

**ANDREIA SCHUSTER**

**SELEÇÃO PRECOCE PARA A PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM SOJA VIA  
BLUPIS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2021**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

S395s  
2021 Schuster, Andreia, 1992-  
Seleção precoce para a produtividade de grãos em soja via  
BLUPIS / Andreia Schuster. – Viçosa, MG, 2021.  
1 tese eletrônica (50 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Leonardo Lopes Bhering.  
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Biologia Geral, 2021.

Referências bibliográficas: f. 43-50.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2021.178>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. *Glycine max* (L.) Merrill. 2. Soja - Melhoramento genético. 3. Modelos multiníveis (Estatísticas). I. Bhering, Leonardo Lopes, 1980-. II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia Geral. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 633.342

Bibliotecário(a) responsável: Renata de Fátima Alves CRB6/2578

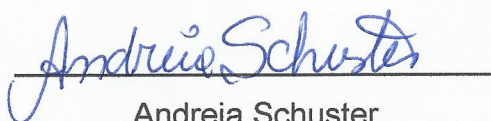
**ANDREIA SCHUSTER**

**SELEÇÃO PRECOCE PARA A PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM SOJA VIA  
BLUPIS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 29 de julho de 2021.

Assentimento:



Andreia Schuster  
Autora



Leonardo Lopes Bhering  
Orientador

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço à Universidade Federal de Viçosa pela oportunidade da realização do curso e pela contribuição em minha formação profissional e pessoal.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento e seus colaboradores pela atenção, apoio e serviços prestados.

Ao professor Leonardo Lopes Bhering, pelos ensinamentos e pela orientação.

Ao professor Felipe Lopes da Silva, pela parceria, pela oportunidade e contribuições no desenvolvimento dos genótipos e experimentos.

À Universidade Federal de Mato Grosso do Sul e aos professores Paulo Eduardo Teodoro e Larissa Pereira Ribeiro Teodoro pela parceria e auxílio na condução dos experimentos.

Aos membros da banca, pela disposição e pelas valiosas contribuições.

A todos os professores que contribuíram para a minha formação profissional.

Aos colegas e amigos do Laboratório de biometria e Programa Soja, pelo auxílio na condução dos experimentos, pelo apoio, incentivo e contribuições.

Aos colegas e amigos da Universidade Federal de Viçosa e Universidade Federal de Santa Maria, pelo incentivo e apoio.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

## RESUMO

SCHUSTER, Andreia, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2021. **Seleção precoce para a produtividade de grãos em soja via BLUPIS**. Orientador: Leonardo Lopes Bhering.

A redução do tempo no desenvolvimento de linhagens e a aplicação de metodologias estatísticas mais acuradas contribuem para o aumento do ganho genético no melhoramento da cultura da soja. Os objetivos deste trabalho foram: i) estudar a viabilidade da aplicação do BLUPIS nas gerações iniciais do programa de melhoramento genético na cultura da soja; ii) estudar a viabilidade da estratégia da divisão da área útil das parcelas para estimação dos efeitos genotípicos e seleção de plantas; e iii) estimar os ganhos genéticos com a aplicação do BLUPIS na geração  $F_3$  da cultura da soja. Foram testadas estratégias de análises em  $F_2$ : a) estimar os efeitos genotípicos com base nos dados Estimação  $F_2$ , considerando repetições diferentes para a estimação dos efeitos genotípicos das populações e seleção individual de plantas; b) estimar os efeitos genotípicos com base nos dados Seleção  $F_2$ , quando as informações da mesma parcela foram utilizadas na estimação dos efeitos genotípicos das populações e seleção individual de plantas; c) estimar os efeitos genotípicos com base nos dados  $F_2$ , onde são consideradas informações de todas as repetições, de repetições diferentes e de mesmas repetições para a estimação dos efeitos genotípicos e seleção individual de plantas; e  $F_3$  estimar os efeitos genotípicos com base nos dados Estimação  $F_3$ , considerando a divisão da área útil das parcelas para a estimação dos efeitos genotípicos das populações e seleção individual de plantas. Foram conduzidas 84 populações segregantes e 15 genitores de soja nas gerações  $F_2$  e  $F_3$ , nas safras 2019/2020 e 2020/2021 no município de Derrubadas-RS e avaliados para a produtividade de grãos. Na geração  $F_2$  foram explorados dados totais de parcela e individuais de plantas para estabelecer a melhor adaptação a ser empregada na geração  $F_3$  mediante a comparação do BLUP individual com o BLUP individual simulado com informações de repetições distintas e/ou iguais às informações utilizadas no BLUP individual. A informação de produtividade de grãos da parcela onde as plantas serão submetidas à seleção deve ser incluída na estimação dos efeitos genotípicos, sendo que a divisão da área da parcela para estimação e seleção foi a melhor estratégia. A seleção realizada pelo BLUPIS e BLUPI

apresentaram alta concordância em relação às plantas selecionadas. As populações segregantes  $F_3$  foram selecionadas com base nos efeitos genotípicos positivos e os indivíduos dentro destas populações foram selecionados conforme o número de plantas determinado pelo BLUPIS. A divisão da área da parcela foi estratégia eficiente na seleção de populações segregantes e plantas dentro das populações superiores na geração  $F_3$  e permitiu a aplicação do BLUPIS e obtenção de ganhos genéticos na seleção de populações e plantas dentro das populações superiores na ordem de  $1,56 \text{ g planta}^{-1}$ . O BLUPIS é uma ferramenta interessante para aplicação no melhoramento genético da soja, e aliado a estratégia de avanço de gerações na entressafra permite a redução do tempo para atingir alto grau de homozigose além de ser uma ferramenta estatística acurada, desta forma sua aplicação resulta em potencial aumento do ganho genético nos programas de melhoramento genético da cultura da soja.

Palavras-chave: Modelos mistos. *Glycine max* (L.) Merrill. Melhoramento genético.

## ABSTRACT

SCHUSTER, Andreia, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2021. **Early selection for grain productivity in soybean via BLUPIS**. Adviser: Leonardo Lopes Bhering.

The reduction of time in the development of strains and the application of more accurate statistical methodologies contribute to the increase in genetic gain in soybean crop improvement. The objectives of this work were: i) to study the feasibility of applying BLUPIS (simulated individual BLUP) in the early generations of the genetic improvement program in soybean crops; ii) study the viability of the strategy of dividing the useful area of the plots to estimate genotypic effects and plant selection; and iii) estimate the genetic gains with the application of BLUPIS in the  $F_3$  generation of the soybean crop. Analysis strategies in  $F_2$  were tested: a) estimating the genotypic effects based on the  $F_2$  Estimation data, considering different repetitions to estimate the genotypic effects of populations and individual plant selection; b) estimate the genotypic effects based on the Selection  $F_2$  data, when information from the same plot was used to estimate the genotypic effects of populations and individual selection of plants; c) estimate the genotypic effects based on  $F_2$  data, where information from all replicates, from different replicates and from the same replicates is considered for the estimation of genotypic effects and individual selection of plants; and  $F_3$  to estimate the genotypic effects based on the Estimate  $F_3$  data, considering the division of the useful area of the plots for estimating the genotypic effects of populations and individual plant selection. Eighty-four segregating populations and 15 soybean parents were conducted in the  $F_2$  and  $F_3$  generations, in the 2019/2020 and 2020/2021 harvests in the city of Derrubadas-RS and evaluated for grain yield. In the  $F_2$  generation, total plot and individual plant data were explored to establish the best adaptation to be used in the  $F_3$  generation by comparing the individual BLUP with the simulated individual BLUP with information from different repetitions and/or equal to the information used in the individual BLUP. The grain yield information of the plot where the plants will be submitted to selection must be included in the estimation of genotypic effects, and the division of the plot area for estimation and selection was the best strategy. The selection performed by BLUPIS and BLUPI showed high agreement in relation to the selected plants. The  $F_3$  segregating populations were selected based

on positive genotypic effects and individuals within these populations were selected according to the number of plants determined by BLUPIS. The division of the plot area was an efficient strategy in the selection of segregating populations and plants within the superior populations in the F<sub>3</sub> generation and allowed the application of BLUPIS and obtaining genetic gains in the selection of populations and plants within the superior populations in the order of 1.56 g plant<sup>-1</sup>. BLUPIS is an interesting tool for application in the genetic improvement of soybean, and combined with the strategy of advancing generations in the off-season, it allows the reduction of time to reach a high degree of homozygosity, in addition to being an accurate statistical tool, thus its application results in potential increase in genetic gain in soybean breeding programs.

Keywords: Mixed models. Glycine max (L.) Merrill. Genetic improvement.

## SUMÁRIO

1. Introdução	9
2. Revisão bibliográfica	10
2.1 Sugestão de programa de melhoramento	15
3. Material e Métodos	18
3.1 Genótipos	18
3.2 Design experimental	20
3.3 Estratégias de melhoramento e condução de populações segregantes	21
3.4 Análises estatísticas	22
3.4.1 Populações segregantes F <sub>2</sub>	22
3.4.2 Populações segregantes F <sub>3</sub>	27
4. Resultados e Discussão	30
5. Conclusões	42
6. Referências Bibliográficas	43

## 1. Introdução

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é a oleaginosa mais produzida no mundo e o Brasil é o maior produtor mundial da cultura. Antes da Lei de Proteção de Cultivares (BRASIL, 1997), o melhoramento genético da soja era realizado principalmente por organizações públicas. A partir da Lei, o desenvolvimento de novas cultivares migrou para empresas privadas e se tornou um mercado altamente competitivo e lucrativo (SEDIYAMA et al., 2021).

Atualmente, o mercado de novas cultivares no melhoramento genético da soja é um negócio muito rentável e gerou competição pelo lançamento de cultivares com maior potencial produtivo. O tempo de desenvolvimento de novas cultivares é o fator que mais tem sido impactado pelas mudanças nas estratégias de melhoramento da soja. Os métodos tradicionais de condução de populações segregantes, a partir da hibridação artificial entre duas linhagens, levam em torno de 10 anos para o lançamento de uma nova cultivar, sendo que a maioria conduz apenas uma geração por ano (DESTRO e MONTALVÁN, 1999; BUENO et al., 2006; PINTO, 2009; BORÉM et al., 2017).

Assim, existe a necessidade de novas adaptações aos métodos clássicos de melhoramento de autógamias para permitir o lançamento de cultivares com maior produtividade de grãos em menor tempo possível na cultura da soja. A condução de três gerações por ano é biologicamente possível na cultura da soja. A seleção de progênies baseada no desempenho das populações segregantes na geração  $F_3$  para a produtividade de grãos na soja é viável e o uso de metodologias estatísticas mais acuradas como o BLUP (melhor predição linear não viesada) é relevante (SILVA et al., 2017).

A seleção de plantas na geração  $F_3$  para avaliação de progênies  $F_{3:6}$  conduzidas pelo método bulk dentro de progênies, é normalmente realizada através de seleção visual de plantas, sem adoção de critérios estatísticos e sem considerar o desempenho das populações. A aplicação de critérios estatísticos para descarte de populações inferiores nas gerações iniciais do processo de melhoramento, permite concentrar esforços e recursos em populações e seleção de progênies com maior mérito genético e aumenta a probabilidade de obtenção de linhagens superiores.

O BLUPIS (BLUP individual simulado) permite a indicação do número ideal de plantas a serem selecionadas em cada população superior de acordo com o mérito genético de cada população, além de identificar as populações inferiores para serem

descartadas (RESENDE e BARBOSA, 2006). Desta forma, é possível conduzir e avançar até três gerações por ano e realizar avaliações apenas na geração F<sub>3</sub> e nas progênes F<sub>3:6</sub>, acelerando o processo de obtenção de linhagens e aumentando a probabilidade de genótipos utilizados gerar futuras linhagens superiores para a produtividade de grãos na cultura da soja.

## 2. Revisão bibliográfica

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma leguminosa anual originária da China (BORÉM, 2013; SILVA et al., 2017; SEDIYAMA et al., 2021). A soja é excelente fonte de proteína e óleo (BORÉM, 2013; MATSUO et al., 2020; SEDIYAMA et al., 2021), com teores entre 30 e 45% de proteína e de 15 a 25% de óleo (SOUZA et al., 2009). As primeiras tentativas de introdução da soja no Brasil não tiveram muito sucesso, na Bahia em 1882 e São Paulo entre 1891 e 1908 (SEDIYAMA, 2015; SEDIYAMA et al., 2015; SEDIYAMA et al., 2021). Entretanto, a introdução da soja no estado do Rio Grande do Sul em 1891 obteve êxito e apresentou boa adaptação devido à semelhança de latitude com a região sul dos Estados Unidos, de onde eram provenientes a maior parte dos genótipos disponível no Brasil, sendo que os primeiros cultivos comerciais no Rio Grande do Sul foram registrados em 1935 (SEDIYAMA et al., 2015; SILVA et al., 2017; MATSUO et al., 2020). No Rio Grande do Sul o melhoramento genético da soja teve início em 1941 (SEDIYAMA, 2015).

No Rio Grande do Sul a expansão da produção da soja ocorreu apenas na década de 1970 impulsionada principalmente pelo aumento da demanda do grão. Essa expansão ocorreu também nos outros estados da região sul do país concentrando a produção em áreas de latitude superior a 20° Sul. A partir da década de 1970, com o desenvolvimento de cultivares de período juvenil longo, a expansão alcançou as áreas de baixa latitude no país (SEDIYAMA, 2015; SEDIYAMA et al., 2015; SILVA et al., 2017; MATSUO et al., 2020). Atualmente, o Rio Grande do Sul é o segundo maior produtor de soja, sendo responsável por 15,29% da produção de soja nacional na safra 2020/2021 (CONAB, 2021).

O Brasil é o maior produtor mundial de soja, atingindo a produção de 135,9 milhões de toneladas na safra 2020/2021, com produtividade de 3.529 kg ha<sup>-1</sup>. Os dados da produtividade de grãos dos últimos 40 anos revelam um incremento de aproximadamente 50 kg ha<sup>-1</sup>ano<sup>-1</sup> (CONAB, 2021). O melhoramento genético foi o responsável por boa parte desses ganhos de produtividade (SEDIYAMA et al., 2021).

Ramalho et al. (2012) acreditam que o melhoramento genético foi responsável por 50% do ganho em produtividade de grãos da cultura da soja, onde no período de 1974 a 2004 o ganho anual foi de 2,79% na cultura. Todeschini et al. (2019) comprovam a importância do melhoramento genético com base em estimativa de progresso genético de 2,4% ano<sup>-1</sup> com ganho genético na ordem de 40 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> no período de 1965 a 2011. Lange e Federizzi (2009) apresentam ganhos de zero até 3,49% ao ano em estudo com três grupos de maturação e quatro regiões do estado do Rio Grande do Sul.

A produtividade de grãos é o caractere mais importante para o melhoramento da cultura da soja. Vários estudos mostram que a produtividade de grãos na cultura da soja possui controle genético predominante aditivo, onde o interesse principal é a exploração dos efeitos aditivos (BRIM e COCKERHAM, 1961; LEFFEL e HANSON, 1961; TOLEDO et al., 2000; CHO e SCOTT, 2000; DARONCH et al., 2014 e ROCHA et al., 2019). O desenvolvimento de novas cultivares utilizando linhagens superiores na cultura da soja é baseado na exploração dos efeitos genéticos aditivos, e a prática da seleção é favorecida nas gerações mais avançadas. Seleção em gerações com maior grau de homozigose permite aumento do ganho com a seleção porque em gerações mais avançadas é possível ter acesso a maiores frações da variância genética aditiva, além da redução dos erros na seleção causados pelos desvios da dominância. Dessa forma, é esperado o aumento do ganho genético e da confiabilidade do valor genético dos genótipos selecionados (SILVA et al., 2017). Porém, a prática da seleção apenas nas gerações mais avançadas leva a um aumento do número de genótipos a serem conduzidos por várias gerações até serem submetidos a seleção. Assim, a prática da seleção em gerações iniciais, mesmo que em intensidade moderada, permite o descarte de genótipos inferiores e a concentração de recursos e esforços em genótipos mais promissores.

Na geração F<sub>3</sub> a variância genética aditiva disponível é de  $1,5 \sigma_a^2$ , o que representa 75% da variância aditiva máxima atingida em linhagens,  $2 \sigma_a^2$  (RAMALHO et al., 2012). Caracteres de moderada herdabilidade permitem a seleção para a produtividade de grãos na geração F<sub>3</sub>, principalmente com objetivo de descarte das populações inferiores (ALLARD, 1971; CARVALHO et al., 2009). Dessa maneira, a seleção precoce pode ser aplicada nas gerações iniciais nos programas de melhoramento de soja para aumento da produtividade de grãos. Posto isso, o início da seleção para produtividade de grãos na cultura da soja pode ser realizado na

geração  $F_3$  desde que empregada intensidade moderada na seleção, empregando como critério de seleção o descarte de cerca de 50% dos genótipos inferiores (RESENDE, 2007a; RAMALHO et al., 2012; RESENDE, 2015). O aumento da homozigose e avanço das gerações aumenta a correlação da produtividade de grãos entre as populações com a geração  $F_\infty$ . Resende et al. (2016) mostram a importância das informações do desempenho das populações segregantes  $F_3$  em autógamias para a seleção de progênies  $F_{3:6}$  mostrando a correlação do desempenho das progênies com as populações segregantes originais. Estimativas de produtividade de grãos em avaliações com progênies  $F_3$  foram eficientes em fornecer potencial produtivo confiável das progênies  $F_{3:4}$  (MAHMUD e KRAMER, 1951).

A seleção das populações segregantes superiores nas gerações iniciais proporciona vantagens no programa de melhoramento (RAMALHO et al., 2012), como o descarte de cruzamentos inferiores e redução do número de genótipos a serem avançados, redução de custo e de área física demandada para a condução dos experimentos e avanços nas próximas gerações (DESTRO e MONTALVÁN, 1999). Além disso, a seleção das populações segregantes superiores e dentro destas a seleção visual de plantas superiores na geração  $F_3$  aumenta a probabilidade de obter futuras linhagens superiores, pela eliminação dos genótipos inferiores, além de facilitar o avanço de gerações fora de época e local pela redução do número de genótipos.

Os métodos de melhoramento genético tradicionais para condução de populações segregantes (ALLARD, 1971; RAMALHO et al., 1993; DESTRO e MONTALVÁN, 1999; BUENO et al., 2006; PINTO, 2009; RAMALHO et al., 2012; BORÉM 2013; SEDIYAMA, 2015; SILVA et al., 2017, BORÉM et al., 2017) são aplicados nos programas de melhoramento de maneira conjunta e adaptada de forma a atingir a melhor estratégia em cada programa. Assim, várias adaptações surgiram nos métodos tradicionais de condução de populações como o método bulk dentro de progênies derivadas em  $F_2$  proposto por Frey (1954) e o método genealógico acelerado proposto por Valentine (1984). A definição das estratégias de melhoramento impacta no tempo gasto para o desenvolvimento e lançamento de novas cultivares. Ramalho et al. (2012) relatam estratégia de condução em empresas de melhoramento baseadas na condução de 100 cruzamentos anuais com aplicação de intensa seleção entre as populações nas gerações iniciais e obtenção de cerca de 30 progênies  $F_{2:3}$  por cruzamento selecionado. O tempo é fator importante no

progresso genético, e a seleção em gerações iniciais e a escolha de técnicas adequadas de condução de populações segregantes permite o avanço de mais de uma geração por ano, sendo fatores importantes no sucesso dos programas de melhoramento genético da atualidade (RESENDE, 2002; RESENDE, 2015).

A exploração das populações segregantes é a prática mais utilizada no melhoramento de autógamas como a soja, sendo que a avaliação de maior número de populações é preferível em detrimento da avaliação de maior número de progênies por população (RESENDE et al., 2016). Considerando a estrutura das populações endogâmicas utilizadas no melhoramento da soja, a probabilidade da manutenção dos alelos favoráveis é reduzida com o avanço das gerações para um mesmo número de genes, de forma a exigir maior número de plantas nas gerações mais avançadas para manter a probabilidade de selecionar plantas com o número máximo de alelos favoráveis (RAMALHO et al., 2012). Assim, a condução do programa de melhoramento é favorecida pela seleção das populações mais promissoras e descarte das populações inferiores na geração  $F_3$ , concentrando esforços em avaliações de maior número de plantas em populações segregantes superiores. Neste sentido, a seleção das populações segregantes superiores permite o uso de ferramentas estatísticas com maior acurácia e também com emprego de informações de genitores e demais geração, permitindo maior ganho genético (RESENDE, et al., 2015; RESENDE et al., 2016), uma vez que no melhoramento tradicional de espécies autógamas como a soja, é frequente a obtenção de progênies a partir da geração  $F_3$  e avanço até a geração  $F_{3:6}$  para seleção de plantas e obtenção de linhagens (RESENDE et al., 2016), e a seleção das plantas normalmente é realizada de forma visual sem considerar critérios estatísticos e sem levar em conta o desempenho das populações de origem das progênies selecionadas.

A aplicação de metodologias estatísticas mais acuradas na seleção também contribui para o ganho genético e permitem obter estimativas de produtividade de grãos mais acuradas (RESENDE, 2015). O uso da metodologia de modelos mistos REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada) no melhoramento de plantas está em expansão e permite aumentar os ganhos genéticos na seleção (RAMALHO e ARAÚJO, 2011; RAMALHO et al., 2012; PIMENTEL et al., 2014; RESENDE et al., 2014; ANDRADE et al., 2016). A metodologia REML/BLUP tem mostrado resultados positivos no melhoramento de plantas de diversas culturas tais como trigo (PIMENTEL et al., 2014), feijão (CARVALHO et al., 2019; CARVALHO,

et al., 2020; LEMOS et al., 2020), cana-de-açúcar (BARBOSA et al., 2005; RESENDE e BARBOSA, 2006; SILVA et al., 2015; PETERNELLI et al., 2018) e soja (ANDRADE et al., 2016; PEREIRA et al., 2017; VOLPATO et al., 2018; WIGGINS et al., 2018; VOLPATO et al., 2019; VOLPATO et al., 2021). Além disso, a metodologia de modelos mistos pode ser aplicada para dados desbalanceados e uso de diferentes gerações (DE CARVALHO et al., 2008; RESENDE et al., 2015; RESENDE et al., 2016). O BLUP é o procedimento mais acurado para predição dos valores genéticos em condições de experimentos desbalanceados, porque leva em consideração todos os efeitos presentes no modelo (HENDERSON, 1984; RESENDE e HIGA, 1994; RESENDE, 2007b).

O BLUP individual (BLUPI) é o método ideal de seleção de plantas, porém exige a avaliação particular de todas plantas (HENDERSON, 1984; RESENDE, 2002; RAMALHO e ARAÚJO, 2011). A avaliação de plantas individuais em programas de melhoramento de soja normalmente não é realizada devido à alta demanda por mão-de-obra e aos custos elevados, o que torna esta prática inviável. Assim, é interessante o uso de uma estratégia que permita a seleção das populações segregantes e de plantas dentro das populações superiores de forma a maximizar os ganhos sem a necessidade de avaliação individual de plantas.

O BLUP individual simulado (BLUPIS) proposto por Resende e Barbosa (2006) permite seleção de plantas individuais baseadas em informações dos efeitos genotípicos das populações avaliadas com base apenas nas informações médias de parcela das populações, sem a necessidade de avaliação individual. O BLUPIS indica o número de famílias a serem selecionadas, o número ideal de plantas a serem selecionadas por família ou população e o número total de plantas a serem selecionadas, além de indicar as famílias que devem ser descartadas, ou seja, com efeito genotípico negativo (RESENDE e BARBOSA, 2006). O BLUPIS foi desenvolvido inicialmente para culturas perenes e de propagação vegetativa e tem demonstrado resultados positivos em culturas como a cana-de-açúcar (RESENDE e BARBOSA, 2006; OLIVEIRA et al., 2011; OLIVEIRA et al., 2013; SILVA et al., 2013; SILVA et al., 2015; BRASILEIRO et al., 2016; CASTRO et al., 2016; PETERNELLI et al., 2018), coqueiro (FARIAS NETO et al., 2009) e forrageiras (RESENDE et al., 2006; BERCHEMBROCK et al., 2020). Em trabalho realizado por Silva et al. (2015) com 17 famílias de irmãos completos em cana-de-açúcar o BLUPIS apresentou resultados semelhantes ao BLUPI quando o número de indivíduos a serem selecionados na

melhor família foi igual a 100 e o BLUPIS foi eficiente na seleção individual de plantas. O BLUPIS permitiu a indicação de maior número de clones superiores em comparação seleção massal em estudos conduzidos por Oliveira et al. (2011) e Oliveira et al. (2016), em 80 e 98 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar, respectivamente.

Na cultura da soja Bezerra (2017) demonstrou concordância entre o BLUP individual e o BLUP individual simulado, porém, utilizando a avaliação individual das plantas. Em espécies de grãos anuais, como a soja, a colheita conjunta das plantas nas parcelas para obter a produtividade de grãos por parcela para estimação dos efeitos genotípicos impossibilita a seleção posterior na mesma parcela por se tratar de um método destrutivo. O objetivo do uso do BLUPIS é a redução dos custos com a eliminação da avaliação individual de plantas, porém, existe a necessidade de adaptações para aplicação do BLUPIS na seleção de plantas dentro de populações segregantes de espécies anuais autógamas como a soja devido às particularidades desta cultura, onde a colheita conjunta das plantas impossibilita a seleção de plantas individuais da mesma amostra, diferente do que ocorre no melhoramento de plantas perenes como a cana-de-açúcar, onde é possível obter várias colheitas de uma mesma planta original, possibilitando o uso de uma colheita conjunta de plantas na parcela para a estimação do efeito genotípico e coleta do material genético para propagação assexuada na próxima safra (RESENDE e BARBOSA, 2006; OLIVEIRA et al., 2013; SILVA et al., 2015). A divisão dos dados das parcelas ou uso de repetições distintas em um mesmo experimento para estimação dos efeitos genotípicos e seleção de plantas podem ser estratégias adotadas para aplicação do BLUPIS no melhoramento genético da soja.

## **2.1 Sugestão de programa de melhoramento**

Considerando a otimização da estrutura de um programa de melhoramento da cultura da soja, a estratégia ideal seria avaliação das populações segregantes  $F_3$ , com descarte das piores populações, seleção de plantas individuais dentro das populações superiores, de forma que quanto maior o valor genético da população, maior será o número de plantas selecionada, considerando que populações com melhor desempenho para produtividade de grãos na geração  $F_3$  também possuem maior probabilidade de gerar linhagens superiores. Dessa forma, é possível concentrar os esforços e recursos do programa de melhoramento para genótipos mais promissores. Além disso, o aumento do número de gerações conduzidas no período de um ano e

uso de ferramentas estatísticas mais acuradas na seleção em gerações iniciais permite a otimização do tempo (RESENDE, 2002).

Vários fatores estão envolvidos no progresso genético, entre eles a intensidade de seleção, a variabilidade genética, a acurácia e o tempo (RESENDE, 2002). O tempo tem sido o fator determinante na competitividade dos programas de melhoramento (RESENDE, 2014). Um esboço para otimização do programa de melhoramento é apresentado na Tabela 1. A ideia principal é a condução das gerações segregantes no menor período de tempo possível e realizar avaliações de produtividade apenas nas gerações  $F_3$ ,  $F_6$  e nos ensaios preliminares e finais de linhagens. As gerações  $F_1$  e  $F_2$  seriam conduzidas na entressafra sem avaliações e seleção, com o objetivo de avanço de gerações e aumento do número de sementes para a avaliação na geração  $F_3$ . Na geração  $F_3$ , as avaliações e seleção seriam praticadas com base no BLUPIS, considerando uma avaliação inicial de produtividade de grãos com parte da parcela para estimação dos efeitos genotípicos, posterior seleção de populações, e por fim seleção das plantas promissoras na parte remanescente da parcela. Procedimentos estatísticos mais acurados aplicados na geração  $F_3$  podem dar suporte para a seleção mais eficiente, reduzindo o número de materiais a serem avançados e reduzindo a necessidade de seleção nas gerações iniciais, permitindo conduzir mais gerações por ano. Dessa forma na geração  $F_{3:4}$  cada planta selecionada em  $F_3$  seria conduzida em uma linha e cada linha seria colhida individualmente na forma de bulk. Na geração  $F_{3:5}$  cada amostra do bulk colhido na geração anterior seria implantada para obter sementes  $F_{3:6}$ . A geração  $F_{3:6}$  seria submetida a experimentos com repetições e em maior número de locais para seleção dos melhores bulks e dentro destes a seleção das plantas superiores, para dar início às avaliações e seleção de linhagens. A condução das avaliações de linhagens pode variar de acordo com a estratégia de cada programa de melhoramento. Concomitante aos ensaios finais de linhagens, normalmente é iniciada a produção de semente genética, para ganhar tempo e volume de sementes quando a nova cultivar for lançada. O período de entressafra pode ser utilizado para multiplicação de sementes para realizar os ensaios em maior número de locais. Assim, em pouco mais de 2 anos, utilizando 3 períodos de safra, seria possível avançar até a geração  $F_6$ .

Tabela 1 - Esboço de um programa de melhoramento com avanço de até três gerações por ano.

Ano	Período		
	Safr	Entressafr	Entressafr
1	1/Set - 31/Mar Cruzamentos	1/Abr - 15/Jul F <sub>1</sub> Avanço de gerações	16/Jul - 31/Out F <sub>2</sub> Avanço de gerações
2	1/Nov - 31/Mar F <sub>3</sub> BLUPIS	1/Abr - 15/Jul F <sub>3:4</sub> Bulk dentro de progênie	16/Jul - 31/Out F <sub>3:5</sub> Bulk dentro de progênie
3	1/Nov - 31/Mar F <sub>3:6</sub> Seleção plantas individuais	1/Abr - 15/Jul F <sub>6:7</sub> Multiplicação de sementes	
4	1/Nov - 31/Mar F <sub>8</sub> Preliminar	1/Abr - 15/Jul Multiplicação de sementes + Semente Genética	16/Jul - 31/Out Multiplicação de sementes + Semente Genética
5	1/Nov - 31/Mar VCU I	1/Abr - 15/Jul Multiplicação de sementes + Semente Genética	16/Jul - 31/Out Multiplicação de sementes + Semente Genética
6	1/Nov - 31/Mar VCU II	1/Abr - 15/Jul Multiplicação de sementes + Semente Genética Lançamento	16/Jul - 31/Out Multiplicação de sementes + Semente Genética

Assim os objetivos deste trabalho foram: a) estudar a viabilidade da aplicação do BLUPIS nas gerações iniciais do programa de melhoramento genético na cultura da soja; b) verificar a necessidade da inclusão dos dados da parcela de seleção na estimação dos efeitos genotípicos para aplicação do BLUPIS nas gerações iniciais do programa de melhoramento da soja; c) estudar a viabilidade da estratégia da divisão da área útil das parcelas para estimação dos efeitos genotípicos e seleção de plantas na geração  $F_3$  de soja; e d) estimar os ganhos genéticos com a aplicação do BLUPIS na geração  $F_3$  da cultura da soja.

### **3. Material e Métodos**

#### **3.1 Genótipos**

Foi conduzido um bloco de cruzamentos constituído por dois dialelos, sendo um dialelo completo com oito cultivares comerciais de soja, e um dialelo parcial com um grupo de genitores constituído pelas oito cultivares comerciais de soja e o segundo grupo de genitores formado por sete linhagens de soja oriundas do Banco Ativo de Germoplasma do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Viçosa, pertencente ao Departamento de Agronomia (Tabela 2). Foram obtidas 84 populações segregantes de soja com objetivo de desenvolvimento e seleção de linhagens com alta produtividade de grãos para a região sojícola 102 do estado do Rio Grande do Sul. Os genitores possuem o evento transgênico INTACTA RR2 PRO® (IPRO). As linhagens utilizadas como genitoras foram selecionadas com objetivo do aumento da produtividade de grãos e teor de óleo, sendo derivadas de cultivares comerciais adaptadas para a região sul do país (GMR - grau de maturação relativo: 5.8 a 6.3) cruzadas com cultivares com alto teor de óleo (GMR 8.2 a 9). Os genitores das linhagens 16-4, 16- 8 e 16-11 são as cultivares TMG 7062 e P98N71; das linhagens 25-1 e 25-3 são as cultivares DM5958 e Conquista; e das linhagens 28-1 e 28-2 são as cultivares DM 6563 e Conquista. As cultivares comerciais utilizadas são recomendadas para a macrorregião sojícola 1 e região edafoclimática 102 (ALLIPRANDINI et al., 2009; SEDIYAMA et al., 2015; MATSUO et al., 2020) e apresentam GMR de 5.5 a 6.5.

Tabela 2 - Populações segregantes obtidas com base em um dialelo completo entre cultivares comerciais e um dialelo parcial com grupos de cultivares comerciais e linhagens de soja.

Genitores	Compacta	Lança	Zeus	M6410	NS6909	TMG7061	TMG7062	TMG7063
Lança	1							
Zeus	2	15						
M6410	3	16	28					
NS6909	4	17	29	40				
TMG7061	5	18	30	41	51			
TMG7062	6	19	31	42	52	61		
TMG7063	7	20	32	43	53	62	70	
16-4	8	21	33	44	54	63	71	78
16-8	9	22	34	45	55	64	72	79
16-11	10	23	35	46	56	65	73	80
25-1	11	24	36	47	57	66	74	81
25-3	12	25	37	48	58	67	75	82
28-1	13	26	38	49	59	68	76	83
28-2	14	27	39	50	60	69	77	84

O bloco de cruzamentos e as hibridações artificiais foram conduzidos em casa de vegetação localizada no Campo Experimental Diogo Alves de Mello, pertencente ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (20°46'00" S, 42°52'09" O, 662 metros de altitude), no período de novembro de 2018 a março de 2019. A semeadura dos genitores foi realizada de forma escalonada por 12 semanas a fim de garantir a coincidência de florescimento dos genitores e ampliar o período para realização das hibridações. Os genitores foram conduzidos em vasos com capacidade de 4 litros, em substrato constituído de mistura de solo e areia na proporção 1:1. A adubação foi realizada com fertilizante comercial com formulação 13-13-15 de N-P-K adicionado de micronutrientes e fornecido as plantas semanalmente. As hibridações foram realizadas de forma manual com emasculação, nos horários mais quentes do dia, conforme descrito por Borém (1999) e Sedyama (2015). O número de hibridações realizado por combinação híbrida foi suficiente para garantir a obtenção de no mínimo 40 sementes híbridas para cada cruzamento para condução dos híbridos F<sub>1</sub>, desta forma garantindo o número adequado de sementes para avaliação experimental das populações segregantes F<sub>2</sub> em experimento com repetições.

Os híbridos F<sub>1</sub> foram conduzidos a campo no Campo Experimental Diogo Alves de Mello, da UFV, no período de junho a outubro de 2019, na época de entressafra

para acelerar o processo de melhoramento e avanço de gerações, possibilitando a avaliação das populações segregantes  $F_2$  no período da safra (2019/2020). As plantas de cada combinação híbrida  $F_1$  foram colhidas de forma conjunta e obtidas as sementes  $F_2$  das 84 populações segregantes em estudo.

### 3.2 Design experimental

As populações segregantes  $F_2$  e  $F_3$  e os genitores foram conduzidos em experimentos nas safras 2019/2020 e 2020/2021 em Derrubadas-RS (27°14'37,5" S, 53°55'15,5" O e 402 metros de altitude) pertencente a região sojícola 102, macrorregião sojícola 1.

Os experimentos foram conduzidos em uma área com sistema plantio direto consolidado, cultivada anteriormente com trigo, e a análise de solo antes da semeadura da safra 2019/2020 apontou pH em água do solo 5,21, 51,6% de saturação por bases, 3,7% de matéria orgânica, 68% de argila, 49,4 mg dm<sup>-3</sup> de P-Mehlich e 218,5 mg dm<sup>-3</sup>. No período anterior a implantação do experimento com a geração  $F_3$  foi utilizado o cultivo de aveia preta com cobertura de solo. Antes da realização da semeadura foi realizado o controle de ervas daninhas com aplicação de glifosato nas duas safras. A adubação dos experimentos foi realizada com base na análise de solo e a recomendação para a cultura da soja conforme o Manual de calagem e adubação para os Estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina (CQFS-RS/SC, 2016). O tratamento de sementes foi realizado com Metalaxil-M + Fludioxonil + Tiametoxam. O preparo para a semeadura consistiu na distribuição do fertilizante com semeadora tratorizada, com posterior abertura dos sulcos para distribuição manual das sementes. Foi realizada a inoculação com bactérias fixadoras de nitrogênio, na forma líquida, aplicada sobre as sementes depositadas no sulco de semeadura e finalizada a semeadura com a cobertura das sementes com solo. A semeadura dos experimentos nas gerações  $F_2$  e  $F_3$  foram realizadas em 20 de novembro de 2019 e 12 de novembro de 2020, respectivamente. Os tratamentos culturais e manejo de pragas, doenças e plantas daninhas foram realizados conforme recomendações técnicas para a cultura da soja (SEDIYAMA et al., 2015; CARAFFA et al., 2018). O controle de plantas daninhas foi realizado com uma aplicação em pós emergência com herbicida seletivo Haloxifop-P-Metílico e controle mecânico. O controle de insetos e ácaros foi realizado quando as pragas atingiram nível de controle, utilizando os princípios ativos Acefato, Tiametoxam + Lambda-Cialotrina, Lambda-Cialotrina e Abamectina. O controle

preventivo de doenças foi realizado com os princípios ativos Azoxistrobina + Ciproconazol e Bixafem + Protioconazol + Trifloxistrolina, com aplicações sequenciais a partir do florescimento da soja.

Na safra 2019/2020 foram avaliados 99 tratamentos, sendo 84 populações segregantes  $F_2$  e 15 genitores, em delineamento experimental blocos ao acaso com quatro repetições. A parcela foi constituída de uma linha com dois metros lineares e espaçadas em 0,45 metros. A semeadura foi realizada com 30 sementes por parcela. O estande final de plantas foi de 12 plantas por metro linear, o que corresponde a uma densidade de 266.667 plantas por hectare. A colheita foi realizada conforme a maturação fisiológica das plantas no período de 17 de março a 12 de abril de 2020.

Na safra 2020/2021 um experimento com 84 populações segregantes  $F_3$  e 15 genitores foi conduzido com delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições. A parcela foi constituída de uma linha com três metros lineares e espaçadas em 0,45 metros. A semeadura foi realizada com 60 sementes por parcela, e após a emergência foi realizado desbaste deixando 30 plantas por parcela. A irrigação foi utilizada uma vez, logo após a semeadura para uniformizar a emergência e estabelecimento das plantas. A densidade final foi de 222.222 plantas por hectare. A colheita foi realizada conforme a maturação fisiológica das plantas no período de 4 de março a 17 de abril de 2021.

### **3.3 Estratégias de melhoramento e condução de populações segregantes**

O objetivo da avaliação e seleção das populações segregantes é o desenvolvimento de futuras linhagens com alta produtividade de grãos, empregando avaliação e seleção nas gerações iniciais do programa de melhoramento, como por exemplo, em populações segregantes na geração  $F_3$ . A condução das gerações  $F_2$  e  $F_3$  no período de safra foi realizada com objetivo do estudo da viabilidade da prática de seleções em gerações iniciais para descarte de populações com potencial baixo de produtividade de grãos e seleção de plantas individuais dentro das melhores populações segregantes. Além disso, a condução e avaliação da geração  $F_2$  teve por objetivo estudar e viabilizar estratégias de avaliações e seleção de populações segregantes e plantas individuais que possibilite a aplicação do BLUPIS na geração  $F_3$ .

Uma população  $F_2$  de soja, derivada do cruzamento entre duas linhagens apresenta grande variação quanto a constituição genética de seus indivíduos e

apresenta alto grau de heterozigose. Assim, a realização de experimentos para avaliação de caracteres de herdabilidade moderada pode ser dificultada. Como as plantas avaliadas são distintas geneticamente, podem ocorrer variações das estimativas de produtividade de grãos entre as repetições. Assim, para entender a necessidade da informação utilizada na estimação estar correlacionada com as plantas a serem selecionadas foram utilizadas três estratégias da análise dos dados de produtividade de grãos baseadas em BLUPIS para a seleção de populações segregantes e plantas dentro das populações superiores.

As estratégias de seleção de populações  $F_2$  e plantas dentro das populações selecionadas foram comparadas através do valor genético aditivo das plantas selecionadas considerando a seleção das plantas com maior produtividade de grãos ( $\text{g planta}^{-1}$ ). Foi considerada que a seleção das plantas com maior produtividade de grãos também seria realizada pelo melhorista a campo. O experimento e avaliações realizados na geração  $F_2$  tiveram por objetivo o estudo da melhor estratégia para a estimação dos efeitos genotípicos e a prática de seleção a serem utilizados na avaliação e seleção na geração  $F_3$ . Assim, as informações obtidas na geração  $F_2$  foram utilizadas para definir a melhor estratégia a ser utilizada na condução da geração  $F_3$ . A melhor estratégia foi a divisão da parcela, sendo metade da área útil destinada a estimação do efeito genotípico e outra metade para a seleção de plantas. As sementes das plantas de cada população segregante  $F_2$  foram misturadas e uma amostra foi utilizada para a implantação do experimento na geração  $F_3$ .

### **3.4 Análises estatísticas**

O principal objetivo do estudo é o desenvolvimento de novas cultivares de soja com alto potencial produtivos, e a variável analisada nas gerações  $F_2$  e  $F_3$  foi a produtividade de grãos ( $\text{g parcela}^{-1}$ ).

#### *3.4.1 Populações segregantes $F_2$*

Com o objetivo de estudar estratégias para a seleção das populações segregantes promissoras e dentro destas a seleção dos indivíduos superiores em gerações iniciais do programa de melhoramento, foram obtidos dados de totais de parcela e dados de plantas individuais. Os dados foram submetidos a análises pela metodologia de modelos mistos REML/BLUP com uso do Software Selegen (RESENDE, 2016).

A aplicação do procedimento estatístico BLUPIS necessita da informação da produtividade de grãos da parcela para estimação do efeito genotípico para a posterior prática da seleção de plantas na parcela. Entretanto, em plantas anuais seria necessária a colheita e avaliação individual de plantas para posterior seleção destas mesmas plantas, porque a colheita das plantas da parcela de forma conjunta para a obtenção da estimação dos efeitos genotípicos impossibilita a posterior prática da seleção individual nestas mesmas plantas. Além do mais, a colheita e avaliação individual de plantas anuais como a soja é impraticável, porque em programas de melhoramento em grande escala o número de plantas a serem colhidas e avaliadas individualmente seria muito grande, gerando dispêndio de tempo, recursos financeiros e de recursos humanos.

A análise dos dados individuais de plantas de populações segregantes  $F_2$  possibilitou a definição da estratégia mais adequada para aplicação do BLUPIS nas gerações iniciais do programa de melhoramento por meio da investigação das três estratégias de análise dos dados, comparando a seleção de plantas do BLUPIS com BLUPI. Também foi possível investigar a possibilidade de descarte precoce das populações com pior desempenho produtivo e planejar as estratégias de melhoramento a serem adotadas nas próximas gerações.

O objetivo da avaliação individual em duas repetições foi verificar a possibilidade de realizar a seleção individual de plantas através do método BLUPIS, com a estimação dos efeitos genotípicos de cada população segregante com base em repetições distinta das repetições onde a posterior seleção individual de indivíduos seria realizada.

Foram testadas estratégias para contornar a dificuldade em avaliar plantas diferentes das plantas a serem selecionadas. Com base em informações das repetições, foram obtidos três arranjos de análises para estimação dos efeitos genotípicos e escolha da melhor estratégia para ser utilizada na geração  $F_3$ .

Das 4 repetições no experimento na geração  $F_2$ , nas repetições 1 e 2 as plantas foram colhidas e trilhadas de forma conjunta para obtenção da produtividade de grãos de cada parcela ( $g \text{ parcela}^{-1}$ ). Nas repetições 3 e 4, as plantas foram colhidas e trilhadas de forma individual, obtendo a produtividade de cada planta ( $g \text{ planta}^{-1}$ ) e o somatório da produção das plantas da parcela gerou a produtividade de grãos de cada parcela ( $g \text{ parcela}^{-1}$ ). As três estratégias de análises adotadas foram: a) análises baseadas nos dados da produtividade de grãos ( $g \text{ parcela}^{-1}$ ) das repetições 1 e 2 para

estimação dos efeitos genotípicos e seleção com dados de plantas individuais das repetições 3 e 4, são denominadas Estimação  $F_2$ ; b) análises baseadas nos dados da produtividade de grãos ( $\text{g parcela}^{-1}$ ) das repetições 3 e 4 para a estimação dos efeitos genotípicos e seleção com base nos dados de plantas individuais das repetições 3 e 4, são denominadas Seleção  $F_2$ ; c) e análises com dados da produtividade de grãos ( $\text{g parcela}^{-1}$ ) as 4 repetições e seleção de plantas com dados de plantas avaliadas de forma individual das repetições 3 e 4, são denominadas  $F_2$ .

A separação da coleta das informações foi realizada para avaliar estratégias para compreender a necessidade da inclusão da informação da parcela onde as plantas são selecionadas na estimação dos efeitos genotípicos. Assim, as estratégias de análises foram: a) estimar os efeitos genotípicos com base nos dados Estimação  $F_2$ , considerando repetições diferentes para a estimação dos efeitos genotípicos das populações e seleção individual de plantas; b) estimar os efeitos genotípicos com base nos dados Seleção  $F_2$ , quando as informações da mesma parcela foram utilizadas na estimação dos efeitos genotípicos das populações e seleção individual de plantas; c) estimar os efeitos genotípicos com base nos dados  $F_2$ , onde são consideradas informações de todas as repetições, de repetições diferentes e de mesmas repetições para a estimação dos efeitos genotípicos e seleção individual de plantas.

As três estratégias de seleção de populações segregantes e plantas dentro das populações segregantes selecionadas foram comparadas através do valor genético aditivo das plantas selecionadas considerando a seleção das plantas com maior produtividade de grãos ( $\text{g planta}^{-1}$ ). Foi considerada a seleção das plantas com maior produtividade de grãos para que na prática a campo desta estratégia o melhorista selecione as plantas mais produtivas dentro das populações segregantes selecionadas.

Os dados totais de produtividade de grãos por parcela ( $\text{g parcela}^{-1}$ ) das 4 repetições ( $F_2$ ), os dados de produtividade de grãos Estimação  $F_2$  e Seleção  $F_2$  foram submetidos a análise de modelos mistos REML/BLUP e aplicação do BLUPIS com base nas estimativas do efeito genotípico das populações segregantes  $F_2$  obtidas por cada uma das estratégias.

Os dados de plantas individuais foram utilizados para análise via metodologia modelos mistos e obtenção do efeito aditivo individual das plantas avaliadas (BLUPI), para a posterior simulação da seleção individual de plantas e dos ganhos genéticos de serem obtidos com a seleção conforme a aplicação do BLUPIS para as três

estratégias de análises com arranjo das repetições que foram estudadas ( $F_2$ , Estimacão  $F_2$  e Seleção  $F_2$ ), bem com comparar os resultados do ganho genético destas estratégias com o BLUP individual, que é o método ideal na seleção de plantas individuais.

#### BLUP individual (BLUPI)

O BLUP individual foi obtido para as plantas colhidas e avaliadas individualmente na geração  $F_2$  em duas repetições (Seleção  $F_2$ ). Para obtenção do efeito aditivo individual das plantas foram utilizados dois modelos no Software Selegen (RESENDE, 2016), o modelo 187 para obtenção da herdabilidade média dentro de populações ( $h_{ad\ pop}^2$ ) e o modelo 24 para obter o efeito aditivo de cada indivíduo.

O modelo 187 ajusta de forma simultânea um modelo para os dados dos cruzamentos e outro modelo para os dados dos genitores. O modelo para os dados dos cruzamentos é apresentado na Equação 1:

$$y = Xb + Zc + Wp + e \quad \text{Equação 1}$$

em que  $y$  é o vetor de dados,  $b$  é o efeito fixo da média geral dos cruzamentos em cada bloco (fixos),  $c$  é o vetor de efeitos dos cruzamentos (aleatórios)  $c \sim N(0, \sigma_c^2)$ ,  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios)  $p \sim N(0, \sigma_p^2)$  e  $e$  é o vetor de efeitos do erro (aleatórios)  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ .

Modelo para os dados dos genitores conforme a Equação 2:

$$y = Xu + Hg + Wp + e \quad \text{Equação 2}$$

em que  $y$  é o vetor de dados,  $u$  é o efeito fixo da média geral dos genitores em cada bloco (fixos),  $g$  é o vetor de efeitos genéticos aditivos dos genitores (aleatórios)  $g \sim N(0, A\sigma_g^2)$ ,  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios)  $p \sim N(0, \sigma_p^2)$  e  $e$  é o vetor de efeitos do erro (aleatórios)  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ .  $X$ ,  $Z$ ,  $W$  e  $H$  são as matrizes de incidências dos referidos efeitos (RESENDE, 2017).

O modelo 24 foi utilizado para a obtenção do efeito aditivo individual (BLUPI) e é dado pela Equação 3:

$$y = Xr + Zg + Wp + e \quad \text{Equação 3}$$

em que  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (fixos),  $g$  é o vetor de efeitos genotípicos de populações (aleatórios)  $g \sim N(0, A\sigma_g^2)$ ,  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios)  $p \sim N(0, \sigma_p^2)$  e  $e$  é o vetor de efeitos do erro (aleatórios)

$e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ . X, Z e W são as matrizes de incidências dos respectivos efeitos (RESENDE, 2007a; RESENDE, 2015).

Os ganhos genéticos foram estimados com base na média dos efeitos aditivos das plantas selecionadas. A nova média dos indivíduos selecionados foi obtida pela média dos valores genéticos dos indivíduos selecionados. Considerou-se a seleção de 638 indivíduos, que representa 15,73% das plantas avaliadas individualmente na geração F<sub>2</sub>.

#### BLUP individual simulado (BLUPIS)

As análises da produtividade de grãos (g parcela<sup>-1</sup>) das populações segregantes F<sub>2</sub> foram realizadas para as três estratégias (F<sub>2</sub>, Estimação F<sub>2</sub> e Seleção F<sub>2</sub>) com a metodologia de modelos mistos utilizando o software Selegen pelo Modelo 21 conforme Equação 4:

$$y = Xr + Zg + e \quad \text{Equação 4}$$

em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios)  $g \sim N(0, A\sigma_g^2)$ , e e é o vetor de erros (aleatórios)  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ . X e Z são as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007a).

Para cada estratégia (F<sub>2</sub>, Estimação F<sub>2</sub> e Seleção F<sub>2</sub>), foram obtidos os efeitos genotípicos para cada população para a aplicação do BLUPIS. Este procedimento permite a seleção dinâmica de indivíduos levando em consideração os efeitos genotípicos das populações. O número de indivíduos selecionados na melhor população (n<sub>j</sub>) é determinado inicialmente pelo melhorista, e o número de indivíduos a serem selecionados nas demais populações (n<sub>k</sub>) é obtido pela razão dos efeitos genotípicos de cada população ( $\hat{g}_k$ ) com o efeito da melhor população ( $\hat{g}_j$ ), multiplicado pelo número de indivíduos selecionados na melhor população (n<sub>j</sub>), conforme proposto por Resende e Barbosa (2006) conforme Equação 5:

$$n_k = \frac{\hat{g}_k}{\hat{g}_j} n_j \quad \text{Equação 5}$$

Resende e Barbosa (2006) recomendam adotar n<sub>j</sub> de no mínimo 20 para seleção de progênies em F<sub>3</sub>, para que o tamanho efetivo represente 98% de uma progênie F<sub>3</sub>. As estimativas dos efeitos aditivos de cada planta obtidos pelo BLUP individual foram utilizadas para obter o ganho genético do BLUPIS com a seleção das populações segregantes superiores e dentro destas a seleção dos indivíduos

superiores. Do total de 4057 plantas avaliadas individualmente, 638 plantas foram selecionadas em cada uma das estratégias estudadas ( $F_2$ , Estimaco  $F_2$  e Selecco  $F_2$ ). Os ganhos genéticos foram estimados com base na média dos efeitos aditivos das plantas selecionadas. O ganho genético em quilogramas por hectare foi obtido pela extrapolaço dos dados de gramas por planta considerando o estande final de plantas observado de 12 plantas por metro linear no experimento. A nova média dos indivíduos selecionados foi obtida pela média dos valores genéticos dos indivíduos selecionados.

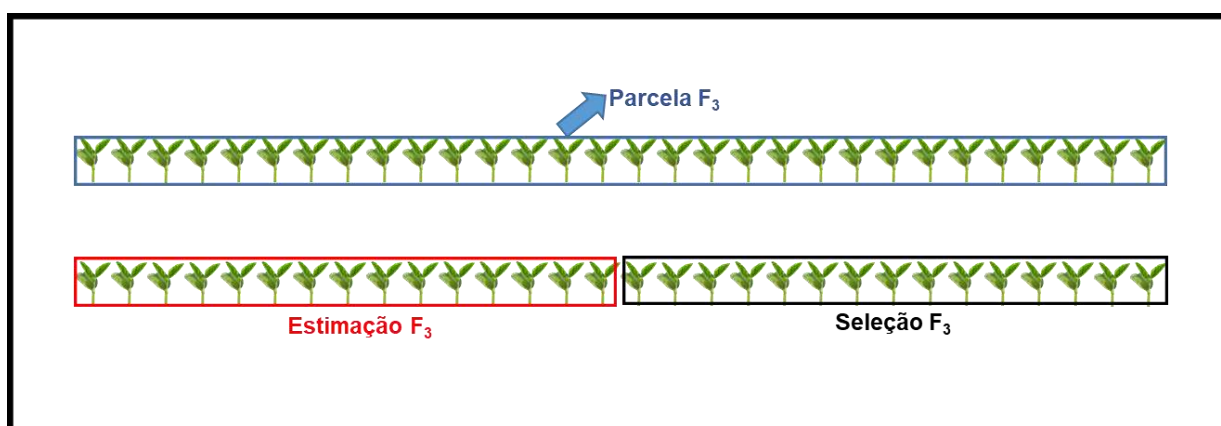
Ainda foram obtidas estimativas de correlaço de Pearson entre os efeitos genotípicos e correlaço de Spearman para o ranqueamento das populaçes segregantes para comparar as três estratégias do BLUPIS com o BLUPI, bem como a correlaço de Pearson para o número de indivíduos selecionados por populaço, utilizando o Software R (R Development Core Team, 2013).

#### *3.4.2 Populaçes segregantes $F_3$*

Como os resultados das análises da geraço  $F_2$  mostraram é importante incluir a informaço da parcela de selecco nos dados da estimaco dos efeitos genotípicos e a avaliaço individual de todas as plantas é inviável, foi adotada uma nova estratégia para permitir a estimaco dos efeitos genotípicos e a selecco com base em informaçes correlacionadas e oriundas das mesmas parcelas.

Sendo assim, as parcelas foram divididas ao meio, de forma que metade da área de cada parcela ( $0,675 \text{ m}^2$ ) foi destinada à obtenço da produtividade de gros ( $\text{g parcela}^{-1}$ ) para obter a estimaco do efeito genotípico das populaçes segregantes  $F_3$ , denominadas Estimaco  $F_3$  (Figura 1). Na outra metade da área da parcela ( $0,675 \text{ m}^2$ ), as plantas foram colhidas e armazenadas para posterior prática da selecco de plantas individuais dentro das melhores populaçes segregantes  $F_3$ , área esta denominada Selecco  $F_3$ . As áreas Estimaco  $F_3$  e Selecco  $F_3$  das parcelas foram identificadas através de etiquetas para permitir a correta separaço das plantas no momento da colheita.

Figura 1 - Esquema da estratégia de aplicação do BLUPIS adotada com divisão da área útil das parcelas.



A colheita foi realizada de forma escalonada conforme a maturação fisiológica das plantas no período de 1 de março a 18 de abril de 2020. As plantas da área demarcada como Estimação  $F_3$ , foram colhidas e debulhadas de forma conjunta para obter a produtividade de grãos ( $\text{g parcela}^{-1}$ ). Já as plantas da área da Seleção foram colhidas e armazenadas em sacos de ráfia identificados com o número de parcela até o momento da realização da seleção.

Após a obtenção dos dados de produtividade de grãos ( $\text{g parcela}^{-1}$ ) da área de Estimação  $F_3$  foram realizadas análises estatísticas via REML/BLUP e obtidos os efeitos genotípicos de população segregante. As análises foram realizadas com a metodologia de modelos mistos utilizando o modelo 21 do Software Selegen, conforme Equação 6:

$$y = Xr + Zg + e \quad \text{Equação 6}$$

em que  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios)  $g \sim N(0, A\sigma_g^2)$ , e  $e$  é o vetor de erros (aleatórios)  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ .  $X$  e  $Z$  são as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007a).

Os dados das populações segregantes  $F_3$  também foram analisados pelo modelo acima descrito considerando a informação total das parcelas ( $F_3$ ) bem com os dados da área Seleção  $F_3$  para obtenção dos efeitos e valores genotípicos e ranqueamento das populações segregantes.

Essas análises foram realizadas para comparar as informações dos efeitos genotípicos obtidos com base em parte da parcela (Estimação  $F_3$ ) com a informação total ( $F_3$ ) e verificar se a informação extraída de parte da parcela é capaz de

representar a informação de produtividade de grãos da parcela inteira, e a correlação entre as informações Seleção  $F_3$  e Seleção  $F_3$ , comparando as estimativas do efeito genotípico obtidas pelas análises.

Assim foi possível realizar a seleção individual de plantas com base na informação das próprias parcelas, considerando que a informação da metade da parcela (Estimação  $F_3$ ) represente e tenha alta correlação com a informação total da parcela  $F_3$ . Este procedimento foi necessário para a aplicação do BLUPIS.

Foi obtido o efeito genotípico das populações para os três conjuntos de informações: Estimação  $F_3$ , Seleção  $F_3$  e  $F_3$  e a aplicação do BLUPIS para os dados Estimação  $F_3$ . O BLUPIS permite a seleção dinâmica de indivíduos levando em consideração os efeitos genotípicos das populações. O número de indivíduos selecionados na melhor população ( $n_j=46$ ) foi determinado pelo número de plantas colhidas na área Seleção  $F_3$  da melhor população, considerando que todos os indivíduos da melhor populações foram selecionados, e o número de indivíduos a serem selecionados nas demais populações ( $n_k$ ) foi obtido pela razão dos efeitos genotípicos de cada população ( $\hat{g}_k$ ) com o efeito da melhor população (TMG7063/28-1) ( $\hat{g}_j$ ), multiplicado pelo número de indivíduos selecionados na melhor população ( $n_j=46$ ), conforme proposto por Resende e Barbosa (2006) conforme Equação 5.

Populações com efeito genotípico negativo foram descartadas. Para as populações segregantes  $F_3$  com efeito positivo foi estimado o número de plantas a serem selecionadas conforme proposto pelo BLUPIS. O número de plantas selecionadas em cada repetição foi igual a  $n_k/3$ .

A seleção visual das plantas foi realizada de forma a escolher indivíduos de maior produtividade de grãos e com características agrônômicas desejáveis, como maior número de ramos, maior número de legumes, menor número de falhas nos legumes e altura da inserção do primeiro legume adequada.

Após a realização da seleção das plantas, as plantas remanescentes (Seleção  $F_3$ ), não selecionadas foram trilhadas de forma conjunta para cada parcela a fim de obter o total de produtividade de grãos por parcela. Nas parcelas com plantas selecionadas foi adicionado a produtividade das plantas selecionadas e assim obtida a produtividade de grãos total para a área Seleção  $F_3$ .

Na geração  $F_3$  o total de indivíduos foi determinado em função do número de plantas candidatas a seleção na melhor população segregante, que possui 46 plantas ( $n_j = 46$ ), assim foi selecionado um total de 571 plantas  $F_3$ , que irão constituir as

progênies  $F_{3.4}$  para dar segmento ao programa de melhoramento para desenvolvimento de novas linhagens. O ganho genético estimado com a seleção das melhores plantas dentro das populações  $F_3$  superiores foi estimado com base na média dos indivíduos selecionados e na herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo. Ainda foram obtidas estimativas de correlação de Pearson e Spearman para comparar os resultados obtidos com as das populações segregantes  $F_3$  considerando as estimativas dos efeitos genéticos obtidos com dados de Estimação  $F_3$ , Seleção  $F_3$  e  $F_3$ , bem como comparar esses resultados com os resultados obtidos na geração  $F_2$ , para verificar a possibilidade de realizar seleção na geração  $F_2$  para descartar as piores populações. Foi utilizado o Software R (2013) com auxílio do pacote “agricolae” (DE MENDIBURU, 2020). O Índice Kappa de confiabilidade de Cohen (1960) foi obtido utilizando o Software R (2013) com auxílio do pacote “irr” (GAMER et al., 2012) para comparação da concordância entre as populações selecionadas considerando as informações dos dados de Estimação  $F_3$ , Seleção  $F_3$  e  $F_3$  e da geração  $F_2$ . A interpretação para o índice Kappa adotada foi de Landis e Koch (1977). Também foi obtido o percentual de coincidência da seleção ou descarte das populações segregantes  $F_3$ .

#### **4. Resultados e Discussão**

Os efeitos de populações, parcelas e genitores foram significativos ( $p < 0,01$ ) pelo teste da razão de verossimilhança (TRV) pela análise de deviance para a produtividade de grãos das populações segregantes  $F_2$  com base em dados de plantas individuais para obtenção do BLUP individual (Tabela 3). Para a produtividade de grãos ( $g\text{ parcela}^{-1}$ ) as análises de deviance para as três estratégias de aplicação do BLUPIS foram significativas, ( $p < 0,01$ ) para Estimação  $F_2$  e  $F_2$ , e ( $p < 0,05$ ) para Seleção  $F_2$ . Esses resultados mostram a existência de variabilidade genética entre as populações segregantes  $F_2$  em estudo e permite a prática da seleção entre e dentro dessas populações com possibilidades de ganho genético.

Tabela 3 - Análise de deviance e estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos para a produtividade de grãos por parcela (g parcela<sup>-1</sup>) para 84 populações segregantes F<sub>2</sub> de soja conduzidas em Derrubadas-RS, safra 2019/2020.

ANADEV	Estimação F <sub>2</sub>	Seleção F <sub>2</sub>	F <sub>2</sub>
Populações	9,43**	6,06*	51,89**
<b>Parâmetros</b>			
$\sigma_g^2$	1079,78	1111,40	1358,90
$\sigma_e^2$	2485,74	3426,16	2692,69
$\sigma_f^2$	3565,52	4537,56	4051,59
$h_g^2$	0,30	0,25	0,33
$h_{mpop}^2$	0,46	0,39	0,67
$Ac_{pop}$	0,68	0,63	0,82
CVgi%	10,62	9,94	11,43
CVe%	16,11	17,46	16,10
PEV	577,80	674,08	450,17
SEP	24,04	25,96	21,22
Média geral (g parcela <sup>-1</sup> )	309,45	335,27	322,36
Média geral (g planta <sup>-1</sup> )	12,89	13,97	13,43

\*\* p < 0,01 a 1 GL pelo teste de  $\chi^2$  (1% = 6,63, 5% = 3,84 e 10% = 2,71%), via teste de TRV (Teste da Razão de Verossimilhança) dos efeitos aleatórios;  $\sigma_g^2$ : variância genotípica;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_f^2$ : variância fenotípica individual;  $h_g^2$ : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais;  $h_{mpop}^2$ : herdabilidade da média de população, assumindo ausência de perda de parcelas;  $Ac_{pop}$ : acurácia da seleção de populações, assumindo ausência de perda de parcelas; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação residual; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcelas; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo ausência de perda de parcelas; Média geral do experimento.

As estimativas de correlação entre as repetições do experimento da geração F<sub>2</sub> variaram de 0,05 a 0,33 com média de 0,17. Parte da correlação de baixa magnitude pode ser explicada pela variação causada pela segregação genética dentro de cada população segregante F<sub>2</sub>, onde os indivíduos de cada população apresentam a segregação máxima na geração F<sub>2</sub>, refletindo em diferença de produtividade de grãos entre as plantas. Além disso, a amostra reduzida de cada população utilizada em cada repetição pode gerar erros de amostragem, que poderiam ser refletidos na produtividade de grãos diferenciada em cada repetição. Nestes casos, pode ser adotado um tamanho de parcela maior, por exemplo, com 200 plantas, gerando assim uma amostra mais representativa de cada população. Entretanto, quando se deseja avaliar um grande número de populações segregantes o uso de parcelas com muitas plantas pode gerar problemas devido ao aumento da área dos blocos e causar

desuniformidades e exigir a utilização de delineamentos experimentais como látice ou blocos aumentados.

Por consequência a estratégia de aplicação do BLUPIS com repetições diferentes para estimar os efeitos genotípicos e selecionar plantas não apresentou resultados satisfatórios (Tabelas 4 e 5). A estratégia Seleção F<sub>2</sub> apresentou o maior ganho genético comparado ao BLUPI, essas duas análises consideraram as mesmas repetições. Bezerra (2017) também encontrou concordância entre o BLUPI e BLUPIS para a produtividade de grãos. Além disso, Seleção F<sub>2</sub> apresentou o maior número de plantas selecionadas que coincidiram com as plantas selecionadas pelo BLUPI. Os efeitos genotípicos e o ranqueamento das populações obtidos para o BLUPI e a estratégia do BLUPIS Seleção F<sub>2</sub> apresentam correlação forte evidenciando que a seleção das populações superiores quando praticada pelo BLUPIS representa a seleção de populações do BLUP individual.

Tabela 4 - Estimativas de ganho genético (g planta<sup>-1</sup>), ganho genético por hectare (kg ha<sup>-1</sup>), nova média (g planta<sup>-1</sup>) e número de plantas selecionadas coincidentes com o BLUPI em 84 populações F<sub>2</sub> de soja conduzidas em Derrubadas-RS, safra 2019/2020.

Estratégia	Ganho	Ganho kg ha <sup>-1</sup>	Nova Média	Coincidência
BLUPI	2,013	536,80	16,334	638
BLUPIS Estimação F <sub>2</sub>	1,114	297,07	15,436	264
BLUPIS Seleção F <sub>2</sub>	1,615	430,67	15,936	412
BLUPIS F <sub>2</sub>	1,505	401,33	15,826	377

Tabela 5 - Estimativas de correlação de Pearson entre os efeitos genotípicos e correlação de Spearman para o ranqueamento das populações e correlação de Pearson entre o número de indivíduos selecionados em cada população avaliadas em 84 populações segregantes F<sub>2</sub> de soja utilizando estratégias de seleção de populações e indivíduos dentro das populações superiores baseadas em BLUPIS e comparadas com a seleção do BLUP individual.

Estratégias	Pearson	Spearman	Pearson
BLUPI x BLUPIS Estimação F <sub>2</sub>	0,41**	0,34**	0,21*
BLUPI x BLUPIS Seleção F <sub>2</sub>	0,72**	0,72**	0,66**
BLUPI x BLUPIS F <sub>2</sub>	0,68**	0,69**	0,53**
BLUPIS Estimação F <sub>2</sub> x BLUPIS Seleção F <sub>2</sub>	0,37**	0,30**	0,36**
BLUPIS Estimação F <sub>2</sub> x BLUPIS F <sub>2</sub>	0,82**	0,72**	0,82**
BLUPIS Seleção F <sub>2</sub> x BLUPIS F <sub>2</sub>	0,84**	0,85**	0,79**

A estratégia Seleção F<sub>2</sub> foi superior mesmo utilizando informações de menor número de repetições, evidenciando que a informação que deve ser levada em consideração na estimação dos efeitos genotípicos deve estar relacionada com as

plantas onde será realizada a seleção. Os resultados obtidos mostram que a informação das plantas candidatas a seleção é imprescindível na estimação do efeito genotípico para aplicação do BLUPIS. Desta forma, o BLUPIS é uma ferramenta eficiente a ser utilizada nas fases iniciais do programa de melhoramento tendo como vantagem a dispensa da avaliação individual de plantas, a seleção de plantas mais promissoras e a economia de recursos no programa de melhoramento.

Com base nos resultados obtidos na geração  $F_2$  um novo experimento foi conduzido considerando as condições necessárias para a aplicação do BLUPIS, onde a informação para a estimação dos efeitos genotípicos foi extraída da metade da área útil das parcelas, correspondendo a cerca de 15 plantas, e a outra metade da área foi destinada a seleção das plantas superiores baseada no BLUPIS, também com aproximadamente 15 plantas. Para demonstração que o procedimento utilizado é viável e eficiente foram comparados os resultados da seleção praticada com base na Estimação  $F_3$  com a informação total da parcela  $F_3$  e com a informação complementar da parcela Seleção  $F_3$ .

A variável produtividade de grãos foi significativa ( $p < 0,01$ ) pelo teste da razão de verossimilhança com um grau de liberdade pelo teste Qui-Quadrado pela análise de deviance nas três estratégias de análises realizadas com os dados das populações segregantes  $F_3$  (Tabela 6).

Tabela 6 - Análise de deviance e estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos para a produtividade de grãos por parcela ( $g \text{ parcela}^{-1}$ ) para 84 populações segregantes  $F_3$  de soja conduzidas em Derrubadas-RS, safra 2020/2021.

ANADEV	Estimação $F_3$	Seleção $F_3$	$F_3$
Populações	13,47**	10,40**	17,14**
<b>Parâmetros</b>			
$\sigma_g^2$	551,56	593,27	2246,04
$\sigma_e^2$	1706,94	2179,64	5891,00
$\sigma_f^2$	2258,50	2772,91	8137,04
$h_g^2$	0,24 +- 0,09	0,21 +- 0,08	0,28 +- 0,09
$h_{mpop}^2$	0,49	0,45	0,53
$AC_{pop}$	0,70	0,67	0,73
CV $_{gi}$ %	8,63	8,71	8,59
CV $_e$ %	15,19	16,69	13,91
PEV	280,07	326,59	1047,69
SEP	16,74	18,07	32,37
Média geral ( $g \text{ parcela}^{-1}$ )	272,07	279,75	551,82
Média geral ( $g \text{ planta}^{-1}$ )	18,14	18,65	18,39

\*\*  $p < 0,01$  a 1 GL pelo teste de  $\chi^2$  (1% = 6,63, 5% = 3,84 e 10% = 2,71%), via teste de TRV (Teste da Razão de Verossimilhança) dos efeitos aleatórios;  $\sigma_g^2$ : variância genotípica;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_f^2$ : variância fenotípica individual;  $h_g^2$ : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais;  $h_{mpop}^2$ : herdabilidade da média de população, assumindo ausência de perda de parcelas;  $A_{cpop}$ : acurácia da seleção de populações, assumindo ausência de perda de parcelas;  $CV_{gi}\%$ : coeficiente de variação genotípica;  $CV_e\%$ : coeficiente de variação residual; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcelas; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo ausência de perda de parcelas; Média geral do experimento.

Assim, é possível a obtenção de ganhos genéticos com a seleção devido a presença de variabilidade genética entre as populações  $F_3$  em estudo. A herdabilidade média de populações apresentou estimativas moderadas nas análises Estimação  $F_3$  e Seleção  $F_3$ , e alta para  $F_3$ . Estimativas de moderada a baixa herdabilidade são esperadas para caracteres quantitativos como a produção de grãos (SILVA et al., 2017; MATSUO et al., 2020). Experimentos em gerações iniciais dos programas de melhoramento podem apresentar elevada taxa de erros experimentais, tendo em vista o grande número de genótipos avaliados e reduzido número de repetições, que contribui para estimativas de baixa magnitude para a herdabilidade (TOLEDO et al., 2000; DUARTE e VENCOSKY, 2001; LIMA et al., 2012; ROCHA et al., 2015; VOLPATO et al., 2018). A estimativa de acurácia foi alta para Estimação  $F_3$ , nessas condições é recomendada a prática de seleção entre as populações (RESENDE, 2007; RESENDE, 2015; RESENDE e ALVES, 2020). O coeficiente de variação experimental apresentou estimativas médias para a produtividade de grãos avaliada em culturas de grãos anuais conforme classificação de Gomes (1990).

Os parâmetros genéticos obtidos com dados da Estimação  $F_3$  e Seleção  $F_3$  foram semelhantes, mostrando que os dados de produtividade de grãos das duas metades das parcelas são correlacionados, e apresentam estimativa de correlação moderada de 0,65. Enquanto que a correlação entre as repetições foi muito fraca, com média de 0,25 e 0,22 para dados Estimação  $F_3$  e Seleção  $F_3$ , respectivamente. Na comparação informações vindas de parcelas diferentes para uma mesma população segregante são constatadas variações causadas pela constituição genética dos próprios indivíduos e variações ambientais entre e dentro de parcelas. Já na comparação entre informações entre populações segregantes vindas da mesma parcela as variações que ocorrem são apenas da constituição genética entre os indivíduos e ambiental dentro da parcela. Dessa forma é possível verificar que a

divisão das parcelas é plausível que o uso de repetições diferentes pada a adaptação do BLUPIS. Portanto, a fonte de extração das estimativas do efeito genético tem maior relação com as plantas candidatas a seleção na estratégia adotada na geração  $F_3$ . Assim, mesmo não considerando de forma direta a produtividade de grãos das plantas reservadas a seleção posterior, a informação dos dados do restante da parcela (Estimação  $F_3$ ) se mostrou eficiente em identificar as populações superiores. A concordância na seleção entre Estimação  $F_3$  e Seleção  $F_3$  ocorreu para 69 das 84 populações, e apenas uma entre as populações superiores da Seleção  $F_3$  não foi selecionada pela Estimação  $F_3$  e seis populações selecionadas apresentaram efeito genotípico negativo em Seleção  $F_3$  (Tabela 7 e Gráfico 1). Entre as 15 piores populações ranqueadas por Seleção  $F_3$ , nenhuma está entre as selecionadas por Estimação  $F_3$ . O índice Kappa de confiabilidade mostra uma forte concordância na seleção das populações e a forte correlação entre os efeitos genotípicos e o ranqueamento das populações segregantes  $F_3$  corrobora para a explicar a existência de correlação entre os dados Estimação  $F_3$  e Seleção  $F_3$ . Considerando que dentro da parcela a constituição genética entre as plantas é variável ainda podemos considerar que a estratégia desenvolvida permite a seleção de populações superiores e descarte das populações inferiores, com um risco baixo de perda de genótipos superiores, levando em conta que a grande vantagem é a seleção de plantas individuais com maior probabilidade de gerar linhagens superiores sem a necessidade de avaliação individual das plantas.

Gráfico 1 - Estimativas do efeito genotípico ( $\hat{g}_k$ ) para a produtividade de grãos (g parcela<sup>-1</sup>) de 84 populações segregantes de soja avaliadas nas gerações F<sub>2</sub> e F<sub>3</sub> conduzidas em Derrubadas-RS, nas safras 2019/20 e 2020/2021.

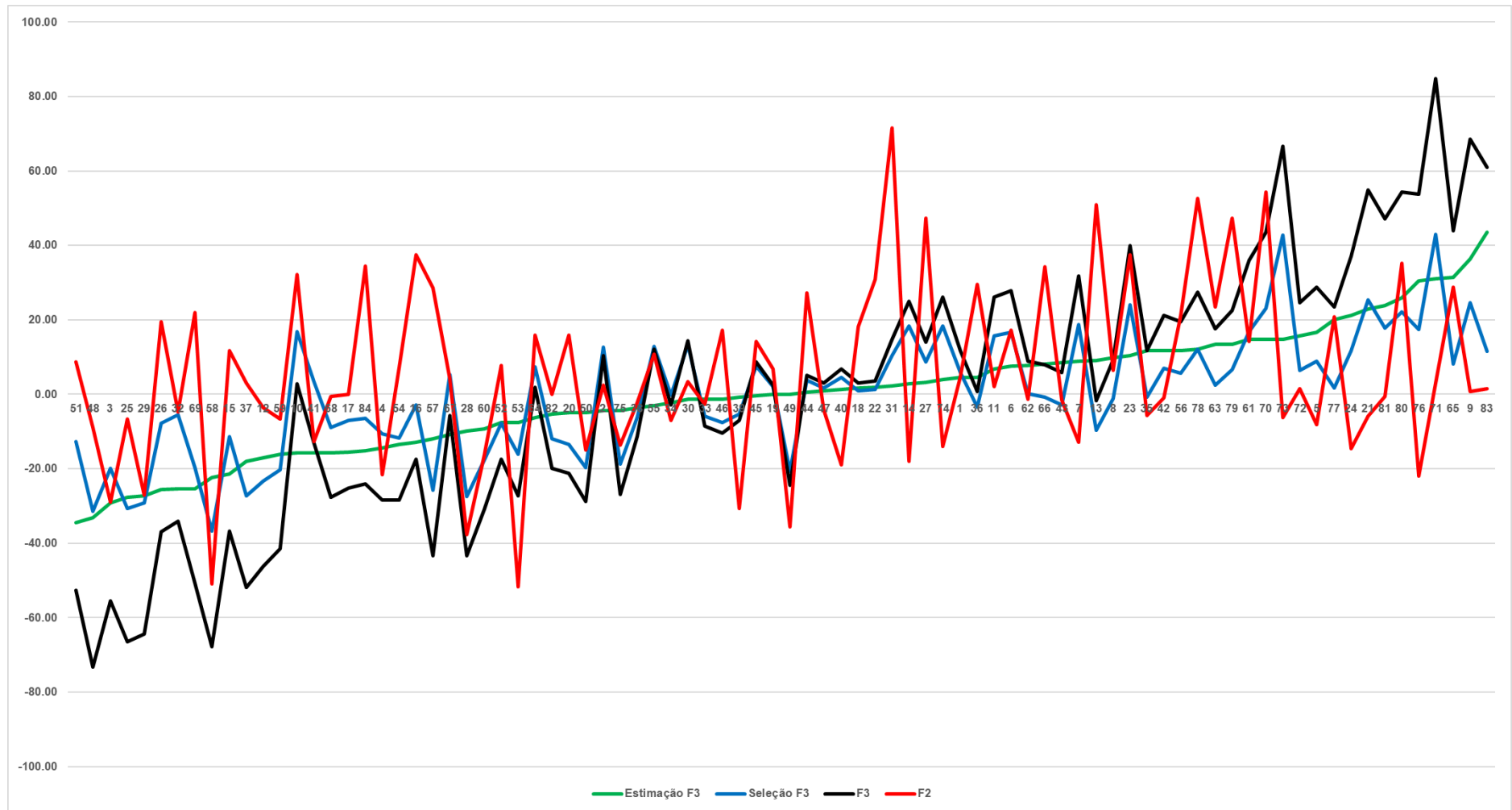


Tabela 7 - Estimativas de correlação de Pearson entre os efeitos genotípicos e correlação de Spearman para o ranqueamento das populações e índice de confiabilidade de Kappa para a seleção em 84 populações segregantes  $F_3$  de soja para utilização do BLUPIS para a seleção de populações e indivíduos dentro das populações superiores.

Análises	Pearson	Spearman	Coincidência	%	Kappa
$F_2 \times F_3$	0,29**	0,25*	53	63,10	0,25*
$F_2 \times$ Estimaco $F_3$	0,21 <sup>ns</sup>	0,21 <sup>ns</sup>	47	55,95	0,12 <sup>ns</sup>
$F_2 \times$ Seleo $F_3$	0,32**	0,27*	52	61,90	0,23*
$F_3 \times$ Estimaco $F_3$	0,92**	0,93**	76	90,48	0,81**
$F_3 \times$ Seleo $F_3$	0,94**	0,93**	77	91,67	0,83**
Estimaco $F_3 \times$ Seleo $F_3$	0,73**	0,75**	69	82,14	0,64**

Diferenas entre o nmero de populaes a serem selecionadas, ou seja, com efeito genotpico positivo foram constatadas entre as diferentes anlises de seleo, essas diferenas ocorrem devido  oscilao do nmero de populaes com estimativas positivas e negativas pois a soma dos efeitos genotpicos  nula. Assim, ocorrem pequenas diferenas entre o nmero de populaes a serem selecionadas.

Foi observada uma correlao muito forte entre os dados Estimaco  $F_3$  e  $F_3$  (0,90) e entre os dados  $F_3$  e Seleo  $F_3$  (0,92), o que mostra a relao entre o total da parcela com as duas metades. Das 15 populaes superiores ranqueadas por  $F_3$ , 13 tambm esto entre as 15 populaes superiores ranqueadas pela seleo Estimaco  $F_3$ . Das populaes selecionadas, Estimaco  $F_3$ , apenas uma apresentou efeito genotpico negativo na anlise com dados totais  $F_3$ . Ademais, 13 das piores populaes ranqueadas por  $F_3$  tambm esto entre as 15 piores populaes com base na anlise dos dados Estimaco  $F_3$ . A concordncia entre as populaes selecionadas foi quase perfeita conforme o ndice Kappa e a correlao muito forte entre os efeitos genotpicos e o ranqueamento das populaes para a Estimaco  $F_3$  e  $F_3$ . Com base nesses resultados, podemos afirmar que  vivel a adoo da estratgia de diviso das parcelas para estimaco e seleo bem como que o tamanho da parcela adotado permite o emprego do BLUPIS no melhoramento da soja nas geraes iniciais. A diviso das parcelas apresenta vantagem de permitir a seleo de populaes promissoras e dentro destas a seleo dos melhores indivduos na mesma gerao e com um nico experimento. Ainda apresenta vantagem de basear a seleo em informaes estatsticas mais acuradas e permite a seleo de plantas mais promissoras para a produtividade de gros j nas geraes iniciais como a  $F_3$ .

A comparação entre Seleção  $F_3$  e  $F_3$  apresentam resultados semelhantes com a comparação entre Estimção  $F_3$  e  $F_3$ . Onde a correlação entre efeitos genotípicos é muito forte, a coincidência da seleção das famílias é elevada e o índice Kappa mostra que a confiabilidade das seleções é quase perfeita.

As três análises realizadas com os dados da geração  $F_3$  apresentam discordâncias com dados da geração  $F_2$  quanto ao ranqueamento das populações. Duas das piores populações ranqueadas na geração  $F_2$  aparecem entre as populações superiores na geração  $F_3$  (Populações 76 e 24) e outras três aparecem ainda entre as selecionadas em  $F_3$  (Populações 74, 14 e 40), evidenciando que teriam sido descartadas populações de maneira errônea caso a seleção tivesse sido praticada na geração  $F_2$ . Foram fracas e muito baixas as estimativas de correlações entre os efeitos genotípicos das populações na geração  $F_2$  com as análises da geração  $F_3$ . Além disso, a coincidência de seleção e o índice Kappa mostram valores baixos. Esses resultados podem ser explicados em parte pela interação que ocorre entre as populações e as safras, além da queda do efeito da heterose, principalmente nas gerações iniciais como as em estudo.

A alteração de ranking da geração  $F_2$  para a geração  $F_3$  também pode ser explicada pela presença de loci em heterozigose, influência ambiental com a ocorrência da interação genótipos x ambiente e da moderada herdabilidade da produtividade de grãos. A medida que as gerações são avançadas a taxa de heterozigotos cai, aumenta a fixação dos alelos com efeito aditivo que são os principais responsáveis pelo controle da produtividade de grãos. Assim a prática de seleção para a produtividade de grãos é recomendada para gerações mais avançadas com aplicação de menor intensidade de seleção nas gerações iniciais como a geração  $F_3$  quando 75% da variância genética aditiva está disponível (ALLARD, 1971; RESENDE, 2007b; RAMALHO et al., 2012; RESENDE, 2015).

A estimativa de ganho com a seleção das populações foi de 13,24 g parcela<sup>-1</sup>, ou seja, ganho de 0,88 g planta<sup>-1</sup> ou extrapolado para 196 kg ha<sup>-1</sup> o que corresponde a 4,87% (Tabela 8). Os ganhos genéticos estimados na seleção de plantas dentro das populações superiores foram de 1,56 g planta<sup>-1</sup> e ganho genético em percentual de 8,63%, considerando a herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo. Estudos sobre o progresso genético mostram ganhos médios na ordem de 1 a 2 % ao ano. O progresso genético na cultura da soja no estado do Rio Grande do Sul estimado por Lange e Federizzi (2009) foi na ordem de zero até 3,49% ao ano,

correspondendo de zero até 71,5 kg ha<sup>-1</sup>. Rubin e Santos (1996) obtiveram estimativas de ganho médio de 19 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>, ou 1,1% ao ano. Toledo et al (1990) mostram ganhos genéticos de 1,3 e 1,8 para genótipos de soja o estado do Paraná com maturação semi-precoce e precoce, respectivamente. O uso do BLUPIS permitiu prever ganhos genéticos consideráveis com a seleção na geração F<sub>3</sub>. Levando em conta que a intensidade de seleção recomendada para as gerações iniciais é moderada e que a base genética da soja atualmente explorada é estreita (SEDIYAMA, 2015), os fatores do progresso genético que foram mais impactados com a aplicação do BLUPIS foi o aumento da acurácia na predição dos valores genéticos e o potencial de redução do tempo para desenvolvimento de linhagens que esta ferramenta estatística possui.

Tabela 8 - Populações segregantes e plantas dentro das populações superiores selecionadas pelo BLUPIS.

Ordem	Genótipo	Pop <sup>a</sup>	$\hat{g}_k$ <sup>b</sup>	$\mu + \hat{g}_k$ <sup>c</sup>	Ganho <sup>d</sup>	Nova Média <sup>e</sup>	$n_k$ <sup>f</sup>	$n_{k1}$ <sup>g</sup>	$n_{k2}$ <sup>h</sup>	$n_{k3}$ <sup>i</sup>	Média <sup>j</sup>
1	TMG_7063/28-1	83	43,61	315,68	43,61	315,68	46	16	15	15	19,91
2	BMX_Compacta/16-8	9	36,39	308,46	40,00	312,07	38	14	12	12	23,05
3	TMG_7061/16-11	65	31,47	303,54	37,15	309,23	33	11	11	11	19,09
4	TMG_7062/16-4	71	31,14	303,21	35,65	307,72	33	11	11	11	24,91
5	TMG_7062/28-1	76	30,48	302,55	34,62	306,69	32	11	10	11	23,13
6	TMG_7063/16-11	80	25,89	297,96	33,16	305,23	27	9	9	9	22,59
7	TMG_7063/25-1	81	23,92	295,99	31,84	303,91	25	8	9	8	24,88
8	BMX_Lança/16-4	21	22,93	295,01	30,73	302,80	24	8	8	8	26,42
9	BMX_Lança/25-1	24	21,29	293,37	29,68	301,75	22	7	7	8	23,09
10	TMG_7062/28-2	77	19,98	292,05	28,71	300,78	21	7	7	7	24,48
11	BMX_Compacta/TMG_7061	5	16,70	288,77	27,62	299,69	18	6	6	6	22,56
12	TMG_7062/16-8	72	15,72	287,79	26,63	298,70	17	6	5	6	24,12
13	TMG_7061/TMG_7062	61	14,73	286,80	25,71	297,78	16	5	5	6	28,13
14	TMG_7062/TMG_7063	70	14,73	286,80	24,93	297,00	16	5	6	5	27,88
15	TMG_7062/16-11	73	14,73	286,80	24,25	296,32	16	5	6	5	29,00
16	TMG_7061/16-4	63	13,42	285,49	23,57	295,64	14	4	5	5	22,14
17	TMG_7063/16-8	79	13,42	285,49	22,97	295,04	14	4	5	5	24,43
18	TMG_7063/16-4	78	12,11	284,18	22,37	294,44	13	4	4	5	26,00
19	BMX_Zeus/16-11	35	11,78	283,85	21,81	293,88	12	4	4	4	25,50
20	M6410/TMG_7062	42	11,78	283,85	21,31	293,38	12	4	4	4	24,50
21	NS_6909/16-11	56	11,78	283,85	20,86	292,93	12	4	4	4	26,17
22	BMX_Lança/16-11	23	10,47	282,54	20,38	292,46	11	3	4	4	25,45

23	BMX_Compacta/16-4	8	9,81	281,88	19,92	292,00	10	3	3	4	23,60
24	BMX_Compacta/28-1	13	9,15	281,22	19,48	291,55	10	3	3	4	26,00
25	BMX_Compacta/TMG_7063	7	8,82	280,90	19,05	291,12	9	3	3	3	26,67
26	M6410/TMG_7063	43	8,50	280,57	18,64	290,72	9	3	3	3	24,89
27	TMG_7061/25-1	66	8,17	280,24	18,26	290,33	9	3	3	3	26,44
28	TMG_7061/TMG_7063	62	7,84	279,91	17,88	289,96	8	2	3	3	26,50
29	BMX_Compacta/TMG_7062	6	7,51	279,58	17,53	289,60	8	2	3	3	30,25
30	BMX_Compacta/25-1	11	6,86	278,93	17,17	289,24	7	3	2	2	28,57
31	BMX_Compacta/BMX_Lança	1	4,56	276,63	16,76	288,84	5	2	2	1	30,00
32	BMX_Zeus/25-1	36	4,56	276,63	16,38	288,45	5	1	2	2	26,40
33	TMG_7062/25-1	74	3,90	275,97	16,00	288,08	4	1	1	2	39,00
34	BMX_Lança/28-2	27	3,25	275,32	15,63	287,70	3	1	1	1	32,67
35	BMX_Compacta/28-2	14	2,92	274,99	15,27	287,34	3	1	1	1	31,33
36	BMX_Zeus/TMG_7062	31	2,26	274,33	14,90	286,98	2	0	1	1	30,00
37	BMX_Lança/16-8	22	1,93	274,01	14,55	286,63	2	1	0	1	42,00
38	BMX_Lança/TMG_7061	18	1,61	273,68	14,21	286,28	2	1	0	1	33,00
39	M6410/NS_6909	40	1,28	273,35	13,88	285,95	1	0	0	1	34,00
40	M6410/25-1	47	0,95	273,02	13,56	285,63	1	0	1	0	88,00
41	M6410/16-4	44	0,62	272,69	13,24	285,31	1	0	0	1	34,00
24,66 <sup>k</sup>											

<sup>a</sup> População segregante; <sup>b</sup> efeito genotípico; <sup>c</sup> média geral mais efeito genotípico; <sup>d</sup> ganho com a seleção de populações segregantes (g parcela<sup>-1</sup>); <sup>e</sup> nova média das populações segregantes selecionadas (g parcela<sup>-1</sup>); <sup>f</sup> número de plantas a serem selecionadas na k-ésima população; <sup>g</sup> número de plantas a serem selecionadas na repetição 1 da k-ésima população; <sup>h</sup> número de plantas a serem selecionadas na repetição 2 da k-ésima população; <sup>i</sup> número de plantas a serem selecionadas na repetição 3 da k-ésima população; <sup>j</sup> Média das plantas selecionadas em cada população segregante (g planta<sup>-1</sup>); <sup>k</sup> média das plantas selecionadas (g planta<sup>-1</sup>).

O BLUPIS aplicado em plantas anuais autógamas como a soja se mostrou uma ferramenta apropriada quando aplicado com a adaptação da divisão da parcela, sendo possível a obtenção de ganhos genéticos na seleção entre e dentro de populações, trazendo vantagens. Diante do exposto, podemos afirmar que o BLUPIS é uma ferramenta estatística acurada e quando aliado a intensidade moderada de seleção na geração  $F_3$  gera vantagens para o programa de melhoramento como a redução de populações a serem conduzidas nas gerações posteriores, aumento da probabilidade de gerar linhagens superiores no genótipo selecionado, redução no custo e espaço demandado para o avanço de gerações, além de permitir a adoção de estratégias de melhoramento como a condução de gerações fora da época de safra e a redução do tempo para atingir alto grau de homozigose. Além disso, o BLUPIS é uma ferramenta que pode ser conciliada na condução de populações segregantes conforme sugerido na Tabela 2, onde a avaliação e seleção das populações ocorre na geração  $F_3$ , permitindo a condução de duas gerações no período de entressafra ganhando tempo para atingir a homozigose desejada para seleção de plantas e obtenção das linhagens. Assim as gerações  $F_1$  e  $F_2$  não são submetidas a avaliações e seleção bem como as gerações  $F_{3:4}$  e  $F_{3:5}$ , sendo utilizadas apenas para o avanço de gerações e aumento do volume de sementes. Na geração  $F_{3:6}$  seriam avaliados os bulks e dentro das progênies  $F_{3:6}$  superiores praticada a seleção das plantas promissoras para dar origem as linhagens e avaliações subsequentes até o lançamento de novas cultivares.

## 5. Conclusões

O BLUPIS é um procedimento estatístico útil a ser aplicado nas gerações iniciais do programa de melhoramento da cultura da soja.

A informação da parcela das plantas candidatas a seleção é imprescindível para alcançar bons resultados na seleção de plantas utilizando o BLUPIS.

A estratégia de divisão da parcela para estimação dos efeitos genotípicos e seleção de plantas é eficiente para aplicação do BLUPIS na geração  $F_3$  na cultura da soja.

O BLUPIS permite ganhos genéticos na seleção de populações e plantas dentro de populações na geração  $F_3$ .

## 6. Referências Bibliográficas

ALLARD, R. W. Princípios do melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgard Blucher, 381p., 1971.

ALLIPRANDINI, L. F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P. F.; CAVASSIM, J. E.; GABE, H. L.; KUREK, A.; MATSUMOTO, M. N.; OLIVEIRA, A. R.; PITOL, C.; PRADO, L. C.; STECKLING, C. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. *Crop Science*, v.49, n.3, p.801-808, 2009.

ANDRADE, A. E. C. B.; DA SILVA, A. J.; FERRAUDO, A. S. E.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DI MAURO, A. O. Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. *African Journal of Agricultural Research*, v.11, n.1, p.23-31, 2016.

BARBOSA, M. H. P.; DE RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; DA SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.5, p.443-450, 2005.

BERCHEMBROCK, Y. V.; DE FIGUEIREDO, U. J.; NUNES, J. A. R.; DO VALLE, C. B.; BARRIOS, S. C. L. Comparação de métodos de seleção entre e dentro de progênies de irmãos completos em *Urochloa humidicola*. *Grass and Forage Science*, v.75, n.2, p.145-152, 2020.

BEZERRA, A. R. G. Capacidade combinatória entre progenitores, controle genético e seleção, via modelos mistos, de populações segregantes de soja. Viçosa, 2017. 93p. Universidade Federal de Viçosa – Tese de doutorado.

BOREM, A. et al. Híbridação artificial de plantas. Viçosa: Editora UFV, 546p., 1999.

BORÉM, A. Melhoramento de espécies cultivadas. 2 ed. Viçosa: Editora UFV, 969p., 2013.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Melhoramento de plantas. 7 ed. Viçosa: Editora UFV, 543p., 2017.

BRASIL. Presidência da República. Lei n. 9.345 de 25 de abril de 1997. Institui a Lei de Proteção de Cultivares e dá outras providências. Disponível em: <[https://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/leis/l9456.htm](https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/l9456.htm)> Acesso em: 20 de jul. de 2021. 1997.

BRASILEIRO, B. P.; DE PAULA MENDES, T. O.; PETERNELLI, L. A.; DA SILVEIRA, L. C. I.; DE RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Simulated individual

best linear unbiased prediction versus mass selection in sugarcane families. *Crop Science*, v.56, n.2, p.570-575, 2016.

BRIM, C. A.; COCKERHAM, C. C. Inheritance of quantitative characters in soybeans. *Crop Sci*, v.1, n.3, p.187-190, 1961.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. Melhoramento genético de plantas princípios e procedimentos. Lavras: Editora UFLA, 319P., 2006.

CARAFFA, M.; PIRES, J. L. F.; RUGERI, A. P.; RIFFEL, C. T.; HARTER, L. S. H.; DANIELOWSKI, R.; PIZZANI, R. Indicações técnicas para a cultura da soja no Rio Grande do Sul e em Santa Catarina, safras 2018/2019 e 2019/2020. Três de Maio: Setrem, 105p., 2018.

CARVALHO, A. D. F. D.; GERALDI, I. O.; SANTOS, V. D. S. Avaliação de progênies  $F_{2:4}$  e  $F_{4:6}$  de soja e perspectivas do uso de teste precoce para a produção de grãos. *Bragantia*, v.68, n.4, p.857-861, 2009.

CARVALHO, I. R.; SZARESKI, V. J.; FERREIRA, L. L.; DEMARI, G. H.; BARBOSA, M. H.; DA ROSA, T. C.; LAUTENCHLEGER, F.; NETTO, J. F.; BOENO, D.; FACHI, S. M.; MENDONÇA, M. T.; BOSCAINI, R.; MAMBRIN, R. B.; SAUSEN, D.; SOUZA, V. Q. Additive genetic prediction for  $F_3$  families of common black beans (*Phaseolus vulgaris* L.) using linear mixed models. *Australian Journal of Crop Science*, v.13, n.12, p.1950-1958, 2019.

CARVALHO, I. R.; DA SILVA, J. A. G.; FERREIRA, L. L.; SZARESKI, V. J.; DEMARI, G. H.; LAUTENCHLEGER, F.; MENEGHELLO, G. E.; MATTER, E. M.; MAGANO, D. A.; DE SOUZA, V. Q. REML/BLUP applied to characterize important agronomic traits in segregating generations of bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Australian Journal of Crop Science*, v.14, n.3, p.391, 2020.

CASTRO, R. D.; PETERNELLI, L. A.; DE RESENDE, M. D. V.; MARINHO, C. D.; COSTA, P. M. A.; BARBOSA, M. H. P.; MOREIRA, E. F. A. Selection between and within full-sib sugarcane families using the modified BLUPIS method (BLUPISM). *Genetics and Molecular Research*, v.15, n.1, gmr.15017334, 2016.

CHO, Y.; SCOTT, R. A. Combining ability of seed vigor and seed yield in soybean. *Euphytica*, v.112, n.2, p.145-150, 2000.

COHEN, J. A coefficient of agreement for nominal scales. *Educational and Psychological Measurement*, v.20, n.1, p.37-46, 1960.

COMISSÃO DE QUÍMICA E FERTILIDADE DO SOLO - CQFS-RS/SC. Manual de calagem e adubação para os Estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina.

11. ed. Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo - Núcleo Regional Sul; 2016.

CONAB (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras?view=default> >. Acesso em 18 de jul. 2021.

DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; DO NASCIMENTO, M. O. Capacidade combinatória de cultivares de soja em F<sub>2</sub>, sob condições de cerrado tocantinense. *Bioscience Journal*, v.30, n.5, p.688-695, 2014.

DE CARVALHO, A. D. F.; NETO, R. F.; GERALDI, I. O. Estimation and prediction of parameters and breeding values in soybean using REML/BLUP and Least Squares. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.8, n.3, p.219-224, 2008.

DE MENDIBURU, F.; DE MENDIBURU, M. F. Package 'agricolae'. R package version, 155p., 2020.

DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. Melhoramento genético de plantas. Londrina: Editora UEL, 820p., 1999.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. *Scientia Agricola*, v.58, n.1, p.109-117, 2001.

FARIAS NETO, J. T.; LINS, P. M. P.; RESENDE, M. D. V. D.; MULLER, A. A. Seleção genética em progênies híbridas de coqueiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.31, n.1, p.190-196, 2009.

FREY, K. J. The use of F<sub>2</sub> lines in predicting the performance of F<sub>3</sub> selections in two barley crosses. *Agronomy Journal*, v.46, n.12, p.541-544, 1954.

GAMER, M.; LEMON, J.; GAMER, M. M.; ROBINSON, A.; KENDALL'S, W. Pacote 'irr'. Vários coeficientes de confiabilidade e concordância entre avaliadores, v. 22, 2012.

HENDERSON, C. R. 1984-Guelph. 1984.

GOMES, F. P. Curso de Estatística Experimental. 13.ed. Piracicaba: Nobel, 468p., 1990.

LANDIS, J. R.; KOCH, G. G. The measurement of observer agreement for categorical data. *Biometrics*, v.33, p.159-174, 1977.

LANGE, C. E.; FEDERIZZI, L. C. Estimation of soybean genetic progress in the south of brazil using multienvironmental yield trials. *Scientia Agricola*, v. 66, p. 309-316, 2009.

LEFFEL, R. C.; HANSON, W. D. Early Generation Testing of Diallel Crosses of Soybeans<sup>1</sup>. *Crop Science*, v.1, n.3, p.169-174, 1961.

LEMOS, R. D. C.; ABREU, Â. D. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Procedures for identification of superior progenies in successive generations of evaluation in common bean. *Scientia Agricola*, v.77, n.1, p.e20180105, 2020.

LIMA, W. F.; PRETE, C. E. C.; RIBEIRO, A. S.; TOLEDO, J. F. F. Resistência da soja à ferrugem-asiática avaliada pela análise da produtividade de grãos. *Summa Phytopathologica*, v.38, n.1, p.73-78, 2012.

MAHMUD, I.; KRAMER, H. H. Segregation for Yield, Height, and Maturity Following a Soybean Cross. *Agronomy Journal*, v.43, n.12, p.605-609, 1951.

MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento genético da soja. Londrina: Editora Mecenas, 253p., 2020.

OLIVEIRA, R. A. D.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V. D.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; SOUZA, T. R. D.; LUCIUS, A. S. F. Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. *Bragantia*, v.70, n.4, p.796-800, 2011.

OLIVEIRA, R. A. D.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V. D.; BESPALHOK FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; RUARO, L. Early selection in sugarcane family trials via BLUP and BLUPIS procedures. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v.35, n.4, p.427-434, 2013.

PEREIRA, F. C.; BRUZI, A. T.; DE MATOS, J. W.; REZENDE, B. A.; PRADO, L. C.; NUNES, J. A. R. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. *Plant Breeding*, v.136, n.5, p.679-687, 2017.

PETERNELLI, L. A.; BERNARDES, D. P.; BRASILEIRO, B. P.; BARBOSA, M. H.; SILVA, R. H. Decision Trees as a Tool to Select Sugarcane Families. *American Journal of Plant Sciences*, v.9, n.02, p.216-230, 2018.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A. D.; RESENDE, M. D. V. D.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. D. A. S. D. C.; RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.49, n.11, p.882-890, 2014.

PINTO, R. J. B. Introdução ao melhoramento genético de plantas. Maringá: Editora UEM, 351p., 2009.

R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2013. Disponível em: <http://www.R-project.org>. Acesso em: 7 set. 2020.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. Genética quantitativa em plantas autógamas aplicações ao melhoramento do Feijoeiro. Goiânia: Editora da UFG, 271p., 1993.

RAMALHO, M. A. P.; ARAÚJO, L. C. A. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.11, n.SPE, p.1-7, 2011.

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

RESENDE, M. D.; HIGA, A. R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de Eucalyptus através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. Embrapa Florestas-Artigo em periódico indexado (ALICE), Colombo, n.28/29, p.375-55, 1994.

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

RESENDE, M. D. V. de.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.41, n.3, p.421-429, 2006.

RESENDE, R. M. S.; DE RESENDE, M. D. V.; LAURA, V. A.; JANK, L.; DO VALLE, C. B. Genotypic evaluation of accessions and individual selection in *Stylosanthes* spp. by simulated BLUP method. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.6, p.253-260, 2006.

RESENDE, M. D. V. SELEGEN-REML/BLUP: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 359p., 2007a.

RESENDE, M. D. V. Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético. Colombo: Embrapa Florestas, 362p., 2007b.

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. Estatística matemática, biométrica e computacional: Modelos Mistos, Multivariados, Categóricos e Generalizados (REML/BLUP), Inferência Bayesiana, Regressão Aleatória, Seleção Genômica, QTL-GWAS, Estatística Espacial e Temporal, Competição, Sobrevivência. Suprema, Visconde do Rio Branco, 881p., 2014.

RESENDE, M. D. V. Genética quantitativa e de Populações. Viçosa, MG: Suprema, 463p., 2015.

RESENDE, M. D. V.; RAMALHO, M. A.; GUILHERME, S. R.; & DE FB ABREU, Â. 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.; RAMALHO, M. A.; CARNEIRO, P. C.; CARNEIRO, J. E.; BATISTA, L. G.; GOIS, I. B. Selection index with parents, populations, progenies, and generations effects in autogamous plant breeding. *Crop Science*, v.56, n.2, p.530-546, 2016.

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

RESENDE, M. D. V. Selegen Reml/Blup – Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada Manual complementar do Selegen-Reml/Blup 2017. 2017. Disponível em: < [http://www.ppestbio.ufv.br/wp-content/uploads/2016/05/Selegen\\_2019\\_0424\\_E.zip](http://www.ppestbio.ufv.br/wp-content/uploads/2016/05/Selegen_2019_0424_E.zip)>. Acesso em 7 set. 2020.

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. *Scientific Journal*, v.2, n.2, p.1-31, 2020.

ROCHA, G. S. D.; CARNEIRO, J. E. D. S.; CARNEIRO, P. C. S.; POERSCH, N. L.; LIMA, M. S. D.; SILVA, L. C. D. Estratégias de predição e efeitos de ambientes na avaliação de populações segregantes de feijão, *Revista Ceres*, v.62, n.5, p.438-445, 2015.

ROCHA, M. R. D.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MACHADO JUNIOR, C. S.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L. Combinatorial analysis of agronomic characters in soybean. *Ciência e Agrotecnologia*, v.43, p.e028018, 2019.

RUBIN, S. A. L.; SANTOS, O. S. Progresso do melhoramento genético da soja no Estado do Rio Grande do Sul: I. Rendimento de grãos. *Pesquisa Agropecuária Gaúcha*, v.2, n.2, p.139-147, 1996.

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; BORÉM, A. Melhoramento da soja no Brasil. Londrina: Editora Mecenas, 339p., 2021.

SEDIYAMA, T. Melhoramento genético da soja. Londrina: Editora Mecenas, 352p., 2015.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. Soja do plantio à colheita. Viçosa: Editora UFV, 333p., 2015.

SILVA, M. A. G.; PETERNELLI, L. A.; NASCIMENTO, M.; DA SILVA, F. L. Modelos mistos na seleção de famílias de cana-de-açúcar aparentadas sob o enfoque clássico e bayesiano. *Revista Brasileira de Biometria*, v.31, n.1, p.1-12, 2013.

SILVA, F. L. D., BARBOSA, M. H. P., DE RESENDE, M. D. V., PETERNELLI, L. A., & PEDROZO, C. Â. Efficiency of selection within sugarcane families via simulated individual BLUP. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.15, n.1, p.1-9, 2015.

SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. *Melhoramento da soja*. Viçosa: Editora UFV, 563p., 2017.

TODESCHINI, M. H.; MILIOLI, A. S.; ROSA, A. C.; DALLACORTE, L. V.; PANHO, M. C.; MARCHESE, J. A.; BENIN, G. Soybean genetic progress in South Brazil: physiological, phenological and agronomic traits. *Euphytica*, v.215, n.7, p.215-124, 2019.

Souza, L. C. F. D.; Zanon, G. D.; Pedroso, F. F.; Andrade, L. H. L. Teor de proteína e de óleo nos grãos de soja em função do tratamento de sementes e aplicação de micronutrientes. *Ciência e agrotecnologia*, v.33, n.6, p.1586-15993, 2009.

TOLEDO, J. F. F.; DE ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; MENOSSO, O. G. Ganho genético em soja no estado do Paraná, via melhoramento. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.25, n.1, p.89-94, 1990.

TOLEDO, J. F. F. D.; ARIAS, C. A. A.; OLIVEIRA, M. F. D.; TRILLER, C.; MIRANDA, Z. D. F. S. Genetical and environmental analyses of yield in six biparental soybean crosses. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.35, n.9, p.1783-1796, 2000.

VALENTINE, J. Accelerated pedigree selection: An alternative to individual plant selection in the normal pedigree breeding method in the self-pollinated cereals. *Euphytica*, v.33, n.3, p.943-951, 1984.

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

VOLPATO, L.; ALVES, R. S.; TEODORO, P. E.; VILELA DE RESENDE, M. D.; NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A. C. C.; LUDKE, W. H.; SILVA, F. L.; BORÉM, A. Multi-trait multi-environment models in the genetic selection of segregating soybean progeny. *PLoS one*, v.14, n.4, p.e0215315, 2019.

VOLPATO, L.; ROCHA, J. R. D. A. S. D. C.; ALVES, R. S.; LUDKE, W. H.; BORÉM, A.; SILVA, F. L. D. Inference of population effect and progeny selection via a multi-trait index in soybean breeding. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v.43, p.e44623, 2021.

WIGGINS, B.; WIGGINS, S.; CUNICELLI, M.; SMALLWOOD, C.; ALLEN, F.; WEST, D.; PANTALONE, V. Genetic gain for soybean seed protein, oil, and yield in a recombinant inbred line population. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, v.96, n.1, p.43-50, 2019.