



GUILHERME LEITE DIAS VILELA

**GENETIC POTENTIAL OF SOYBEAN POPULATION AND
PROGENIES IN TROPICAL CONDITIONS**

**LAVRAS-MG
2024**

GUILHERME LEITE DIAS VILELA

**GENETIC POTENTIAL OF SOYBEAN POPULATION AND PROGENIES IN
TROPICAL CONDITIONS**

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

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi
Orientador

**LAVRAS-MG
2024**

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

Vilela, Guilherme Leite Dias.

Genetic potential of soybean population and progenies in
tropical conditions / Guilherme Leite Dias Vilela. - 2023.
75 p.

Orientador(a): Adriano Teodoro Bruzi.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2023.
Bibliografia.

1. Glycine max L Merrill. 2. Selection strategies. 3. Coincidence
index. I. Bruzi, Adriano Teodoro. II. Título.

GUILHERME LEITE DIAS VILELA

**GENETIC POTENTIAL OF SOYBEAN POPULATIONS AND PROGENIES IN
TROPICAL CONDITIONS**

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

APROVADA em 27 de julho de 2023.

Dr. Arthur Tavares de Oliveira Melo
Dra. Christiane Augusta Diniz Melo
Dr. Felipe Lopes da Silva
Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves

Inova Genética Ltda
UFLA
UFV
UFLA

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi
Orientador

**LAVRAS-MG
2024**

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus, por sempre me trilhar nos melhores caminhos.

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Agricultura, pela oportunidade concedida para a realização do doutorado.

Aos meus pais, Nelson e Ilma, pelo apoio incondicional e valores transmitidos.

Aos meus tios que sempre me ajudaram em minha formação pessoal e profissional.

À minha namorada Laurenia, pela dedicação e companheirismo em todos os momentos.

Ao Professor Dr. Adriano Teodoro Bruzi, pela orientação, amizade, total disponibilidade e ensinamentos que me acompanharão por toda a vida.

Ao Professor Dr. Pedro Milanez de Rezende, pela oportunidade e amizade.

Aos membros da banca, pela disponibilidade e contribuições no trabalho.

A todos os amigos da Pesquisa Soja, pela maravilhosa convivência e amizade.

Aos funcionários do setor de grandes culturas, que não mediram esforços na condução do trabalho.

À secretária Marli, pela gentileza com que sempre me atendeu.

O presente trabalho foi realizado com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

MUITO OBRIGADO!

RESUMO

Os programas de melhoramento comercial de soja detêm de milhares de populações segregantes, e a escolha criteriosa de quais populações concentrar os esforços para seleção são de fundamental importância para reduzir os custos e o tempo de lançamento de uma nova cultivar. Estudos buscando o aperfeiçoamento dos métodos de seleção em plantas autógamas a partir da aplicação da abordagem de modelos mistos, têm sido realizados empregando estratégias que associem o mérito e desempenho das populações, tornando o processo seletivo mais eficiente. Desse modo, objetivou-se comparar diferentes estratégias de seleção de progênies de soja, e verificar as implicações desses métodos de seleção no ranqueamento das progênies superiores. As progênies foram obtidas durante a colheita das populações segregantes na safra 2018/2019. Após seleção e trilha de plantas individuais, foram separadas em dois grupos: um grupo contendo as progênies oriundas das populações precoces e outro oriundo das populações tardias, totalizando 8 populações distintas. Desse modo, cada grupo compreende um experimento (precoce e tardio) mantendo-se o mesmo número de progênies em cada. As progênies F_{4:5} e F_{4:6} foram avaliadas para produtividade de grãos e maturação absoluta nos municípios de Lavras e Ijaci. As progênies F_{4:5} foram avaliadas durante o ano agrícola 2019/2020. As parcelas foram constituídas de uma linha de dois metros com duas repetições em delineamento látice simples 13 x 13 (160 progênies + 9 testemunhas). As progênies F_{4:6} selecionadas na geração anterior foram avaliadas no ano agrícola 2020/2021. As parcelas foram constituídas de duas linhas de quatro metros com três repetições em delineamento látice triplo 9 x 9. Os dados foram analisados via abordagem de modelos mistos através das seguintes estratégias: considerando e desconsiderando o efeito da população nas gerações, e considerando e desconsiderando os genótipos não selecionados nas duas estratégias. Foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos em cada uma das análises. O ganho esperado e realizado com a seleção, a correlação de Spearman, o índice de coincidência e o progresso genético foram utilizados para verificar a eficiência das estratégias utilizadas. Observou-se diferenças no ranqueamento e na coincidência das progênies selecionadas ao considerar e desconsiderar o efeito da população, bem como ao incluir os genótipos não selecionados das análises. Contudo, foi possível identificar progênies coincidentes nas diferentes estratégias de seleção que associem alta produtividade de grãos e menor maturação absoluta.

Palavras-chave: *Glycine max* L. Merrill. Estratégias de seleção. Índice de coincidência. Informação de parentesco.

ABSTRACT

Commercial soybean breeding programs have thousands of segregating populations, and the careful choice of which populations to concentrate the selection efforts on is of fundamental importance to reduce the costs and time of launching a new cultivar. Studies seeking the improvement of selection methods in autogamous plants from the application of the mixed models approach, have been carried out using strategies that associate the merit and performance of the populations, making the selection process more efficient. Thus, the objective was to compare different selection strategies of soybean progenies, and to verify the implications of these selection methods in the ranking of superior progenies. The progenies were obtained during the harvest of segregating populations in the 2018/2019 season. After selecting and trailing individual plants, they were separated into two groups: one group containing progenies from early populations and another from late populations, totaling 8 different populations. Thus, each group comprises an experiment (early and late) keeping the same number of progenies in each. The $F_{4:5}$ and $F_{4:6}$ progenies were evaluated for grain yield and absolute maturation in the municipalities of Lavras and Ijaci. The $F_{4:5}$ progenies were evaluated during the 2019/2020 agricultural year. Plots consisted of a two-meter line with two replications in a simple 13 x 13 lattice design (160 progenies + 9 controls). The $F_{4:6}$ progenies selected in the previous generation were evaluated in the 2020/2021 agricultural year. The plots consisted of two rows of four meters with three replications in a 9 x 9 tripod lattice design. The data were analyzed via the mixed model approach through the following strategies: considering and disregarding the effect of population on generations, and considering and disregarding the genotypes not selected in both strategies. Genetic and phenotypic parameters were estimated in each of the analyses. The expected and realized gain with the selection, the Spearman correlation, the coincidence index and the genetic progress were used to verify the efficiency of the used strategies. Differences were observed in the ranking and coincidence of the selected progenies when considering and disregarding the population effect, as well as when including the non-selected genotypes in the analyses. However, it was possible to identify coincident progenies in the different selection strategies that associate high grain yield and lower absolute maturation.

Keywords: *Glycine max* L. Merrill. Selection strategies. Coincidence index. Kinship information.

LISTA DE FIGURAS

- Figure 1 - Precipitation, maximum and minimum temperature in the city of Lavras, MG, during the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons. 32
- Figure 2 - Precipitation, maximum and minimum temperature in the city of Ijaci, MG, during the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons. 33
- Figura 3 - Coincidence of the selected progenies in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons, considering the effect of population on grain yield ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$). 43
- Figure 4 - Coincidence of the selected progenies in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons, disregarding the effect of population on grain yield ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$). 44
- Figure 5 - Distribution of BLUP means for grain yield of the progenies in their respective populations, considering (A) and disregarding the population effect (C) and BLUP means of the progenies in their respective populations considering (B) and disregarding (D) the population effect. 45
- Figure 6 - Distribution of BLUP means for absolute maturity of the progenies in their respective populations, considering (A) and disregarding the population effect (C) and BLUP means of the progenies in their respective populations considering (B) and disregarding (D) the population effect. 47
- Figure 7 - Coincidence index and Spearman correlation between the progenies selected in the strategies considering and disregarding the population effect for grain yield. 49
- Figure 8 - Coincidence index and Spearman correlation between the selected progenies in the strategies considering and disregarding the population effect for absolute maturity. 50
- Figura 9 - Frequency distribution of BLUP averages for grain yield in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons, considering (A) and disregarding (B) the population effect. 51
- Figure 10 - Frequency distribution of BLUP averages for absolute maturity (DAM) in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons, considering (A) and disregarding (B) the population effect. 52
- Figure 11 - Distribution of BLUP means of filtered data for grain yield of progenies in their respective populations, considering (A) and disregarding the population effect (C) and BLUP means of progenies in their respective populations, considering (B) and disregarding the population effect. 53

Figure 12 - Distribution of BLUP means of filtered data for absolute maturity of the progenies in their respective populations, considering (A) and disregarding the population effect (C) and BLUP means of the progenies in their respective populations, considering (B) and disregarding the population effect (D).	55
Figure 13 - Coincidence of strategies with and without population effect for grain yield, considering only the filtered data of the selected progenies.	56
Figure 14 - Coincidence of strategies with and without population effect for absolute maturation, considering only the filtered data of the selected progenies.	57
Figure 1A - Coincidence of the selected progenies in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons for absolute maturity (days).	75

LISTA DE TABELAS

Table 1 - Populations selected according to $m + a$ estimates for grain yield ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) and absolute maturity (days), Lavras-MG, 2018.....	34
Table 2 - Characteristics of the controls used in the experiments in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons.....	35
Table 3 - Estimates of genetic and phenotypic parameters for grain yield and absolute maturity traits. Data referring to the $F_{4:5}$ and $F_{4:6}$ progenies, in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons.....	40
Table 4 - Expected gain with selection (GS) and realized gain with selection (GR) for grain yield and absolute maturation considering the strategies with population effect and without population effect.....	41
Table 1A - Genetic and phenotypic parameters for grain yield and absolute maturity at the Lavras and Ijaci in the 2019/2020 growing seasons.....	73
Table 2A - Genetic and phenotypic parameters for grain yield and absolute maturity at the Lavras and Ijaci in the 2020/2021 growing seasons.....	73
Table 3A - Estimates of genetic and phenotypic parameters for grain yield and absolute maturity traits from common data. Data referring to the $F_{4:5}$ and $F_{4:6}$ progenies, in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons.....	74

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO GERAL.....	11
1 INTRODUÇÃO.....	11
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	13
2.1 Cultura da soja.....	13
2.2 Melhoramento genético da soja.....	14
2.3 Componentes genéticos da média.....	16
2.4 Componentes genéticos da variância.....	17
2.5 Modelos mistos.....	18
2.6 Informações de parentesco.....	20
REFERÊNCIAS.....	24
CHAPTER 2 DO THE BEST SOYBEAN SEGREGATING POPULATIONS GENERATE THE BEST PROGENIES?.....	29
1 INTRODUCTION.....	30
2 MATERIAL AND METHODS.....	32
2.1 Sites.....	32
2.2 Obtaining the progenies and conducting the experiments.....	33
2.3 Data analysis.....	35
3 RESULTS.....	40
4 DISCUSSION.....	59
5 CONCLUSIONS.....	64
REFERENCES.....	65
APPENDIX.....	73

CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO GERAL

1. INTRODUÇÃO

O processo de domesticação e o melhoramento genético permitiram a seleção de características de interesse visando obter maiores produtividades, além de desenvolver, por meio de seleção e hibridação, cultivares resistentes a várias doenças e pragas. Tendo em vista a importância da cultura da soja no Brasil, novos desafios para a pesquisa surgem constantemente. Assim, a busca por cultivares que associem alta produtividade, altura de planta e altura de inserção da primeira vagem adequadas à colheita mecanizada, ausência de acamamento e menor maturação absoluta são objetivos que impulsionam os estudos, principalmente no que tange ao melhoramento genético.

Em um programa comercial de melhoramento da cultura da soja são realizadas inúmeras hibridações resultando em milhares de populações segregantes que são conduzidas até atingirem um nível satisfatório de homozigose. O sucesso de um programa de melhoramento de plantas autógamas está diretamente associado à escolha criteriosa dessas populações a serem utilizadas na seleção. Nesse contexto, as estimativas dos componentes da média $m+a'$ (contribuição dos locos em homozigose) e d (contribuição dos locos em heterozigose) e da variância, podem se mostrar eficazes para selecionar as melhores progênies (TRILLER, 1994; ABREU, RAMALHO; SANTOS, 2002).

Por seu turno, as estimativas de $m+a'$ têm algumas vantagens, dentre elas, a facilidade de obtenção e a possibilidade de identificar o híbrido ou população com maior chance de obter boas linhagens na geração F_{∞} (VENCOVSKY, 1987; RAMALHO et al., 2012). Além disso, há um menor erro associado a essa estimativa em relação aos componentes da variância, por ser um componente advindo da média. A utilização desses componentes em programas de melhoramento pode ser promissora, visto que essas informações ainda são pouco utilizadas e podem contribuir para reduzir o tempo e os custos do programa de melhoramento de soja.

Após a seleção dentro das populações, milhares de progênies são avaliadas em diferentes ambientes. Isso resulta na ocorrência de dados desbalanceados devido às perdas de parcelas ao longo das gerações como também pelo número de repetições e tamanho de parcelas que são utilizadas. Posteriormente, as linhagens são avaliadas em vários locais e anos agrícolas, visando a recomendação de novas cultivares (BERNARDO, 2020). Nessa situação, o emprego de métodos baseados em modelos mistos é recomendado para análise dos dados.

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

No melhoramento de plantas autógamas, alguns estudos têm demonstrado que o uso do BLUP com a inclusão da informação de parentesco e com dados de múltiplas gerações tornam o processo seletivo mais eficiente (RESENDE et al., 2015; PEREIRA, 2016; RESENDE et al., 2016). Essa eficiência do uso de modelos mistos no melhoramento de espécies autógamas tem sido comprovada em diferentes culturas, como arroz (BORGES et al., 2010), feijão-comum (BATISTA et al., 2017; LEMOS, 2017), soja (PINHEIRO et al., 2013; PEREIRA et al., 2017) e trigo (PIMENTEL, 2014).

Em etapas de avaliação dos programas de melhoramento, os genótipos selecionados possuem muitas informações associadas a eles, o que possibilita a adoção de diferentes estratégias de pesquisa para a seleção das melhores linhagens. Dessa forma, a literatura permite embasar diferentes estratégias de análises, que permitam a classificação dos genótipos superiores na seleção de linhagens de soja (VILLELA, 2021). A inclusão do mérito da população, com dados de múltiplas gerações foram utilizadas em diversas culturas autógamas (RESENDE et al., 2015; RESENDE et al., 2016; PEREIRA et al., 2017; BARROS et al., 2018; VOLPATO et al., 2018). O uso da simulação computacional também pode ser utilizado. Esse método consiste em imitar o comportamento de um sistema real, para estudar seu funcionamento sob condições alternativas e viabilizar a extração de informações importantes, com baixo custo e rapidez (DACHS, 1988; FERREIRA, 2001).

Ante ao exposto objetivou-se comparar diferentes estratégias de seleção de progênies de soja, e verificar as implicações desses métodos de seleção no ranqueamento das progênies superiores.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Cultura da soja.

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

Embora haja registros históricos que apontam para cultivos experimentais de soja na Bahia já em 1882, a introdução no país tem o ano de 1901 como marco principal, quando começam os cultivos na Estação agropecuária de campinas e a distribuição de sementes para produtores paulistas. Em 1914, é oficialmente introduzida no município de Santa Rosa, no Rio Grande do Sul, estado que apresenta condições climáticas similares as das regiões produtoras nos Estados Unidos (APROSOJA, 2014).

Contudo, somente em 1960, a soja passou a ser cultivada como cultura economicamente importante para o Brasil. Vista como excelente alternativa para a sucessão de culturas com o trigo no sul do Brasil, a produção saltou de 206 mil toneladas, em 1960, para 1,056 milhão de toneladas, em 1969. O sucesso da cultura nos anos 60 continuou na década seguinte, permitindo que a soja se consolidasse como a principal cultura do agronegócio brasileiro, passando de 1,5 milhão de toneladas em 1970, para mais de 15 milhões de toneladas em 1979 (EMBRAPA, 2004).

Hoje, a soja é uma das espécies mais cultivadas, tendo também vários ramos de estudo desde a busca por cultivares que apresentem alta produção e boa adaptabilidade, bem como plantas favoráveis à obtenção de óleos (AGEITEC, 2015). O Brasil, maior produtor mundial de soja, produziu no ano agrícola 2022/2023 154,81 milhões de toneladas de grãos (CONAB, 2023). Destacam-se como maiores estados produtores Mato Grosso, com 45,04 milhões de toneladas, e Paraná, com 22,35 milhões de toneladas (CONAB, 2023). Minas Gerais figura-se como o sexto estado maior produtor de soja, com 8,30 milhões de toneladas nesta última safra segundo o levantamento da (CONAB, 2023).

2.2. Melhoramento genético da soja

O melhoramento genético iniciou com a domesticação das plantas há aproximadamente 10.000 anos, apesar de ter sido um processo demorado foi muito eficaz pela obtenção de plantas via seleção e adaptadas a ambientes completamente diferentes do que elas se originaram, frequentemente com desempenho muito superior ao obtido no local de origem (RAMALHO et al., 2012).

No Brasil o melhoramento de plantas começou com a introdução pelos imigrantes no início do século 20 e contribuiu para avanços consideráveis, no entanto, ainda como uma arte (HUNNICUTT, 1924). O melhoramento como arte persiste até os dias atuais, porém auxiliado de outras ferramentas para tornar o processo mais eficiente (RAMALHO et al., 2012).

A contribuição do melhoramento de plantas para a sociedade tem sido marcante. O caso da soja em que o cultivo concentrava-se apenas em regiões de latitude acima de 30°, quando cultivada próxima a linha do Equador o florescimento ocorre precocemente em detrimento do crescimento vegetativo reduzido, apresentando produtividade de grãos por área muito pequena inviabilizando o seu cultivo (PIPOLO, ALMEIDA; KIIHL, 2002). Com isso, foi necessário desenvolver plantas com período juvenil longo para permitir o cultivo na região Sudeste e, especificamente, Centro-Oeste e Norte do país (RAMALHO et al., 2012).

Minas Gerais é um estado pioneiro no melhoramento da soja no Brasil. Os primeiros trabalhos de avaliação e recomendação de cultivares introduzidas foram realizados ainda em 1920. A cultura mostrou-se promissora para a região, e a Universidade Federal de Viçosa iniciou suas primeiras pesquisas visando o melhoramento da soja na década de 60 (SEDIYAMA, 2015). Em 1988 foi instituída a Fundação Triângulo de Pesquisa, que em parceria com EPAMIG e a Embrapa, lançou, em 1998, a cultivar MG/BR 46 Conquista, que foi amplamente cultivada em todo o território nacional (ZITO et al., 2011). Desde 2011 a Universidade Federal de Lavras também iniciou seu programa de melhoramento de soja visando obter cultivares precoces e produtivas adaptadas à região sul de Minas Gerais (SOARES et al., 2015; SILVA et al., 2016).

Muitos foram os fatores que contribuíram para a expansão da soja no Brasil da região Sul para a região Central, associada ao desenvolvimento rápido de tecnologias para suprir a demanda externa (APROSOJA, 2014). Alguns destes fatores podem ser citados como principais: subsídio à triticultura compondo a sucessão de culturas, alta no mercado internacional, substituição das gorduras animais por óleos vegetais, facilidades na mecanização

da cultura, estabelecimento de uma pesquisa bem desenvolvida sobre a cultura, mas, sobretudo, à obtenção de cultivares de soja insensíveis ao fotoperíodo, originando as cultivares denominadas de Período Juvenil Longo (PJL) (EMBRAPA, 2005). O impulso dado pelas cultivares PJL possibilitou expansão das fronteiras agrícolas no Cerrado, bem como a incorporação de novas regiões produtivas, como o MATOPIBA (Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia) (FREITAS, 2011).

A partir de 1990, todo o cenário do melhoramento genético da soja no Brasil se transformaria com a entrada das multinacionais no país. Em 1996, a Monsanto (atualmente Bayer) iniciou suas atividades com cultivares convencionais. No entanto, a partir de 2005, a principal base genética das cultivares de soja foi a transgênica denominada Roundup Ready RR (MONSANTO, 2016). As primeiras cultivares RR cultivadas comercialmente no Brasil foram procedentes da Argentina. Entre elas, a cultivar Anta82RR foi amplamente cultivada, principalmente em razão de sua precocidade. Mais tarde, outras empresas como Pioneer, Syngenta, Basf e Bayer, também implementaram os programas de melhoramento de soja transgênica. Atualmente, a soja transgênica ocupa mais de 90% das áreas cultivadas (CONAB, 2017).

Com o sucesso da tecnologia RR, as empresas de melhoramento genético voltaram seus esforços para a biotecnologia e o lançamento de novos eventos transgênicos. No ano de 2013, foi lançada pela Monsanto, a tecnologia Intacta RR2 PRO, conferindo, além da resistência ao glifosato, resistência à lagartas, devido a introdução do gene *cry1Ac* (MONSANTO, 2016). O evento logo teve adesão dos produtores e atualmente diversas empresas têm cultivares em seu portfólio que possuem a tecnologia. Para os próximos anos, as empresas almejam lançar no mercado novas cultivares que associem piramidação de genes, além da resistência a estresses bióticos, estas buscam plantas com maior tolerância as adversidades climáticas (RAJPUT *et al.*, 2023).

No início de 2016, foi lançada pela parceria entre BASF e Embrapa, a primeira cultivar de soja com a tecnologia Cultivance, que confere à soja resistência aos herbicidas do grupo químico das imidazolinonas, inibidores da enzima ALS (BAYER, 2016). Ainda para o ano agrícola 16/17, a Bayer Cropscience disponibilizou em 11 cultivares a tecnologia Liberty Link™. A tecnologia, já é comercializada em países como EUA e Canadá, confere resistência ao herbicida Glufosinato de Amônio (BAYER, 2016).

Uma nova tecnologia que também dará auxílio ao controle de plantas daninhas resistentes ao glifosato e ao manejo de pragas é a tecnologia Conkesta™ Enlist E3™, desenvolvida pela Corteva agriscience. Trata-se de uma cultivar de soja que além da tolerância

aos herbicidas 2,4-D, glifosato e glufosinato, conta com a biotecnologia Bt de maior espectro de controle de lagartas (CORTEVA, 2019).

Lançada no Brasil em junho de 2021, a soja com tecnologia INTACTA 2 XTEND® será a terceira geração de transgênicos trazida pela Bayer ao mercado nacional. Tolerante ao herbicida glifosato, a plataforma trará também uma nova ferramenta para o controle de plantas daninhas: o Dicamba, que oferecerá um amplo controle de plantas daninhas de folhas largas (BAYER, 2021).

2.3. Componentes genéticos da média

Os germoplasmas que os melhoristas dispõem envolvem algumas centenas ou até milhares de linhagens, entretanto, o número de populações que podem ser mensuradas é limitado em função da área disponível e de recursos financeiros e pessoais (RAMALHO et al., 2012).

Com isso, é necessário estabelecer métodos para identificar e selecionar as melhores populações segregantes, economizando tempo e recursos. Esses métodos envolvem duas categorias (BAENZIGER; PETERSON, 1991). Uma envolve procedimentos utilizando informações apenas dos genitores como a média, coeficiente de parentesco e a análise multivariada, visando estimar a divergência genética. Outra envolve o desempenho das progênes oriundas dos cruzamentos, e dentre esses estão os cruzamentos dialélicos, a estimativa de $m+a'$ e d , e o método de Jinks e Pooni (1976).

Dentre esses métodos, um dos mais utilizados é o cruzamento dialélico. Contudo, esse método apresenta como grande limitação, o trabalho dispendido na realização das hibridações, especialmente quando estão envolvidos um grande número de genitores e se está trabalhando com espécies em que os cruzamentos artificiais são difíceis e com um pequeno número de sementes híbridas por polinização, como é o caso da cultura da soja.

As técnicas multivariadas permitem escolher os genitores para os programas de melhoramento com base na divergência genética entre eles (FERREIRA et al., 1995), esperando-se que os genitores mais divergentes propiciem a obtenção de populações com maior variabilidade. A principal vantagem dessa metodologia é que não há necessidade dos cruzamentos serem realizados *a priori*, pois são avaliados caracteres apenas dos genitores, com os quais são obtidas medidas de divergência (ABREU et al., 2002).

O método de Jinks e Pooni (1976), estima a probabilidade de se encontrar linhagens em uma população que superem um determinado padrão, considerando a média e a variância de

uma geração precoce. Essa metodologia foi utilizada com soja (PULCINELLI, 1992; TRILLER, 1994), e feijão (OTUBO et al., 1996; ABREU et al., 2002).

Um outro método que pode ser empregado na escolha de populações segregantes promissoras, a partir de informações das gerações iniciais, é a estimativa de $m + a'$, que corresponde à média de todas as possíveis linhagens que podem ser derivadas de um cruzamento e d é o desvio dos heterozigotos em relação à média (VENCOVSKY, 1987).

Para se utilizar essa estimativa na escolha das populações, o ideal é avaliar duas gerações, F_1 e F_2 , ou F_2 e F_3 em experimentos com repetições. Essas avaliações devem ser o mais precoce possível, para concentrar a atenção nas populações realmente de maior potencial. As avaliações das gerações necessariamente devem ser simultâneas para reduzir o efeito da interação dos genótipos x ambientes na estimativa de $m + a'$. O ideal é conduzir experimentos em faixas, colocando como tratamento da parcela, as duas gerações e das subparcelas as populações (RAMALHO et al., 2012).

Considera-se que o desempenho da geração F_1 de uma linhagem ou híbrido é decorrente de $m + a' + d$, a geração F_2 é $m + a' + \frac{1}{2}d$, a geração F_3 é $m + a' + \frac{1}{4}d$, e assim consecutivamente. Desse modo, a contribuição dos locos em homozigose é representada por $m+a'$ na geração F_∞ , enquanto o d é a contribuição dos locos em heterozigose (CRUZ, REGAZZI; CARNEIRO, 2004; BERNARDO, 2010; RAMALHO et al., 2012).

Segundo Ramalho et al. (2012), usando, por exemplo, as gerações F_2 e F_3 , o fundamento do procedimento, tendo como referência a média das gerações F_2 e F_3 é o seguinte:

$$\bar{F}_2 = m + a' + \frac{1}{2}d \text{ e } \bar{F}_3 = m + a' + \frac{1}{4}d$$

Assim, pode-se obter as estimativas de $m + a'$ e d pelas expressões:

$$m + a' = 2\bar{F}_3 - \bar{F}_2 \text{ e } d = 2(\bar{F}_2 - \bar{F}_3)$$

A contribuição dos locos em homozigose é dependente do desempenho das linhagens *per se* e a dos locos em heterozigose depende da divergência entre as linhagens e da existência de dominância no controle do caráter. A estimativa de $m+a'$ também fornece o potencial de uma população para a extração de linhagens (VENCOVSKY, 1987).

2.4. Componentes genéticos da variância

O emprego da variância no estudo dos caracteres quantitativos tem algumas vantagens. Entre elas, de possibilitar estimar a herdabilidade e o ganho genético com a seleção, além de obter estimativas sem o cancelamento de desvios genéticos de sinais opostos, como ocorre com

os componentes de médias, pois esses são elevados ao quadrado. O emprego de variância, no entanto, exige cuidados específicos, pois ela normalmente é associada a erros acentuados já que os desvios são elevados ao quadrado (WRICKE; WEBER, 1986; BERNARDO, 2010).

O fenótipo do indivíduo em determinado ambiente depende do genótipo e do ambiente. Assim, a variância fenotípica (V_F) contém a variância genética (V_G) e variância ambiental (V_E). Fisher no início do século XX decompôs a variância genotípica de uma população em três componentes: variância genética aditiva (V_A), variância genética de dominância (V_D) e variância genética epistática (V_I). Esses componentes são os constituintes da V_G em uma população em equilíbrio de Hardy-Weinberg ou então em populações submetidas à endogamia (RAMALHO et al., 2012).

A V_A mede a variação, decorrente dos efeitos médios dos alelos, sendo a variação dos efeitos que são transmitidos de uma geração para a próxima. Desse modo, como comenta Bernardo (2020), a V_A tem importância fundamental em prever as trocas na média da população, em razão da seleção. A variância de dominância é função das frequências alélicas e do grau de dominância e a variância epistática corresponde à variância dos desvios da interação entre dois ou mais locos (RAMALHO et al., 2012).

É primordial, para o processo de seleção de genótipos superiores, conhecer a variabilidade existente para os caracteres que se deseja selecionar (CRUZ, REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Segundo Rossmann (2001), essa variabilidade pode ser obtida por meio das estimativas de herdabilidade, coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental, variância genotípica e fenotípica, entre outros parâmetros.

O valor de herdabilidade (h^2), em função da sua magnitude, é utilizado em várias tomadas de decisões importantes, como a predição do ganho de seleção. Segundo Ramalho et al. (2012), é possível obter dois tipos de h^2 , a herdabilidade no sentido amplo (h^2_a) e a herdabilidade no sentido restrito (h^2_r), sendo esta última mais útil para os melhoristas porque quantifica a variância genética que pode ser transmitida para as próximas gerações. Normalmente, a herdabilidade é estimada a partir de uma análise de variância (ROSSMANN, 2001).

2.5. Modelos mistos

A aplicação de modelos lineares mistos envolve predição de valores genotípicos por meio da melhor predição linear não viesada (BLUP) e estimativas de componentes de variância

através das médias do modelo de máxima verossimilhança restrita (REML), que possibilita um processo de seleção mais acurado (RESENDE et al., 2016).

Com o desenvolvimento de softwares computacionais, análises baseadas no método de modelos lineares mistos têm ganhado importância dentre as metodologias para identificação de genótipos superiores. Nesse sentido, o BLUP é considerado um procedimento ideal de avaliação genotípica e de seleção para efeitos genéticos aditivos, efeitos de dominância e efeitos genotípicos, dependendo da situação (RESENDE et al., 2016). Além disso, o BLUP aumenta a acurácia seletiva e permite o uso simultâneo de inúmeras fontes de informação.

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

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

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

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

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

não fornecem resultados grosseiramente distintos, o que leva a falsa impressão de que a escolha do estimador não é importante. Panter e Allen (1995) avaliando estratégias de escolha de genitores em soja compararam o método dos quadrados mínimos com o método de modelos mistos via BLUP. Em todos os casos analisados ficou evidenciado a superioridade dos cruzamentos obtidos por meio do BLUP, além de menor erro padrão e maior correlação dos valores preditos com o desempenho observado dos genótipos.

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

Em programas de seleção recorrente, por exemplo, a seleção das melhores progênes tem sido realizada, assumindo na análise, apenas a geração de referência. Nesse sentido, um questionamento que surge é a possibilidade da implementação da análise sequencial em programas de seleção recorrente, visando melhorar o processo seletivo. Assim, Resende (2002), Bruzi (2008), e Pereira et al. (2017), ao consideraram as sucessivas avaliações de performance das progênes anteriores à geração de referência, constataram melhora na eficiência do processo seletivo com a análise sequencial pelo procedimento BLUP.

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

2.6. Informações de parentesco

Alguns estudos em soja e outras culturas anuais demonstram a importância do uso de informações de parentesco genético no melhoramento de plantas e sua utilidade para melhorar as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos (NUNES et al., 2008; PIEPHO,

MOHRING; MELCHINGER, 2008; RAMALHO et al., 2012; PINHEIRO et al., 2013; PEREIRA et al., 2017).

Incorporar o efeito populacional no modelo estatístico é uma forma de considerar a relação genética entre progênes ou linhagens, permitindo combinar as informações entre e dentro das populações (FALCONER, 1996; PIEPHO et al., 2008; PEREIRA et al., 2017).

No melhoramento de soja a aplicação de modelos mistos começou a ser utilizada mais recentemente para se obter sucesso com a seleção de genótipos superiores. Visando avaliar estratégias de escolha de genitores, Panter e Allen (1995) compararam o MQM com o método de modelos mistos via BLUP, utilizando uma série de dados históricos de soja e, em todos os casos analisados, ficou comprovado a superioridade dos cruzamentos obtidos por meio do BLUP, além de menor erro padrão.

A identificação das melhores progênes 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). Em relação à interação genótipo \times ambiente ($G \times E$), é possível estimar parâmetros genéticos, via máxima verossimilhança restrita (REML) e comparar diferentes estratégias de seleção, no contexto de modelos mistos, para melhoramento da soja. É possível encontrar acurácia seletiva muito alta, indicando alta confiabilidade, identificando genótipos de soja mais produtivos e que apresentam alta adaptabilidade e estabilidade (EVANGELISTA et al., 2021).

Quando se considera o modelo como fixo para estimação das médias dos tratamentos e ordenamento das mesmas, Duarte e Vencovsky (2001), em um trabalho teórico demonstram que, quando se passa de uma análise assumindo genótipos como de efeitos fixos para outra em que tais efeitos são tidos como aleatórios, na ausência de desbalanceamento nos dados, tem-se o efeito ‘shrinkage’, que nada mais é do que um encolhimento da distribuição das médias ajustadas dos tratamentos em torno da média geral. Piepho et al. (2008) comentam que a propriedade ‘shrinkage’ presente no preditor BLUP propicia maior acurácia seletiva quando comparado com o *Best Linear Unbiased Estimation* (BLUE).

Assim, tem sido recomendado associar a informação de parentesco ao método de modelos mistos, visando tornar o processo seletivo mais eficaz e com resultados mais satisfatórios (PIEPHO et al., 2008). Segundo estes autores, alguns pressupostos devem ser atendidos para se utilizar a informação do parentesco, como, os genótipos avaliados poderem

ser rastreados até a mesma população base e esta possuir todos os genótipos não relacionados, assim como, em fase de equilíbrio de ligação ou em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Entretanto, esses pressupostos exigem que não ocorra seleção dos genótipos na população base, divergindo em relação à realidade dos programas de melhoramento, em que as populações sofrem intensa seleção, portanto, essas premissas geralmente não se aplicam fielmente. Porém, mesmo com essas imperfeições, o uso da matriz de parentesco tem apresentado sucesso com a seleção pois, os métodos de verossimilhança levam em conta o viés gerado pelas seleções, em parte porque a matriz de relação genética aditiva A corrige os padrões de fluxo de informação genética de geração a geração.

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 do 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.

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 à 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 $S_{0:1}$ a $S_{0:3}$; $S_{0:1}$ a $S_{0:4}$; $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$ e todas as progênies; b) análise sequencial envolvendo as progênies comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$ ou $S_{0:1}$ a $S_{0:4}$ e c) análise sequencial envolvendo as progênies comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:10}$ ou $S_{0:1}$ a $S_{0:8}$, utilizando o método REML/BLUP. Todas as estratégias foram comparadas com o MQM/ANAVA, tradicionalmente

utilizada 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 progênes pode ser incrementada, utilizando a análise sequencial por meio do procedimento BLUP.

Resende et al. (2015) propuseram o emprego de um índice multigerações via REML/BLUP para aumentar a eficiência do método do bulk dentro de progênes, método esse muito utilizado na condução de progênes 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 por ambientes.

Por fim, Pereira et al., (2017) estudando a influência do efeito da população na estimativa dos componentes genéticos e fenotípicos das melhores progênes de soja, relataram que uma estimativa mais acurada é possível quando o efeito da população é considerado, possibilitando maiores ganhos com a seleção para produtividade e maturação absoluta. Além disso, o efeito da população apresentou maior razoabilidade de utilização em gerações iniciais de endogamia, geralmente associado a uma maior condição de desbalanceamento do programa.

REFERÊNCIAS

- ABREU, A. D. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. D. Prediction of seed-yield potential of common bean populations. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 3, p. 323-327, 2002.
- AGÊNCIA EMBRAPA DE INFORMAÇÃO TECNOLÓGICA (AGEITEC). **Árvore do conhecimento, agroenergia**. 2015. Disponível em: < <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/agroenergia/arvore/CONT000fbl23vmz02wx5e00sawqe3vtdl7vi.html>> . Acesso em: 12 mai. 2015.
- Associação dos Produtores de Soja e Milho do Estado de Mato Grosso - APROSOJA. **A história da soja**. 2014. Disponível em: < (<https://aprosojabrasil.com.br/2014/sobre-a-soja/a-historia-da-soja/>) >.
- BAENZIGER, P. S.; PETERSON, C. J. Genetic variation: It's origin and use for breeding self-pollinated species. In: STALKER, H.T; MURPHY, J.P. **Plant breeding in the 1990's**, p. 69-100, 1991.
- BARROS, M. S.; MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P.; CASTRO, A. P.; BRESEGHELLO, F. Effectiveness of early-generation testing applied to upland rice breeding. **Euphytica**, v. 214, n. 4, p. 61, 2018/03/05 2018. ISSN 1573-5060.
- BATISTA, L. G.; DOS ANJOS, R. S. R.; POERSCH, N. L.; NALIN, R. S.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. D. S.; RESENDE, M. D. V. D. Multigeneration Index in the Selection of Common Bean Inbred Families. **Crop Science**, 2017.
- BAYER. **Agricultura**. 2016. Disponível em: < <https://www.basf.com/br/pt/products-and-industries/agriculture.html> >. Acesso em: 22 nov 2016.
- BAYER. **Bayer lança Intacta 2 Xtend®, nova geração de soja que irá revolucionar o potencial produtivo do Brasil**. 2021. Disponível em: < [https://www.bayer.com.br/pt/midia/bayer-lanca-intacta-2-xtend-nova-geracao-soja-que-ira-revolucionar-potencial-produtivo-brasil#:~:text=S%C3%A3o%20Paulo%2C%20junho%20de%202021,soja%20brasileira%20de%20forma%20sustent%C3%A1vel](https://www.bayer.com.br/pt/midia/bayer-lanca-intacta-2-xtend-nova-geracao-soja-que-ira-revolucionar-potencial-produtivo-brasil#:~:text=S%C3%A3o%20Paulo%2C%20junho%20de%202021,soja%20brasileira%20de%20forma%20sustent%C3%A1vel.) >. Acesso em: May 19, 2023.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. . 2 Ed, Woodbury, Minnesota, p. 400, 2010.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 3 Ed, Woodbury, Minnesota p. 422, 2020.
- BORGES, V.; SOARES, A. A.; REIS, M. S.; RESENDE, M. D. V.; CORNÉLIO, V. M. O.; LEITE, N. A.; VIEIRA, A. R. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, v. 69, p. 833-841, 2010.
- BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programas de seleção recorrente no feijoeiro comum**. 71 p. – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2008.

CÂMARA, G. M. S. **Introdução ao agronegócio da soja**. Piracicaba: ESALQ, LPV, p. 1-18, 2011.

Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**. 2017. Disponível em: < <http://www.conab.gov.br> >.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**. 2023. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos> >. Acesso em: May 19, 2023.

CORTEVA AGRISCIENCE. **Tecnologias**. 2019. Disponível em: < <https://www.corteva.com.br/produtos-e-servicos/tecnologias/sistema-enlist.html> >. Acesso em: 05 mai 2019.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3 Ed, Viçosa, v. 1, p., 2004.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa, UFV, v. 1, p. 514, 2012.

Comissão Técnica Nacional de Biossegurança - CTNBIO. **Processo de OGM**. Brasília, 2017. Disponível em: < <http://ctnbio.mcti.gov.br/processo-de-ogm> >. Acesso em: 08 jul. 2017.

DACHS, J. N. W. **Estatística computacional: uma introdução em turbo-pascal**. LTC, p., 1988.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. J. S. A. Estimation and prediction using linear mixed models: the ranking of means of genetic treatments. v. 58, p. 109-117, 2001. ISSN 1678-992X.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Sistemas de Produção, 6:** . Tecnologia de produção de soja – região central do Brasil - 2005. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste: Fundação Meridional. 239 p., 2004.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA. **Tecnologias de Produção de Soja Região Central do Brasil**. 2005. Disponível em: < <http://www.cnpso.embrapa.br/producaosoja/SojanoBrasil.htm> >. Acesso em: 19 mai. 2018.

EVANGELISTA, J. S. P. C.; PEIXOTO, M. A.; COELHO, I. F.; ALVES, R. S.; RESENDE, M. D. V. D.; SILVA, F. L. D.; BHERING, L. L. J. C. B.; BIOTECHNOLOGY, A. Environmental stratification and genotype recommendation toward the soybean ideotype: a Bayesian approach. v. 21, p. e359721111, 2021. ISSN 1518-7853.

FALCONER, D. S. **Introduction to Quantitative Genetics**. Pearson Education, p., 1996. ISBN 9788131727409.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Record**, v. 55, n. 2, p. 191-208, 1956.

FERREIRA, D. F. Uso de simulação no melhoramento. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**, p. 1119 - 1141, 2001.

FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. D.; SANTOS, M. X. D.; RAMALHO, M. A. P. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, p. 1189-1194, set. 1995 1995.

FREITAS, M. C. M. **A cultura da soja no Brasil: o crescimento da produção brasileira e o surgimento de uma nova fronteira agrícola**. v. 7, p. 1-12, 2011.

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

HUNNICUTT, B. H. **O milho, sua cultura e aproveitamento no Brasil**, p. 243, 1924.

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

JINKS, J. L.; POONI, H. S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, v. 36, p. 253-266, 1976.

LEMO, R. C. **Procedimentos para a identificação de progênies superiores em gerações sucessivas de avaliação na cultura do feijoeiro**. p. – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017.

História. Brasil, 2016. Disponível em: < <http://www.monsanto.com/global/br/quem-somos/pages/historia.aspx> >. Acesso em: cesso em: 12 jun 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**, v. 1, n. 31, p. 73-78, 2008.

OTUBO, S. T.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B.; DOS SANTOS, J. B. Genetic control of low temperature tolerance in germination of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, v. 89, n. 3, p. 313-317, 1996.

PANTER, D.; ALLEN, F. J. C. S. Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: I. Choosing parents. v. 35, n. 2, p. 397-405, 1995. ISSN 0011-183X.

PEREIRA, F. C. **Estratégias para seleção de progênies em soja**. p. – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2016.

PEREIRA, F. D. C.; BRUZI, A. T.; MATOS, J. W. D.; REZENDE, B. A.; PRADO, L. C.; NUNES, J. A. R. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. **Plant Breeding** 136:, p. 679 - 687, 2017.

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

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J.; MELCHINGER, A. E. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, p. 209-228, 2008.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J. J. C. S. Selection in cultivar trials—is it ignorable? , v. 46, n. 1, p. 192-201, 2006. ISSN 0011-183X.

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

PINHEIRO, L. C. D. 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.

PIPOLO, C. V.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. D. S. Inheritance of a long juvenil period under short day condition in soybean. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, p. 463-469, 2002.

PULCINELLI, C. E. **Herança do teor de proteína em soja**. 67 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1992.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F. B.; SANTOS, J. B. D.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas.**, Lavras, UFLA, v. 1, p. 522, 2012.

RAJPUT, Ruchika et al. Gene pyramiding in transgenic plant development: approaches and challenges. **Journal of Plant Growth Regulation**, v. 42, n. 10, p. 6038-6056, 2023.

RESENDE, M. D. V.; RAMALHO, M. A. P.; GUILHERME, S. R.; ABREU, Â. F. B. 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. D. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, EMBRAPA Informação tecnológica, p. 975, 2002.

RESENDE, M. D. V. D.; DUARTE, J. B. Precision and Quality Control in Variety Trials. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007. ISSN 1983-4063.

RESENDE, M. D. V. E. A.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S.; BATISTA, L. G.; GOIS, I. B. Selection index with parentes, population, progenies and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science**, v. 56(2), p. 530-546, Madison, 2016.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 91 p. Dissertação (mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2001.

SEDIYAMA, T. **Melhoramento Genético da Soja**. Londrina - PR, p. 352, 2015.

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

SOARES, I. O.; REZENDE, P. M. D.; BRUZI, A. T.; ZAMBIAZZI, E. V.; ZUFFO, A. M.; SILVA, K. B.; GWINNER, R. Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, p. 8995-9003, 2015.

TRILLER, C. **Previsão do potencial genético de cruzamentos em soja pela geração F3**. 133 p. Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas – 1994.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VEGAS, G. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**, p. 137-209, 1987.

VILLELA, G. M. **Do the unselected genotypes influence the identification of the best soybean lines with the inbreeding generations?** 77 p. – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2021.

VOLPATO, L.; SIMIQUELI, G. F.; ALVES, R. S.; ROCHA, J. R. D. A. S. D. C.; DEL CONTE, M. V.; RESENDE, M. D. V. D.; CARNEIRO, P. C. S.; SILVA, F. L. D.; SINGH, R. Selection of inbred soybean progeny (*Glycine max*): an approach with population effect. **Plant breeding**, v. 137, n. 6, p. 865-872, 2018. ISSN 0179-9541.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. Quantitative genetics and selection in plant breeding. **Walter de Gruyter**, p. 406, 1986.

ZITO, R. K.; ARANTES, N. E.; FRONZA, V.; SÁ, M. E. L. D.; PÁDUA, G. P. D.; ZANETTI, A. L.; JUHÁSZ, A. C. P. **Tecnologias para o Cerrado Mineiro**. Informe Agropecuário, v. 32, p. 116, 2011.

CHAPTER 2 DO THE BEST SOYBEAN SEGREGATING POPULATIONS GENERATE THE BEST PROGENIES?

ABSTRACT

Studies aiming to improve selection methods in self-pollinating plants through the application of mixed models approach have been conducted using strategies that combine the merit and performance of populations, making the selection process more efficient. Thus, the objective was to compare different selection strategies for soybean progenies and assess the implications of these selection methods on ranking the superior progenies. The progenies were obtained during the harvest of segregating populations in the 2018/2019 crop season. After selection and individual plant testing, they were divided into two groups: one group containing progenies from early populations and another from late populations, totaling 8 distinct populations. Therefore, each group comprised an experiment (early and late), maintaining the same number of progenies in each. The $F_{4:5}$ and $F_{4:6}$ progenies were evaluated for grain yield and absolute maturity in the municipalities of Lavras and Ijaci. The $F_{4:5}$ progenies were evaluated during the 2019/2020 agricultural year. The plots consisted of a two-meter row with two replications in a 13 x 13 lattice design (160 progenies + 9 checks). The $F_{4:6}$ progenies selected in the previous generation were evaluated in the 2020/2021 agricultural year. The plots consisted of two four-meter rows with three replications in a 9 x 9 triple lattice design. The data were analyzed using mixed models approach through the following strategies: considering and disregarding the population effect in the generations, and considering and disregarding the non-selected genotypes in the two strategies. Genetic and phenotypic parameters were estimated in each analysis. Expected and realized gain from selection, Spearman's correlation, coincidence index, and genetic progress were used to assess the efficiency of the strategies used. Differences in ranking and coincidence of selected progenies were observed when considering and disregarding the population effect, as well as when excluding the non-selected genotypes from the analyses. Some populations contributed a greater number of progenies for the grain yield and absolute maturity traits. It was possible to identify coincident progenies in different selection strategies that combine high grain yield and lower absolute maturity.

Keywords: Selection strategies. Coincidence index. Parentage information.

1. INTRODUCTION

Most agronomically important traits in soybean are of quantitative nature, meaning they are controlled by multiple genes and are heavily influenced by the environment. Therefore, studies on genetic inheritance and estimation of genetic parameters are necessary to understand the genetic potential of populations and to guide the selection of superior genotypes (ROCHA, 2018).

In a breeding program, the selected progenies for advancement to the next generation usually have a lot of associated information, and it is expected that incorporating information from previous generations can increase the efficiency of selection (MARQUES, 2019). However, in self-pollinating crops, selection is typically based only on the latest generation, using BLUP prediction (RAMALHO et al., 2012).

The use of mixed models methodology has shown more refined genetic and statistical results compared to other methods. This methodology, among its various advantages, corrects some experimental issues such as unbalanced data (RESENDE et al., 2015; VOLPATO et al., 2018). However, the inclusion of parentage information can be added to the model. Piepho et al. (2008) highlight the importance of using mixed models methodology combined with pedigree information to make the selection process more effective and obtain more satisfactory results.

The inclusion of parentage information through REML/BLUP allows for greater gains with more precise selection and prediction of genetic values in soybean progeny. In other words, pedigree information helps increase the accuracy in predicting genetic values (PIEPHO et al., 2008). The beneficial effect of including population information has also been observed by (DUARTE; VENCOSKY, 2001; PIEPHO; MÖHRING, 2006; PEREIRA et al., 2017; VOLPATO et al., 2018).

Directed genetic progress in any species is associated with the presence of genetic variability, natural and/or artificial selection, and the adjustment of genotypes to existing environments. Once the presence of genetic variability and its value in relation to non-genetic variation are established, selection becomes crucial for genetic progress (REIS et al., 2004).

The ability for breeders to predict the expected gain from selection, even before it is carried out, is undoubtedly one of the greatest contributions of quantitative genetics (VENCOSKY, 1987). Thus, the gain from selection describes the success of a selection process, regardless of the successive selection cycles in a breeding program, and this can be

assessed by estimating the relationship between selection gain and selection differential, properly weighted by the mean (FALCONER, 1996).

To evaluate the efficiency of progeny selection methods and strategies, the coincidence index proposed by Hamblin and Zimmermann (1986) allows comparing the selection efficiency of progenies, determining the proportion of superior progenies with the same performance in different strategies or environments.

Based on the aforementioned, the objectives were: to estimate genetic and phenotypic parameters in soybean progenies; to select soybean progenies with the best genetic value; to associate population performance with their respective progenies; to verify the influence of parentage information on the selection of soybean progênies

2. MATERIAL AND METHODS

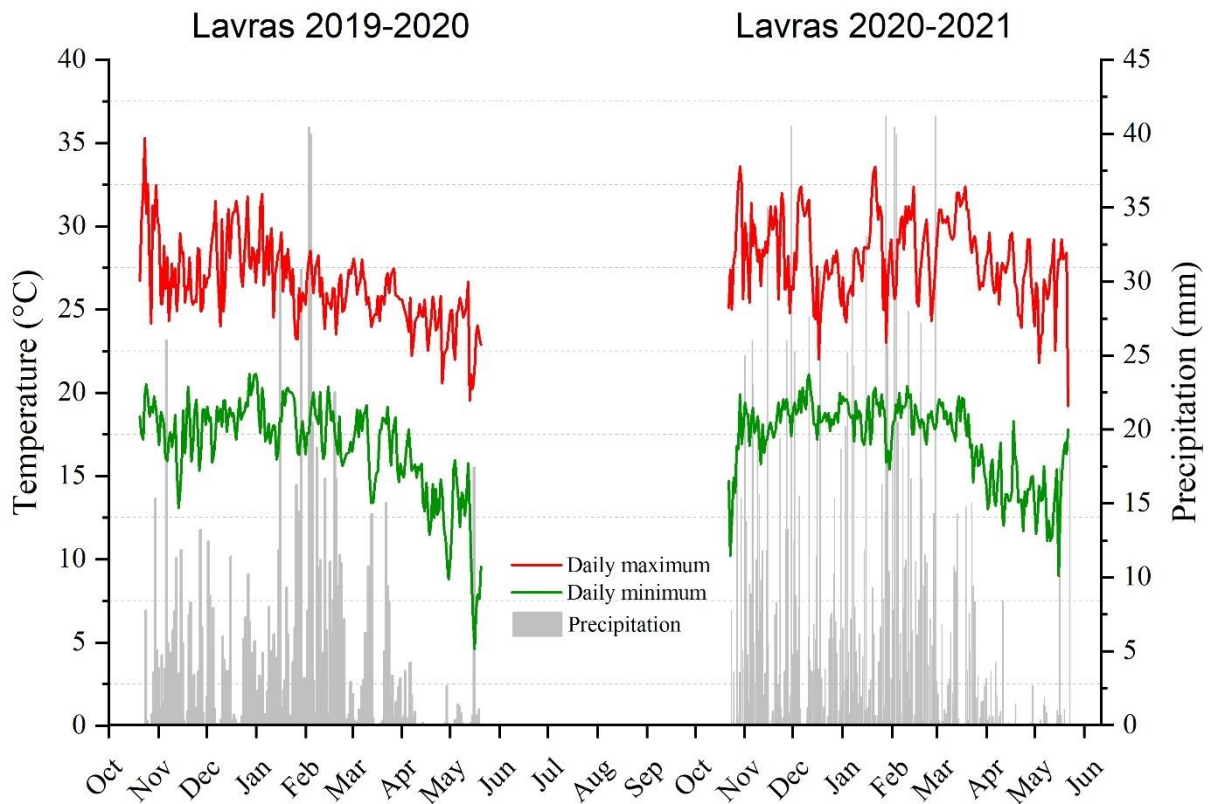
2.1. Sites

The experiment was conducted at two locations during the agricultural years 2019/2020 and 2020/2021.

i. The experimental area was located at the Center for Scientific and Technological Development in Agriculture (Muquém Farm) of the Federal University of Lavras - UFLA, at an altitude of 954 m, latitude 21°12'11", and longitude 44°58'47", in the municipality of Lavras.

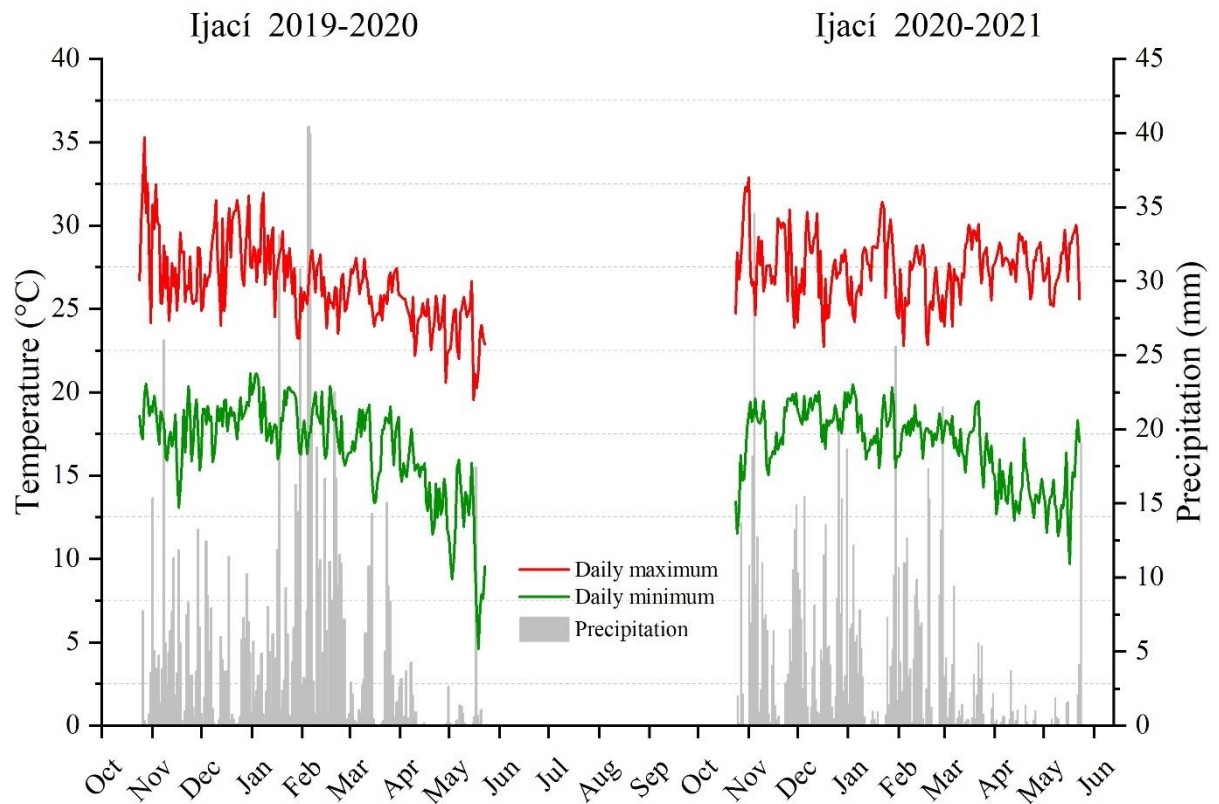
ii. The Center for Scientific and Technological Development in Agriculture - Palmital Farm, located in the municipality of Ijaci, with latitude 21°09' S, longitude 44°54' and 920 m of altitude.

Figure 1 - Precipitation, maximum and minimum temperature in the city of Lavras, MG, during the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons.



Source: Nasa (2022).

Figure 2 - Precipitation, maximum and minimum temperature in the city of Ijací, MG, during the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons.



Source: NASA (2022).

2.2. Obtaining the progenies and conducting the experiments

During the harvest of segregating populations in the 2018/2019 crop season, 40 plants from each population were collected from the border of the plots, totaling 800 plants. Each plant was individually threshed and stored in paper bags, resulting in $F_{4:5}$ seeds that were used in this experiment.

Based on the results obtained from the estimation of mean and additive genetic effects ($m+a$) and dominance effects (d) for grain yield and absolute maturity, 8 segregating populations were selected (Table 1), encompassing higher and lower values of $m+a$ for both evaluated traits. The estimation of d was used to assess the variability within each population.

Table 1 - Populations selected according to $m + a$ estimates for grain yield ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) and absolute maturity (days), Lavras-MG, 2018.

Crossings	Populations	$m+a$ Absolute maturity (days)	$m+a$ grain yield ($\text{Kg}\cdot\text{ha}^{-1}$)
BMXPotênciaRR x TMG123RR	3	116 b	6080 a
FMT1 x FMT2	4	106 a	5368 a
BMXPotênciaRR x CD250RR	5	117 b	5113 a
FMT1 x TMG123RR	6	106 a	4763 a
BMXForçaRR x FMT1	7	107 a	3540 b
CD250RR x BRSMG780RR	10	106 a	4457 a
FMT3 x BRSMG780RR	12	126 c	3920 b
TMGAnta82RR x BMXForçaRR	17	116 b	5322 a

Means followed by the same letter in the columns belong to the same group by the Scott-Knott test (1974) at the 5% probability level.

Source: From the author (2020).

The $F_{4:5}$ progenies obtained from these populations were divided into two groups based on the $m+a$ for absolute maturity of the populations: one group containing early-maturing progenies and another group containing late-maturing progenies. Thus, each group comprised an experiment (early and late), with the same number of progenies in each group, 160 early progenies and 160 late progenies, totaling 320 progenies.

In the 2019/2020 growing season, the $F_{4:5}$ progenies were sown in a single row of 2 meters in length, with a spacing of 0.60 meters between rows and a density of 18 seeds per linear meter in the early experiment and 12 seeds per linear meter in the late experiment. The experimental design used was a simple lattice 13x13, comprising the 160 progenies of each experiment and 9 common checks (Table 2).

Subsequently, in the 2020/2021 growing season, the $F_{4:6}$ progenies were sown in 2 rows of 4 meters in length. The experimental design used was a triple lattice 9x9. The other information is the same as described in the previous paragraph.

Table 2 - Characteristics of the controls used in the experiments in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons.

Controls/Cultivars	Maturity group	Density (number of seeds per meter)
P95R51 IPRO	5.5	18
M5917 IPRO	5.9	18
M6410 IPRO	6.4	18
TMG 7067 IPRO	6.7	18
BMX DESAFIO RR	7.4	18
M7739 IPRO	7.7	12
81I84RSF IPRO	8.1	12
TMG 2185 IPRO	8.5	12

Source: From the author (2020).

The sowing was performed manually, and during the opening of the planting furrows, *Bradyrhizobium japonicum* was applied through directed jet. The remaining cultural practices were carried out according to the recommended guidelines for the crop.

The field seed harvest were conducted at the R8 stage. After mechanical threshing, the seeds were separated from impurities using sieves and stored in paper bags. Seeds with high moisture content were exposed to sunlight until reaching a moisture content of 13%, suitable for storage.

The following agronomic traits were evaluated:

- a) Absolute maturity: 95% of the plants in the plot showing pod maturity, R8 stage.
- b) Grain yield: determined from the harvest of the plots. After standardizing the grain moisture content to 13%, the yield was calculated in $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ based on the conversion of the area of each plot.

2.3. Data analysis

The data of absolute maturity and grain yield were analyzed using the R software, specifically utilizing the mixed models approach (BERNARDO, 2010). Although originally developed for animal breeding, this approach has been widely adopted in plant breeding (PIEPHO et al., 2008) and has shown greater efficiency in selecting superior genotypes (PEREIRA, 2016).

Each year's experiments at each location were analyzed individually using the mixed models approach, employing the one-way model with recovery of interblock information. This allowed for the analysis of residual normality based on the Shapiro-Wilk test (SHAPIRO;

WILK, 1965) and the detection of variance homogeneity using the maximum F test (HARTLEY, 1950).

(1)

$$\bar{y} = \mu + X_r \tau_r + X_g u_g + X_b u_b + \varepsilon$$

where:

\bar{y} : Observed value for the analyzed trait;

μ : constant associated with all observations;

$X_r \tau_r$: vector of replicate fixed effect;

$X_g u_g$: vector of progenies effect (random), $g \sim N(0, \sigma_g^2)$;

$X_b u_b$: vector of block lined effect (random), $b \sim N(0, \sigma_b^2)$;

ε : vector of associated error effect (random), $\varepsilon \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$.

After testing the homogeneity of residual variances, a joint analysis for the environments was conducted, modeling the residual variance-covariance matrix with a diagonal matrix

($e_{ik} \sim N(0, \bigoplus_{j=1}^j I \sigma_\varepsilon^2)$)). This was done to adjust the model and increase the precision of

parameter estimates (HENDERSON et al., 1959; BARBOSA, 2009).

The model 2 was used for the analysis, including the effect of populations, and it was adjusted to the entire dataset across cycles. Model 2.1 was adjusted specifically for the progenies selected in both years.

(2)

$$\bar{y} = \mu + X_l \beta_l + X_w \omega_w + X_a u_a + X_c u_c + X_r u_r + X_g u_g + X_{ga} u_{ga} + X_{gl} u_{gl} + X_b u_b + \varepsilon$$

(2.1)

$$\bar{y} = \mu + X_l \beta_l + X_w \omega_w + X_a u_a + X_c u_c + X_r u_r + X_g u_g + X_{ga} u_{ga} + X_{gl} u_{gl} + \varepsilon$$

where:

\bar{y} : observed value for the analyzed trait;

μ : constant associated with all observations;

$X_l \beta_l$: vector of fixed location effects;

$X_w \omega_w$: vector of fixed population effects;

$X_a u_a$: vector of year effect (random), $a \sim N(0, I \sigma_a^2)$;

$X_c u_c$: vector of maturity cycle effect (random), $c \sim N(0, I \sigma_c^2)$;

$X_r u_r$: vector of replicate effect (random), $g \sim N(0, I\sigma_r^2)$;
 $X_g u_g$: vector of progenies effect (random), $g \sim N(0, I\sigma_g^2)$;
 $X_{ga} u_{ga}$: vector of interaction effect progenies \times year (random), $ga \sim N(0, I\sigma_{ga}^2)$;
 $X_{gl} u_{gl}$: vector of interaction effect progenies \times location (random), $gl \sim N(0, I\sigma_{gl}^2)$;
 $X_b u_b$: vector of lined block effect (random) $b \sim N(0, I\sigma_b^2)$;
 ε : vector of effect of associated errors (random), $\varepsilon \sim N(0, I\sigma_\varepsilon^2)$.

The model 3 was used for the analysis, excluding the effect of populations, and it was fitted to the entire dataset across cycles. Model 3.1 was fitted to the selected progenies in the two years.

(3)

$$\bar{y} = \mu + X_l \beta_l + X_a u_a + X_c u_c + X_r u_r + X_g u_g + X_{ga} u_{ga} + X_{gl} u_{gl} + X_b u_b + \varepsilon$$

(3.1)

$$\bar{y} = \mu + X_l \beta_l + X_a u_a + X_c u_c + X_r u_r + X_g u_g + X_{ga} u_{ga} + X_{gl} u_{gl} + \varepsilon$$

where:

\bar{y} : observed value for the analyzed trait;

μ : constant associated with all observations;

$X_l \beta_l$: vector of fixed location effects;

$X_a u_a$: vector of year effect (random), $a \sim N(0, I\sigma_a^2)$;

$X_c u_c$: vector of maturity cycle effect (random), $c \sim N(0, I\sigma_c^2)$;

$X_r u_r$: vector of replicate effect (random), $g \sim N(0, I\sigma_r^2)$;

$X_g u_g$: vector of progenies effect (random), $g \sim N(0, I\sigma_g^2)$;

$X_{ga} u_{ga}$: vector of interaction effect progenies \times year (random), $ga \sim N(0, I\sigma_{ga}^2)$;

$X_{gl} u_{gl}$: vector of interaction effect progenies \times location (random), $gl \sim N(0, I\sigma_{gl}^2)$;

$X_b u_b$: vector of lined block effect (random) $b \sim N(0, I\sigma_b^2)$;

ε : vector of effect of associated errors (random), $\varepsilon \sim N(0, I\sigma_\varepsilon^2)$.

Having the Best Linear Unbiased Predictor (BLUPs) means adjusted by the different models, the heritability according to Cullis et al. (2006) (h^2) was calculated using estimator four.

(4)

$$h^2 = 1 - \frac{\bar{u}_{\Delta..}^{BLUP}}{2\hat{\sigma}_g^2}$$

where:

$\bar{u}_{\Delta..}^{BLUP}$: mean variance of the difference of two BLUPs for the genetic effect of progenies;
 $\hat{\sigma}_g^2$: genetic variance of progenies.

The average accuracy ($r\hat{g}g$) was calculated according to Resende, Silva, and Azevedo (2014) using estimator five.

(5)

$$r\hat{g}g = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\hat{\sigma}_g^2}}$$

where:

PEV : prediction error variance (coefficients matrix);

The experimental variation coefficient (CVe) was calculated by the six estimator:

(6)

$$CVe = \frac{\sqrt{\sigma_\varepsilon^2}}{\bar{X}}$$

where:

σ_ε^2 : residual variance;
 \bar{X} : overall average of predicted values;

From the application of a selection intensity (SI) of 15%, the expected selection gain was estimated by estimator seven and 7.1 and the genetic progress between generations by estimator eight.

(7)

$$GS = (\bar{X}_s - \bar{X}) * 100$$

(7.1)

$$GS(\%) = \frac{GS}{\bar{X}_s} * 100$$

where:

GS : Gain from selection for trait i ;

$GS(\%)$: Gain from selection for trait i in percentage;

\bar{X}_s : averages of the predicted values of the selected progenies.

The average genetic progress stretched across generations was estimated by the eight estimator.

$$PGM = \frac{(\bar{X}_{S_{F_{4:6}}} - \bar{X}_{S_{F_{4:5}}})}{\bar{X}_{S_{F_{4:6}}}} * 100 \quad (8)$$

where:

PGM : Estimated average genetic progress for the trait (%);

$\bar{X}_{S_{F_{4:6}}}$: average of the selected progenies in the generation $F_{4:6}$;

$\bar{X}_{S_{F_{4:5}}}$: average of the selected progenies in the generation $F_{4:5}$.

The Spearman's rank correlation (ρ) was calculated using the predicted genetic values between the different analysis strategies. The coincidence index (IC), proposed by Hamblin and Zimmermann (1986), was also calculated among the genotypes selected by estimator nine.

$$IC = \frac{(A - C)}{(M - C)} * 100 \quad (9)$$

where:

A : number of coincident progenies between the different analysis strategies;

M : number of selected progenies as a function of selection intensity;

C : number of coincident progenies due to chance, the product being $C \times IS$;

3. RESULTS

The estimates of genetic and phenotypic parameters for grain yield and absolute maturity, obtained from the F_{4:5} and F_{4:6} progenies in different environments (Lavras - MG and Ijaci - MG) during the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons, are presented in Tables 1A and 2A in the appendix.

The experimental precision varied due to the different environments and evaluated traits. The estimates of C_{Ve} ranged from 1.35 (Absolute maturity, Ijaci - MG, 2020/2021) to 25.21 (Grain yield, joint analysis without population effect). The accuracy of the traits also showed significant variation, with values ranging from 0.54 (Grain yield, Lavras - MG, 2020/2021) to 0.95 (Absolute maturity, Ijaci - MG, 2019/2020) (Tables 1A and 2A).

There was a expressive variation in the heritability values among the evaluated traits (Tables 1A and 2A). The heritability estimates for grain yield ranged from 0.29 to 0.69. For absolute maturity, it can be observed that heritability varied between 0.44 and 0.91.

It is important to note that in the joint analysis, two models were considered: one without the population (genealogy) effect and another with the population effect. The estimates of variance components associated with the progenies confirm the existence of variability. All estimates of genetic variances obtained (Table 3) showed significant differences at a 5% probability level based on the likelihood ratio test, indicating the presence of genetic variation in the phenotypic observation.

Table 3 - Estimates of genetic and phenotypic parameters for grain yield and absolute maturity traits. Data referring to the F_{4:5} and F_{4:6} progenies, in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons.

Parameter	Grain yield		Absolute maturity	
	Without population effect	With population effect	Without population effect	With population effect
σ^2_P	113577.84	90985.08	6.98	4.79
σ^2_E	1042336.31	1013520.34	9.68	7.08
h^2	0.33	0.28	0.64	0.63
Accuracy	0.57	0.53	0.80	0.79
C _{Ve} %	25.21	24.86	2.62	2.24
Average	3903.32	3947.91	118.15	118.33

σ^2_P – progenies variance; σ^2_E – residual variance; h^2 – heritability between progenies; C_{Ve} – coefficient of experimental variation.

Source: From the author (2023).

When considering the population effect, the estimates of variance among progenies within populations decreased for the evaluated traits. For grain yield and absolute maturity, the reduction was 24.83% and 45.79%, respectively. The reduction in error variance considering the population effect was also observed for both traits. However, the estimates of heritability and accuracy decreased. The heritability without the population effect was 0.33, whereas considering the population effect, it was 0.28. For accuracy, the reduction was from 0.57 to 0.53 when considering the population effect (Table 3).

Obtaining estimates of genetic gains from the selection of superior genotypes is valuable in progeny evaluation studies. In this work, the selection was performed aiming to increase grain yield and reduce the number of days to absolute maturity. The negative values associated with the gain estimates for absolute maturity indicate a reduction in the crop cycle, aiming for earliness. It is important to note that the selection proportion used was 15% for all strategies and evaluated traits.

Analyzing the trait of absolute maturity, the expected gain without the population effect was -2.10 days, and with the population effect, it was -2.03 days. Despite this difference, using both strategies, the realized gain was -2.48 days (Table 4).

Table 4 - Expected gain with selection (GS) and realized gain with selection (GR) for grain yield and absolute maturation considering the strategies with population effect and without population effect.

Strategies	Grain yield				Absolute maturity			
	GS	GS%	GR	GR%	GS	GS%	GR	GR%
With population	153.58	3.74	90.18	2.23	-2.03	-1.74	-2.86	-2.48
without population	150.47	3.71	81.21	2.04	-2.10	-1.81	-2.86	-2.48

Source: From de author (2023).

For grain yield, the expected gain without population information was 150.47 kg/ha, whereas when considering the population information, it was 153.58 kg/ha. In both strategies, the realized gain was lower compared to the expected gain. However, when considering the population effect, the magnitude of the realized gain was higher (90.18 kg/ha) compared to the strategy without the population effect (81.21 kg/ha) (Table 4).

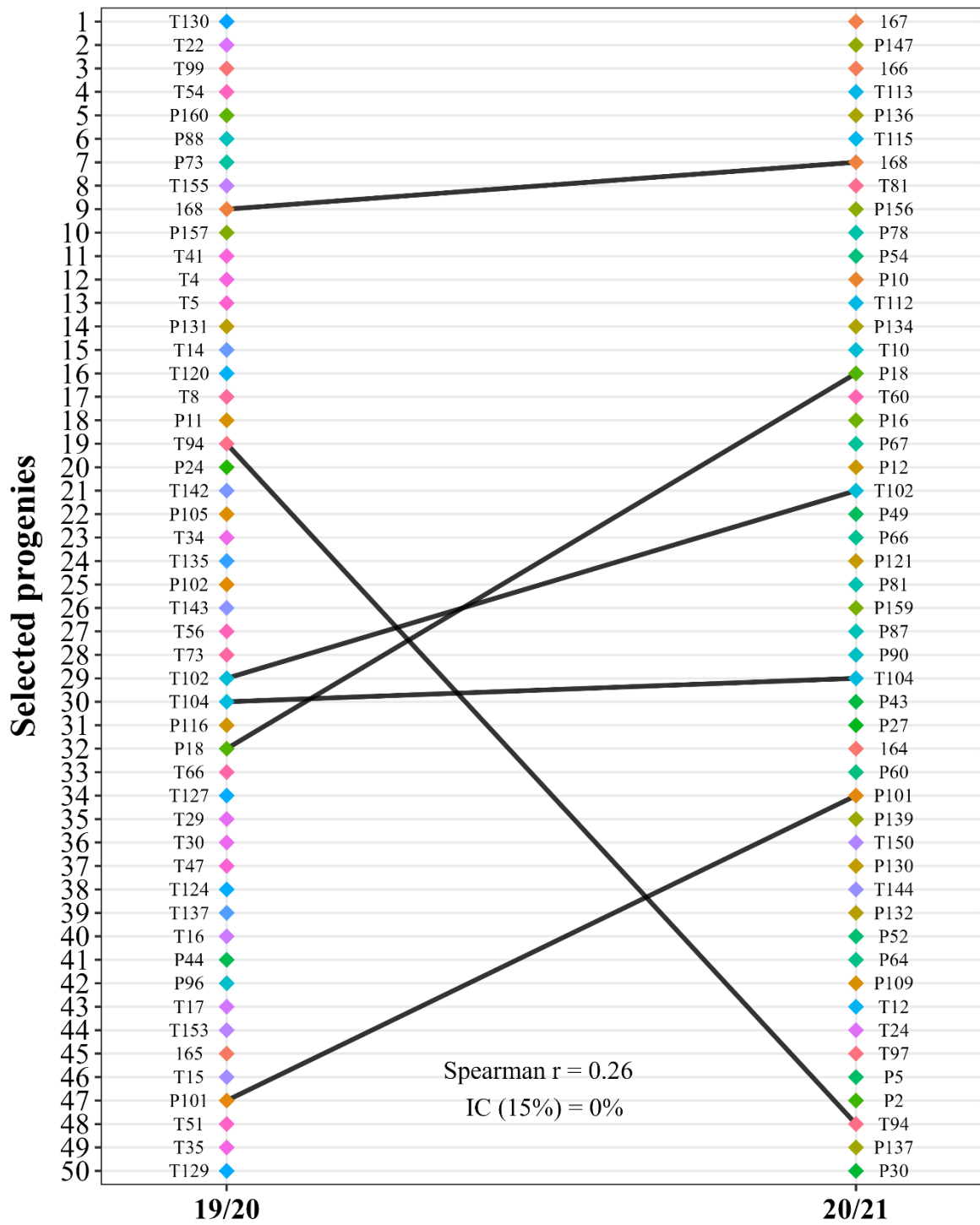
The estimate of genetic progress was obtained for grain yield and absolute maturity. The negative values for grain yield in both strategies indicate a decrease in the progeny's yield performance from one year to another. Disregarding the population effect, the genetic progress was -1.75%. However, when considering the population information in the analysis, the genetic progress was -1.59%, which is a slightly smaller reduction using this strategy. For absolute

maturity, the negative values indicate a reduction in the crop cycle, which is desirable in soybean breeding. Considering the strategies with and without population information, the estimate of genetic progress was -0.72% and -0.67%, respectively.

It is important to note that in breeding programs, selection is carried out over several consecutive years. Thus, selection indices aid in decision-making regarding which genotype to choose. Considering the selection proportion of 15%, the BLUP means of the top 50 productive progenies selected in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons, without considering the population effect and considering the population effect, are shown in Figures 3 and 4.

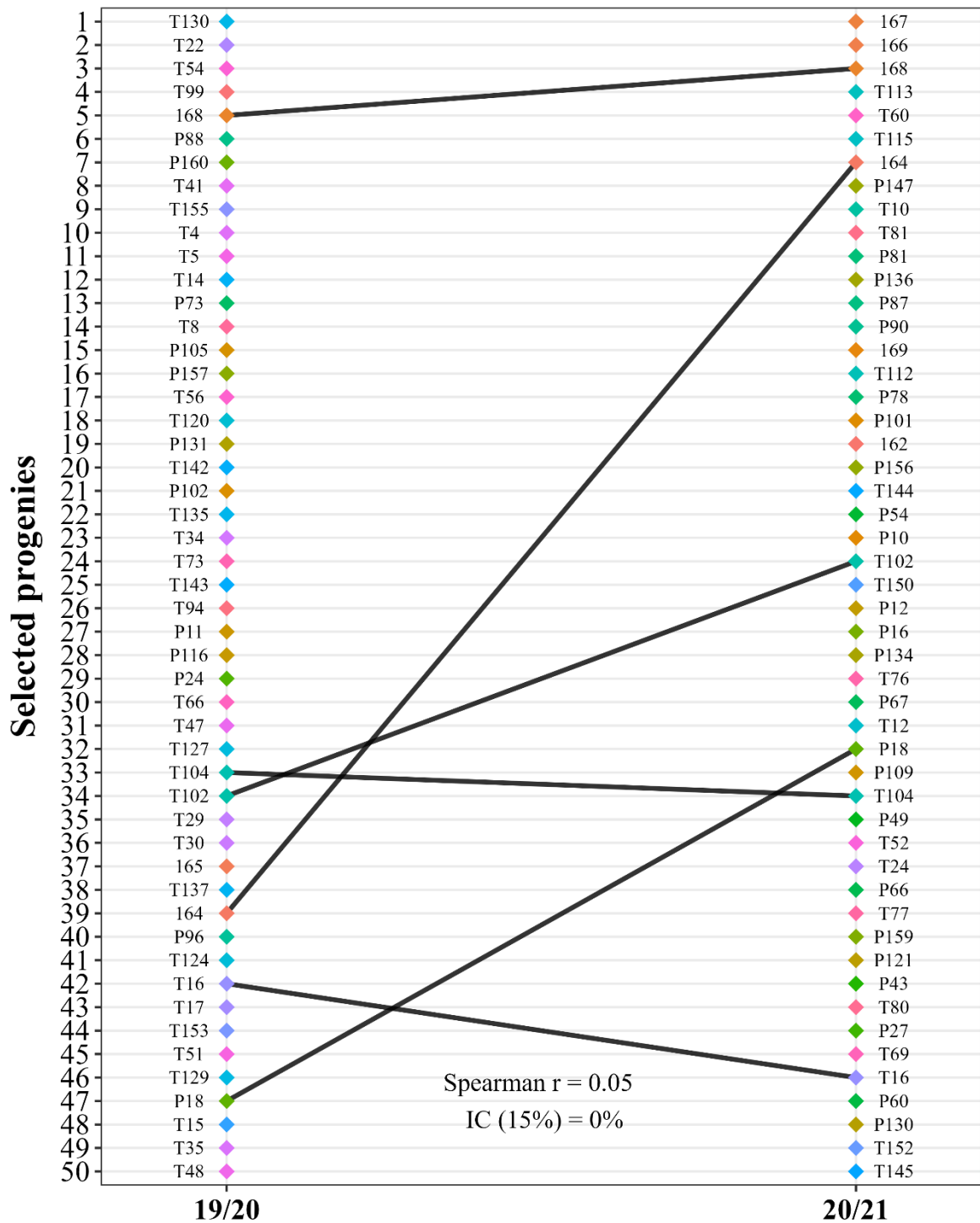
The estimates of Spearman's rank correlation were obtained to correlate the progenies selected in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons. For grain yield, the values were significant. Among the top 50 selected progenies in each season, 5 were coincident in the strategy including the population information (Figure 3), and 4 were coincident in the strategy disregarding the population information (Figure 4), with the progenies P18, T102, and T104 being coincident in both strategies used. Disregarding the population effect, the Spearman correlation and coincidence index were 0.05 and -3.59, respectively. When considering the population effect, the correlation was of greater magnitude (0.26), and the coincidence index was -3.52% (Figures 3 and 4). Therefore, the effect of the growing season was highly evident due to the low coincidence between the genotypes selected in the two seasons.

Figure 3 - Coincidence of the selected progenies in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons, considering the effect of population on grain yield (kg.ha⁻¹).



Source: From the author (2023).

Figure 4 - Coincidence of the selected progenies in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons, disregarding the effect of population on grain yield (kg.ha⁻¹).

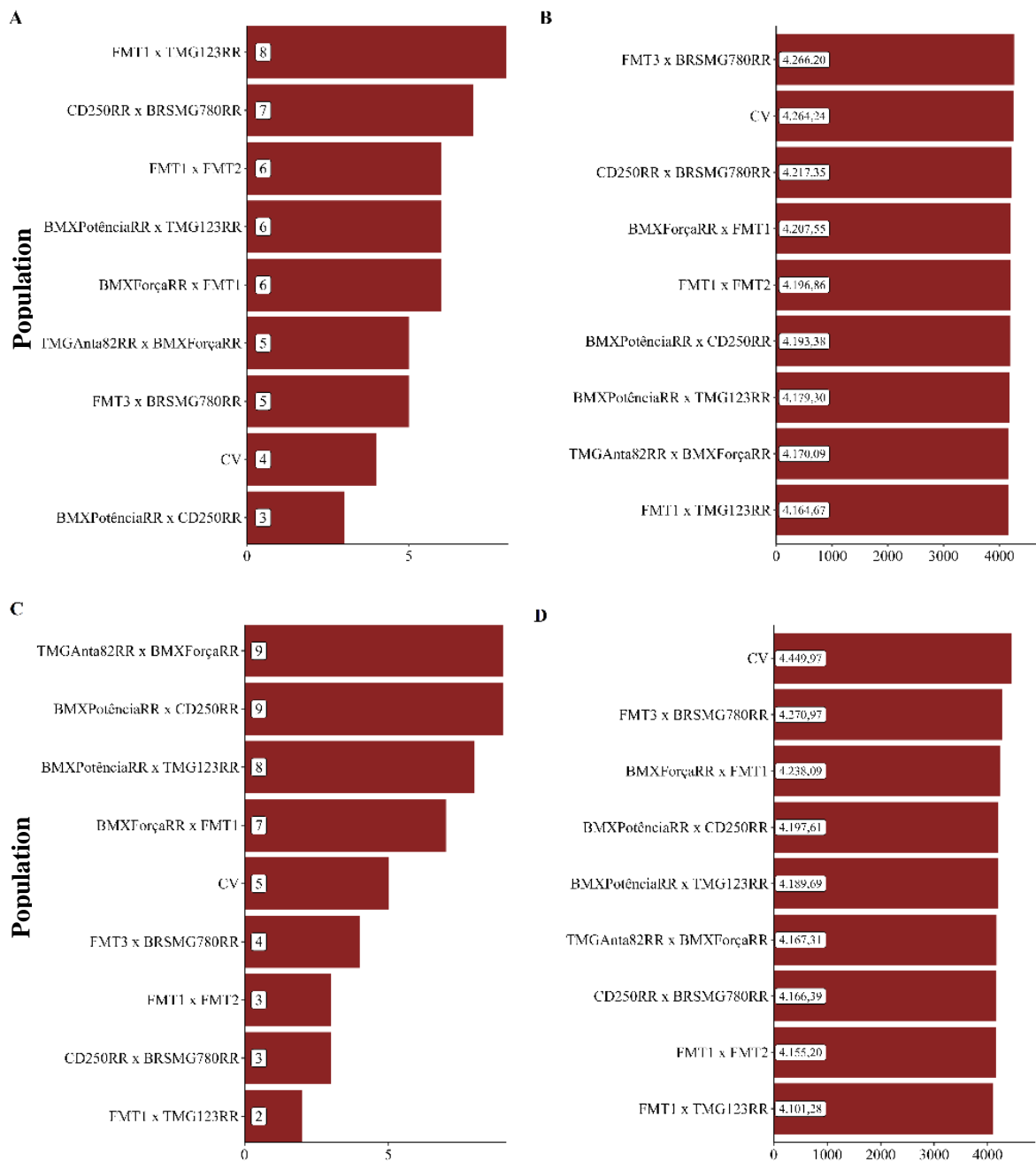


Source: From the author (2023).

For absolute maturity, there was no coincidence between the selected progenies in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons (Figure 1A).

The number of selected progenies from each of the eight segregating populations, in strategies considering and disregarding the population effect, for the traits grain yield and absolute maturity, are presented in Figures 5 and 6.

Figure 5 - Distribution of BLUP means for grain yield of the progenies in their respective populations, considering (A) and disregarding the population effect (C) and BLUP means of the progenies in their respective populations considering (B) and disregarding (D) the population effect.



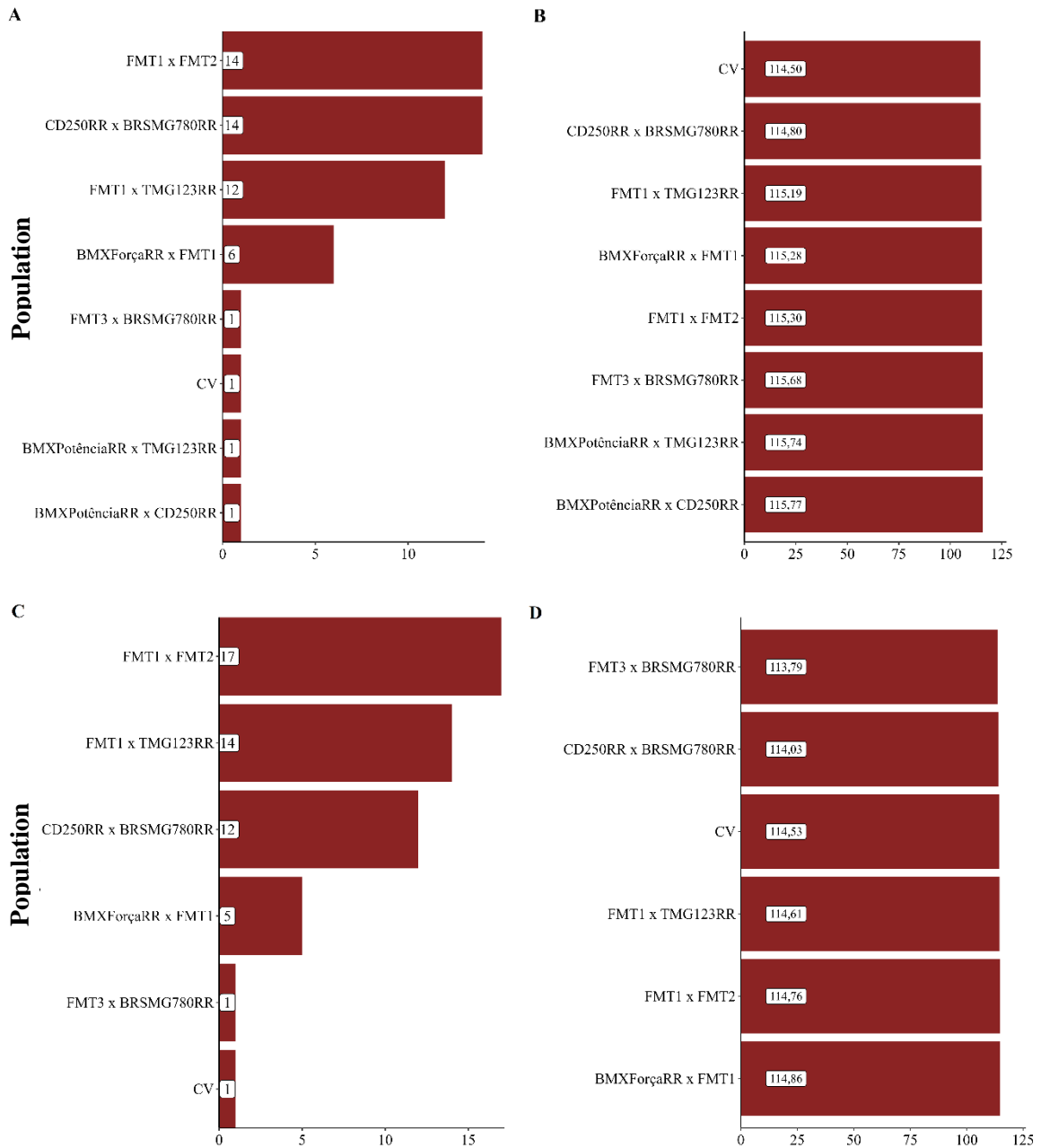
Source: From the author (2023).

Considering the population effect, the populations FMT1 x TMG123RR and CD250 x BRSMG780RR had the most selected progenies, with 8 and 7, respectively (Figure 5A). However, when the population effect was not considered, these two populations contributed the least to the selected progenies. In the strategy without the population effect, the populations with the highest number of selected progenies were TMGAnta82RR x BMXForçaRR and BMXPotênciaRR x CD250RR, with 9 selected progenies each (Figure 5C). In both strategies, the populations with the lowest m+a values for grain yield (BMXForçaRR x FMT1 and FMT3 x BRSMG780RR) did not stand out among the ones that contributed the most in terms of productive progenies.

The BLUP means of the selected progenies from the eight populations can be found in Figures 5B and 5D, considering and disregarding the population effect. It can be observed that regardless of the strategy used, the population with the highest BLUP means of the progenies was FMT3 x BRS780RR with 4266.20 kg.ha⁻¹ and 4270.97 kg.ha⁻¹, considering and disregarding the population effect, respectively. It is also notable that the population with the lowest mean of the progenies in both strategies used was FMT1 x TMG123RR with 4164.67 kg.ha⁻¹ and 4101.28 kg.ha⁻¹, considering and disregarding the population effect, respectively.

The coincidence index of the strategies considering and disregarding the population effect was 67.06% for grain yield (Figure 7) and 88.24% for absolute maturity (Figure 8). The Spearman correlation between the strategies was significant, with values of 0.02 and 0.44 for grain yield and absolute maturity, respectively (Figures 5 and 6).

Figure 6 - Distribution of BLUP means for absolute maturity of the progenies in their respective populations, considering (A) and disregarding the population effect (C) and BLUP means of the progenies in their respective populations considering (B) and disregarding (D) the population effect.



Source: From de author (2023).

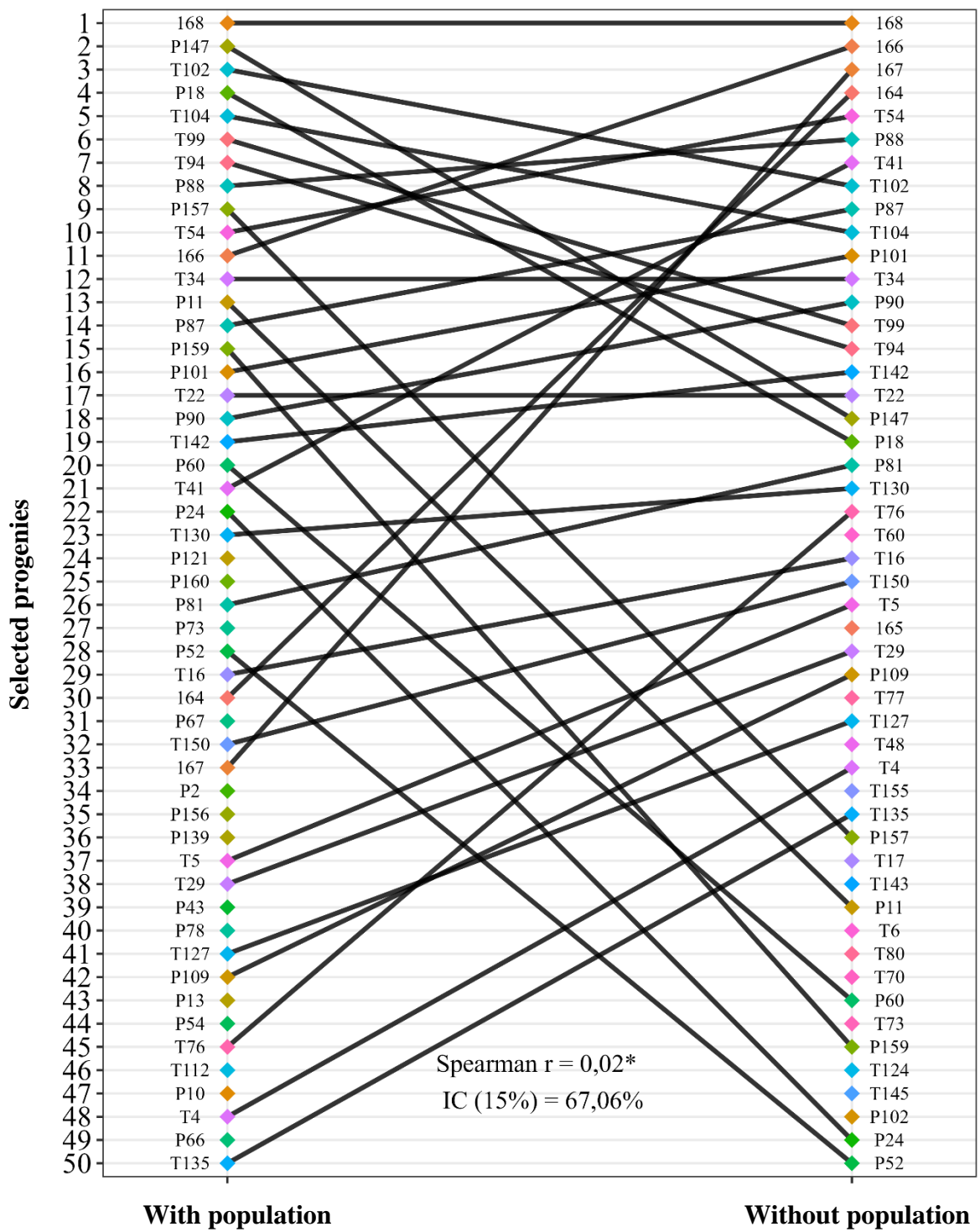
For absolute maturity, the population FMT1 x FMT2 originated the highest number of early-maturing progenies regardless of the strategy used. Considering the population effect, 14 progenies were selected (Figure 6A), and disregarding the population effect, 17 progenies were selected (Figure 6C).

The variation in maturity duration among the progenies from each population ranged from 114.50 to 115.77 days when considering the strategy with the population effect (Figure

6B) and from 113.79 to 114.86 days when disregarding the population effect (Figure 6D). The selected progenies from the FMT1 x FMT2 populations remained around 115 days for absolute maturity in both strategies used.

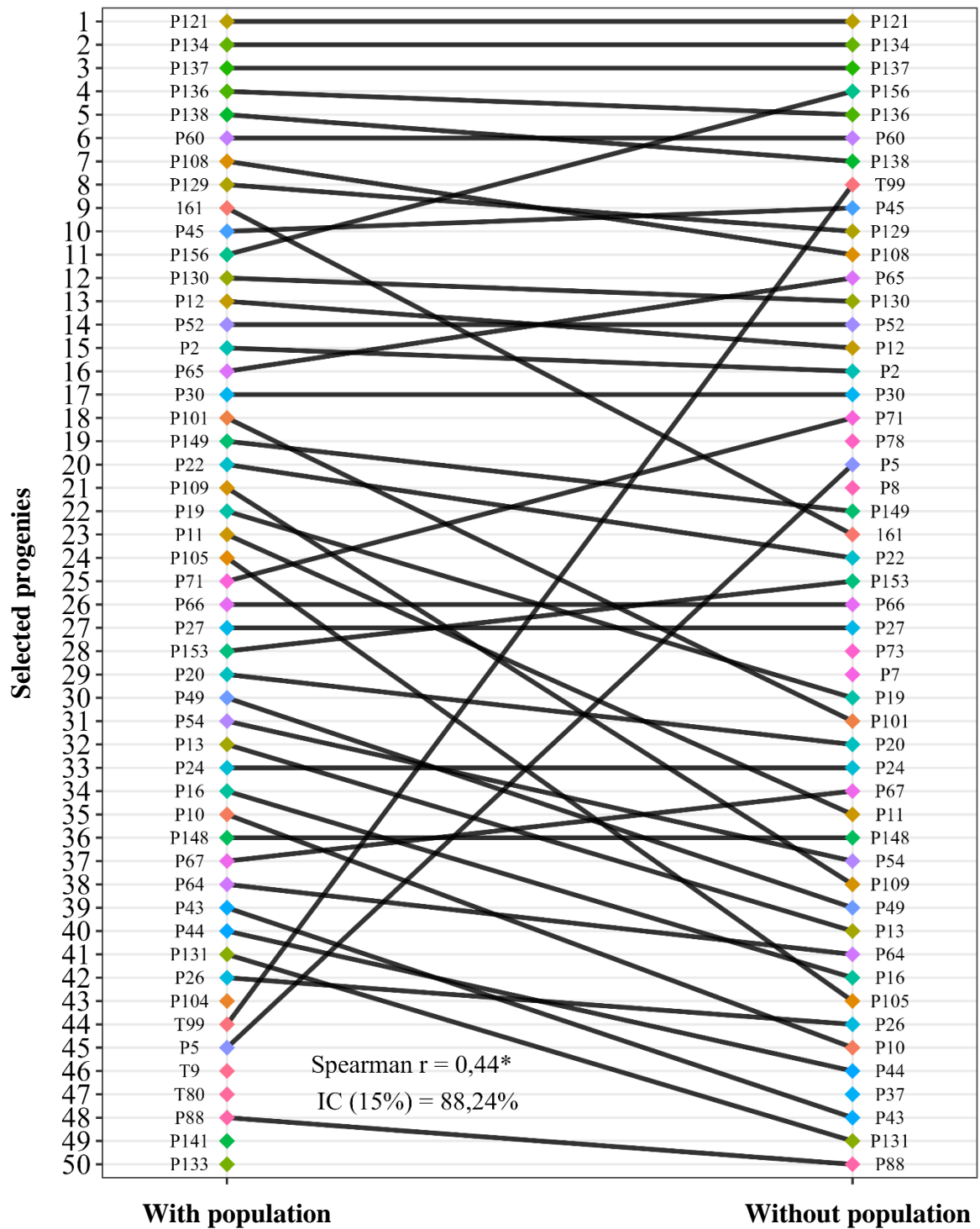
Among the eight segregating populations that gave rise to the progenies, the four populations with the best estimates of $m+a$ for absolute maturity contributed the most in terms of early-maturing progenies, regardless of the strategy used.

Figure 7 - Coincidence index and Spearman correlation between the progenies selected in the strategies considering and disregarding the population effect for grain yield.



Source: From the author (2023).

Figure 8 - Coincidence index and Spearman correlation between the selected progenies in the strategies considering and disregarding the population effect for absolute maturity.

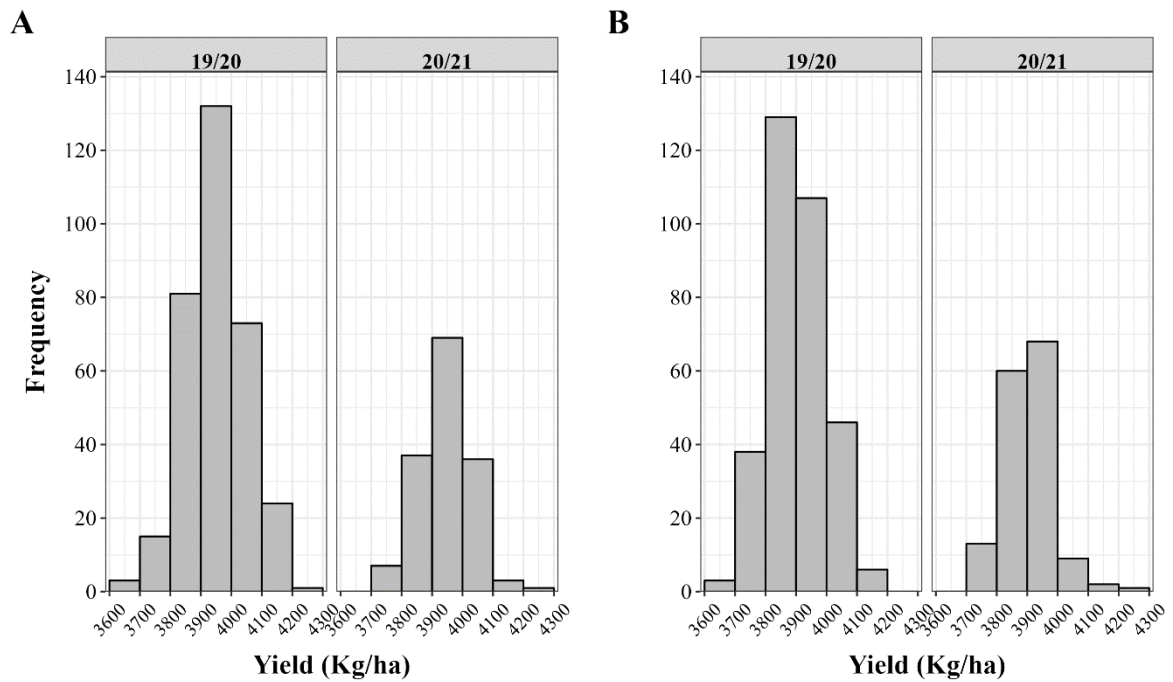


Source: From the author (2023).

The histogram displaying the frequency distribution of BLUP means for grain yield and absolute maturity in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons, considering and disregarding the population effect, can be found in Figures 9 and 10. It is worth noting that there

was a higher number of progenies in the 2019/2020 season. Due to selection, the number of progenies was reduced in the 2020/2021 season.

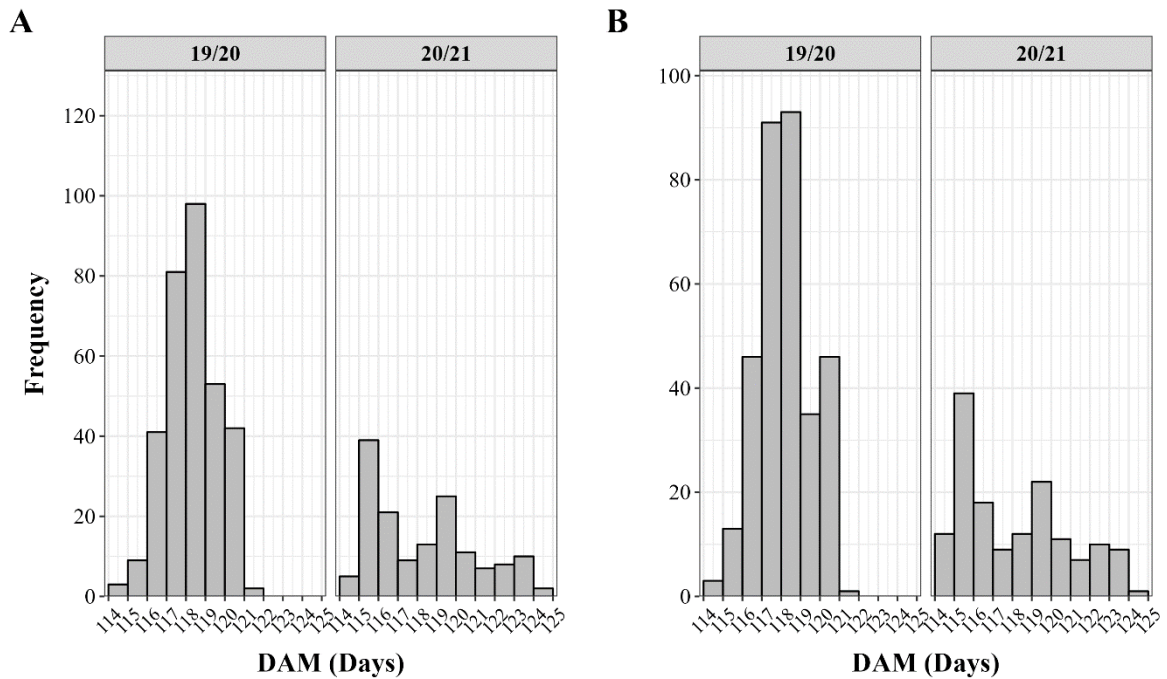
Figure 9 - Frequency distribution of BLUP averages for grain yield in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons, considering (A) and disregarding (B) the population effect.



Source: From the author (2023).

For grain yield, in both strategies used and in both seasons, the highest concentration of genotypes was between 3800 and 4100 kg/ha, although more productive genotypes can be found.

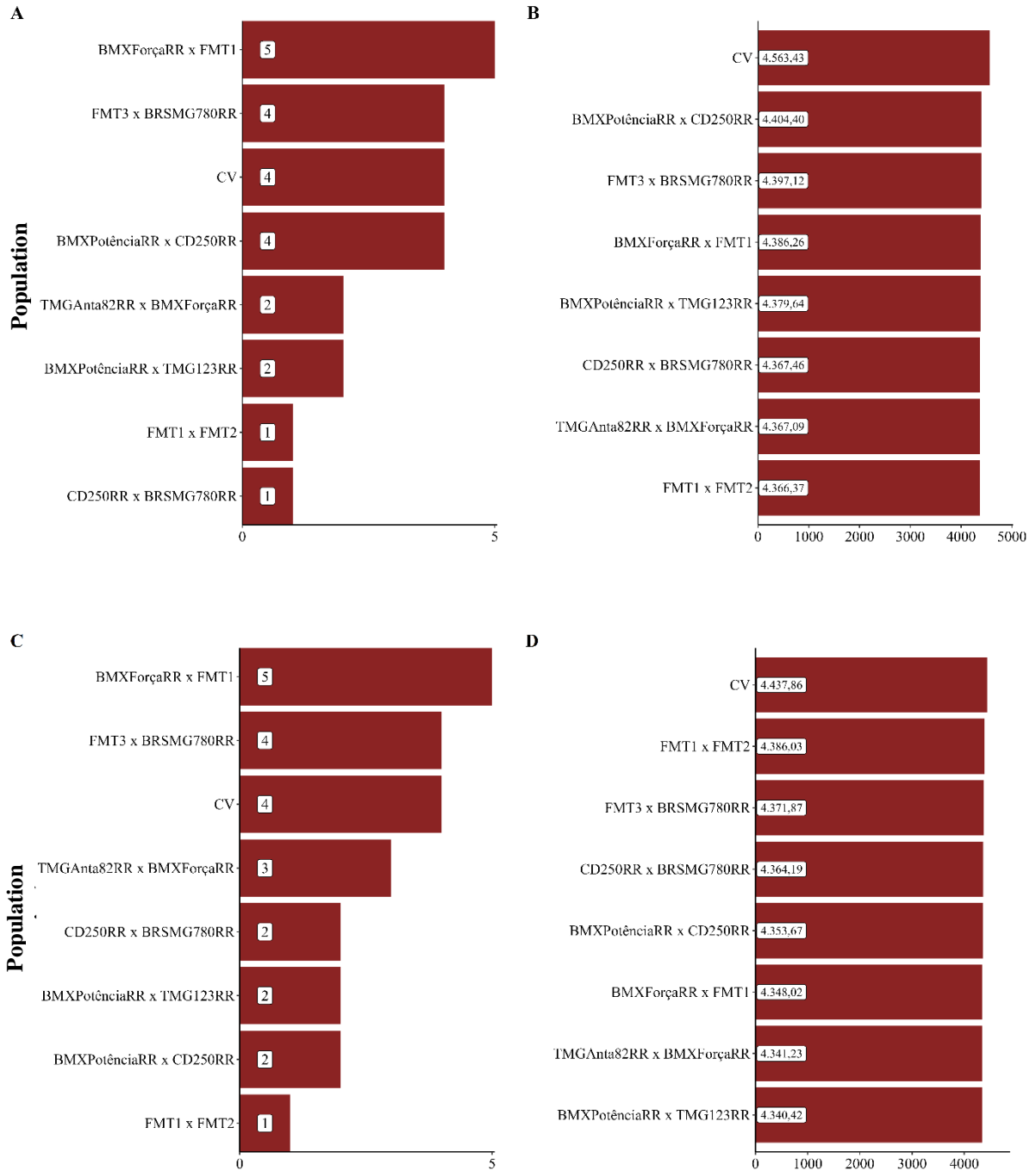
Figure 10 - Frequency distribution of BLUP averages for absolute maturity (DAM) in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons, considering (A) and disregarding (B) the population effect.



Source: From the author (2023).

For absolute maturity, there were no significant variations according to the selection strategy. In the 2019/2020 season, there was a higher concentration of progenies in the range of 117 to 120 days. However, in the 2020/2021 crop season, with the selection aimed at earliness, it can be observed that there was a higher concentration of progenies between 115 and 116 days for physiological maturity. The populations that originated the progenies and the frequency distribution of the progenies within their respective populations are presented in Figures 11 and 12.

Figure 11 - Distribution of BLUP means of filtered data for grain yield of progenies in their respective populations, considering (A) and disregarding the population effect (C) and BLUP means of progenies in their respective populations, considering (B) and disregarding the population effect.



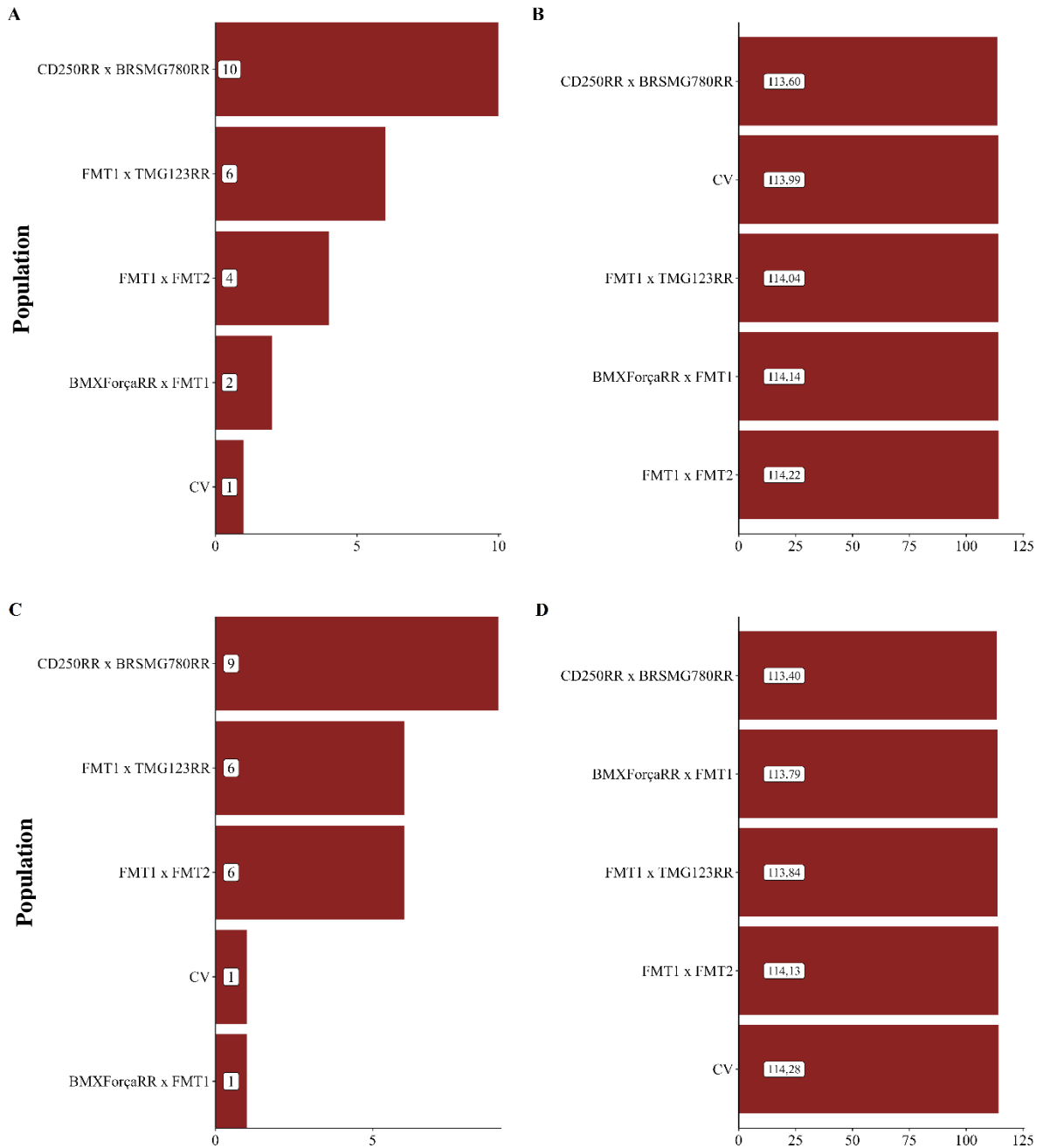
Source: From the author (2023).

It is observed that in the data considering only the common progenies for grain yield, the population BMXForçaRR x FMT1 and FMT3 x BRSMG780RR contributed the most in terms of the number of selected progenies, with 5 and 4 progenies, respectively. Despite more

progenies originating from these two populations, they do not necessarily have the highest BLUP means. The BLUP mean of the selected progenies from the population BMXForçaRR x FMT1 was 4386.26 kg.ha⁻¹ considering the population effect, and 4348.02 kg.ha⁻¹ disregarding the population effect.

However, in both strategies used, the ranking and number of selected progenies from these two populations were not altered (Figures 11A and 11C).

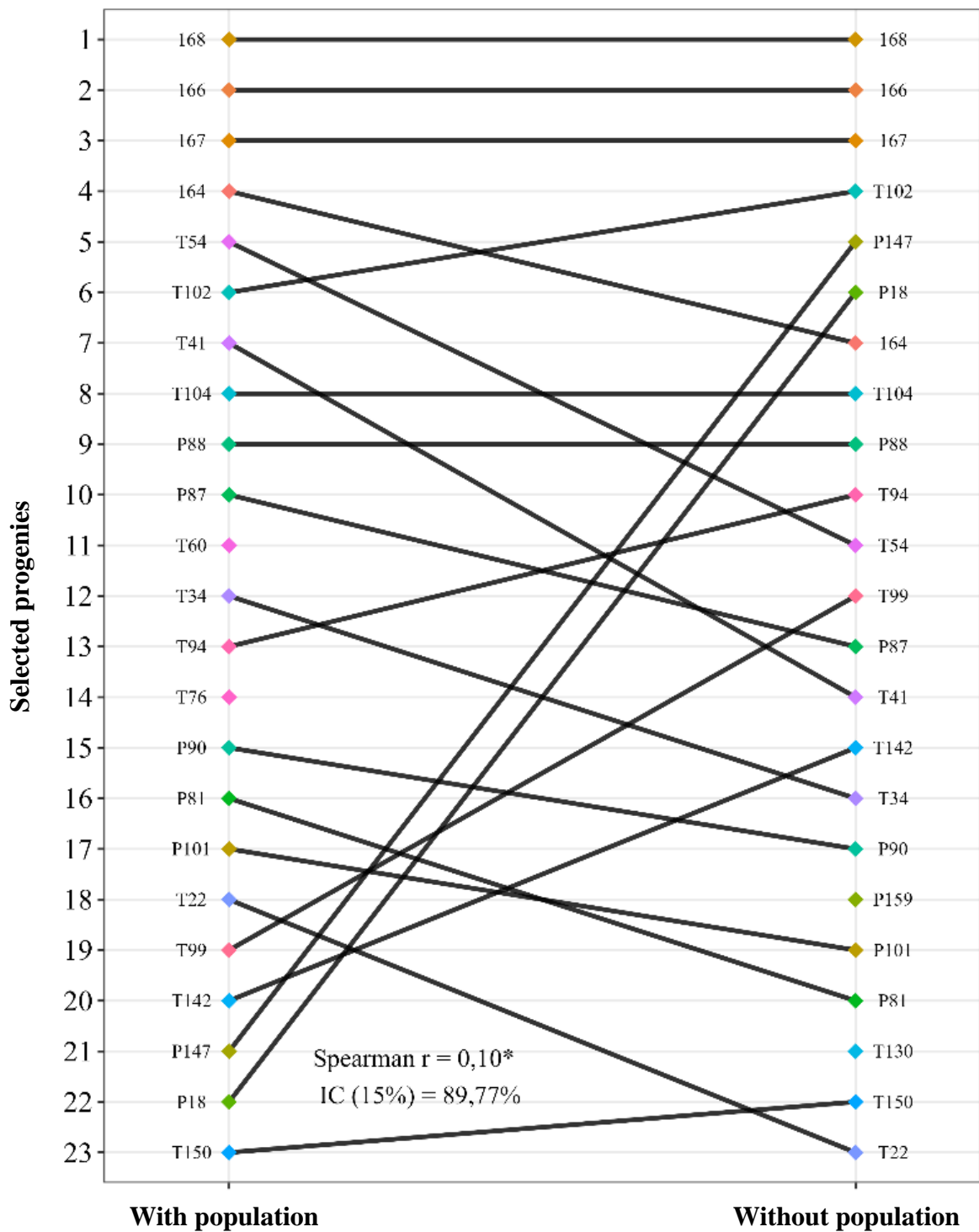
Figure 12 - Distribution of BLUP means of filtered data for absolute maturity of the progenies in their respective populations, considering (A) and disregarding the population effect (C) and BLUP means of the progenies in their respective populations, considering (B) and disregarding the population effect (D).



Source: From the author (2023).

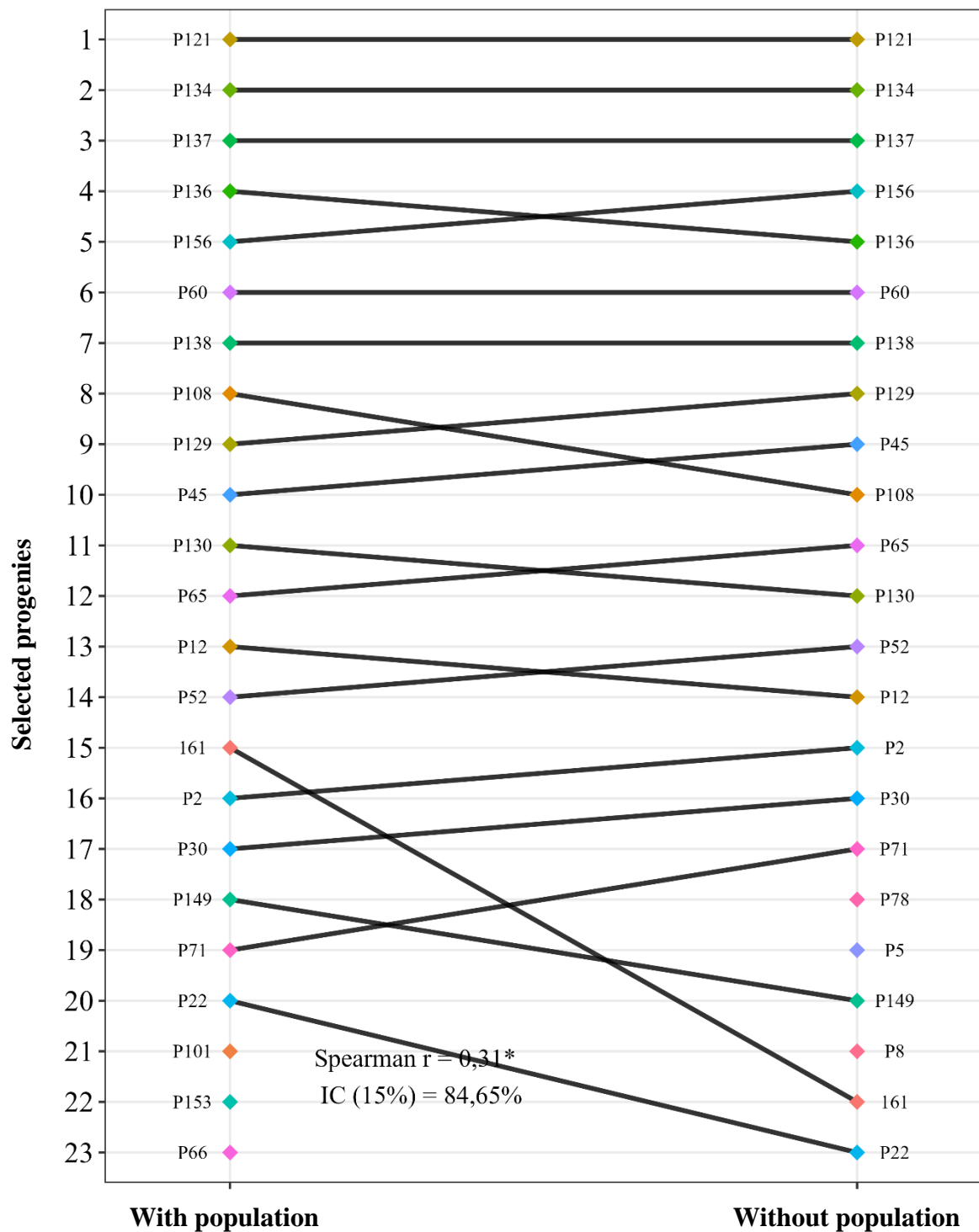
The progenies from the CD250RR x BRSMG780RR population contributed the most to earliness regardless of the strategy used, with 10 and 9 progenies considering and disregarding the population effect, respectively. The mean for absolute maturity ranged between 113 and 114 days in both cases (Figure 12).

Figure 13 - Coincidence of strategies with and without population effect for grain yield, considering only the filtered data of the selected progenies.



Source: From the author (2023).

Figure 14 - Coincidence of strategies with and without population effect for absolute maturation, considering only the filtered data of the selected progenies.



Source: From the author (2023).

Taking into account the regular treatments, the coincidence index of the strategies considering and disregarding the population effect was 89.77% for grain yield (Figure 13) and 84.65% for absolute maturity (Figure 14). The Spearman's linear correlation between the

strategies was significant for both traits, with values of 0.10 for grain yield and 0.31 for absolute maturity.

4. DISCUSSION

Precise experiments ensure more accurate estimates and, consequently, more reliable recommendations. Therefore, in order to succeed in selection, it is of fundamental importance to have experiments with high experimental precision (CARGNELUTTI FILHO et al., 2012). In the present study, precision was assessed using the coefficient of experimental variation (CVe) and selective accuracy (Table 3). The experimental precision assessed by the coefficient of variation is considered optimal when below 10%, good between 10% and 20%, fair between 20% and 30%, and poor when above 30% (PIMENTEL GOMES, 2009).

When assessing precision through accuracy estimates, the effect of the mean is suppressed, which is the main advantage of using this tool. Accuracy estimates are considered high when above 70%, moderate precision when values are between 30% and 70%, and low precision when values are below 30% (RESENDE; DUARTE, 2007). In the various evaluation environments (locations and crop years), there were differences in the magnitudes of CVe and selective accuracy. Estimates related to grain yield generally had higher CVe values and lower selective accuracy values when compared to estimates of absolute maturity.

As the coefficient of variation is exclusively based on the residual and mean variation of progenies, its magnitudes were considered low, indicating a relative experimental precision. On the other hand, when the experimental precision is measured by estimating the accuracy, the average effect is suppressed, which is one of the main advantages (RESENDE; DUARTE, 2007). These traits are highly influenced by environmental factors and it is noteworthy that similar results were observed when evaluating progenies in the soybean in the same soybean region (GESTEIRA et al., 2018; BIANCHI et al., 2020; RIBEIRO et al., 2020; SOARES et al., 2020).

Although higher experimental precision is expected in combined analyses due to the larger number of replications (RAMALHO et al., 2012), the observed values of CVe and selective accuracy remained similar in individual and combined analyses. One possible explanation for this fact is the adopted plot size. Although combined analyses had more replications, experimental plots of 2.0 m² and 3.0 m² were used in the F_{4:5} and F_{5:6} generations, respectively, due to seed availability and area constraints. Plot sizes between 4 and 6 m² are recommended as the optimal plot size for soybean experimentation (MARTIN et al., 2005; GONZÁLEZ, 2013).

In the context of a joint analysis of the data, the influence of environmental factors, that is, locations and agricultural years in the phenotypic manifestation is expected. Environmental

factors can be classified as predictable and unpredictable. The predictable act systematically as soil type and actions determined by man such as planting date, plant stand, harvesting, among others. The unpredictable factors are those that fluctuate according to the agricultural year and places such as rainfall, hail, frost, temperature, and others (ALLARD; BRADSHAW, 1964; MARSHALL; BROWN, 1973; KIÆR, SKOVGAARD; ØSTERGÅRD, 2009; VAN EEUWIJK, BUSTOS-KORTS; MALOSETTI, 2016; BAROT et al., 2017).

When experimental work involving agricultural generations/years is carried out, preferably in the same location, they usually allow inferences about the difficulty of handling the effect of environments, especially for the source of variation: progenies by agricultural years that have high magnitudes. This fact was frequently reported in experiments with the common bean crop conducted in the same region where the data with the soybean crop from this study, also autogamous, were obtained (RAO et al., 2002; FERREIRA et al., 2015; LEMOS, ABREU; RAMALHO, 2020).

Incorporating the population effect led to subtle changes in the magnitudes of C_{ve} and selective accuracy, indicating that the population effect, in this case, did not contribute to improving these estimates. The use of this information for the computation of genetic and phenotypic components is traditionally employed in forest breeding (COSTA et al., 2010). However, population merit has also been employed in the breeding of self-pollinated plants to improve the precision of estimates that aid in the selection of superior genotypes (RESENDE et al., 2016; PEREIRA et al., 2017; LEMOS et al., 2020).

It is worth noting that when disregarding population information, the total genetic variance is obtained. When incorporating the population effect, the genetic variance is estimated more accurately, decomposing it into genetic variance between populations and genetic variance between progenies. In this study, a reduction in genetic variance was observed when considering population information, which is consistent with the results obtained by Pereira et al., (2017) and Volpato et al., (2018).

For traits of a quantitative nature there are reports in the literature that corroborate the magnitudes found in this work. It was found that the variance components, heritability and coefficient of experimental variation were better estimated when the effect of the population was included, providing greater gain with selection for grain yield and absolute maturity (LEITE, 2016; PEREIRA et al., 2017; SILVA et al., 2022).

In any selection strategy, the measure of success is quantified by the expected gain and realized gain with selection. In this study, it was evident that the estimates of realized gain were lower in magnitude than the expected gain with selection for all the evaluated traits (Table 4).

A probable cause of this fact could be the pronounced effect of the crop year, as evidenced by the change in genotype ranking (Figures 3 and 4). Bianchi et al. (2020) studying the effect of the interaction in soybean progenies, found that most of the variation observed was due to the effect of the interaction between genotypes x environments, with the complex type interaction having a greater magnitude. It was possible to infer that the progenies did not present a coincident behavior in the different environments, which indicates the existence of progenies that stood out in specific environments, making selection difficult. (RAMALHO et al., 2012; GESTEIRA et al., 2018). Amaral et al. (2019), working with pure line selection in soybean, obtained values of realized gain lower than the expected gain for all the traits in question.

Ramalho et al. (2012) define heritability as the proportion of genetic variance present in the total phenotypic variance. In this study, in all the analyses for absolute maturity, the heritability estimates were higher compared to those obtained for grain yield. By obtaining higher and more accurate values, the different strategies used (considering and disregarding the population effect) resulted in higher values of the coincidence index and Spearman correlation (Figure 8). Additionally, the realized gain was the same regardless of the strategy used (Table 4). Therefore, the implication of considering or not considering the population effect, in this case, becomes of lesser importance. However, for grain yield, the choice of which strategy to use has a greater impact, given that the lower coincidence index and Spearman correlation (Figure 7) directly affect the ranking and consequently the selection of progenies.

The estimates found by Volpato et al. (2018) are similar to those observed in this study. Considering a selection proportion of 20%, coincidence index estimates between the strategies were around 70% for grain yield and 90% for absolute maturity.

The lack of coincidence between the two strategies used, especially for grain yield, and the low values of the Spearman correlation can be attributed to several factors. According to Pereira et al. (2017), the population effect has a greater impact in the initial generations, as there is less variability between populations and more variability within them, in addition to the fact that these experiments are usually conducted in a single or few locations and under conditions of low heritability.

Certain proposals have emerged aimed at improving the selection process through analyses, primarily using mixed models, drawing on information from all the progenies evaluated in previous generations. Authors include the use of pedigree information to model and exploit genetic correlation among relatives and the use of flexible variance-covariance structures for genotype-by-environment interaction (PIEPHO et al., 2008). The use of previous information from the breeding program, in the case of BLUP-J, is only possible via the mixed

model approach due to the unbalance of data caused by the advance of generations. Mixed models have facilities for modeling heterogeneity of genetic variances and correlations between environments as well as for modeling design features and spatial trends in individual trials. Furthermore, prediction of phenotypic traits across environments and estimation of quantitative genetic parameters as genetic variance and correlation, heritability, and responses to direct, indirect and index selection are natural within the context of mixed models, whereas they become contrived in the context of models with only fixed terms (PIEPHO et al., 2012; VAN EEUWIJK et al., 2016).

Recently published studies show that if an evaluation were to consider all relevant generations, the gain from selection could be higher, especially when an index that involves information from the population that gave rise to the progenies is used. Some authors aimed with this study to compare three procedures in the evaluation of successive generations and to discuss the implications of the progeny by environment interaction in terms of the success of selection. They found that the classification of the progenies by the BLUP's and progenies within populations effect did not expressively differ from that obtained when using only the mean, even when several generations were considered in the selection. Also, none of the procedures used effectively mitigated the effect of the progeny by environment interaction (LEMOS et al., 2020).

In the analyses with the common data, meaning only the progenies with results in both seasons, a higher coincidence and better correlation are observed for the trait grain yield. This means that the non-selected progenies influence the analyses and consequently the ranking of the BLUP means. The same result, this is, with the inclusion of unselected progenies, it was found that the precision estimates improve when comparing the parameters of accuracy, heritability and coefficient of variation in the respective inbreeding generations (VILLELA, 2021).

Indeed, the lower accuracy estimates and higher C_{Ve} values may be due to the disruption of the experimental design. By removing the non-selected progenies from the analyses, the lattice design was no longer used, and all locations and crop years were analyzed as randomized complete blocks. This change in experimental design could have impacted the precision of the estimates and increased the variability in the data, resulting in lower accuracy estimates and higher C_{Ve} values.

The negative genetic progress for grain yield indicates a decrease in the performance of the progenies. This may have occurred due to the weighting used in the selection process. In other words, for the purpose of comparison between the progenies and the population of origin,

an equal number of progenies was selected from each population, reducing from 40 individuals per population in the 2019/2020 season to 18 individuals per population in the 2020/2021 season. Therefore, all populations contributed the same number of progenies, and individuals with potentially better performance were not selected due to the imposed limit for each population.

According to Dudley (1992) a limitation for the success of this methodology is the effect of the year and the genotype-by-year interaction, which can mask the effective contribution of new genotypes. Apparently, this method may be more useful in estimating genetic progress obtained in traits with higher heritability and less subject to environmental influences.

The moderate magnitude of accuracy for grain yield may also indicate a lack of success in genetic progress. According to (2015), in order to achieve genetic progress in the selection process in breeding programs, experimental precision is of fundamental importance, especially for traits such as grain yield that are greatly influenced by the environment.

5. CONCLUSIONS

The use of selected and unselected genotypes in a soybean breeding program with the progress of generations allows drastically to change the ranking, generating a bias in the selection of the best progenies with the advancement of inbreeding generations.

For grain yield, there was a higher coincidence between the strategies considering and disregarding the population effect.

In the analyses with the common data, meaning only the progenies with results in both seasons, a higher coincidence and better correlation are observed for the trait grain yield.

Populations with better estimates of $m + a$ provide a larger number of selected progenies for both evaluated traits.

REFERENCES

- ABREU, A. D. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. D. Prediction of seed-yield potential of common bean populations. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 3, p. 323-327, 2002.
- AGÊNCIA EMBRAPA DE INFORMAÇÃO TECNOLÓGICA (AGEITEC). **Árvore do conhecimento, agroenergia**. 2015. Disponível em: < <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/agroenergia/arvore/CONT000fbl23vmz02wx5e00sawqe3vtdl7vi.html>> . Acesso em: 12 mai. 2015.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. J. C. S. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding 1. v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964. ISSN 0011-183X.
- AMARAL, L. O.; BRUZI, A. T.; REZENDE, P. M. D.; SILVA, K. B. Pure line selection in a heterogeneous soybean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, p. 277 - 284, 2019.
- Associação dos Produtores de Soja e Milho do Estado de Mato Grosso - APROSOJA. **A história da soja**. 2014. Disponível em: < (<https://aprosojabrasil.com.br/2014/sobre-a-soja/a-historia-da-soja/>) >.
- BAENZIGER, P. S.; PETERSON, C. J. Genetic variation: It's origin and use for breeding self-pollinated species. In: STALKER, H.T; MURPHY, J.P. **Plant breeding in the 1990's**, p. 69-100, 1991.
- BARBOSA, M. **Uma abordagem para análise de dados com medidas repetidas utilizando modelos lineares mistos**. 119 p. Dissertação (Mestrado) – Curso de Licenciatura em Matemática, Estatística e Experimentação Agrícola, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2009.
- BAROT, S.; ALLARD, V.; CANTAREL, A.; ENJALBERT, J.; GAUFFRETEAU, A.; GOLDRINGER, I.; LATA, J.-C.; LE ROUX, X.; NIBOYET, A.; PORCHER, E. J. A. F. S. D. Designing mixtures of varieties for multifunctional agriculture with the help of ecology. A review. v. 37, p. 1-20, 2017. ISSN 1774-0746.
- BARROS, M. S.; MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P.; CASTRO, A. P.; BRESEGHELLO, F. Effectiveness of early-generation testing applied to upland rice breeding. **Euphytica**, v. 214, n. 4, p. 61, 2018/03/05 2018. ISSN 1573-5060.
- BATISTA, L. G.; DOS ANJOS, R. S. R.; POERSCH, N. L.; NALIN, R. S.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. D. S.; RESENDE, M. D. V. D. Multigeneration Index in the Selection of Common Bean Inbred Families. **Crop Science**, 2017.
- BAYER. **Agricultura**. 2016. Disponível em: < <https://www.basf.com/br/pt/products-and-industries/agriculture.html>> . Acesso em: 22 nov 2016.
- BAYER. **Bayer lança Intacta 2 Xtend®, nova geração de soja que irá revolucionar o potencial produtivo do Brasil**. 2021. Disponível em: <

<https://www.bayer.com.br/pt/midia/bayer-lanca-intacta-2-xtend-nova-geracao-soja-que-ira-revolucionar-potencial-produtivo-brasil#:~:text=S%C3%A3o%20Paulo%2C%20junho%20de%202021,soja%20brasileira%20de%20forma%20sustent%C3%A1vel.> >. Acesso em: May 19, 2023.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants.** . 2 Ed, Woodbury, Minnesota, p. 400, 2010.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants.** 3 Ed, Woodbury, Minnesota p. 422, 2020.

BIANCHI, M. C.; BRUZI, A. T.; SOARES, I. O.; RIBEIRO, F. D. O.; GESTEIRA, G. D. S. J. A., GEOSCIENCES; ENVIRONMENT. Heritability and the genotype× environment interaction in soybean. v. 3, n. 1, p. e20020, 2020. ISSN 2639-6696.

BORGES, V.; SOARES, A. A.; REIS, M. S.; RESENDE, M. D. V.; CORNÉLIO, V. M. O.; LEITE, N. A.; VIEIRA, A. R. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, v. 69, p. 833-841, 2010.

BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programas de seleção recorrente no feijoeiro comum.** 71 p. – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2008.

CÂMARA, G. M. S. **Introdução ao agronegócio da soja.** Piracicaba: ESALQ, LPV, p. 1-18, 2011.

CARGNELUTTI FILHO, A.; ENIO, M.; LEANDRO SOUZA DA, S.; MARCOS, T. Medidas de precisão experimental e número de repetições em ensaios de genótipos de arroz irrigado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47 (3), p. 336-343, 2012.

Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos.** 2017. Disponível em: < <http://www.conab.gov.br> >.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos.** 2023. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos> >. Acesso em: May 19, 2023.

CORTEVA AGRISCIENCE. **Tecnologias.** 2019. Disponível em: < <https://www.corteva.com.br/produtos-e-servicos/tecnologias/sistema-enlist.html> >. Acesso em: 05 mai 2019.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3 Ed, Viçosa, v. 1, p., 2004.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético.** Viçosa, UFV, v. 1, p. 514, 2012.

Comissão Técnica Nacional de Biossegurança - CTNBIO. **Processo de OGM.** Brasília, 2017. Disponível em: < <http://ctnbio.mcti.gov.br/processo-de-ogm> >. Acesso em: 08 jul. 2017.

CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. J. J. O. A., BIOLOGICAL,; STATISTICS, E. On the design of early generation variety trials with correlated data. v. 11, p. 381-393, 2006. ISSN 1085-7117.

DACHS, J. N. W. **Estatística computacional: uma introdução em turbo-pascal**. LTC, p., 1988.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. J. S. A. Estimation and prediction using linear mixed models: the ranking of means of genetic treatments. v. 58, p. 109-117, 2001. ISSN 1678-992X.

DUDLEY, J. J. M. Ninety generations of selection for oil and protein in maize. v. 37, p. 81-87, 1992.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Sistemas de Produção, 6:** . Tecnologia de produção de soja – região central do Brasil - 2005. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste: Fundação Meridional. 239 p., 2004.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA. **Tecnologias de Produção de Soja Região Central do Brasil**. 2005. Disponível em: < <http://www.cnpso.embrapa.br/producaosoja/SojanoBrasil.htm> >. Acesso em: 19 mai. 2018.

EVANGELISTA, J. S. P. C.; PEIXOTO, M. A.; COELHO, I. F.; ALVES, R. S.; RESENDE, M. D. V. D.; SILVA, F. L. D.; BHERING, L. L. J. C. B.; BIOTECHNOLOGY, A. Environmental stratification and genotype recommendation toward the soybean ideotype: a Bayesian approach. v. 21, p. e359721111, 2021. ISSN 1518-7853.

FALCONER, D. S. **Introduction to Quantitative Genetics**. Pearson Education, p., 1996. ISBN 9788131727409.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Record**, v. 55, n. 2, p. 191-208, 1956.

FERREIRA, D. F. Uso de simulação no melhoramento. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**, p. 1119 - 1141, 2001.

FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. D.; SANTOS, M. X. D.; RAMALHO, M. A. P. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, p. 1189-1194, set. 1995 1995.

FERREIRA, R. A. D. C.; RAMALHO, M. A. P.; TOLEDO, F. H. R. B.; ABREU, A. D. F. B. J. P. B. Implications of the number of years assessment on recommendation of common bean cultivars. v. 134, n. 5, p. 599-604, 2015. ISSN 0179-9541.

FREITAS, M. C. M. **A cultura da soja no Brasil: o crescimento da produção brasileira e o surgimento de uma nova fronteira agrícola**. v. 7, p. 1-12, 2011.

GESTEIRA, G. D. S.; BRUZI, A. T.; ZITO, R. K.; FRONZA, V.; ARANTES, N. E. Selection of early soybean inbred lines using multiple indices. **Crop Science**, p. 2494-2502, 2018.

GONZÁLEZ, U. G. G. **Estimação do tamanho ótimo de parcelas com aplicação na cultura da soja**. 84 p. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2013.

HAMBLIN, J.; ZIMMERMANN, M. J. D. O. J. P. B. R. Breeding common bean for yield in mixtures. v. 4, p. 245-272, 1986.

HARTLEY, H. O. J. B. The maximum F-ratio as a short-cut test for heterogeneity of variance. v. 37, n. 3/4, p. 308-312, 1950. ISSN 0006-3444.

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

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R.; VON KROSIGK, C. J. B. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. v. 15, n. 2, p. 192-218, 1959. ISSN 0006-341X.

HUNNICUTT, B. H. **O milho, sua cultura e aproveitamento no Brasil.**, p. 243, 1924.

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

JINKS, J. L.; POONI, H. S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, v. 36, p. 253-266, 1976.

KIÆR, L. P.; SKOVGAARD, I. M.; ØSTERGÅRD, H. J. F. C. R. Grain yield increase in cereal variety mixtures: a meta-analysis of field trials. v. 114, n. 3, p. 361-373, 2009. ISSN 0378-4290.

LEITE, W. D. S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae**, v. 7, n. 3, p. 302-311, 2016. ISSN 21769079.

LEITE, W. D. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; DE OLIVEIRA, C. B. J. N. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015. ISSN 2318-7670.

LEMOS, R. C. **Procedimentos para a identificação de progênies superiores em gerações sucessivas de avaliação na cultura do feijoeiro**. p. – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017.

LEMOS, R. D. C.; ABREU, Â. D. F. B.; RAMALHO, M. A. P. J. S. A. Procedures for identification of superior progenies in successive generations of evaluation in common bean. v. 77, n. 1, p. e20180105-e20180105, 2020. ISSN 1678-992X.

MARQUES, F. S. **Estratégias de seleção no melhoramento genético da soja**. 47 p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2019.

MARSHALL, D.; BROWN, A. J. E. Stability of performance of mixtures and multilines. v. 22, p. 405-412, 1973. ISSN 0014-2336.

MARTIN, T. N.; DUTRA, L. M. C.; JAUER, A.; STORCK, L.; ZABOT, L.; UHRY, D.; SANTI, A. L.; STEFANELO, C.; LUCCA FILHO, O. A. Tamanho ótimo de parcela e número de repetições em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Ciência rural**, v. 35, n. 2, p. 271-276, 2005. ISSN 1678-4596
0103-8478.

História. Brasil, 2016. Disponível em: < <http://www.monsanto.com/global/br/quem-somos/pages/historia.aspx> >. Acesso em: 12 jun 2016.

NASA. National Aeronautics and Space Administration. **Langley Research Center (LaRC), POWER Data Access Viewer, Single Point Data Access**. 2022. Disponível em: < <https://power.larc.nasa.gov/data-access-viewer/> >. Acesso em: 10 out. 2022.

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**, v. 1, n. 31, p. 73-78, 2008.

OTUBO, S. T.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B.; DOS SANTOS, J. B. Genetic control of low temperature tolerance in germination of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, v. 89, n. 3, p. 313-317, 1996.

PANTER, D.; ALLEN, F. J. C. S. Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: I. Choosing parents. v. 35, n. 2, p. 397-405, 1995. ISSN 0011-183X.

PEREIRA, F. C. **Estratégias para seleção de progênies em soja**. p. – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2016.

PEREIRA, F. D. C.; BRUZI, A. T.; MATOS, J. W. D.; REZENDE, B. A.; PRADO, L. C.; NUNES, J. A. R. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. **Plant Breeding** **136**:, p. 679 - 687, 2017.

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

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J.; MELCHINGER, A. E. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, p. 209-228, 2008.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; SCHULZ-STREECK, T.; OGUTU, J. O. J. B. J. A stage-wise approach for the analysis of multi-environment trials. v. 54, n. 6, p. 844-860, 2012. ISSN 0323-3847.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J. J. C. S. Selection in cultivar trials—is it ignorable? , v. 46, n. 1, p. 192-201, 2006. ISSN 0011-183X.

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

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15 Ed, Piracicaba, p. 451, 2009.

PINHEIRO, L. C. D. 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.

PIPOLO, C. V.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. D. S. Inheritance of a long juvenil period under short day condition in soybean. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, p. 463-469, 2002.

PULCINELLI, C. E. **Herança do teor de proteína em soja**. 67 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1992.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F. B.; SANTOS, J. B. D.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas.**, Lavras, UFLA, v. 1, p. 522, 2012.

RAO, M.; MULLINIX, B.; RANGAPPA, M.; CEBERT, E.; BHAGSARI, A.; SAPRA, V.; JOSHI, J.; DADSON, R. J. A. J. Genotype× environment interactions and yield stability of food-grade soybean genotypes. v. 94, n. 1, p. 72-80, 2002. ISSN 0002-1962.

REIS, E. F. D.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. J. C. R. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. v. 34, p. 685-692, 2004. ISSN 0103-8478.

RESENDE, M. D. V.; RAMALHO, M. A. P.; GUILHERME, S. R.; ABREU, Â. F. B. 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. D. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, EMBRAPA Informação tecnológica, p. 975, 2002.

RESENDE, M. D. V. D.; DUARTE, J. B. Precision and Quality Control in Variety Trials. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007. ISSN 1983-4063.

RESENDE, M. D. V. E. A.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S.; BATISTA, L. G.; GOIS, I. B. Selection index with parentes, population, progenies and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science**, v. 56(2), p. 530-546, Madison, 2016.

RIBEIRO, F. O.; BRUZI, A. T.; BIANCHI, M. C.; SOARES, I. O.; SILVA, K. B. J. J. O. A. S. Genotypic selection for soybean earliness. v. 12, n. 11, p. 169, 2020. ISSN 1916-9752.

ROCHA, M. R. **Parâmetros genéticos, métodos de condução de população segregante e estratégias de seleção de genótipos de soja.** 138 p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos.** 91 p. Dissertação (mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2001.

SEDIYAMA, T. **Melhoramento Genético da Soja.** Londrina - PR, p. 352, 2015.

SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. J. B. An analysis of variance test for normality (complete samples). v. 52, n. 3/4, p. 591-611, 1965. ISSN 0006-3444.

SILVA, E. V. V.; BRUZI, A. T.; SILVA, F. D. S.; MARQUES, F. S. J. P. A. B. Genotypic and phenotypic parameters associated with early maturity in soybean. v. 57, p. e02545, 2022. ISSN 0100-204X.

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

SOARES, I. O.; BIANCHI, M. C.; BRUZI, A. T.; GESTEIRA, G. D. S.; SILVA, K. B.; GUILHERME, S. R.; CIANZIO, S. R. J. C. B.; BIOTECHNOLOGY, A. Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progenies in a recurrent selection program. v. 20, 2020. ISSN 1518-7853.

SOARES, I. O.; REZENDE, P. M. D.; BRUZI, A. T.; ZAMBIAZZI, E. V.; ZUFFO, A. M.; SILVA, K. B.; GWINNER, R. Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, p. 8995-9003, 2015.

TRILLER, C. **Previsão do potencial genético de cruzamentos em soja pela geração F3.** 133 p. Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas – 1994.

VAN EEUWIJK, F. A.; BUSTOS-KORTS, D. V.; MALOSETTI, M. J. C. S. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype× environment interactions? , v. 56, n. 5, p. 2119-2140, 2016. ISSN 0011-183X.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VEGAS, G. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**, p. 137-209, 1987.

VILLELA, G. M. **Do the unselected genotypes influence the identification of the best soybean lines with the inbreeding generations?** 77 p. – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2021.

VOLPATO, L.; SIMIQUÉLI, G. F.; ALVES, R. S.; ROCHA, J. R. D. A. S. D. C.; DEL CONTE, M. V.; RESENDE, M. D. V. D.; CARNEIRO, P. C. S.; SILVA, F. L. D.; SINGH, R. Selection of inbred soybean progeny (Glycine max): an approach with population effect. **Plant breeding**, v. 137, n. 6, p. 865-872, 2018. ISSN 0179-9541.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. Quantitative genetics and selection in plant breeding. **Walter de Gruyter**, p. 406, 1986.

ZITO, R. K.; ARANTES, N. E.; FRONZA, V.; SÁ, M. E. L. D.; PÁDUA, G. P. D.; ZANETTI, A. L.; JUHÁSZ, A. C. P. **Tecnologias para o Cerrado Mineiro**. Informe Agropecuário, v. 32, p. 116, 2011.

APPENDIX

Table 1A - Genetic and phenotypic parameters for grain yield and absolute maturity at the Lavras and Ijaci in the 2019/2020 growing seasons.

Parameter	Grain yield		Absolute maturity	
	Lavras	Ijaci	Lavras	Ijaci
σ^2_P	424273,22	924869,85	3,14	35,46
σ^2_E	1272457,30	785735,64	5,38	6,56
h^2	0,39	0,69	0,53	0,91
Accuracy	0,62	0,83	0,73	0,95
CVe %	24,13	21,91	1,90	2,19
Average	4672,39	4046,04	121,75	116,78

σ^2_P – progenies variance; σ^2_E – residual variance; h^2 – heritability between progenies; CVe – coefficient of experimental variation.

Source: From the author (2023).

Table 2A - Genetic and phenotypic parameters for grain yield and absolute maturity at the Lavras and Ijaci in the 2020/2021 growing seasons.

Parameter	Grain yield		Absolute maturity	
	Lavras	Ijaci	Lavras	Ijaci
σ^2_P	198589,30	351152,33	45,58	40,91
σ^2_E	347154,20	466475,67	3,42	2,41
h^2	0,29	0,32	0,44	0,44
Accuracy	0,54	0,56	0,66	0,66
CVe %	18,61	16,69	1,55	1,35
Average	3144,14	4072,93	119,62	115,16

σ^2_P – progenies variance; σ^2_E – residual variance; h^2 – heritability between progenies; CVe – coefficient of experimental variation.

Source: From the author (2023).

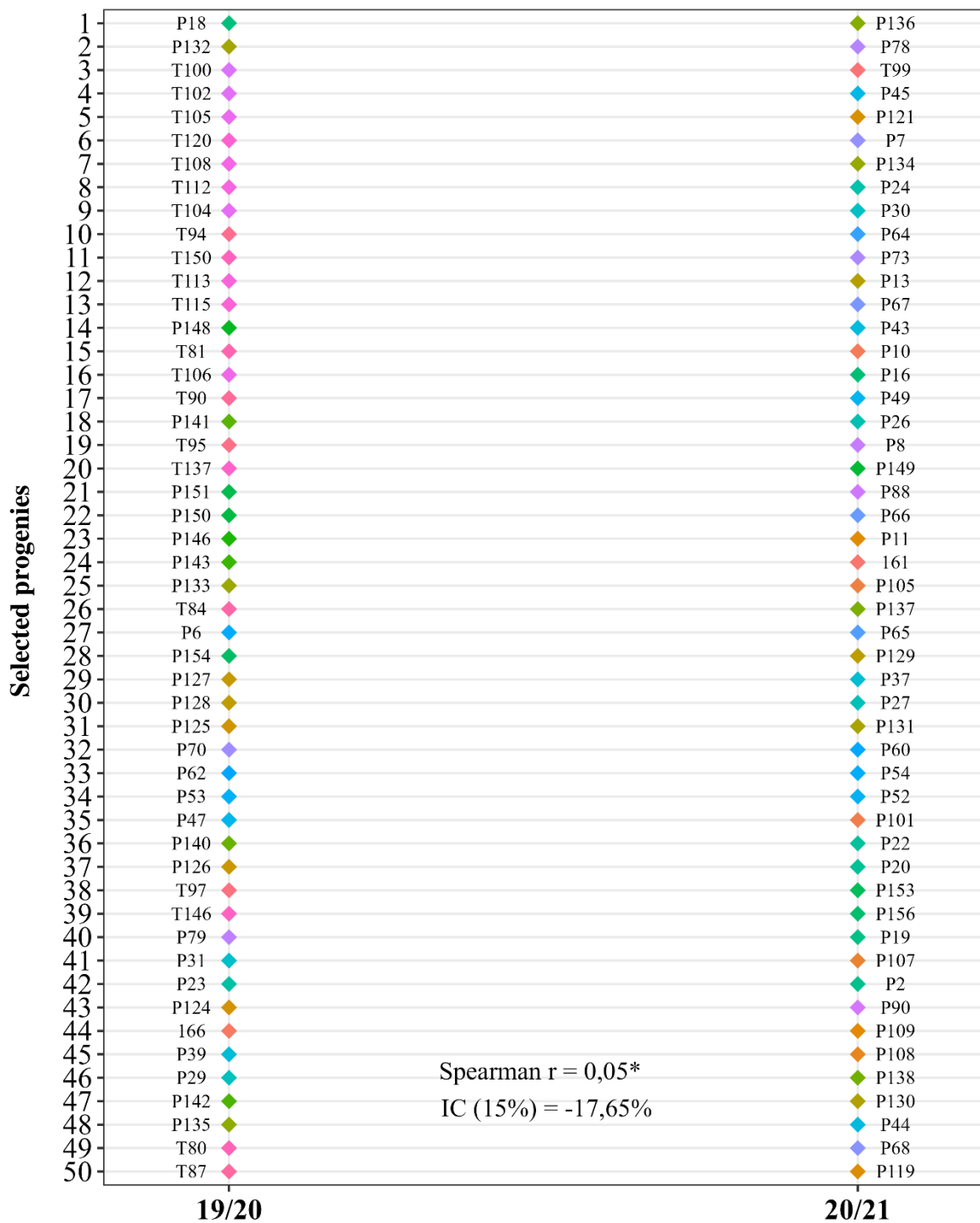
Table 3A - Estimates of genetic and phenotypic parameters for grain yield and absolute maturity traits from common data. Data referring to the F_{4:5} and F_{4:6} progenies, in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons.

Parameter	Grain yield		Absolute maturity	
	Without population effect	With population effect	Without population effect	With population effect
σ^2_P	44187,86	30951,73	20,42	16,12
σ^2_E	1101721,24	1052605,95	5,37	4,72
h^2	0,28	0,20	0,90	0,89
Accuracy	0,53	0,44	0,95	0,94
CVe %	25,92	25,33	1,96	1,84
Average	4245,83	4258,15	118,29	118,22

σ^2_P – progenies variance; σ^2_E – residual variance; h^2 – heritability between progenies; CVe – coefficient of experimental variation.

Source: From the author (2023).

Figure 1A - Coincidence of the selected progenies in the 2019/2020 and 2020/2021 growing seasons for absolute maturity (days).



Source: From the author (2023).