71	2,27	93,51	3,84	2,00	93,17
PSG10203:170	2,55	2,50	93,81	1,74	6,11	90,91	2,21	5,00	84,33	1,53	3,96	88,40	1,67	3,56	87,50
PSG21405:170	2,32	2,43	94,00	1,55	6,04	91,03	3,03	3,60	88,98	2,38	3,04	91,23	2,56	2,64	90,88

Tabela 17 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV) e acurácias ($r_{\tilde{g}}$) dos dez melhores genótipos selecionados na estratégia A (experimento VCU) quanto a maturação absoluta (dias), ao longo das análises sequenciais.

Genótipos	ESTRATÉGIAS														
	A			B			C			D			E		
	Blup	PEV	$r_{\tilde{g}}$	Blup	PEV	$r_{\tilde{g}}$	Blup	PEV	$r_{\tilde{g}}$	Blup	PEV	$r_{\tilde{g}}$	Blup	PEV	$r_{\tilde{g}}$
PSG10032:1	-6,85	1,60	98,25	-7,37	0,65	99,40	-5,20	0,80	99,43	-5,13	0,73	99,44	-3,88	0,64	99,36
PSG15180:38	-6,72	1,31	98,57	-6,60	0,93	99,13	-4,36	0,78	99,45	-4,27	0,74	99,43	-3,11	0,62	99,38
PSG10291:38	-4,79	1,31	98,57	-4,70	0,93	99,13	-3,85	1,23	99,12	-3,68	1,12	99,14	-2,33	0,92	99,07
PSG15216:38	-4,63	1,31	98,57	-4,54	0,93	99,13	-3,77	0,78	99,45	-3,60	0,74	99,43	-2,70	0,61	99,38
PSG10034:1	-4,12	1,61	98,24	-4,65	0,74	99,31	-2,34	1,29	99,08	-2,21	1,17	99,10	-1,41	0,95	99,05
PSG10305:292	-3,78	9,72	88,88	-8,34	3,24	96,96	-7,86	2,28	98,37	-9,85	1,85	98,58	-3,53	1,48	98,51
PSG10294:170	-3,70	1,08	98,82	-3,85	0,56	99,48	-2,03	1,24	99,12	-1,88	1,12	99,14	-1,24	0,92	99,07
PSG21389:170	-3,52	1,04	98,86	-3,75	0,54	99,50	-2,30	0,75	99,47	-2,21	0,72	99,45	-2,02	0,60	99,39
PSG10012:1	-3,31	1,59	98,27	-4,14	0,64	99,41	-2,04	0,57	99,59	-2,03	0,45	99,66	-1,65	0,37	99,63
PSG20604:170	-3,15	1,08	98,83	-3,31	0,55	99,49	-1,88	0,79	99,44	-1,72	0,78	99,40	-1,21	0,64	99,36

Figura 2 - Intervalo de predição dos genótipos no experimento VCU quanto a produtividade de grãos (sacas/ha).

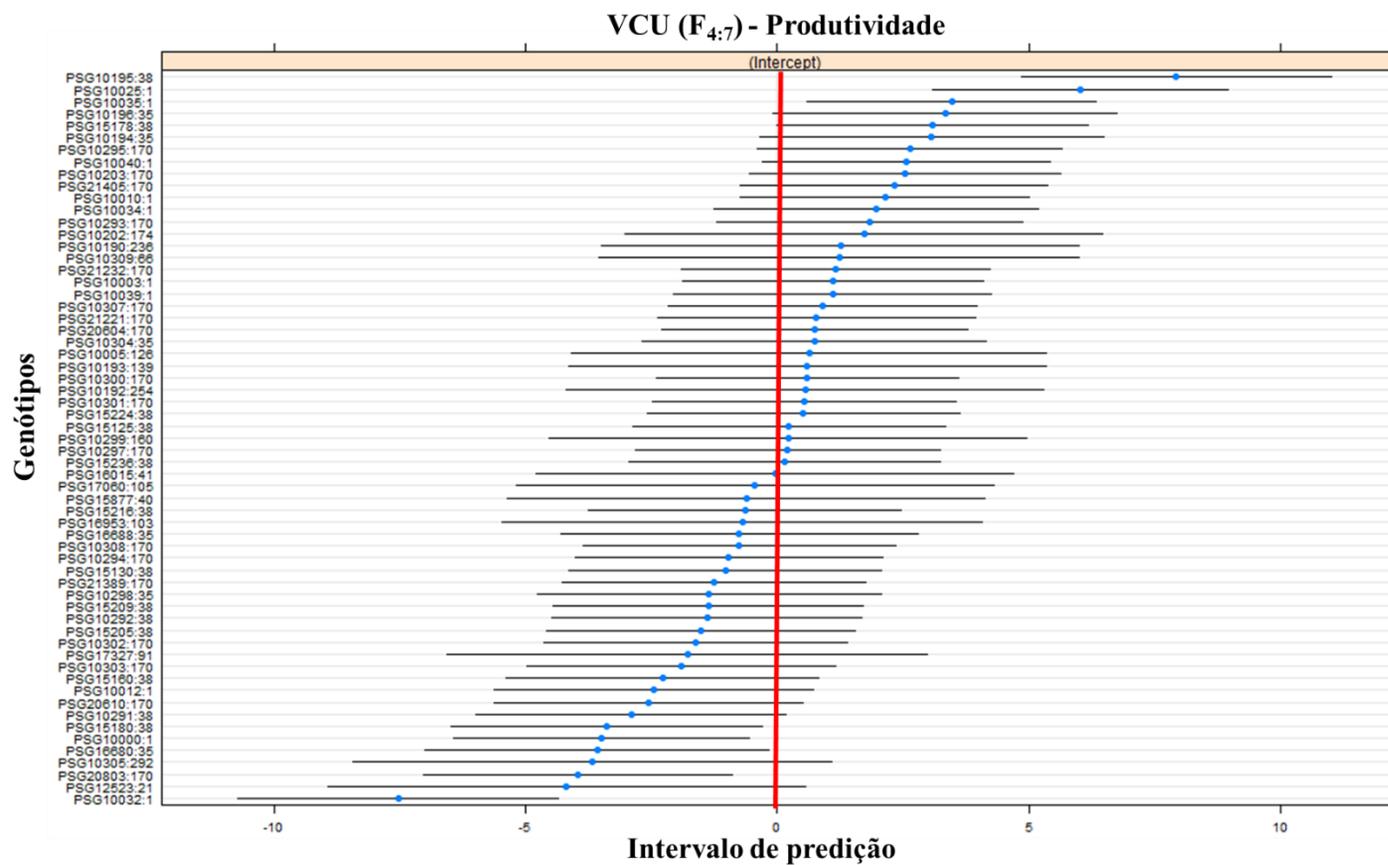


Figura 3 - Intervalo de predição dos genótipos no experimento VCU quanto a maturação absoluta (dias).

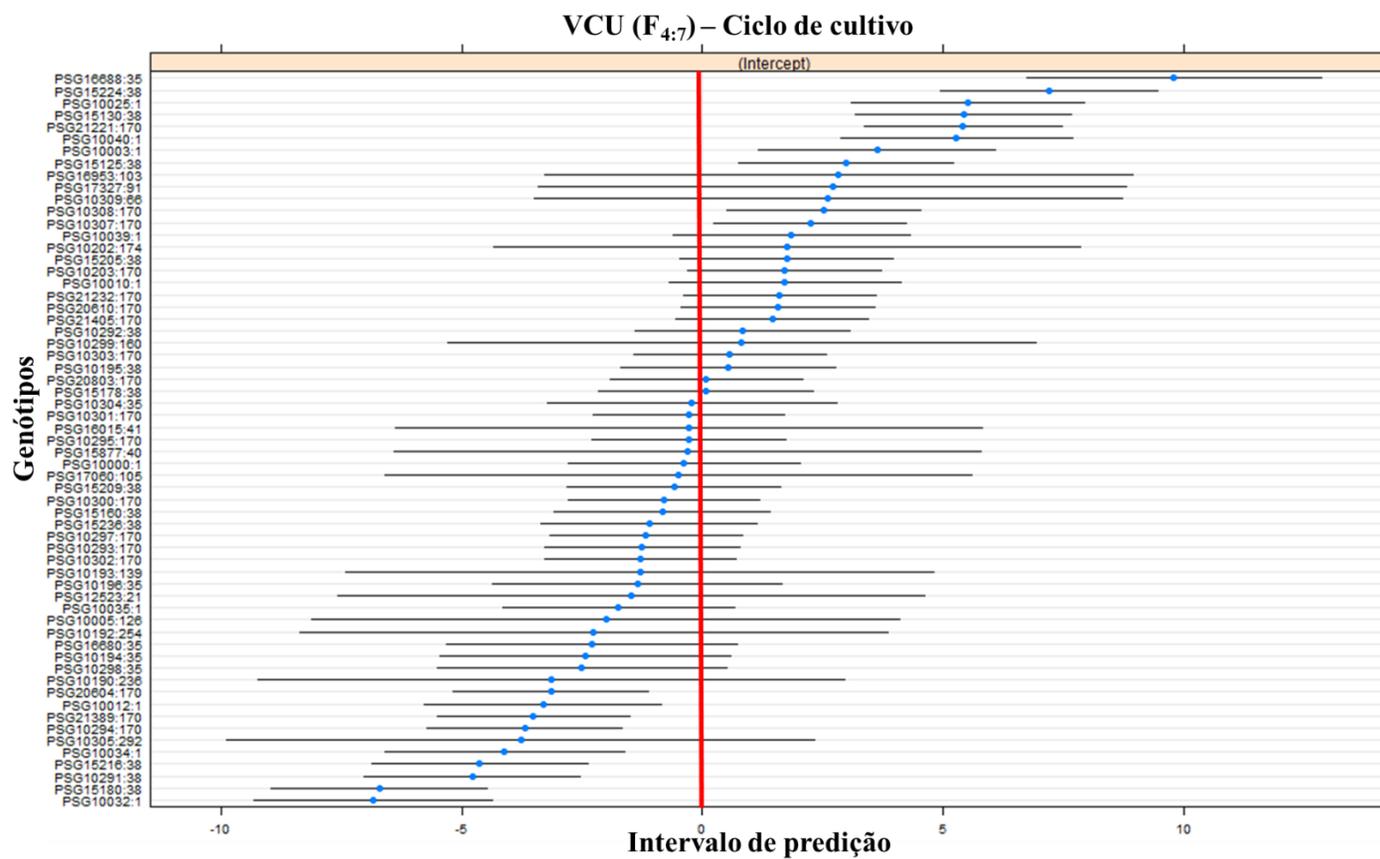
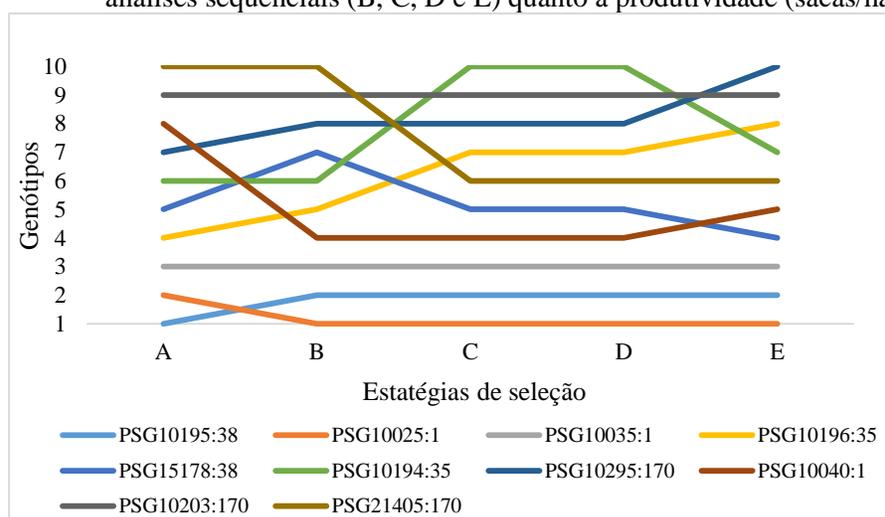
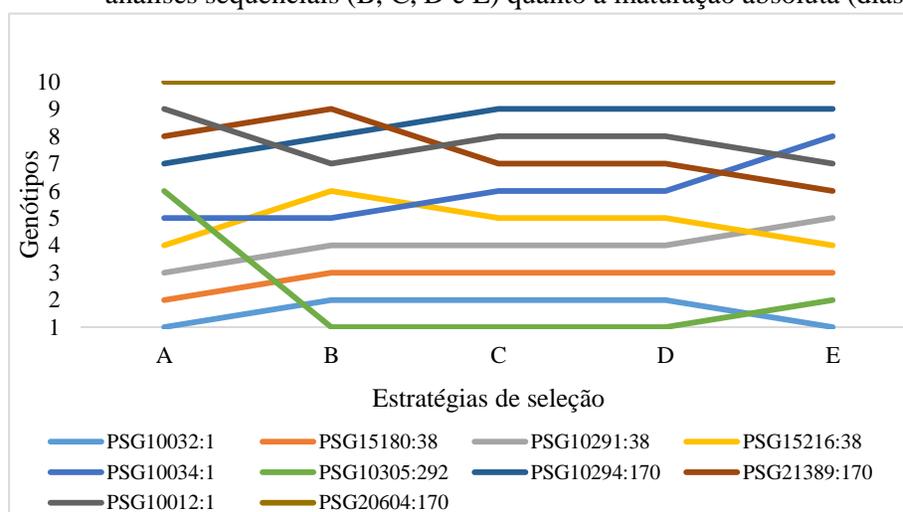


Gráfico 1 - Ranqueamento dos genótipos selecionados na estratégia A e nas análises sequenciais (B, C, D e E) quanto à produtividade (sacas/ha).



A: experimento VCU; B: experimentos VCU e W-teste; C: experimentos VCU, W-teste e X-teste; D: experimentos VCU, W-teste, X-teste e Y-teste; E: experimentos VCU, W-teste, X-teste, Y-teste e Z-teste.

Gráfico 2 - Ranqueamento dos genótipos selecionados na estratégia A e nas análises sequenciais (B, C, D e E) quanto a maturação absoluta (dias).



A: experimento VCU; B: experimentos VCU e W-teste; C: experimentos VCU, W-teste e X-teste; D: experimentos VCU, W-teste, X-teste e Y-teste; E: experimentos VCU, W-teste, X-teste, Y-teste e Z-teste.

Verificou-se também o comportamento das dez melhores linhagens em cada análise sequencial e a coincidência dessas linhagens selecionadas nas estratégias B, C, D e E com as selecionadas na estratégia A (experimento VCU) (TABELAS 18, 19, 20 e 21). Evidenciou-se para produtividade de grãos que apenas dois genótipos são coincidentes ao longo das análises sequenciais com aqueles selecionados no experimento VCU, sendo uma linhagem em teste PSG10195:38 e uma testemunha PSG10025:1. Ainda é possível perceber que o ranqueamento das linhagens coincidentes alterou à medida que se considerou duas ou mais gerações (TABELAS 18 e 19). Esses genótipos coincidentes nas estratégias de análises sequenciais diferiram se da média, pois seus intervalos de predição estão acima da média (FIGURA 2).

Para maturação absoluta observou uma maior coincidência dos genótipos nas estratégias B e C. Já nas estratégias D e E apenas um genótipo foi coincidente com aqueles selecionados no experimento VCU. Para esta característica também se observou uma alteração no ranqueamento dos genótipos coincidentes ao levar em consideração as análises sequenciais. Verificou-se ainda que a testemunha PSG10032:1 e a linhagem PSG10305:292 foram as únicas que estiveram presentes em pelo menos três estratégias de análise (TABELAS 20 e 21). Apesar disso, a linhagem PSG10305:292 não se diferiu da média, pois seu intervalo de confiança estava acima da média. Todos os demais genótipos coincidentes diferiram da média (FIGURA 3).

Tabela 18 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias ($r_{\hat{g}}$) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (B e C) quanto a produtividade de grãos (sacas/ha).

ESTRATÉGIAS											
A				B				C			
Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\hat{g}}$	Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\hat{g}}$	Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\hat{g}}$
PSG10195:38	7,93	2,47	90,65	PSG10002:1	9,95	6,28	89,60	PSG10025:1	9,49	3,41	91,68
PSG10025:1	6,02	2,26	93,93	PSG10025:1	9,88	4,15	84,18	PSG10002:1	9,25	5,04	88,37
PSG10035:1	3,47	2,15	90,02	PSG10285:170	7,20	6,68	80,06	PSG12981:66	8,71	6,21	88,35
PSG10196:35	3,34	3,02	88,86	PSG13169:69	6,85	7,42	79,71	PSG12980:66	8,52	6,30	86,67
PSG15178:38	3,10	2,49	89,86	PSG10282:170	6,39	6,78	78,84	PSG10342:286	7,84	6,54	89,54
PSG10194:35	3,07	3,04	89,50	PSG15606:40	6,34	7,01	89,07	PSG10195:38	7,10	3,57	86,52
PSG10295:170	2,63	2,37	90,65	PSG10195:38	6,27	6,28	83,25	PSG10285:170	6,85	5,31	89,93
PSG10040:1	2,57	2,12	90,65	PSG10001:1	5,72	6,28	81,59	PSG13169:69	6,60	5,78	86,17
PSG10203:170	2,55	2,50	89,95	PSG21260:170	5,66	6,73	79,33	PSG10399:290	6,35	6,41	91,31
PSG21405:170	2,32	2,43	89,34	PSG15649:40	5,51	7,12	81,07	PSG12492:21	6,21	5,93	87,35
Coincidência (%) ^{1/}				20				20			

^{1/}Com a geração de referência (estratégia A).

Tabela 19 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias ($r_{\tilde{g}g}$) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (B e C) quanto a produtividade de grãos (sacas/ha).

ESTRATÉGIAS											
Genótipo	A			Genótipo	D			Genótipo	E		
	BLUP	PEV	$r_{\tilde{g}g}$		BLUP	PEV	$r_{\tilde{g}g}$		BLUP	PEV	$r_{\tilde{g}g}$
PSG10195:38	7,93	2,47	90,65	PSG10025:1	7,45	2,89	91,68	PSG10025:1	7,51	2,57	91,16
PSG10025:1	6,02	2,26	93,93	PSG10002:1	6,71	3,97	88,37	PSG10002:1	6,64	3,55	87,51
PSG10035:1	3,47	2,15	90,02	PSG11087:12	6,44	3,97	88,35	PSG12980:66	6,48	3,90	86,21
PSG10196:35	3,34	3,02	88,86	PSG12981:66	6,29	4,51	86,67	PSG10195:38	6,32	2,62	90,95
PSG15178:38	3,10	2,49	89,86	PSG13169:69	6,19	3,59	89,54	PSG12981:66	6,30	3,85	86,38
PSG10194:35	3,07	3,04	89,50	PSG12980:66	6,12	4,55	86,52	PSG13169:69	6,24	3,14	89,06
PSG10295:170	2,63	2,37	90,65	PSG10285:170	5,68	3,46	89,93	PSG11087:12	5,93	3,48	87,79
PSG10040:1	2,57	2,12	90,65	PSG10342:286	5,63	4,66	86,17	PSG10285:170	5,60	3,03	89,47
PSG10203:170	2,55	2,50	89,95	PSG10195:38	5,58	3,01	91,31	PSG12030:22	5,58	5,69	79,08
PSG21405:170	2,32	2,43	89,34	PSG12982:66	5,15	4,29	87,35	PSG10342:286	5,57	4,22	84,98
Coincidência (%) ^{1/}				20				20			

^{1/} Com a geração de referência (estratégia A).

Tabela 20 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias ($r_{\hat{g}}$) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (B e C) quanto a maturação absoluta (dias).

ESTRATÉGIAS											
A				B				C			
Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\hat{g}}$	Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\hat{g}}$	Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\hat{g}}$
PSG10032:1	-6,85	1,60	99,11	PSG10031:1	-15,07	0,96	99,44	PSG10031:1	-10,13	0,79	98,58
PSG15180:38	-6,72	1,31	99,11	PSG10148:1	-12,24	0,96	99,39	PSG10148:1	-9,72	0,86	99,50
PSG10291:38	-4,79	1,31	96,96	PSG10305:292	-8,34	3,24	98,37	PSG10305:292	-7,86	2,28	99,35
PSG15216:38	-4,63	1,31	99,40	PSG10032:1	-7,37	0,65	99,07	PSG10009:1	-7,75	1,31	98,39
PSG10034:1	-4,12	1,61	99,13	PSG15180:38	-6,60	0,93	99,00	PSG10155:1	-7,42	1,40	98,76
PSG10305:292	-3,78	9,72	99,27	PSG10033:1	-4,80	0,79	99,43	PSG10032:1	-5,20	0,80	99,00
PSG10294:170	-3,70	1,08	99,13	PSG10291:38	-4,70	0,93	98,56	PSG20472:281	-4,95	2,02	98,91
PSG21389:170	-3,52	1,04	99,31	PSG10034:1	-4,65	0,74	99,08	PSG20563:170	-4,53	1,29	98,63
PSG10012:1	-3,31	1,59	99,13	PSG15216:38	-4,54	0,93	99,45	PSG15180:38	-4,36	0,78	98,63
PSG20604:170	-3,15	1,08	99,34	PSG20785:170	-4,48	0,71	98,97	PSG10354:16	-4,35	1,45	98,61
Coincidência (%) ^{1/}				60				30			

^{1/} Com a geração de referência (estratégia A).

Tabela 21 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias ($r_{\hat{g}g}$) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (B e C) quanto a maturação absoluta (dias).

ESTRATÉGIAS											
Genótipo	A			Genótipo	D			Genótipo	E		
	BLUP	PEV	$r_{\hat{g}g}$		BLUP	PEV	$r_{\hat{g}g}$		BLUP	PEV	$r_{\hat{g}g}$
PSG10032:1	-6,85	1,60	99,11	PSG10305:292	-9,85	1,85	98,58	PSG10031:1	-8,25	0,51	99,49
PSG15180:38	-6,72	1,31	99,11	PSG10031:1	-9,54	0,65	99,50	PSG10148:1	-6,65	0,71	99,28
PSG10291:38	-4,79	1,31	96,96	PSG10148:1	-9,38	0,85	99,35	PSG12983:66	-4,59	1,05	98,94
PSG15216:38	-4,63	1,31	99,40	PSG20482:281	-7,75	2,09	98,39	PSG13126:69	-4,34	1,02	98,97
PSG10034:1	-4,12	1,61	99,13	PSG13126:69	-7,64	1,60	98,76	PSG10155:1	-3,98	1,04	98,95
PSG10305:292	-3,78	9,72	99,27	PSG10009:1	-7,25	1,31	99,00	PSG10032:1	-3,88	0,64	99,36
PSG10294:170	-3,70	1,08	99,13	PSG10155:1	-6,88	1,42	98,91	PSG13015:69	-3,61	1,07	98,92
PSG21389:170	-3,52	1,04	99,31	PSG13015:69	-6,57	1,77	98,63	PSG13018:69	-3,61	1,07	98,92
PSG10012:1	-3,31	1,59	99,13	PSG13018:69	-6,57	1,77	98,63	PSG13225:69	-3,55	1,02	98,97
PSG20604:170	-3,15	1,08	99,34	PSG12918:66	-6,55	1,80	98,61	PSG13037:69	-3,55	1,02	98,97
Coincidência (%) ^{1/}				10				10			

^{1/}Com a geração de referência (estratégia A).

Ao considerando os trinta genótipos comuns aos experimentos Z-teste, X-teste e VCU observou-se para produtividade de grãos que a magnitude do componente de variância entre populações diminuiu ao passo que o componente de progênes dentro de populações aumentou ao longo das análises sequenciais. Nota-se também uma alteração na magnitude dos componentes de variância das interações e do erro nas estratégias A, F e G. Ficou evidente que a medida em que se leva em consideração duas ou três gerações no presente caso, a estimativa da acurácia permanece praticamente constante (TABELA 22).

Ao contrário do observado para produtividade, o componente de variância entre populações referente a maturação absoluta aumentou sua magnitude e o componente de progênes dentro de populações diminuiu ao se considerar as estratégias F e G. Observou-se também que a variância do erro alterou e que a acurácia quanto aos dias para maturação aumentou ao levar em conta as mesmas estratégias (TABELA 23).

Ao considerar os dez melhores genótipos selecionados no experimento VCU quanto a produtividade de grãos e seu desempenho nas análises sequenciais F e G observa-se um pequeno decréscimo na magnitude da acurácia (TABELA 24). Fica evidente também que dentre os dez melhores genótipos selecionados, apenas as linhagens PGS10195:38, PGS10010:1, PGS15178:38 e PGS21232:170 não alteraram seu ranqueamento ao longo das análises sequenciais (GRÁFICO 3) e que somente PGS10195:38 e PGS10010:1 diferiram-se da média nas estratégias A, F e G (FIGURA 4).

Tabela 22 - Estimativas das componentes da variância fenotípica, da herdabilidade na média das progênes ($h^2\mu$) e da acurácia ($r\tilde{g}g$) nas análises sequenciais referente ao caráter produtividade de grãos (sacas/ha).

Componentes de Variância	ESTRATÉGIAS		
	A	F	G
σ^2_P	7,34	6,53	3,49
σ^2_G	10,97	11,11	12,44
σ^2_{PxL}	3,60	0,00	0,00
σ^2_{GxL}	15,08	8,23	6,57
σ^2_{PxE}	-	0,32	10,78
σ^2_{GxE}	-	1,64	0,91
σ^2_{PxExL}	-	5,77	7,52
σ^2_{GxExL}	-	7,26	5,06
σ^2_e	35,24	33,25	41,28
$h^2\mu$	0,7861	0,7754	0,7445
$r\tilde{g}g$	88,66	88,06	86,28

A: experimento VCU; F: experimentos VCU e X-teste; G: experimentos VCU, X-teste e Z-teste; σ^2_P : variância entre populações; σ^2_G : variância entre progênes dentro de populações; σ^2_{PxL} : variância da interação entre populações x locais; σ^2_{GxL} : variância da interação entre progênes dentro de populações x locais; σ^2_{PxE} : variância da interação entre populações x experimentos; σ^2_{GxE} : variância da interação entre progênes dentro de populações x experimentos; σ^2_{PxExL} : variância da interação entre populações x experimentos x locais; σ^2_{GxExL} : variância da interação entre progênes dentro de populações x experimentos x locais; σ^2_e : variância do erro; $h^2\mu$: herdabilidade em nível de progênes; $r\tilde{g}g$: acurácia em nível de progênes;

Tabela 23 - Estimativas das componentes da variância fenotípica, da herdabilidade na média das progênieis ($h^2\mu$) e da acurácia ($r\tilde{g}g$) nas análises sequenciais referente ao caráter maturação absoluta (dias).

Componentes de Variância	ESTRATÉGIAS		
	A	F	G
σ^2_P	6,14	7,31	8,17
σ^2_G	23,31	13,83	11,75
σ^2_{PxL}	1,80	0,42	0,30
σ^2_{GxL}	1,63	0,00	0,00
σ^2_{PxE}	-	0,00	0,00
σ^2_{GxE}	-	1,88	1,72
σ^2_{PxExL}	-	2,10	2,72
σ^2_{GxExL}	-	2,68	1,18
σ^2_e	3,59	3,01	6,00
$h^2\mu$	0,9368	0,8372	0,8431
$r\tilde{g}g$	87,77	91,50	91,82

A: experimento VCU; F: experimentos VCU e X-teste; G: experimentos VCU, X-teste e Z-teste; σ^2_P : variância entre populações; σ^2_G : variância entre progênieis dentro de populações; σ^2_{PxL} : variância da interação entre populações x locais; σ^2_{GxL} : variância da interação entre progênieis dentro de populações x locais; σ^2_{PxE} : variância da interação entre populações x experimentos; σ^2_{GxE} : variância da interação entre progênieis dentro de populações x experimentos; σ^2_{PxExL} : variância da interação entre populações x experimentos x locais; σ^2_{GxExL} : variância da interação entre progênieis dentro de populações x experimentos x locais; σ^2_e : variância do erro; $h^2\mu$: herdabilidade em nível de progênieis; $r\tilde{g}g$: acurácia em nível de progênieis;

Da mesma forma que para produtividade, de maneira geral a acurácia dos dez melhores genótipos selecionados para maturação absoluta teve uma pequena redução em sua magnitude nas estratégias de análise F e G (TABELA 25). Vale destacar que apenas os genótipos PSG10194:35 e PSG16680:35 não alteraram sua posição no experimento VCU e nas análises sequenciais F e G e que das dez linhagens com menor número de dias para maturação, oito mantiveram o mesmo ranqueamento nas estratégias F e G (GRÁFICO 4). Para esta característica, ao considerar a estratégia A quatro genótipos diferiram-se da média, ao passo que nas estratégias F e G apenas três e duas linhagens tiveram seu intervalo de predição abaixo da média respectivamente, sendo elas a PSG10180:38 e PSG 10005:126 (FIGURA 4).

Por fim foi estimada a coincidência entre os dez melhores genótipos selecionados em cada estratégia (F e G) com os selecionados na geração de referência (A). Nota-se que ao considerar os trinta genótipos comuns aos experimentos Z-teste, X-teste e VCU ocorreu uma alta coincidência (90%) entre os genótipos selecionados no experimento VCU e nas análises sequenciais F e G, tanto para produtividade de grãos como para maturação absoluta (TABELAS 26 e 27).

Tabela 24 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV) e acurácias ($r\tilde{g}g$) dos dez melhores genótipos selecionados na estratégia A (experimento VCU) quanto a produtividade de grãos, ao longo das análises sequenciais.

ESTRATÉGIAS									
Genótipo	A			F			G		
	BLUP	PEV	$r\tilde{g}g$	BLUP	PEV	$r\tilde{g}g$	BLUP	PEV	$r\tilde{g}g$
PSG10195:38	7,54	2,93	91,65	5,82	3,05	90,94	6,83	2,91	90,40
PSG10010:1	5,16	4,44	87,02	5,01	4,37	86,74	4,72	4,52	84,61
PSG10194:35	4,11	4,10	88,11	2,97	4,17	87,38	3,44	4,31	85,40
PSG21405:170	3,34	3,31	90,50	3,66	3,44	89,71	3,80	3,37	88,80
PSG15178:38	2,67	2,90	91,74	2,79	3,07	90,89	3,23	2,92	90,37
PSG21232:170	2,21	3,34	90,43	2,12	3,42	89,78	2,39	3,34	88,88
PSG20604:170	1,17	3,39	90,28	0,86	3,58	89,26	0,91	3,56	88,10
PSG21221:170	1,15	3,62	89,57	0,76	3,75	88,75	0,82	3,74	87,45
PSG10005:126	1,04	5,55	83,47	0,09	5,35	83,46	-2,35	5,79	79,75
PSG15224:38	0,60	2,95	91,59	1,69	3,08	90,86	2,13	2,94	90,28

Tabela 25 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV) e acurácias ($r\tilde{g}g$) dos dez melhores genótipos selecionados na estratégia A (experimento VCU) quanto a maturação absoluta (dias), ao longo das análises sequenciais.

ESTRATÉGIAS									
Genótipo	A			F			G		
	BLUP	PEV	$r\tilde{g}g$	BLUP	PEV	$r\tilde{g}g$	BLUP	PEV	$r\tilde{g}g$
PSG15180:38	-8,07	2,12	96,33	-5,15	2,14	94,80	-4,87	1,83	95,29
PSG10005:126	-7,53	6,12	89,00	-5,19	5,79	85,22	-4,61	5,55	84,93
PSG12523:21	-6,06	6,15	88,94	-3,83	5,83	85,11	-3,50	5,61	84,75
PSG15216:38	-5,96	2,13	96,32	-4,60	2,14	94,81	-4,40	1,83	95,31
PSG10194:35	-3,16	4,22	92,56	-3,15	3,83	90,49	-3,12	3,44	90,95
PSG20604:170	-3,05	2,83	95,07	-2,58	2,66	93,51	-1,96	2,29	94,06
PSG16680:35	-3,01	4,22	92,56	-2,69	3,83	90,49	-2,51	3,44	90,95
PSG21389:170	-2,98	2,78	95,17	-2,88	2,61	93,62	-2,95	2,27	94,14
PSG17060:105	-2,70	6,10	89,05	-1,42	5,82	85,12	-1,09	5,61	84,76
PSG15877:40	-2,53	6,10	89,03	-1,74	5,82	85,13	-1,46	5,60	84,77

Tabela 26 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias ($r_{\hat{g}g}$) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (F e G) quanto a produtividade de grãos (sacas/ha).

ESTRATÉGIAS											
A				F				G			
Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\hat{g}g}$	Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\hat{g}g}$	Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\hat{g}g}$
PSG10195:38	7,54	2,93	91,65	PSG10195:38	5,82	3,05	90,94	PSG10195:38	6,83	2,91	90,40
PSG10010:1	5,16	4,44	87,02	PSG10010:1	5,01	4,37	86,74	PSG10010:1	4,72	4,52	84,61
PSG10194:35	4,11	4,10	88,11	PSG21405:170	3,66	3,44	89,71	PSG21405:170	3,80	3,37	88,80
PSG21405:170	3,34	3,31	90,50	PSG10194:35	2,97	4,17	87,38	PSG10194:35	3,44	4,31	85,40
PSG15178:38	2,67	2,90	91,74	PSG15178:38	2,79	3,07	90,89	PSG15178:38	3,23	2,92	90,37
PSG21232:170	2,21	3,34	90,43	PSG21232:170	2,12	3,42	89,78	PSG21232:170	2,39	3,34	88,88
PSG20604:170	1,17	3,39	90,28	PSG15224:38	1,69	3,08	90,86	PSG15224:38	2,13	2,94	90,28
PSG21221:170	1,15	3,62	89,57	PSG15130:38	0,98	3,08	90,86	PSG15130:38	1,33	2,94	90,28
PSG10005:126	1,04	5,55	83,47	PSG20604:170	0,86	3,58	89,26	PSG20604:170	0,91	3,56	88,10
PSG15224:38	0,60	2,95	91,59	PSG21221:170	0,76	3,75	88,75	PSG21221:170	0,82	3,74	87,45
Coincidência ^{1/}				90				90			

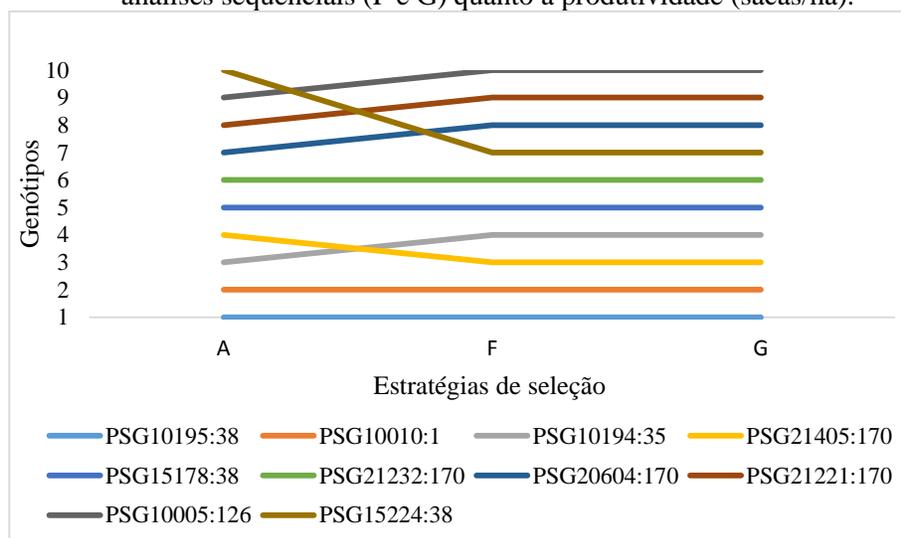
^{1/} Com a geração de referência (estratégia A)

Tabela 27 - BLUP's, variâncias do erro de predição (PEV), acurácias ($r_{\tilde{g}g}$) e coincidência dos dez melhores genótipos selecionados considerando a geração de referência (A) e nas análises sequenciais (F e G) quanto a maturação absoluta (dias).

A				F				G			
Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\tilde{g}g}$	Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\tilde{g}g}$	Genótipo	BLUP	PEV	$r_{\tilde{g}g}$
PSG15180:38	-8,07	2,12	96,33	PSG10005:126	-5,19	5,79	85,22	PSG15180:38	-4,87	1,83	95,29
PSG10005:126	-7,53	6,12	89,00	PSG15180:38	-5,15	2,14	94,80	PSG10005:126	-4,61	5,55	84,93
PSG12523:21	-6,06	6,15	88,94	PSG15216:38	-4,60	2,14	94,81	PSG15216:38	-4,40	1,83	95,31
PSG15216:38	-5,96	2,13	96,32	PSG12523:21	-3,83	5,83	85,11	PSG12523:21	-3,50	5,61	84,75
PSG10194:35	-3,16	4,22	92,56	PSG10194:35	-3,15	3,83	90,49	PSG10194:35	-3,12	3,44	90,95
PSG20604:170	-3,05	2,83	95,07	PSG21389:170	-2,88	2,61	93,62	PSG21389:170	-2,95	2,27	94,14
PSG16680:35	-3,01	4,22	92,56	PSG16680:35	-2,69	3,83	90,49	PSG16680:35	-2,51	3,44	90,95
PSG21389:170	-2,98	2,78	95,17	PSG20604:170	-2,58	2,66	93,51	PSG20604:170	-1,96	2,29	94,06
PSG17060:105	-2,70	6,10	89,05	PSG15160:38	-2,03	2,14	94,81	PSG15160:38	-1,60	1,83	95,31
PSG15877:40	-2,53	6,10	89,03	PSG15877:40	-1,74	5,82	85,13	PSG15877:40	-1,46	5,60	84,77
Coincidência ^{1/}				90				90			

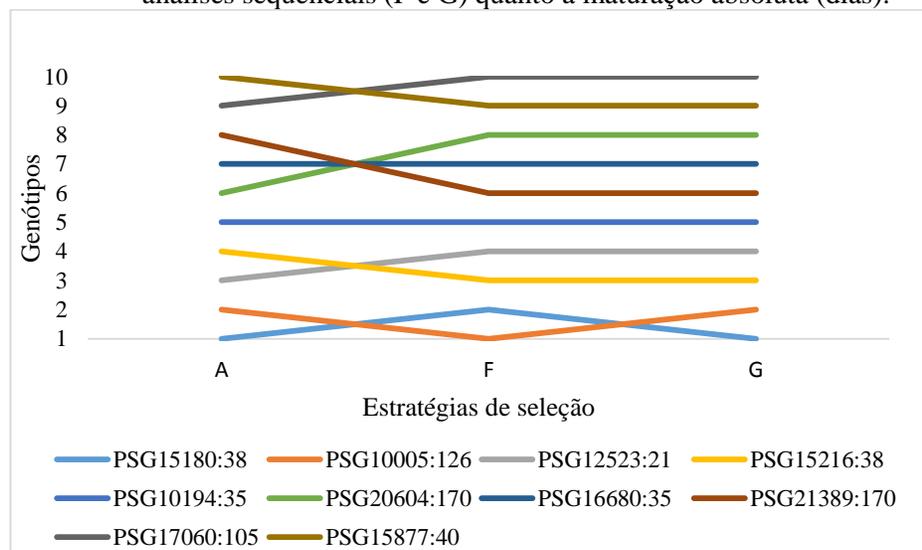
^{1/} Com a geração de referência (estratégia A).

Gráfico 3 - Ranqueamento dos genótipos selecionados na estratégia A e nas análises sequenciais (F e G) quanto a produtividade (sacas/ha).



A: experimento VCU; F: experimentos VCU e X-teste; G: experimentos VCU, X-teste e Z-teste

Gráfico 4 - Ranqueamento dos genótipos selecionados na estratégia A e nas análises sequenciais (F e G) quanto a maturação absoluta (dias).



A: experimento VCU; F: experimentos VCU e X-teste; G: experimentos VCU, X-teste e Z-teste.

Figura 4 - Intervalo de predição dos genótipos considerando a estratégia A e as análises sequenciais F e G, para produtividade de grãos (sacas/ha).

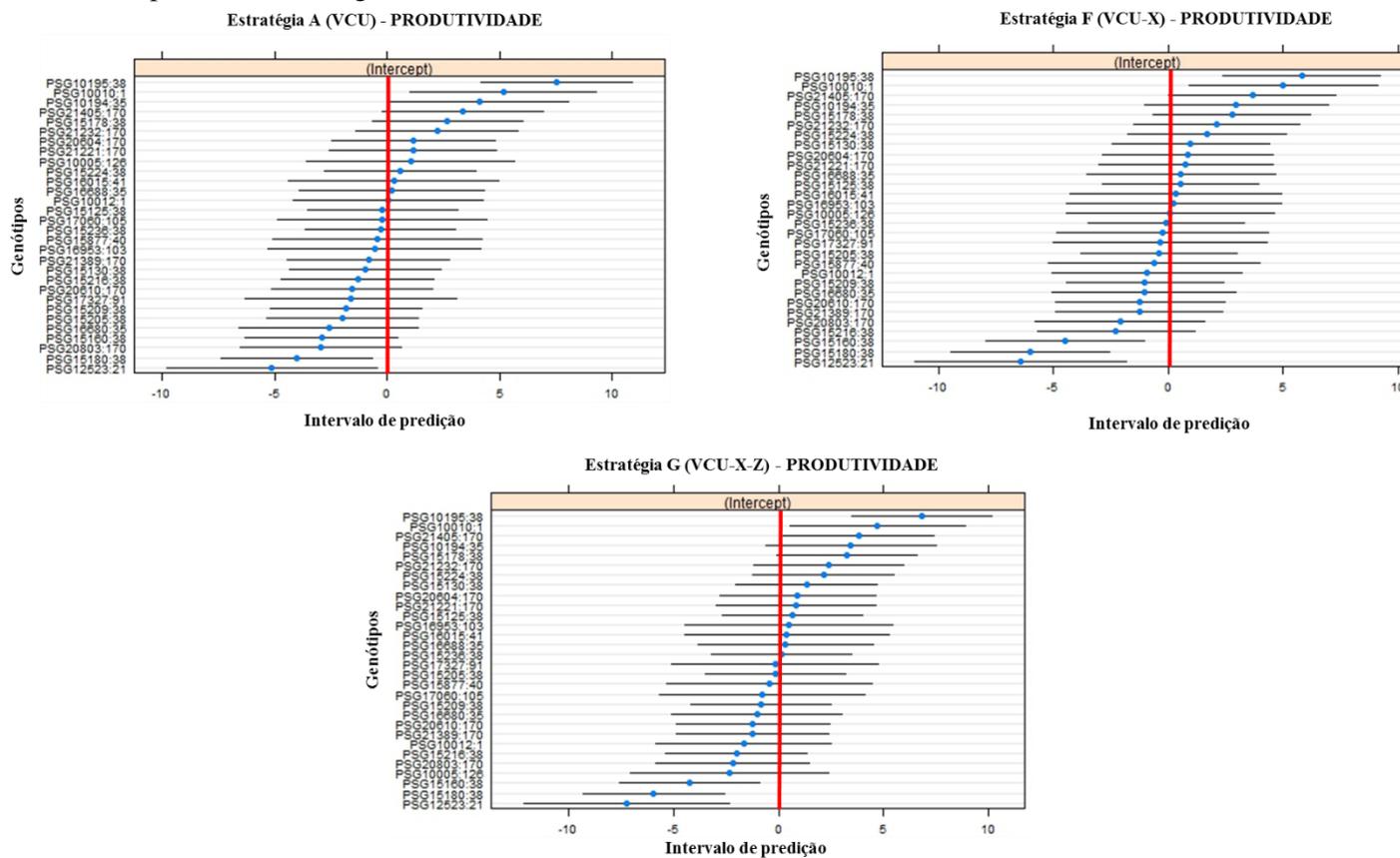
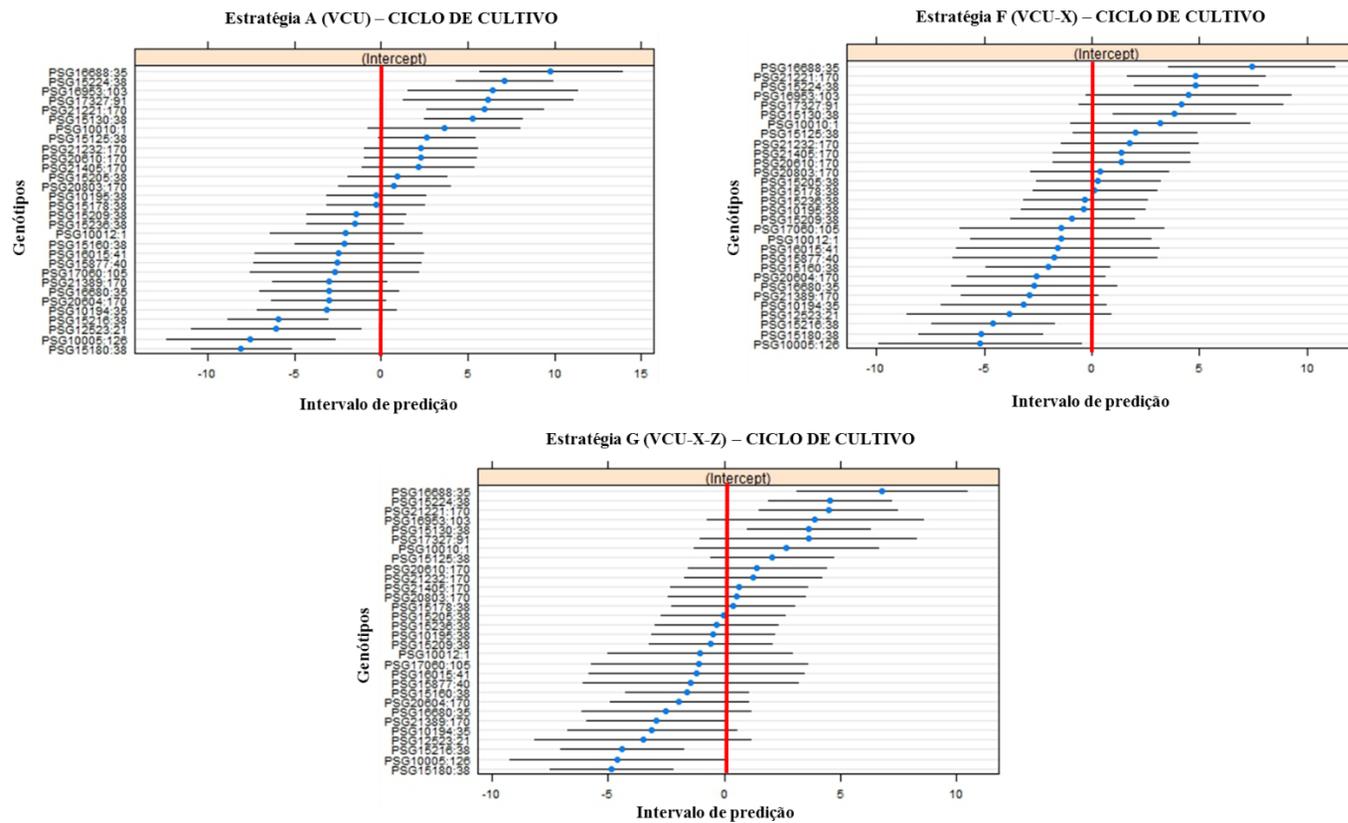


Figura 5 - Intervalo de predição dos genótipos considerando a estratégia A e as análises sequenciais F e G, para maturação absoluta (dias).



5 DISCUSSÃO

5.1 Estratégias de seleção de progênies

A precisão experimental é a chave do sucesso de qualquer programa de melhoramento genético vegetal. Isso porque experimentos precisos garantem estimativas mais acuradas e por consequência recomendações mais confiáveis. No presente trabalho a precisão foi aferida por duas estratégias distintas, porém complementares, sendo elas o coeficiente de variação experimental (C_{Ve}) e acurácia seletiva (r_{gg}).

Ficou evidente que nas gerações mais avançadas de endogamia a precisão é maior (TABELAS 4 e 5). Pode-se aventar que o aumento no número de locais, repetições ao longo das gerações/experimentos e até mesmo o tipo de delineamento adotado (TABELA 2), foi fundamental para este incremento. Na literatura alguns relatos na cultura da soja (SOARES et al., 2015; SILVA et al., 2016) corroboram os achados obtidos no presente trabalho.

Na maioria das gerações avaliadas, observou-se alterações sutis na magnitude do C_{Ve} e da r_{gg} quando da incorporação do mérito da população. Entretanto em alguns casos essa alteração foi mais pronunciada, ficando claro que o mérito da população pode contribuir para melhorar essas estimativas. No melhoramento de soja, não há relatos da utilização do mérito da população para a estimação dos componentes genéticos e fenotípicos. Porém, o uso dessa informação é predominantemente observado no melhoramento florestal (COSTA et al., 2010; FURTINI, 2011) e animal (NASCIMENTO, 2014; BARRETO NETO, 2014; BRAGA, 2016) para melhorar a precisão de estimativas que auxiliam na seleção de genótipos superiores. Duarte e Venkovsky (2001) ressaltam que a inclusão da informação da população pode alterar o

posicionamento de progênies mesmo em condições de balanceamento e ortogonalidade e conseqüentemente os componentes genéticos e fenotípicos, como observado neste trabalho (TABELAS 4 e 5).

O bom êxito dos programas de melhoramento perfaz-se pela existência de variabilidade (BERNARDO, 2010; RAMALHO, 2012). Neste estudo ficou evidenciado que as componentes da variância genética entre populações e entre progênies dentro de populações e também das interações foram significativas, para as duas características avaliadas. Desse modo é possível inferir que há variabilidade genética entre as populações e entre as progênies de cada população, e ainda que a resposta relativa das populações e das progênies dentro de populações variou nos diferentes locais em todas as gerações/experimentos avaliados (TABELAS 4 e 5). Este fato era esperado pois nos cruzamentos realizados para a obtenção das progênies segregantes houve predomínio de genótipos favoráveis e contrastantes para caracteres de importância no melhoramento da soja no Brasil tais como produtividade de grãos e número de dias para atingir a maturidade fisiológica (SEDIYAMA, 2015).

O componente da variância associado a interação para produtividade de grãos foi de maior magnitude que os componentes isolados entre progênies dentro de populações e locais (TABELA 4). Este resultado permite inferir que a interação para o caráter produtividade é importante e vem sendo observada no melhoramento da soja (BUENO et al., 2013; SOARES et al., 2015; SILVA et al., 2016). Assim nas etapas finais dos programas de melhoramento de soja deve-se priorizar pela avaliação extensiva das linhagens em vários locais e anos agrícolas.

Para a maturação absoluta, muito embora o efeito da interação genótipos x ambientes tenha sido significativa, a mesma foi de pequena magnitude quando comparada as estimativas da produtividade de grãos (sacas/ha) (TABELA 5). Esse fato pode ser justificado pois a produtividade é um caráter quantitativo controlado por um grande número de genes e conseqüentemente muito influenciado pelo

ambiente. Já a maturação absoluta por apresentar herança mais simples possui menor influência dos fatores ambientais (RAMALHO et al., 2012).

O principal objetivo deste trabalho foi avaliar o mérito da população para a identificação das melhores progênies/linhagens, bem como para obtenção das estimativas dos componentes genéticos e fenotípicos. Os resultados propiciam inferir que estes componentes foram melhor estimados quando a informação da população foi contemplada e que essa informação teve maior impacto nas gerações iniciais do programa de melhoramento. Resultados semelhantes aos do presente estudo não foram encontrados na literatura no que diz respeito ao mérito da população na cultura da soja. Entretanto, alguns trabalhos evidenciam a importância do uso da informação parentesco no melhoramento vegetal e ainda relatam que esta informação contribui para melhorar as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos (NUNES et al., 2008; PIEPHO; MOHRING, 2008; PINHEIRO et al., 2013).

No que tange a coincidência na seleção das melhores progênies/linhagens de soja considerando e desconsiderando o mérito da população, observou-se que nas etapas iniciais do programa e em baixas intensidades de seleção, o percentual de coincidentes foi de menor proporção. O mesmo pode ser observado para os valores de correlação, evidenciando que apesar de ter-se observado alta correlação entre as estratégias avaliadas os genótipos selecionados ao considerar ou não a informação da população não necessariamente seriam os mesmos (TABELA 6 e 7). Ao longo das etapas do programa de melhoramento ocorre a seleção das melhores progênies/linhagens. Nas etapas finais do programa espera-se que os melhores genótipos estejam nas melhores populações e que o número de populações as quais esses indivíduos se originaram seja pequeno (TABELA 2) e por isso as estimativas de coincidência e da correlação entre as duas estratégias foram elevadas com o avanço das gerações de endogamia.

Achados na literatura relatam que quando a informação da população é ignorada, pode haver seleção equivocada dos melhores indivíduos e ainda que a inclusão da informação de parentesco via BLUP pode incrementar os ganhos genéticos obtidos com a seleção, bem como aumentar a precisão na obtenção dos valores genéticos pela melhoria na estimativa da acurácia (RAMALHO et al., 2012; NUNES et al., 2008; PIEPHO; MOHRING, 2006; DUARTE; VENKOVSKY, 2001).

Em qualquer estratégia de seleção o atributo de sucesso perfaz-se pela quantificação do ganho esperado e realizado com a seleção. Para estas estimativas ficou evidenciado que a inclusão do mérito da população proporcionou ganhos de maior magnitude para o caráter produtividade (TABELA 8). Resultados semelhantes a este foram evidenciados por Pinheiro et al. (2013) que relatam que a inclusão do parentesco proporcionou maior sucesso na seleção para produtividade em progênies de soja. No presente estudo, observou-se também que as estimativas do ganho realizado são de menor magnitude do que o ganho esperado com a seleção para as duas características estudadas (TABELA 10 e 11). Uma provável causa desse fato seria o efeito da interação genótipos x ambientes.

Para a maturação absoluta quando se considerou o mérito da população o ganho esperado foi de maior magnitude do que quanto essa informação foi ignorada (TABELA 9). Entretanto, muito embora para estimar o ganho realizado a seleção tenha sido feita com intuito de se reduzir os dias para maturação, fica evidente que este fato ocorreu somente em algumas combinações de gerações e intensidades de seleção. Isto pode ser explicado pois o critério principal de seleção é a produtividade, logo pode-se avançar progênies/linhagens produtivas, contudo mais tardias. Nas estimativas do ganho realizado, quando se considerou o mérito da população, na maioria dos casos analisados, ocorreu um acréscimo nos dias para maturação (TABELA 11).

Ao estimar o ganho realizado com a seleção era esperado que a medida que se aumentasse a intensidade de seleção o ganho reduzisse, porém em algumas situações isto não ocorreu (TABELAS 10 e 11). Esse fato pode ser justificado devido a ocorrência da interação genótipos x ambientes ao longo dos experimentos/gerações avaliadas.

Quando se avalia e seleciona linhagens considerando mais de um caráter como no presente estudo, é oportuno estimar a resposta correlacionada, isto é, o ganho obtido no caráter secundário em detrimento da seleção no caráter primário. Realizou-se a resposta correlacionada considerando as melhores progênies/linhagens para produtividade e resposta para maturação absoluta e vice-versa. Como era esperado, ao selecionar progênies/linhagens mais produtivas ocorreu um acréscimo no número de dias para maturação. Entretanto, ao selecionar aquelas com menor número de dias para atingir a maturação absoluta observou-se que é possível ocorrer incrementos na produtividade (TABELAS 12 e 13).

O fato que permitiu selecionar linhagens precoces e produtivas pode ser explicado possivelmente pela seleção de cultivares de hábito de crescimento indeterminado ou semideterminado. Neste tipo de planta ocorre uma sobreposição dos períodos vegetativos e reprodutivos, permitindo assim que a cultura esteja menos exposta a estresses abióticos propiciando maior produção de vagens por planta e conseqüentemente maior produtividade (ZANON et al., 2015).

5.2 Análise sequencial para identificação de linhagens de soja em experimentos de valor de cultivo e uso (VCU)

Em programas de melhoramento de soja muito embora o melhorista disponha de uma série de dados referentes a gerações anteriores, a seleção das melhores linhagens a serem lançadas no mercado normalmente é realizada tendo como referência os ensaios de valor de cultivo e uso (VCU). Diante disso, uma

dúvida que surge é se ao considerar informações de ensaios anteriores a precisão das estimativas, o ranqueamento e os genótipos selecionados seriam os mesmos, visto que ao longo dos anos nos deparamos com variações ambientais imprevisíveis, ou seja, que não estão sob o controle do pesquisador (ALLARD; BRADSHAW, 1964).

No presente trabalho, observou-se que ocorreram alterações de pequena magnitude nos componentes de variância, na herdabilidade e na acurácia ao considerar a informação de dois ou mais experimentos/gerações para a seleção dos melhores genótipos (TABELAS 14 e 15). Esse fato se justifica, pois, quando se considera os dados de apenas uma geração a interação dos genótipos com os anos agrícolas não é considerada, muito embora seja possível eliminar os efeitos da interação genótipos x locais. Relatos reportados na literatura afirmam que o efeito da interação no caráter em estudo pode sub ou superestimar parâmetros como variância genética, herdabilidade e ganho com a seleção, concordando com os resultados encontrados neste trabalho (ROCHA; VELLO, 1999).

Em um estudo de simulação, observou-se que ao considerar dados de mais de uma geração ocorreu uma redução no viés dos componentes de variância de genótipos e das interações genótipos x locais e genótipos x anos, melhorando as estimativas obtidas. Entretanto ao avaliar dados reais de produtividade de ensaios de VCU de colza e de trigo não foram observadas grandes diferenças entre as estimativas obtidas a partir de um conjunto maior de dados. Os autores destacam que este fato ocorreu, pois, o critério de seleção certamente não foi somente a produtividade, mais também se levou em conta outras características como resistência a doenças, qualidade do produto final, dentre outros, resultando em estimativas semelhantes, porém mais acuradas, ao considerar dados de apenas um ano ou de vários anos (PIEPHO; MOHRING, 2006).

Neste estudo, apesar de a seleção ter sido realizada mais fortemente considerando a produtividade de grãos, é fato que existem diferentes grupos de

maturação de soja e outras características que poderiam ter sido contempladas para seleção. Por essa razão, as estimativas dos componentes de variância e da acurácia foram semelhantes entre as estratégias de análise, porém melhor estimadas ao considerar as informações das gerações anteriores, corroborando os relatos encontrados na literatura.

Para produtividade foi possível perceber que ao longo das estratégias de análise sequencial ocorreu uma redução na magnitude da acurácia dos genótipos selecionados, evidenciando que estas estimativas estavam inflacionadas quando apenas o experimento VCU foi considerado (TABELA 16). O mesmo não pode ser observado para maturação absoluta pois as estimativas da acurácia tiveram um pequeno incremento (TABELA 17). O fato do comportamento da acurácia ser diferente para as duas características analisadas pode ser explicado pois a produtividade de grãos é um caráter poligênico e altamente influenciado pelo ambiente, enquanto a maturação absoluta apesar de também ser um caráter quantitativo, estima-se que aproximadamente dez genes de efeito maior sejam responsáveis pelo controle genético, sofrendo então um menor efeito do ambiente (WELLER; ORTEGA, 2015; DESTRO et al., 2001). Por esse motivo, a produção de grãos em soja tem sido objeto de estudo de muitos pesquisadores pois grande parte da variação registrada, ocorre devido ao efeito da interação genótipos x ambientes (SILVA et al., 2016; FELIPE et al., 2015; SALMERON et al., 2014; SILVA; DUARTE, 2006; CARVALHO et al., 2002).

Observou-se também alteração no ranqueamento das linhagens tanto para produtividade de grãos quanto para maturação absoluta ao considerar o experimento VCU e as estratégias de análise B, C, D e E (GRÁFICOS 1 e 2). Essa alteração na classificação dos genótipos ao longo das análises sequenciais é função da interação genótipos x ambientes do tipo complexa e por isso a recomendação das linhagens deve ser feita de forma mais restrita, isto é,

considerando as macrorregiões de cultivo, ferramenta que vem sendo adotada no Brasil para a cultura da soja (KASTER; FARIAS, 2012; ROBERTSON, 1959).

Além do efeito da interação genótipos x ambientes, é oportuno salientar a presença de ensaios com delineamentos diferentes, sendo que nos ensaios com delineamento de blocos aumentados as componentes da variância podem não ser bem estimadas resultando conseqüentemente em predições BLUP's menos acuradas (SANTOS et al., 2002) e ainda a presença de dados desbalanceados devido aos diferentes números de repetições, de locais, de experimentos em que os genótipos se encontram presentes e o ingresso de novos genótipos em gerações avançadas de endogamia, que levam a alteração das componentes de variância e contribuem também para que o ranqueamento das linhagens se modifique ao considerar um maior número de gerações (GRÁFICOS 1 e 2).

Os resultados encontrados neste trabalho corroboram os relatos na literatura. Yan e Rajcan (2003) estudaram o comportamento de genótipos de soja envolvendo uma série de experimentos avaliados durante dez anos. Esses autores compararam o poder de discriminação dos genótipos utilizando dados de um e de vários anos, e concluíram que a predição feita considerando a informação de mais de um ano aumenta a capacidade de discriminar os genótipos. Resultados semelhantes a estes também foram observados por Ma e Stützel (2014) com a cultura do trigo na Alemanha e por Ferreira (2014) com a cultura do feijoeiro, que observou que a utilização de pelo menos dois anos agrícolas possibilita boa coincidência na recomendação de novas cultivares. Ramalho e Araújo (2011) destacam ainda que a análise baseada apenas na geração de referência possui eficiência reduzida, principalmente em gerações iniciais, pois a interação genótipos x ambientes não é considerada.

Neste estudo adotou-se a abordagem de modelos mistos via RELM/BLUP, visando a obtenção de estimativas mais acuradas e o aumento da probabilidade de se encontrar a classificação correta entre os melhores indivíduos

a serem selecionados, visto que o emprego desse método sob condições de dados desbalanceados vem sendo recomendado a alguns anos no melhoramento de plantas (PINHEIRO et al. 2013; BERNARDO, 2010; PIEPHO; MOHRING; 2006, 2008; YAN; RAJCAN, 2003; DUARTE, 2002; SEARLE et al., 1992).

Quando as melhores linhagens foram selecionadas para produtividade nas estratégias de análise B, C, D e E observou-se baixa coincidência com os genótipos tendo em relação a geração de referência (estratégia A) (TABELAS 18 e 19). Já para maturação absoluta a coincidência entre os genótipos foi maior nas estratégias B e C reduzindo a porcentagem de coincidentes nas estratégias D e E (TABELAS 20 e 21). Para determinar as melhores linhagens em cada estratégia a informação da população foi considerada. Pinheiro et al. (2013) trabalhando com a cultura da soja, observou que ao utilizar a abordagem de modelos mistos e a informação de parentesco pode ocorrer seleção de diferentes progênies e maior acurácia na predição de valores genéticos.

Como a coincidência entre as estratégias foi de baixa magnitude, sugere-se então que a utilização apenas da geração de referência pode conduzir a seleção/recomendação de linhagens que na verdade não seriam as superiores e por isso uma alternativa para minimizar este efeito seria a utilização de gerações anteriores avaliadas em diferentes anos agrícolas.

Por fim quando foram analisados apenas os trinta genótipos presentes nos experimentos Z-teste, X-teste e VCU, observou-se para produtividade que a acurácia nas estratégias A, F e G permaneceu praticamente constante, enquanto que para maturação absoluta ocorreu um incremento em sua magnitude (TABELAS 22 e 23). Esses resultados comprovam novamente que quando apenas a geração de referência é considerada para a seleção das melhores linhagens, as estimativas da acurácia podem estar sub ou superestimadas. Em um estudo com a cultura do feijão constatou-se que a análise considerando apenas a geração de referência é de baixa eficiência, principalmente em gerações iniciais, e que a

estimativa da acurácia pode ser incrementada ao considerar dados de duas ou mais gerações utilizando a metodologia de modelos mistos (BRUZI, 2008).

Quando se considerou a análise sequencial estratégias F e G para fins de estimação de parâmetros e seleção dos genótipos, ocorreu alteração na magnitude da acurácia de cada genótipo ao longo das análises sequenciais (TABELAS 24 e 25). Ficando evidente mais uma vez a importância de se considerar um maior número de informações de diferentes anos agrícolas para a seleção dos genótipos e obtenção das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos mais acuradas. Resultados semelhantes a esse corroboram estudos encontrados na literatura que enfatizam que quando a performance de gerações anteriores é considerada, adotando-se a abordagem de modelos mistos, a estimativa da acurácia é mais precisa e que a seleção das linhagens é mais eficiente do que quando apenas uma geração é considerada (PIEPHO; MOHRING, 2006; YAN; RAJCAN, 2003).

Mais recentemente, um índice que considera o uso de várias gerações foi proposto por Resende et al., (2015). De acordo com esses autores ao considerar mais de uma geração a estimativa da acurácia e os ganhos genéticos podem ser incrementados. Contudo, deve-se destacar que neste índice o desbalanceamento que justifica o emprego da abordagem de modelos mistos é função da diferença no número de locais, de repetições e do tamanho das parcelas. No presente estudo além do desbalanceamento devido aos fatores mencionados anteriormente, tem-se também o fato dos genótipos/progênie de soja não serem avaliados em todas as etapas de experimentação, comprometendo dessa forma os resultados obtidos quando a informação das gerações anteriores não é contemplada. Neste mesmo sentido, a abordagem bayesiana também tem sido recomendada para avaliar experimentos sequenciais com diferentes precisões. Essa abordagem possibilita o emprego de informações a priori, como demonstrado Silva et al., (2013). Esses autores consideraram três ciclos de seleção de milho pipoca para realizar suas inferências e ainda utilizaram as informações dos ciclos anteriores como priori

para proceder a seleção. Ficou claro que quando *a priori* informativa é considerada, observa-se diferenças para as componentes de variância e herdabilidade em relação a análise não informativa, ratificando as vantagens de se empregar a abordagem bayesiana.

Ainda é oportuno salientar que quando se considerou um conjunto de dados balanceados a coincidência entre as dez melhores linhagens selecionadas nas estratégias A, F e G foi de 90 % tanto para produtividade de grãos quanto para maturação absoluta (TABELAS 26 e 27). Ao passo que nas estratégias que foram considerados os dados de todas as gerações, a coincidência entre os genótipos foi de pequena magnitude (TABELAS 18,19, 20 e 21). Diante disso fica claro que quando as progênies/linhagens são avaliadas em um maior número de experimentos/anos agrícolas os resultados obtidos e a classificação dos melhores genótipos são mais acurados.

6 CONCLUSÃO

Os componentes de variância, a herdabilidade e o coeficiente de variação e a acurácia são melhor estimados quando o mérito da população é considerado, proporcionando conseqüentemente maior ganho com a seleção tanto para produtividade de grãos como para maturação absoluta.

A coincidência e o ranqueamento entre as progênies selecionadas considerando e ignorando o mérito da população são de maior magnitude em gerações de endogamia mais avançadas e sob elevadas intensidades de seleção.

Há alteração na classificação e na coincidência das linhagens selecionadas quando se considera a análise sequencial envolvendo as gerações prévias com a geração de referência, demonstrando sua influência na recomendação de novas cultivares. Esta alteração é mais evidente em condições de grande desbalanceamento.

REFERÊNCIAS

ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v.4, n.5, p.503-508, 1964.

BARBOSA, M. H. P. et al. Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 443–450, 2005.

BARRETO NETO, A. D. **Estrutura populacional e otimização de esquemas de acasalamento em ovinos com uso de algoritmos evolucionários**. 2014. 62f. Dissertação (Pós-Graduação em Zootecnia) - Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, 2014.

BERNARDO, R. Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 34, n.1, p. 20-25, Jan./Feb. 1994.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in Plants**. Ed. 2 .Woodbury: Stemma Press, 2010. 400p.

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

BRAGA, A.P. **Parâmetros genéticos de vacas mestiças em rebanhos leiteiros no estado do acre**. 2006.72p. Dissertação (Mestre em Mestre em Ciência Animal) - Universidade Federal do Acre, Rio Branco, 2016.

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, 2008.

BUENO, R. D. et al. Genetic parameters and genotype x environment interaction for productivity, oil and protein content in soybean. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 38, p. 4853–4859, 2013.

BURGUEÑO, J. et al. Genomic prediction of breeding values when modeling genotype × environment interaction using pedigree and dense molecular markers. **Crop Science**, v. 52, n. 2, p. 707–719, 2012.

CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J.F.F.; ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R. F. S.; OLIVEIRA, M. F. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 989-1000, jul. 2002.

CARVALHO, A. D. F.; FRITSCH NETO, R.; GERALDI, I. O. Estimation and prediction of parameters and breeding values in soybean using REML/BLUP and Least Squares. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, n. 3, p. 230–235, 2008.

CARVALHO, E. de V. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em Tocantins. **Revista Agro@ambiente**, v. 7, p. 162–169, 2013.

CLIDEANA, M. et al. Interação genótipo-ambiente em soja via análise de componentes principais com múltiplas matrizes de dados component analysis Introdução. p. 104–111, 2014.

CROSSA, J. et al. Modeling genotype × environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. **Crop Science**, v. 46, p. 1722–1733, 2006.

CRUZ, C. D. Gene's software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento** Acompanhamento da safra brasileira de grãos, v. 3 - Safra 2015/16, n. 12 – Décimo levantamento, julho 2016. Disponível em http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_07_29_15_12_51_bol_etim_graos_julho_2016.pdf Acesso em: 03/08/2016.

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.

CUNIBERTI, M. ; HERRERO, R.; CONDE, B. Cultivares de soja superiores en proteína Interacción GenotipoAmbiente Fertilización. 2014.

DARDANELLI, J. L. et al. Soybean maturity groups, environments, and their interaction define mega-environments for seed composition in Argentina. **Crop Science**, v. 46, n. 5, p. 1939–1947, 2006.

DESTRO, D.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; KIIHL, R. D. S.; ALMEIDA, L. A. 2001. Photoperiodism and genetic control of the long juvenile period in soybean: a review. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 1, p. 72-92, 2001.

DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. 2000. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

DUARTE J.B.; VENCOVSKY. R. Estimation and prediction using linear mixed models: the ranking of means of genetic treatments. **Scientia Agrícola** 58: 109-117. 2001.

EMBRAPA. Tecnologias de Produção de Soja Região Central do Brasil .2004. Disponível em: <http://www.cnpso.embrapa.br/producaosoja/SojanoBrasil.htm>. Acesso em: 28/10/2014

FERREIRA, R. A. D. C. **Implicações do número de anos na recomendação de cultivares de feijoeiro**. 2014. 66 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.

FELIPE, F. et al. INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES NO DESEMPENHO DE. **8º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**, p. 5, 2015.

FIGUEIREDO, G. D. E. Aplicação de modelos mistos na avaliação de estabilidade e adaptabilidade em milho utilizando dados desbalanceados. Lavras - MG. 2014.

FILHO, J.. et al. Genetic evaluation of grain sorghum hybrids in Brazilian environments using the REML/BLUP procedure. **Scientia Agrícola**, n. April, p. 146–150, 2014.

FURTINI, I. V. **Estratégias de seleção em testes de progênies visando a obtenção de clones de eucalipto para a indústria de celulose**. 2011. 111 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2011.

GEZAN; MUNOZ, 2014. **Analysis of Experiments using ASReml: with emphasis on breeding trials**

GONÇALVES, G. M. et al. Breeding new sugarcane clones by mixed models under genotype by environmental. **Scientia Agrícola**, n. February, p. 66–71, 2014.

GRINNAN, R.; CARTER, T. E.; JOHNSON, M. T. J. Effects of drought, temperature, herbivory, and genotype on plant-insect interactions in soybean

(Glycine max). **Arthropod-Plant Interactions**, v. 7, n. 2, p. 201–215, 2013.

GURMU, F.; MOHAMMED, H.; ALEMAW, G. Genotype x environment interactions and stability of soybean for grain yield and nutrition quality introduction Soybean Glycine max (L .) Merrill] is the world ' s leading source of oil and protein . It has the highest protein content (40 %) of all foo. **African Crop Science Journal**, v. 17, n. 2, p. 87–99, 2009.

HAMBLIN, J.; ZIMMERMAN, M. J. O. Breeding common bean for yield mixtures. **Plant Breeding Reviews**, v. 04, p. 245-272, 1986.

HENDERSON, C. R. Estimation of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science** 32, 709. 1949. (Abstract).

HENDERSON, C. R. Estimation of genetic parameters. **Annals Mathematical Statistics**, 21, 309.1950.

HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; VON KROSIGK, C.M. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics** v.13. p.192-218. 1959.

HENDERSON, C. R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: National Academy of Science, 1963. p.141-163. (Publication, 982).

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

HINSON, K. **The use of long juvenile trait in cultivar development**. In. Conferência Mundial de Investigação em Soja, 4. B. Aires, Argentina. 1989. Actas. A.J. Pascale (ed.). p.983-987.

HARTWIG, E.E. ; R.A.S. KIIHL. 1979. **Identification and utilization of a delayed flowering character in soybean for short-day conditions.** *Field Crops Res.* 2:145- 151.

HU, Z. et al. Association mapping of yield-related traits and SSR markers in wild soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.). **Breeding science**, v. 449, p. 441–449, 2014.

JÚNIOR, W.; DUARTE, J. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 1, p. 23–30, 2006.

KASTER, M. Regionalização dos testes de valor de cultivo e uso e da indicação de cultivares de soja – terceira aproximação / Milton Kaster, José Renato Bouças Farias. – Londrina: **Embrapa Soja**, 2012. 69 p. (Documentos/ Embrapa Soja, ISSN : 2176-2937 ; n.330). Acesso em: 24/07/2016. Disponível em: http://www.cnpso.embrapa.br/download/Doc_330-OL.pdf

KIIHL, R.A.S., L.A. ALMEIDA ; A. DALL'AGNOL. **Strategies for cultivar development in the tropics. In: World Soybean Research Conference III.** Proceedings. Ames, IL, USA.1985. p. 301-304.

KIIHL, R.A.S. ; A. GARCIA. **The use of the long juvenile trait in breeding soybean cultivars.** In: Conferencia Mundial de Investigacion en Soja, 4. Buenos Aires, Argentina. 1989. Actas. A.J. Pascale (ed.). p.994-1000.

LAVIOLA, B.G.; ROSADO, T.B.; BHERING, L.L.; KOBAYASHI, A.K.; RESENDE, M.D.V. de. Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.1117-1123, 2010.

LI, Q. et al. Environmental controls on cultivated soybean phenotypic traits across China. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 192, p. 12–18, 2014.

LIMA, W. F. et al. Interação genótipo-ambiente de soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 6, p. 729–736, 2008.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, Inc., 1998. 948 p.

MA, D.; STÜTZEL, H. Prediction of winter wheat cultivar performance in Germany: At national, regional and location scale. **European Journal of Agronomy**, v. 52, p. 210–217, 2014.

MATOS, M.P. de. Soja: a mais importante oleaginosa da agricultura moderna. São Paulo: **Ícone editora Ltda.**, 1987.73p

MORAIS, L. K. DE et al. Adaptabilidade E Estabilidade Fenotípica Em Soja Avaliada Pelo Método De Toler. **Bragantia**, v. 67, n. 2, p. 275–284, 2008.

NASCIMENTO, G. B. **Efeito da endogamia na seleção genômica em populações simuladas de aves poedeiras**. 2014. IV, 42 p. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2014. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/11449/110560>>.

NATARAJAN, S. et al. Characterization of Soybean Storage and Allergen Proteins Affected by Environmental and Genetic Factors. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, p. acs.jafc.5b05172, 2016.

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.

PELUZIO, J. M. et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em quatro épocas de semeadura no sul do Estado do Tocantins. **Ceres**, v. 55, n. 1, p. 34, 2008.

PIEPHO, H; MOHRING, J. Selection in Cultivar – Is It Ignorable? **Crop Science**, Madison, v. 46, n.6, p. 192-201. 2006.

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.

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

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.

PORTELA DE CARVALHO, C. G. et al. Interação genótipo X ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 37, n. 7, p.989–1000, 2002.

PRADO, L.C.; BRUZI, A. T.; MIRANDA, F. T. S.; TERRA, B. R. M. Pré melhoramento, melhoramento e pós melhoramento: estratégias e desafios. Capítulo: Estratégias e ações da iniciativa privada no pós- melhoramento: experiência da Pioneer Sementes. 1.ed. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados; Brasília, DF: **EMBRAPA Informação Tecnológica**, 2008. 184 p.

R CORE TEAM (2016), **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for statistical Computing, Vienna, Austria. URL: <http://www.R-project.org/>.

RAMALHO, M. A.; CARVALHO, B. L.; NUNES, J. A. R. Perspectives for the Use of Quantitative Genetics in Breeding of Autogamous Plants. **ISRN Genetics**, v. 2013, 2012.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras UFLA, 2012.

RAMALHO, M. A. P. ; ARAÚJO, L.C. A. de. Breeding self-pollinated plants. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.11, p.1-7, 2011. DOI: 10.1590/S1984-70332011000500002.

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

RINCKER, K.; R. NELSON, J.; SPECHT, D.; SLEPER, T.; CARY, and. S.R. CIANZIO. 2014. Genetic improvement of U.S. soybean in maturity groups II, III, and IV. **Crop Sci**. n.54 p.1–14

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v. 15, n. 3, p. 469-485, 1959.

ROCHA, M. D. M. ; VELLO, N. A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, v. 58, n. 1, p. 69–81, 1999.

ROCHA, M. D. E. M. et al. Magnitude of Genotype X Environment Interaction for Oil Content Trait in Soybean Lines. **Rev. Bras. ol. fibros.**, v. 6, n. 3, p. 617–625, 2002.

SALMERON, M. et al. Soybean maturity group choices for early and late plantings in the midsouth. **Agronomy Journal**, v. 106, n. 5, p. 1893–1901, 2014.

SANTOS, A. H.; BEARZOTI, E.; FERREIRA, D. F.; SILVA FILHO, J. L. D.; 2002. Simulation of mixed models in augmented block design. **Scientia Agricola**, v. 59, n.3. p. 483-489, 2002.

SILVA FILHO, J. L. da. **Estratégias de predição de cruzamentos não realizados em análise dialética, utilizando informações de marcadores moleculares**. 2004. 70 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

SILVA, F. F.; VIANA, J. M. S.; FARIA, V. R.; DE RESENDE, M. D. V. 2013. Bayesian inference of mixed models in quantitative genetics of crop species. **Theoretical and applied genetics**, v. 126, n. 7, p. 1749-1761, 2013.

SOUZA JUNIOR, C. L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba: FEALQ, 1989. 134 p.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. Soja: do plantio a colheita. Viçosa, MG: **Ed. UFV**, 2015. 333p

SEDIYAMA, T. Melhoramento genético da soja. Londrina. PR: **Ed. Macenas**. 2015. 352p

SILVA, E. N. Seleção da matriz de variância-covariância residual na análise de ensaios varietais com medidas repetidas em cana-de-açúcar measures in sugarcane. 2014.

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.

SILVA, W.C. J; DUARTE, J.B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.41, n.1, p.23-30, jan. 2006.

SOARES, I. O. ; REZENDE, P. M ; BRUZZI, A. T. ; ZUFFO, A. M. ; ZAMBIAZZI, E. V. ; FRONZA, V. ; TEIXEIRA, C. M . Interaction between Soybean Cultivars and Seed Density. **American Journal of Plant Sciences** , v. 06, p. 1425-1434, 2015.

SUDARIĆ, A. ; ŠIMIĆ, D. ; VRATARIĆ, M. Characterization of genotype by environment interactions in soybean breeding programmes of southeast Europe. **Plant Breeding**, v. 125, n. 2, p. 191–194, 2006.

USDA. World Agricultural Production. **Circular Series April 2016**, 2016. Disponível em: <http://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>. Acesso em : 20/04/2016

VALARINI, J. P. O mercado da soja: evolução da commodity frente aos mercados Internacional e doméstico.

VIANA, J. M. S. et al. Best linear unbiased prediction and family selection in crop species. **Crop Science**, v. 51, n. 6, p. 2371–2381, 2011.

WELLER, J.L., ORTEGA, R. Genetic control of flowering time in legumes. **Frontiers in Plant Science**. 2015. v.6 p.207. doi:10.3389/fpls.2015.00207.

YAN, W.; RAJCAN, I. Prediction of cultivar performance based on single-versus multiple-year tests in soybean. **Crop Science**, Madison, v.43, n.4, p.549-555, 2003.

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**, n. AHEAD, p. 00-00, 2015.

ZHANG, H. et al. Genetic dissection of the relationship between plant architecture and yield component traits in soybean (*Glycine max*) by association analysis across multiple environments. **Plant Breeding**, p. n/a–n/a, 2015.

ZHE, Y.; LAUER, J. G.; BORGES, R.; LEON, N. Effects of genotype x environment interaction on agronomic traits in soybean. **Crop Science**, v.50, p.696-702, 2010.

ANEXO

Figura 1A - Intervalo de predição dos valores genéticos dos genótipos, referente a produtividade de grãos (sacas/ha) sem considerar o mérito da população nos experimentos Z-teste, Y-teste, X-teste, W-teste e VCU.

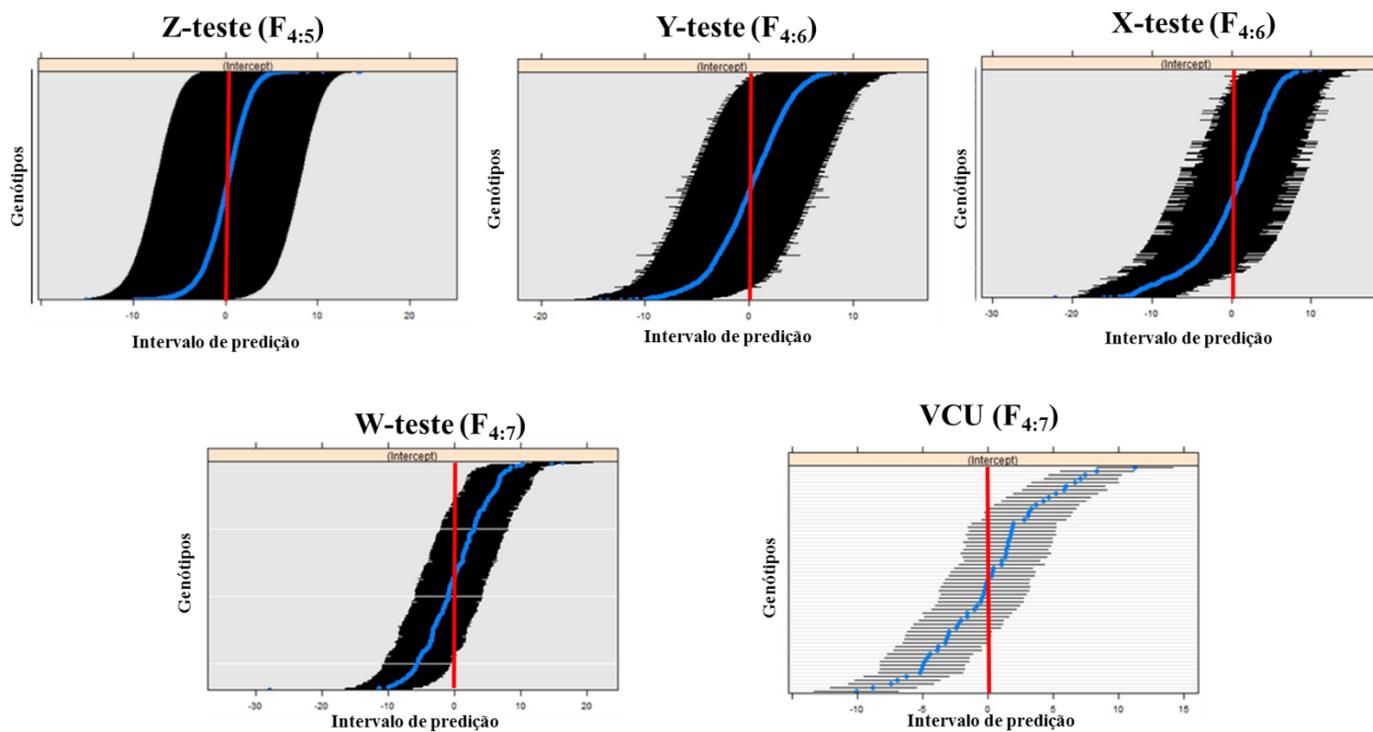


Figura 2A - Intervalo de predição dos valores genéticos dos genótipos, referente a produtividade de grãos (sacas/ha) considerando o mérito da população nos experimentos Z-teste, Y-teste, X-teste, W-teste e VCU.

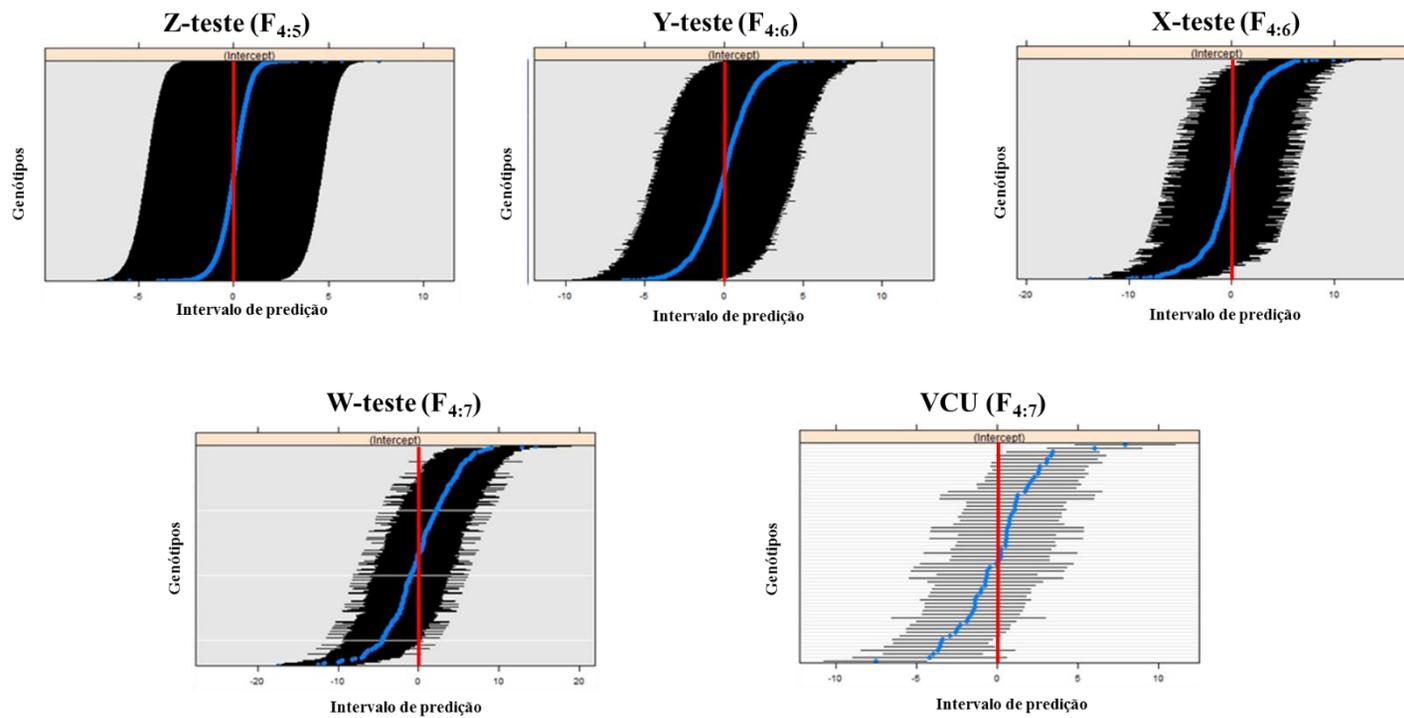


Figura 4A - Intervalo de predição dos valores genéticos dos genótipos, referente a maturação absoluta (dias) sem considerar o mérito da população nos experimentos Z-teste, Y-teste, X-teste, W-teste e VCU.

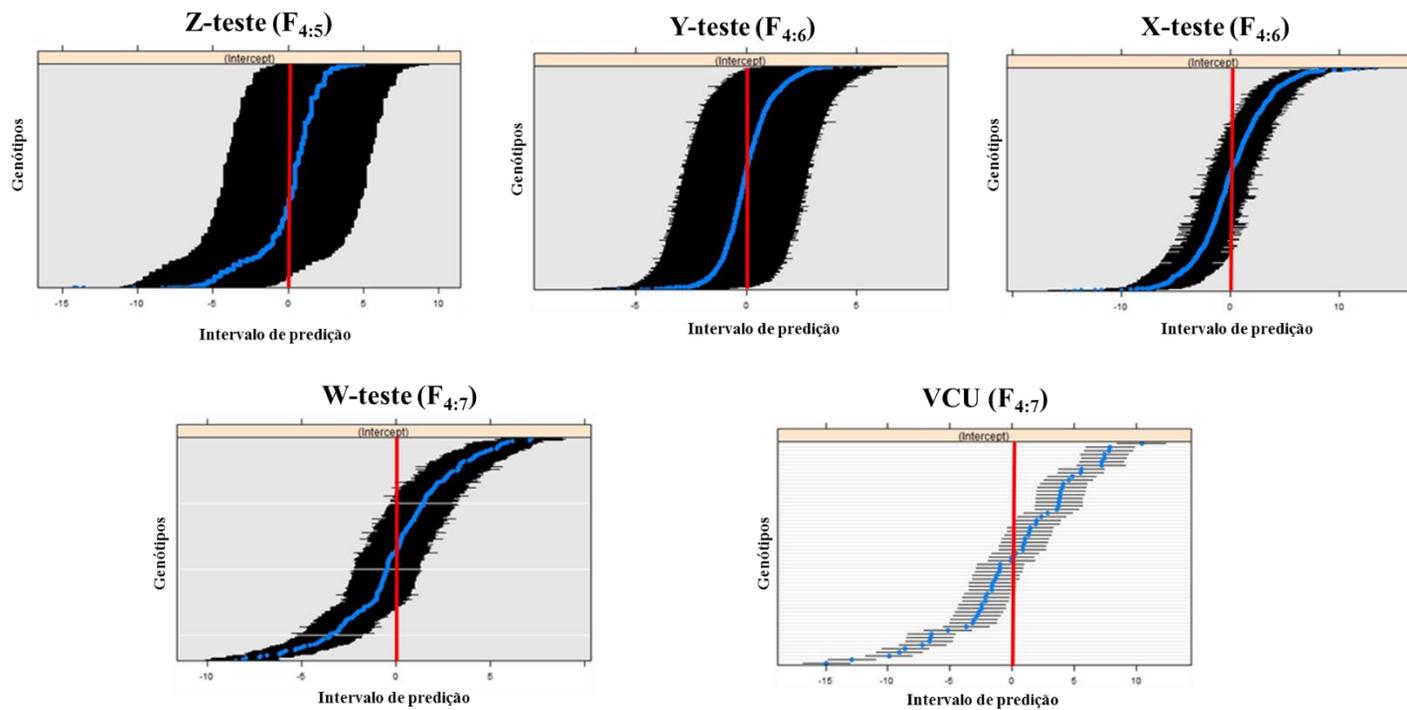


Figura 5A - Intervalo de predição dos valores genéticos dos genótipos, referente a maturação absoluta (dias) considerando o mérito da população nos experimentos Z-teste, Y-teste, X-teste, W-teste e VCU.

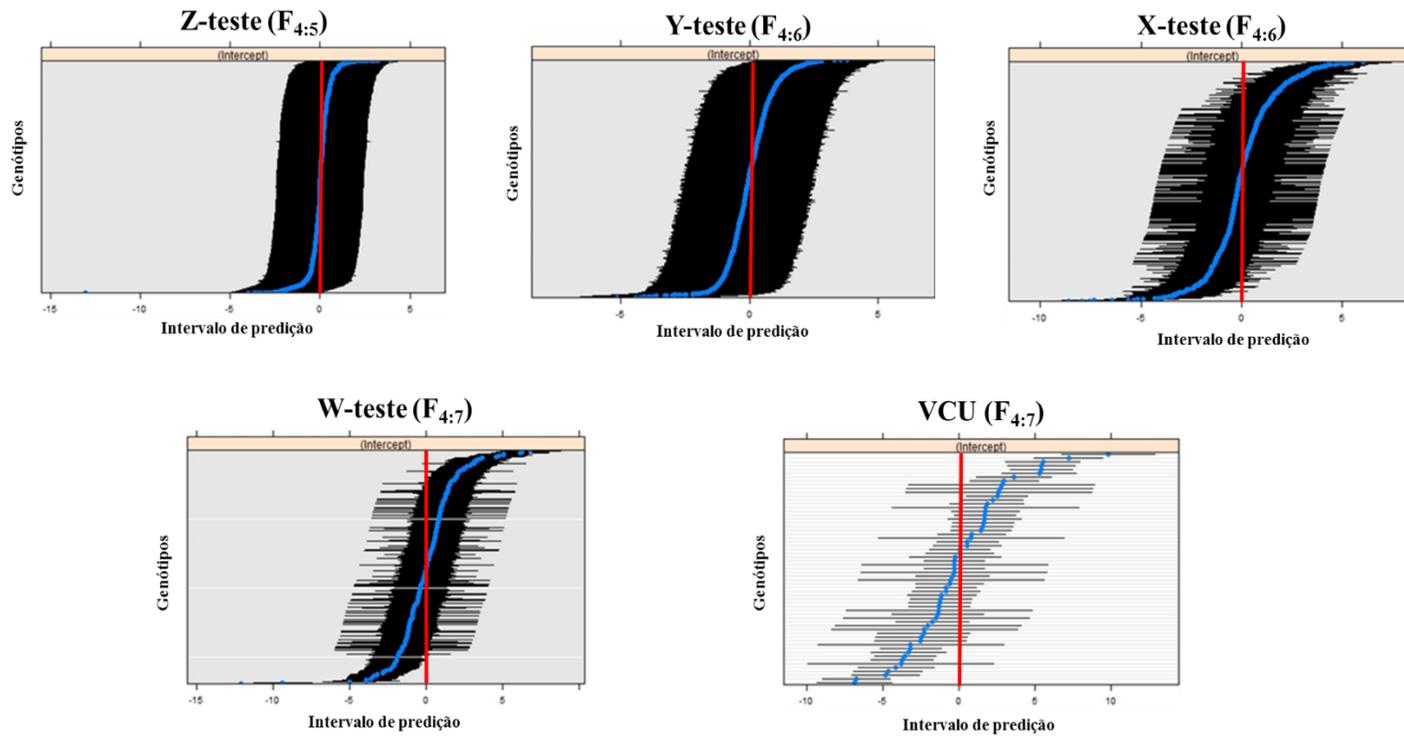


Figura 6A - Intervalo de predição dos valores genéticos das populações, referente a maturação absoluta (dias) nos experimentos Z-teste, Y-teste, X-teste, W-teste e VCU.

