

LEONARDO VOLPATO

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS COM
USO DE MODELOS MISTOS**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2016

Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa

T

V931s
2016
Volpato, Leonardo, 1992-
Seleção de progênies de soja para produção de grãos com
uso de modelos mistos / Leonardo Volpato. – Viçosa, MG,
2016.
xi, 65f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Felipe Lopes da Silva.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Soja - Melhoramento genético. 2. *Glycine max*. 3.
Interação genótipo-ambiente. 4. Valor genético. 5. Soja
- seleção. 6. BLUP. I. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-graduação em
Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 633.342

LEONARDO VOLPATO

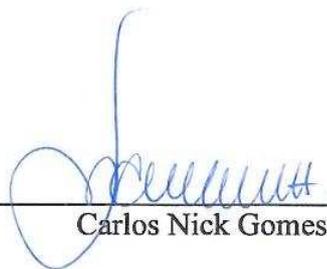
**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS COM
USO DE MODELOS MISTOS**

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

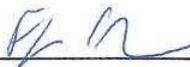
APROVADA: 15 de julho de 2016.



Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Coorientador)



Carlos Nick Gomes



Felipe Lopes da Silva
(Orientador)

*A Deus, meus familiares e aos meus amigos,
a família que Deus nos permitiu escolher...*

DEDICO

“Que a Paz de Jesus esteja conosco e que a vontade de trabalhar para o Cristo nunca mais nos visite, mas que faça morada eterna em nossos corações. ” (Carlos Alberto Filgueira Sant’Anna)

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela perfeição e grandeza de toda a sua criação, aos amigos espirituais por me conceder serenidade e coragem nos momentos de insegurança e incertezas.

À Universidade Federal de Viçosa, por meio do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento em trabalho com o Departamento de Fitotecnia pela oportunidade de realizar o curso de mestrado.

À coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Felipe Lopes da Silva, pelas orientações, ensinamentos e amizade.

Aos Professores Marcos Deon Vilela de Resende, Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Aluizio Borém, pelas sugestões e ensinamentos.

Aos funcionários do Laboratório de Oleaginosas do Departamento de Fitotecnia pelo apoio na execução dos trabalhos.

Aos estagiários do programa soja pela amizade e ajuda na condução dos experimentos.

Aos demais estudantes de Pós-graduação do Laboratório de Oleaginosas pelo auxílio, oportunidade de conviver e interagir.

Aos meus pais, Cleide Aparecida Vança Volpato e Vanderlei Volpato, pelo amor, carinho, apoio e exemplo de vida.

À minha irmã, Miriane Aparecida Vança Volpato, pelo amor, carinho, apoio, paciência e estímulo.

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

BIOGRAFIA

Leonardo Volpato, é filho de Vanderlei Volpato e Cleide Aparecida Vança Volpato, nasceu no dia 04 de janeiro de 1992 na cidade de Araguari – MG, localizada no Triângulo Mineiro. Em 2010 completou o ensino Médio concomitante com o Técnico em Agropecuária no Instituto Federal de Educação e Tecnologia do Triangulo Mineiro – Campus Uberlândia. No ano de 2015, graduou-se no curso de Engenharia Agrônômica pela Universidade Federal de Viçosa, e no mesmo ano ingressou no curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela mesma.

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
INTRODUÇÃO GERAL	1
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	8
CAPÍTULO I – EFEITO DE POPULAÇÃO F₃ NA SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS VIA MÉTODO <i>BLUP-SIPP</i> (<i>Selection Index with Populations and Progenies</i>)	11
RESUMO	11
ABSTRACT	13
INTRODUÇÃO	15
MATERIAL E MÉTODOS	17
Material genético	17
Condução experimental	17
Análises genético-estatísticas	19
Seleção de progênies	20
Análise de deviance	22
Índice de seleção	22
RESULTADOS E DISCUSSÃO	23
Controle genético e componentes da variância	23
Seleção de progênies	28
CONCLUSÕES	34
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	35
CAPÍTULO II – SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA F_{2:3} PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS VIA MÉTODO <i>BLUP-SIPPG</i> (<i>Selection Index with Populations, Progenies and Generation</i>) COM INFORMAÇÕES DE GERAÇÃO DAS POPULAÇÕES F₂ E F₃	38
RESUMO	38
ABSTRACT	40
INTRODUÇÃO	42
MATERIAL E MÉTODOS	44
Material genético	44
Condução experimental	45

Análises genético-estatísticas	47
Método <i>BLUP-SIPP</i>	47
Seleção de progênies via <i>BLUP-SIPP</i>	48
Método <i>BLUP-SIPPG</i>	49
Seleção de progênies via <i>BLUP-SIPPG</i>	50
Análise de deviance	50
RESULTADOS E DISCUSSÃO	51
Controle genético e componentes da variância	51
Seleção de progênies	58
CONCLUSÕES	59
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	63
CONCLUSÕES GERAIS	65

RESUMO

VOLPATO, Leonardo, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2016. **Seleção de progênies de soja para produção de grãos com uso de modelos mistos.** Orientador: Felipe Lopes da Silva. Coorientadores: Marcos Deon Vilela de Resende, Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Aluizio Borém de Oliveira.

As informações de populações e de progênies obtidas por meio do método *Bulk* Dentro de Progênies (BDP) devem ser consideradas para a prática da seleção, visto que, a probabilidade de obtenção de progênies superiores dentro de populações superiores, é elevada. Assim, o método de seleção *BLUP-SIPPPG* (BLUP associado ao esquema BDP e ao índice de seleção usando os efeitos de genitores, populações, progênies e gerações) foi desenvolvido com o intuito de abarcar todos os efeitos da estrutura global do programa de melhoramento de espécies autógamas. Contudo, a seleção de progênies em gerações iniciais do programa de melhoramento reflete no uso do método com restrições de informações. Neste sentido, objetivou-se com este trabalho avaliar os efeitos entre populações e progênies endogâmicas que compõem o índice *BLUP-SIPPPG*, por meio das informações de populações F_3 e de progênies $F_{2:3}$ via índice denominado *BLUP-SIPP* (*Selection Index with Populations and Progenies*) para a seleção de progênies de soja (Capítulo I); incluir as informações de gerações das populações F_2 nas análises via índice denominado de *BLUP-SIPPG* (*Selection Index with Populations, Progenies and Generations*), e ainda, comparar a eficiência da acurácia de seleção das progênies entre ambos os índices apresentados (Capítulo II). Para isso, três populações F_2 's, oriundas de três híbridos F_1 's resultantes de cruzamentos entre os progenitores TMG 123 RR, M7211 RR, UFVS Citrino RR, UFVS Turqueza RR e M7908 RR, foram avaliadas em casa de vegetação, utilizando o delineamento experimental em blocos ao acaso (DBC) com três repetições. Cada planta F_2 foi colhida separadamente originando 204 progênies $F_{2:3}$, as quais foram plantadas em dois locais, utilizando para cada local o delineamento experimental de blocos incompletos desbalanceados, com três repetições e nove testemunhas adicionais. Avaliou-se as características frequentistas do programa de melhoramento genético da soja, com o intuito de selecionar as progênies com maiores produtividades de grãos. Os dados foram submetidos à análise, via software Selegen-

REML/BLUP. Assim concluiu-se que: i) A adoção do método *BLUP-SIPP* favoreceu a estimação dos parâmetros genético e ambientais, além do entendimento da distribuição da variância genotípica entre e dentro de populações F_3 ; ii) a variação da população apresentou contribuição majoritária para a variância fenotípica total, na avaliação de progênies de soja $F_{2:3}$ nos dois índices utilizados; iii) os métodos *BLUP-SIPP* e *BLUP-SIPPG* contribuíram para a predição de valores genotípicos mais acurados; iv) a inclusão do efeito da geração de população F_2 , via modelo *BLUP-SIPPG*, não implicou em aumento dos valores das acurácias seletivas para progênie, refletindo em ausência de ganhos com a seleção quando adotou-se o modelo *BLUP-SIPP*.

ABSTRACT

VOLPATO, Leonardo, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2016. **Selection of soybean progeny for grain yield with the use of mixed models.** Adviser: Felipe Lopes da Silva. Co-advisers: Marcos Deon Vilela de Resende, Pedro Crescêncio Sousa Carneiro and Aluizio Borém de Oliveira.

The progeny and populations information obtained by the bulk method within progenies should be considered for selection practice, since the probability of obtaining superior progenies within upper populations is high. Thus, the *BLUP-SIPPPG* selection method (BLUP associated with the bulk method within progenies scheme and the selection index using the effects of parents, populations, progenies and generations effects) was developed in order to encompass all the effects of the global structure of the plant breeding program autogamous species. However, the selection of progenies in early generations of the breeding program reflects the use of the method with information restriction. In this sense, the objective of this work was to evaluate the effects between populations and inbred progenies that make up the index *BLUP-SIPPPG*, through information F_3 populations and progenies $F_{2:3}$ via index called *BLUP-SIPP* (Selection Index with Populations and Progeny effects) for selection $F_{2:3}$ soybean progenies (Chapter I); to include information of generations F_2 populations in the analysis via index called *BLUP-SIPPPG* (Selection Index with Populations, Progeny and Generations effects), and further, to compare the efficiency of the progeny selection accuracy from both presented indexes (Chapter II). For that, three F_2 's populations, from three F_1 's hybrids resulting from crosses between parent TMG 123 RR, M7211 RR, UFVS Citrine RR, UFVS Turqueza RR and M7908 RR were evaluated in a greenhouse, using the experimental design in random blocks (DBC) with three replications. Each F_2 plant was harvested separately giving 204 $F_{2:3}$ progenies, which were planted in two locations using for each location the experimental design of incomplete unbalanced blocks, with three replications and nine additional witnesses. We evaluated the frequentist characteristics of the breeding program of soybeans, in order to select the progenies with higher grain yield. The data were analyzed via Selegen-REML / BLUP software. Thus it was concluded that: i) the adoption of *BLUP-SIPP* method favored the estimate of genetic and environmental

parameters, beyond the understanding of the distribution of genotypic variance within and between F_3 populations; ii) the variation of the population showed a major contribution to the total phenotypic variance in the $F_{2:3}$ progenies evaluation in the two used indexes; iii) the *BLUP-SIPP* and *BLUP-SIPPG* methods contributed to a more accurate prediction of genotypic values; iv) the inclusion of the effect of generation F_2 population, via *BLUP-SIPPG* model did not result in increased values of accuracies selective for progeny, reflecting the absence of earnings from the selection when it was adopted the *BLUP-SIPP* model.

INTRODUÇÃO GERAL

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] ocupa uma posição de destaque no cenário do agronegócio mundial. A cultura é responsável por mais de treze por cento de toda produção de grãos no mundo, sendo o quarto cereal mais consumido e produzido globalmente (USDA, 2016). No Brasil, a sojicultura faz parte da principal atividade agrícola do país, movimentando mais de 27 bilhões de dólares por ano (ABIOVE, 2016). Segundo o MAPA (2016) a safra 2015/2016 atingiu a quantidade de 96,905 milhões de toneladas produzidas em 33,082 milhões de hectares, o que coloca o país como segundo maior produtor e o maior exportador mundial da cultura.

O melhoramento genético da cultura da soja tem sido fundamental para a sua expansão contribuindo, desde a sua introdução como commodities na década de 60 até as atuais safras brasileiras, com incrementos significativos na produção de grãos. A disponibilização de cultivares com alto potencial produtivo, ampla adaptação e elevada aceitação pelo mercado consumidor, favoreceu o crescimento contínuo da soja no Brasil. A característica de produtividade de grãos é de natureza quantitativa e os ganhos genéticos obtidos nos programas de melhoramento são associados à eficiência no processo de seleção.

Dentre as diversas características agrônômicas já fixadas para a cultura da soja por meio do melhoramento genético, destaca-se cultivares com taxa de germinação superiores a 95%, resistência a diversos patógenos e maximização da janela de plantio, entre outros caracteres de suma importância para determinadas regiões e períodos históricos de produção no Brasil. Atualmente, em sua maioria, as cultivares de soja possuem baixa estatura, altamente resistente ao acamamento e extremamente produtivas. Esse progresso só foi possível graças aos trabalhos de melhoramento genético ao longo dos anos, mais especificamente deste a década de 60 até os dias atuais. Estima-se que a cada ano, o ganho em produtividade de grãos seja em torno de 1 a 2%, devido a melhoria das condições de cultivo e, principalmente, aos métodos de melhoramento que exploram a variabilidade genética para obterem caracteres de interesse.

A produtividade de grãos depende de uma série de caracteres, por se tratar de um grande número de genes envolvidos no controle do caráter, além de sofrer pronunciada influência do ambiente. A diminuição do espaçamento de entrenós, permitiu o aumento

do número de nós da haste principal e, juntamente com o tipo ereto de ramificação, o programa de melhoramento vem diminuindo significativamente as perdas causadas pelo acamamento. A tendência dos programas atuais é desenvolver cultivares precoces, que possuem todos esses caracteres desejáveis, afim de, maximizar os ganhos com a produtividade de grãos, e, principalmente, aumentar a rentabilidade do produtor permitindo mais de uma safra no mesmo local.

Os programas de melhoramento que visam o desenvolvimento de novas cultivares de soja, estão condicionados às condições da interação genótipo x ambiente, os quais são avaliados em diferentes épocas, safras e locais, identificando, desta forma, a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos (SEDIYAMA et al. 2015). Além da produtividade de grãos, características como grupo de maturidade, tipo de crescimento, ciclo médio, altura da planta, resistência ao acamamento, época de semeadura e reação a doenças, são os principais aspectos a serem observados quando se deseja desenvolver um cultivar de soja.

A eficiência do processo seletivo está associada à exploração da variabilidade genética, de características de importância para o melhoramento, advinda de cruzamentos entre genótipos superiores, para as características em questão, e divergentes. Contudo, o que tem sido observado é uso extensivo de cultivares muito próximas geneticamente no desenvolvimento das novas cultivares, resultando no estreitamento da base genética da cultura (BERTINI et al. 2006; MIRANDA et al. 2007).

Nos programas de melhoramento genético de soja, como na maioria daqueles de espécies autógamas, têm-se como objetivo desenvolver e identificar genótipos superiores como novos cultivares, sendo que para isso, utiliza-se hibridações artificiais entre genitores, em geral linhagens elites, como principal método de melhoramento de plantas. A hibridação, tem por finalidade explorar a variabilidade genética existente entre os genitores, obtendo-se dessa forma, populações segregantes de onde são extraídas novas linhagens, após algumas gerações de autofecundações.

Utilizam-se duas metodologias para condução de populações segregantes, segundo Ramalho et al. 2012, aqueles que não separam as fases de endogamia e seleção e os que separam essas duas fases. O método Bulk Dentro de Progenies (BDP) F₂ ou F₃, sugerido por Frey (1954), possui o princípio de separar a fase de endogamia e seleção (BORÉM & MIRANDA, 2014). Neste método, progenies são geradas e conduzidas em

bulk desde a geração $F_{2:3}$ ou $F_{3:4}$ e avaliados em experimentos com repetições. O processo é repetido até a geração $F_{2:6}$ ou $F_{3:6}$, no qual se obtém as linhas puras de progênie ou linhagens. A partir desse ponto, pode-se promover uma seleção dentro das progênie obtendo-se uma ou mais linhas puras, ou então utilizar a mistura das linhas puras, de cada progênie, para participar dos experimentos de avaliação de linhagens. O método BDP é recomendado principalmente quando se trabalha com elevado número de indivíduos dentro das progênie, pelo fato de, proporcionar diminuição dos problemas amostrais, em relação aos outros métodos de populações segregantes. Além de que, ao atingir a homozigose as progênie já foram avaliadas por quatro a cinco gerações, possibilitando assim, utilizar a performance das progênie nas diferentes gerações a medida que se avança no programa de melhoramento. Portanto, pode-se resgatar as informações avaliadas, possibilitando maior precisão na identificação de progênie superiores, ao utilizar um modelo estatístico que contemple esses efeitos (RAMALHO et al. 2012).

Melhoristas de espécies autógamas estão, primordialmente, interessados na seleção de famílias que, ao atingirem a homozigose, acumulem maior quantidade de alelos favoráveis, que estão associados aos maiores Valores Genéticos Aditivos (VGA) (RAMALHO et al. 2012). Para caracteres quantitativos, os valores fenotípicos nem sempre estão associados aos VGAs, por conterem efeitos de blocos, parcelas e efeitos ambientais aleatórios embutidos em alguma proporção em suas estimativas (RESENDE, 2007a). Nesse caso, é importante a utilização de metodologias que otimizem o uso da informação disponível, para que se possa classificar as famílias o mais próximo possível da classificação que seria obtida com os verdadeiros VGAs (WHITE e HODGE, 1989).

O desenvolvimento de softwares específicos que permitem tratar adequadamente a matriz de parentesco genético aditivo entre os indivíduos em avaliação, possibilitou a predição dos VGAs a nível de indivíduos, nos programas de melhoramento de forma rotineira a partir da década de 1980 (Resende, 2007a). Algoritmos para escrever diretamente essa matriz de parentesco genético aditivo foram apresentados por Henderson (1976) nos EUA e Thompson (1977) na Inglaterra.

O processo de diferenciação entre populações ocorre quando a variação genética total, exibida se todos os indivíduos fizessem parte de uma única população panmítica, é reduzida dentro de populações. Essa redução é ditada pela fração $(1 - F_{ST})\sigma_{a0}^2$,

possibilitando estimar a VGA dentro da população por meio de $\sigma_a^2 = (1 - F_{ST})\sigma_{a0}^2$ nas sucessivas gerações de autofecundações. Portanto, mesmo sem considerar a matriz de parentesco completo (*pedigree*) dos indivíduos da população, pode-se estimar as VGAs, diferentemente no melhoramento animal e para alguns modelos utilizados no melhoramento florestal.

O objetivo do biometrista, na maioria das vezes, é ajustar um modelo que seja adequado e esteja próximo da realidade (HENDERSON, 1984). Quando os parâmetros que compõem o modelo compreendem uma mistura de fatores com efeitos de natureza fixa e aleatória, este é definido como um modelo misto (SEARLE et al. 1992). Nesta importante classe de modelos, três objetivos são fundamentais: a estimação e testes dos efeitos fixos, a estimação e testes dos efeitos aleatórios, e a estimação dos componentes de variância devidos aos fatores aleatórios (PERRI & IEMMA, 1996).

Para distinguir estimadores de efeitos fixos daqueles de efeitos aleatórios, é usual referir-se aos últimos como preditores (ROBINSON, 1991). Por conveniência interpretativa e simplificação matemática, em geral, buscam-se estimadores e preditores lineares. E, entre os lineares, a preferência recai sobre os não viesados e de variância mínima, ou seja, os BLUE's e BLUP's, respectivamente (DUARTE, 2000).

Segundo Duarte (2000), no melhoramento genético, com o advento da metodologia de modelos mistos, os componentes de variância deixaram de ser enfocados como um fim em si, para representarem papel fundamental na predição de valores genéticos ou genotípicos (índices de seleção, BLP, BLUP, EBLUP). Assim, os processos de estimação e predição têm sido implementados simultaneamente, na seleção de progênes ou genitores, por meio das equações do modelo misto (RESENDE et al. 1996).

O uso da metodologia de modelos mistos, tem apresentados resultados genéticos-estatísticos mais refinados em comparação com outros métodos. Esta metodologia, dentre as diversas vantagens, corrige alguns problemas de condução experimentais, como por exemplo, dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais. Dado estas condições de desbalanceamento, ao se implantar experimentos com inferências estatísticas, deve-se adotar um delineamento estatístico pertinente, considerando os efeitos a serem capitalizados nas interações. Neste caso, o pesquisador possui alguns recursos, como por exemplo experimentos em blocos incompletos. O Delineamento em Blocos Incompletos

(DBI), são usualmente utilizados quando não é possível observar todos os tratamentos em todos os blocos. As condições que levam a esses fatos podem ser diversas, inclusive fica a critério do próprio pesquisador, afim de, facilitar a logística ou disponibilidade econômica do próprio programa. Entretanto, em experimentos que devido a sua própria natureza, quando ao se obter os materiais avaliados, o experimento em DBI surge como uma alternativa para avaliação dos experimentos. Dentre as variações do bloco incompleto, Peternelli (2011) cita os Blocos Aumentados de Federer, Blocos Incompletos Balanceados e Blocos Incompletos não Balanceados, os quais são utilizados, de acordo com a distribuição dos tratamentos dentro dos blocos.

A utilização de recursos estatísticos através de recurso computadorizados, permitiu o desenvolvimento de métodos baseados na estimativa do valor genético das famílias e de indivíduos dentro de famílias, proporcionando um esquema de seleção que se assemelha a seleção massal, por privilegiar o indivíduo mesmo quando a sua família não está entre as melhores. Aqueles indivíduos que não foram selecionados são posteriormente recombinados para contribuir com alelos para as próximas gerações. Este procedimento é denominado BLUP (melhor preditor linear não viesado). Entre as diversas vantagens o método, as mais palpáveis são que possibilitam ganhos genéticos superiores a seleção entre e dentro de famílias, além de ser mais efetivo para a manutenção da variabilidade genética, devido a manutenção da variabilidade genética proporcionando tamanho efetivo populacional mais elevado, desde que aplicado com restrição no número máximo de indivíduos selecionados por família (RESENDE, 2002).

O procedimento BLUP desenvolvido por C. R. Henderson em 1949 (BERNARDO, 2002), maximiza a correlação entre o valor genotípico predito e o verdadeiro, ou seja, minimiza a variância do erro de predição linear no sentido de que é uma função linear dos dados e é não tendencioso por apresentar a esperança do valor genotípico predito igual ao valor genotípico verdadeiro (WHITE e HODGE, 1989). O BLUP permite também o uso simultâneo de várias fontes de informação tais quais aquelas advindas de vários experimentos instalados em um ou vários locais e avaliados em uma ou várias épocas de plantio (RESENDE, 2007b).

A avaliação genotípica compreende a estimação de componentes de variância (parâmetros genéticos) e a predição dos valores genotípicos. As estimativas dos parâmetros genéticos tais quais a herdabilidade e correlações genéticas são fundamentais

para o delineamento de eficientes estratégias de melhoramento. O procedimento mais preciso de predição de valores genéticos, para o processo de seleção, é o BLUP, com uso de componentes de variância estimados via REML (máxima verossimilhança restrita). O REML é um método eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente (RESENDE, 2006).

O uso de modelos mistos do tipo REML/BLUP é fundamental para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos, tanto intra quanto interpopulacionalmente (RESENDE, 2002). Mesmo em condições de experimentos desbalanceados, essa abordagem permite a predição acurada e não viesada dos valores genéticos, propicia informações específicas sobre o mérito da progênie, de indivíduos nas progênies e considera até mesmo o ambiente da repetição onde está localizado um indivíduo. Assim, as propriedades do BLUP permitem maximização da acurácia seletiva, minimização do erro de predição, predição não viciada de valores genéticos, maximização do ganho genético – por ciclo de seleção – e maximização da probabilidade de seleção do melhor entre dois ou vários genótipos (RESENDE, 2002).

Vários estudos têm buscado o aprimoramento dos métodos de seleção em plantas anuais a partir da aplicação de metodologias de modelos mistos. A eficiência desta metodologia no melhoramento genético tem sido comprovada em diferentes culturas anuais como: arroz (BORGES et al. 2010), soja (PINHEIRO et al. 2013), milho-pipoca (FREITAS et al. 2013), feijão-caupi (BARROS et al. 2011), feijão-comum (BERTOLDO et al. 2009) e trigo (PIMENTEL et al. 2014). Ramalho & Araújo (2011) apontam a utilização de modelos mistos como estratégia adequada para maior eficiência do melhoramento de plantas autógamas pela identificação de progênies ou linhas com maior mérito genotípico.

Para melhorar a eficiência de seleção do método BDP Resende et al. (2015a) apresenta a metodologia *BDP-BLUP* (BLUP associado ao esquema Bulk Dentro de Progênies - BDP, combinando informações de populações e progênies). Esse método foi desenvolvido usando a genealogia completa associada à condução da população via BDP utilizando as médias fenotípicas das progênies nas gerações $F_{2:3}$, $F_{2:4}$, $F_{2:5}$ e $F_{2:6}$ por meio de um índice com efeito de gerações.

O método *BDP-BLUP* foi otimizado para a aplicação dentro de população, podendo ser aplicado também na mistura de progênies de várias populações. Na avaliação de progênies $F_{2:3}$, oriundas do método BDP, deve-se levar em consideração as informações de populações e de progênies, visto que a probabilidade de obtenção de progênies superiores dentro das melhores populações, é elevada. Neste caso, a seleção utilizando apenas os efeitos de progênies, não leva em conta as informações das populações, ou seja, o efeito de populações tende a aumentar a estimativa do VGAs das progênies. Ao se verificar as informações de parentesco das progênies (avaliação de irmãos completos) pode se melhorar a estimativa do VGAs e, conseqüentemente, espera-se um maior ganho de seleção nas gerações seguintes. Desta forma, Resende et al. (2015a) apresenta um índice que pondera os efeitos de populações nas várias gerações de endogamia, e, também, pondera os efeitos de progênies nas várias gerações.

Nos métodos tradicionais de seleção, a seleção de progênies é realizada desconsiderando os méritos das populações a que pertencem. Resende et al. (2015b) propuseram o método de seleção *BLUP-SIPPPG* (BLUP associado ao esquema Bulk Dentro de Progênies e ao índice de seleção usando os efeitos de genitores, populações, progênies e gerações). O método *BLUP-SIPPPG* foi desenvolvido para abarcar toda a estrutura de um programa de melhoramento de plantas autógamas, incluindo todos os dados desde os pais, a geração F_1 e F_2 e também tanto os efeitos de progênies quanto de populações nas gerações endogâmicas a partir de $F_{2:3}$ e F_3 respectivamente. Segundo o autor, a contribuição dos genitores e populações F_2 é igualmente pouco importante e a avaliação de F_1 não tem serventia. Contudo, a seleção de progênies em gerações iniciais $F_{2:3}$ do programa de melhoramento reflete no uso do método com restrições de informações.

Neste sentido, devido a restrições de informações de gerações experimentais, o método *BLUP-SIPPPG (Selection Index with Parents, Progenies, Population and Generation)* deve ser utilizado, a fim de, atender as exigências do programa de melhoramento para maximização dos ganhos genéticos. Neste contexto, ao se obter as populações F_2 e F_3 e progênies $F_{2:3}$ pode-se utilizar a metodologia com restrições de informações por meio dos efeitos de populações e progênies.

Considerando que os melhoristas de soja visam selecionar aquelas progênies com potencial para a extração de linhagens com maior adaptação aos diferentes ambientes de

cultivo, o uso da metodologia BLUP com dados de múltiplas populações e progênes avaliadas em diferentes locais, possibilitaria obter a predição dos valores genotípicos livre das interações com o ambiente. A utilização da metodologia *BLUP-SIPPPG*, nas diferentes etapas do programa de melhoramento, certamente irá propiciar um ganho extra, fornecendo novas ferramentas de aplicação biométrica no melhoramento genético da soja.

Com base na metodologia exposta, objetivou-se neste trabalho selecionar progênes incluindo as informações de F₂ e F₃ e avaliar a importância dessas inclusões no melhoramento de soja, para um conjunto de características de interesse, visando a produção de grãos. Utilizou-se para isso o método *BLUP-SIPPPG* com restrições informações, por meio do método de melhoramento da hibridação, com seleção de progênes via BDP.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS DE ÓLEOS VEGETAIS – ABIOVE. 2015. **Estatística Mensal do Complexo Soja** - Novembro de 2015. Disponível em: < <http://www.abiove.org.br/site/index.php?page=estatistica&area=NC0yLTE=> >. Acesso em: 10 jun 2016.

BARROS, Fábio Ribeiro et al. Potencial genético de progênes de feijão-caupi segregantes quanto ao tipo da inflorescência. **Pesq. agropec. bras.** [online]. 2011, vol.46, n.2, pp.182-189. ISSN 0100-204X.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 359 p. 2002.

BERTINI, C.H.C. de M.; SCHUSTER, I.; SEDIYAMA, T.; BARROS, E.G. de; MOREIRA, M.A. Characterization and genetic diversity analysis of cotton cultivars using microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, v.29, p.321-329, 2006.

BERTOLDO, J.G.; COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; NODARI, R.O.; ELIAS, H.T.; BARILI, L.D.; VALE, N.M. do; ROZZETTO, D.S. Rendimento de grãos em feijão preto: o componente que mais interfere no valor fenotípico é o ambiente. **Ciência Rural**, v.39, p.1974-1982, 2009.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. 6th ed. Viçosa: UFV, 2013. 525 p.

BORGES, V. et al. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, v. 69, n. 4, p. 833-841, 2010.

DUARTE, J. B. 2000. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. Tese de Doutorado. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, USP. Piracicaba, SP. 293 p.

FREITAS, Ismael Lourenço de Jesus et al. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesq. agropec. bras.** [online]. 2013, vol.48, n.11, pp.1464-1471.

FREY, K.J. 1954. **The use of F2 lines in predicting the performance of F3 selections in two barley crosses.** Agron. J. 46:541-544. doi:10.2134/agronj1954.00021962004600120003x

HENDERSON, C. R. **Application of linear models in animal breeding.** Guelph: University of Guelph – Canada, 1984. 462 p.

MAPA - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Projeções do Agronegócio: Brasil 2014/2015 a 2014/25 projeções de longo prazo.** AGE/Mapa, Brasília, 2015, 132 p.

MIRANDA, Z.F.S.; ARIAS, C.A.A.; PRETE, C.E.C.; KIHLE, R.A. de S.; ALMEIDA, L.A. de A.; TOLEDO, J.F.F. de; DESTRO, D. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.363-396, 2007.

PERRI, S. H. V.; IEMMA, A. F. **Ajuste de modelos mistos através do sistema estatístico SAS.** Piracicaba: DME, ESALQ/USP, 1996. 75 p.

PETERNELLI, Luiz Alexandre. Program R: applications in plant breeding. **Crop Breed. Appl. Biotechnol.** [online]. 2011, vol.11, n.spe, pp.91-92. ISSN 1984-7033. <http://dx.doi.org/10.1590/S1984-70332011000500014>.

PIMENTEL, Adérico Júnior Badaró et al. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesq. agropec. bras.** [online]. 2014, vol.49, n.11, pp.882-890.

PINHEIRO, L. C. de M.; GOD, P. I. V. G.; FARIA, V. R.; OLIVEIRA, A. G.; HASUI, A. A.; PINTO, E. H. G.; ARRUDA, K. M. A. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína em soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, DF, v. 48, n. 9, p. 1246-1253, set. 2013.

RAMALHO, M.A.P., A. de F.B. Abreu, J.B. Santos, and J.A.R. Nunes. 2012. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas.** 1st ed. Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil.

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

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

RESENDE, M. D. V. de; PRATES, D. F.; JESUS, A.; YAMADA, C. K. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da

máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo**, n. 32/33, p. 18-45, 1996.

RESENDE, M. D. V.; RAMALHO, M. A. P.; GUILHERME, S.; ABREU, A. F. B. Multigeneration index in the within progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science**, DOI: 10.2135/cropsci2014.08.0580, 2015a.

RESENDE, M. D. V.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S; BATISTA, L. G.; GOIS, I. B. Selection index with parents, populations, progenies and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science**, 2015b.

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional**: modelos mistos, categóricos e generalizados (REML\BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. Viçosa, MG: Suprema, 2014. 881 p.

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

RESENDE, M.D.V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Embrapa Florestas, Colombo. 435 p. 2007b.

ROBINSON, G. K. That BLUP is a a good thing: the estimation of random effectcs. **Statistical Science**, v. 6, n. 1, p. 15 – 51, 1991.

SEARLE, S. R.; CASELLLA, G.; McCULLOCH, C. E. **Variance componente**. Neu York: John Wiley & Sons, 1992. 501 p.

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; OLIVEIRA, R.C.T.; GLASENAPP, J.S. Origem e evolução. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenas, 2015. p. 11-18.

THOMPSON, R. Relationship between the cumulative difference and best linear unbiased predictor methods of evalauting bulls. **Animal Production**, v. 23, p.15-24, 1976.

USDA. United States Departament of Agriculture. **Approved by the World Agricultural Outlook Board**. February 9, 2016 Disponível em: <<http://www.usda.gov/oce/commodity/wasde/latest.pdf>> acesso em: 07/03/2016.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers. 363 p. 1989.

WRICKE G, WEBER WE (1986) **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. de Gruyter, Berlin.

CAPÍTULO I – EFEITO DE POPULAÇÃO F₃ NA SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS VIA MÉTODO *BLUP-SIPP* (*Selection Index with Populations and Progenies*)

RESUMO

O melhoramento genético da cultura da soja (*Glycine max* (L.) Merrill), tem sido fundamental para a sua expansão, representando incrementos significativos de produção desde a sua introdução como commodities, na década de 60, até as atuais safras. A hibridação é o principal método de melhoramento da cultura da soja e tem por finalidade, explorar a variabilidade genética existente entre os genitores, obtendo-se dessa forma, populações segregantes de onde pode-se derivar progênies, para a extração de novas linhagens, após algumas gerações de autofecundações. O método de condução de populações segregantes *bulk* dentro de progênies possui o princípio de separar a fase de endogamia e seleção, em que, progênies são geradas e conduzidas em *bulk* desde a geração F_{2:3} ou F_{3:4} e avaliados em experimentos com repetições. O processo é repetido até a geração F_{2:6} ou F_{3:6}, no qual, se obtém as linhas puras de progênies ou linhagens. No entanto, nos métodos tradicionais para a seleção de progênies, não se consideram os méritos das populações a que pertencem, mas somente aos efeitos de progênies da geração atual de seleção. O método de seleção *BLUP-SIPPPG* (BLUP associado ao esquema Bulk Dentro de Progênies e ao índice de seleção usando os efeitos de genitores, populações, progênies e gerações) engloba todos os efeitos da estrutura global do programa de melhoramento de espécies autógamas. Contudo, a seleção de progênies em gerações iniciais do programa de melhoramento reflete no uso do método com restrições de informações. Neste sentido, o objetivo no presente trabalho foi utilizar o índice *BLUP-SIPPPG* com efeitos de populações e progênies denominado de *BLUP-SIPP* (*Selection Index with Populations and Progenies*), na seleção de progênies precoces de soja com maior potencial produtivo de grãos, via índice de seleção, incluindo as informações de populações F₃ e de progênies F_{2:3}, e, ainda, avaliar a importância dos efeitos das populações no programa de melhoramento de soja visando melhorar a estimativa do ganho. Três populações foram avaliadas e cada planta F₂ foi colhida originando 204 progênies F_{2:3}. As progênies F_{2:3}, os progenitores e quatro testemunhas adicionais foram plantadas em dois locais, utilizando para cada local o delineamento experimental de

blocos incompletos desbalanceados, com três repetições. As características avaliadas foram: altura da planta na floração, número de nós na haste principal na floração, número de hastes laterais (NHL), número de dias para a maturação, ângulo de acamamento (AC), massa de cem sementes e produtividade de grãos em gramas por planta (PROD). Os dados foram submetidos à análise de modelos mistos, via software Selegen–REML/BLUP, utilizando o índice combinando informações de populações e progênies para estimar os componentes de variância e prever os valores genéticos das progênies, visando a seleção das 30 melhores progênies, por meio, do índice de seleção genético aditivo (IAG). Nas análises de deviance verificou-se que a variância associada ao efeito de população foi significativa para todos os caracteres, exceto para a AC. Já, para a associada ao efeito de progênies, apenas para a característica NHL não foi verificada significância, evidenciando assim, variabilidade genética entre e dentro de populações. Para característica PROD as herdabilidades e acurácias a nível de populações foram, respectivamente, 0,22 e 0,81, e a nível de progênies 0,05 e 0,54 e, ainda, a acurácia seletiva para obtenção de linhagens foi de 0,40. A característica PROD foi a que apresentou maior ganho com a seleção ao se utilizar o IAG e ao se comparar com as testemunhas. Assim conclui-se que: i) a adoção do método *BLUP-SIPP* na seleção de progênies de soja, contribuiu para a predição de valores genotípicos mais acurados, maximizando a eficiência de seleção de progênies ao se utilizar os índices de seleção.; ii) fornecer o entendimento da distribuição da variância genotípica entre e dentro de populações F₃; iii) a variação da população apresentou contribuição majoritária para a variância fenotípica total, na avaliação de progênies de soja F_{2:3}; iv) As progênies 58, 30 e 17 oriundas da população 2, se destacaram entre as progênies selecionadas via IAG.

Palavras-chave: Índice de Seleção; Índice multipopulações; Valor genético; Modelos mistos; *Glycine max* (L.) Merrill.

CHAPTER I - F₃ POPULATION EFFECT ON THE SELECTION OF SOYBEAN PROGENIES FOR GRAIN YIELD SELECTION VIA *BLUP-SIPP* METHOD (*Selection Index with Populations and Progenies*)

ABSTRACT

The soybean genetic improvement (*Glycine max* (L.) Merrill), has been essential to its own expansion, representing significant increase on the grain yield since its introduction as a commodity, in the 60s, until the current crops. Hybridization is the main breeding method of soybean and aims to explore the genetic variability found among the parents, obtaining thereby segregating populations from which one can derive progenies, for extracting new lines after several generations of inbreeding. The *bulk* segregating population driving method within progenies possess the principle of separating the stage of inbreeding and selection, wherein progeny is generated and conducted in *bulk* from the F_{2:3} or F_{3:4} generation and evaluated in experiments with repetition. The process is repeated until F_{2:6} or F_{3:6} generation, in which it is obtained the inbred line progenies or lineages. However, in the traditional methods for the progenies selection, it is not considered the merits of the populations to which they belong, but only current generation effects in the progeny selection. The *BLUP-SIPPPG* selection method (BLUP associated with Bulk Within progenies scheme and the selection index with parents, populations, progenies and generations effects in autogamous plant breeding) encompasses all the global structure effects of the improvement in autogamous species program. However, the progenies selection in early generations of the breeding program reflects the use of the method with information constraints. In this sense, the objective of this work was to use the *BLUP-SIPPPG* index with populations and progenies effects called *BLUP-SIPP* (Selection Index with Populations and Progeny), on the selection of early maturing soybean progenies with a higher yield grain potential via selection index, including information F₃ populations and F_{2:3} progenies, and also to evaluate the importance of the populations effects in soybean breeding program to improve the estimate of the gain. Three populations were evaluated and each F₂ plant was harvested resulting in 204 F_{2:3} progenies. The progenies, parents and four additional witnesses were planted in two locations, and it was used for each location the experimental delineation of unbalanced incomplete blocks, with three replications. The evaluated plant traits were: plant height at flowering, number of nodes on the main stem at flowering, number of lateral branches

(NLB), number of days to maturity, lodging angle (LA), hundred-seed mass and grain yield in grams per plant (PROD). Data were submitted to analysis of mixed models, via Selegen-REML/BLUP software, using the index combining information populations and progeny to estimate variance components and predict progenie's genetic value, in order to select the 30 best progenies through of additive genetic selection index (AGI). In variance analysis it was found that the variance associated with the population effect was significant for all the traits except for the LA. However, for the associated effect of progenies, only for the NLB feature the significance could not be verified, thus showing genetic variability among and within populations. To trait PROD heritabilities and accuracies on the populations level were respectively 0.22 and 0.81 and the level of progeny 0.05 and 0.54, and also the selective accuracy for obtaining lines was 0.40. The PROD trait had higher gains with selection when using the AGI compared with all the witnesses. Thus it is concluded that: i) the adoption of BLUP-SIPP method in selecting soybean progenies contributed to the prediction more accurate genotypic values, maximizing progenies selection efficiency when using the indexes selection; ii) the research provided an understanding of the distribution of genotypic variance within and between F_3 populations; iii) the variation of the population showed a major contribution to total phenotypic variance in the evaluation of soybean $F_{2,3}$ progenies; iv) the progenies 58, 30 and 17 derived from the population 2, stood out among the selected progenies by AGI.

Keywords: Selection index; *Índex multipopulation*; Mixed models; Genetic value; *Glycine max* (L.) Merrill.

INTRODUÇÃO

O melhoramento genético da cultura da soja tem sido fundamental para a sua expansão contribuindo, desde a sua introdução como commodities na década de 60 até as atuais safras brasileiras, com incrementos significativos na produção de grãos. A disponibilização de cultivares com alto potencial produtivo, ampla adaptação e elevada aceitação pelo mercado consumidor, favoreceu o crescimento contínuo da soja no Brasil.

Nos programas de melhoramento genético de soja, como na maioria daqueles de espécies autógamas, têm-se como objetivo desenvolver e identificar genótipos superiores como novos cultivares, sendo que para isso, utiliza-se hibridações artificiais entre genitores, em geral linhagens elites, como o principal método de melhoramento de plantas. A hibridação, tem por finalidade explorar a variabilidade genética existente entre os genitores, obtendo-se dessa forma, populações segregantes de onde pode-se derivar progênies, para a extração de novas linhagens, após algumas gerações de autofecundações.

A eficiência do processo seletivo está associada à exploração da variabilidade genética, de características de importância para o melhoramento, advinda de cruzamentos entre genótipos superiores, para as características em questão, e divergentes. Contudo, o que tem sido observado é uso extensivo de cultivares muito próximas geneticamente no desenvolvimento das novas cultivares, resultando no estreitamento da base genética da cultura (BERTINI et al. 2006; MIRANDA et al. 2007). Assim, a busca por metodologias mais eficientes de seleção no programa de melhoramento de soja se torna necessário para a obtenção de resultados mais contundentes na identificação de genótipos, por exemplo, com maior produção de grãos.

A característica de produção de grãos é de natureza quantitativa e os ganhos genéticos obtidos nos programas de melhoramento são associados à eficiência no processo de seleção, representando incrementos na ordem de 1 a 2% ao ano. Para caracteres quantitativos, os valores fenotípicos nem sempre estão associados aos VGAs, por conterem efeitos de blocos, parcelas e efeitos ambientais aleatórios embutidos em alguma proporção em suas estimativas (RESENDE, 2007a). Nesse caso, é importante a utilização de metodologias que otimizem o uso da informação disponível, para que se

possa classificar as progênies o mais próximo possível da classificação que seria obtida com os verdadeiros VGAs (WHITE e HODGE, 1989).

O procedimento mais preciso de predição de valores genéticos, para o processo de seleção, é o BLUP (melhor predição linear não viesada), com uso de componentes de variância estimados via REML (máxima verossimilhança restrita). O uso de modelos mistos do tipo REML/BLUP é fundamental para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos, tanto intra quanto interpopulacionalmente (RESENDE, 2002). Mesmo em condições de experimentos desbalanceados, essa abordagem permite a predição acurada e não viesada dos valores genéticos, propicia informações específicas sobre o mérito da progênie, de indivíduos nas progênies e considera até mesmo o ambiente da repetição onde está localizado um indivíduo (RESENDE, 2007c).

Na avaliação de progênies $F_{2:3}$, oriundas do método BDP, deve-se levar em consideração as informações de populações e de progênies, visto que a probabilidade de obtenção de progênies superiores dentro de populações superiores, é elevada. Alguns programas de melhoramento da soja usam o método BDP e abrem progênies em F_2 ou F_3 . Nesse caso não há informação de plantas individuais mas há informações de populações. Uma vez que existem populações melhores do que outras, suas progênies devem receber maior peso na seleção. O índice ótimo (BLUP), combinando informações de populações e progênies via o método BDP (método *BDP-BLUP Multigerações*), para a seleção dentro de uma ou várias gerações foi desenvolvido por Resende et al. (2015a). Neste método, o autor utiliza a genealogia completa associada a condução da população via BDP, por meio dos efeitos de populações e progênies.

Nos métodos tradicionais a seleção de progênies é realizada desconsiderando os méritos das populações a que pertencem (RESENDE, 2014). Resende et al. (2015b) propuseram o método de seleção *BLUP-SIPPPG* (BLUP associado ao esquema Bulk Dentro de Progênies e ao índice de seleção usando os efeitos de genitores, populações, progênies e gerações). O método *BLUP-SIPPPG* foi desenvolvido para abarcar toda a estrutura de um programa de melhoramento de plantas autógamas, incluindo todos os dados desde os pais, a geração F_1 e F_2 e também tanto os efeitos de progênies quanto de populações e gerações endogâmicas a partir de F_3 . Contudo, a seleção de progênies em gerações iniciais do programa de melhoramento reflete no uso do método com restrições de informações.

Diante do exposto, o presente trabalho objetivou-se selecionar progênies para as características de produtividades de grãos de soja, via índice de seleção, incluindo as informações de populações F_3 e de progênies $F_{2:3}$, e, ainda, avaliar a importância dos efeitos das populações no programa de melhoramento de soja visando melhorar a estimativa do ganho. Utilizou-se, para isso, o método *BLUP-SIPPPG* com efeitos de populações e progênies denominado de *BLUP-SIPP (Selection Index with Populations and Progenies)*.

MATERIAL E MÉTODOS

Material genético

Dentre as cultivares disponíveis no mercado que possuem folhas estreitas e vagens com quatro grãos, a TMG123 se destaca entre as principais em uso, principalmente no cerrado brasileiro. A cultivar M7211 se destaca por ser uma cultivar de ciclo precoce e crescimento indeterminado. Já a cultivar M7908 se apresenta mais tardia e de crescimento determinado. Dentre as cultivares de destaque desenvolvidas pelo setor público, a UFVS Citrino e UFVS Turqueza, pertencentes a Universidade Federal de Viçosa, ambas apresentam excelente potencial produtivo de grãos, entretanto, são cultivares pouco exploradas no âmbito da pesquisa e extensão. É de se esperar, progênies com características distintas e desejáveis obtidas por meio das combinações entre essas cultivares.

Do cruzamento entre as cinco cultivares de soja (TMG123RR, M7211RR, UFVS Citrino RR, UFVS Turqueza RR e M7908RR) foram obtidas três populações F_1 , especificadas na Tabela 1, as quais foram autofecundadas originando as populações F_2 compostas de 72 plantas para cada uma das populações 1 e 2, e 60 plantas para a população 3. Cada planta F_2 foi colhida em separado para a obtenção das progênies $F_{2:3}$.

Condução experimental

A condução dos ensaios ocorreu no ano agrícola de 2015, perfazendo até meados de março de 2016, nas Unidades de Ensino, Pesquisa e Extensão (UEPE) pertencentes à Universidade Federal de Viçosa: Diogo Alves de Mello (latitude 20°45'14''S, longitude 42°52'55''W e altitude de 648 metros), denominada de local 1; e, Horta Nova (latitude

20°45'45" S; longitude 42°49'27" W, a 647 m de altitude) no distrito São Jose do Triunfo, denominada de local 2. Ambas unidades experimentais estão localizadas no município de Viçosa, Minas Gerais.

Tabela 1. Relação das populações segregantes de soja, número total de progênies F_{2:3} avaliadas por população e distribuição dessas populações nos blocos experimentais em cada local de avaliação, Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão Diogo Alves de Mello (local 1) e Horta Nova (local 2).

População ¹	Número de progênies F _{2:3} avaliadas	Distribuição de progênies F _{2:3} avaliadas em cada bloco experimental		
		BI	BII	BIII
Local 1				
1	72	72	71	66
2	72	72	71	71
3	60	60	50	37
Local 2				
1	72	72	51	32
2	71	71	71	63
3	59	59	24	7

¹ População 1: TMG 123 RR/M7211 RR; População 2: UFVS CITRINO RR/UFVS TURQUEZA RR; População 3: M7908 RR/M7211 RR.

Em outubro de 2015, na ocasião da implantação dos ensaios, além das progênies F_{2:3}, os progenitores e as cultivares MG/BR 46 (Conquista), TMG 7262RR, TMG1168RR e M9144RR foram plantados como testemunhas com objetivo de corrigir e ajustar a variância ambiental entre e dentro de populações e comparar com as progênies selecionadas quanto aos aspectos agronômicos de interesse.

Devido ao desbalanceamento gerado na avaliação das progênies em cada local, por motivo de baixa disponibilidade de sementes (Tabela 1), o delineamento de blocos incompletos (DBI) desbalanceados foi adotado com três repetições experimentais. A parcela experimental foi composta por uma linha de 1,5 m de comprimento, espaçadas em 0,60 m e a densidade de plantio adotada foi de 256 mil plantas ha⁻¹.

A adubação foi realizada com base na análise de solo e recomendação da cultura. Foram realizadas todas as operações de manejo conforme as exigências da cultura. O controle de pragas, doenças e plantas daninhas foi feito de forma preventiva e à medida que se fizeram necessário. Os demais tratamentos culturais seguiram as recomendações técnicas para cultivo da soja (SEDIYAMA, 2015).

As características avaliadas foram:

- a) Número de dias para a maturação (NDM) - número de dias contados desde a emergência até quando mais de 50% das plantas na parcela atingiram o estágio R8 definido por Fehr & Caviness (1977);
- b) Altura média das plantas em floração plena (APF) - Distância, em centímetro, da superfície do solo até a extremidade da haste principal de cinco plantas tomadas ao acaso dentro da parcela no estágio R2 definido por Fehr & Caviness (1977);
- c) Número médio de nós na haste principal das plantas em floração plena (NNHPF) - número de nós contados a partir da folha unifoliolada até o último nó da haste principal de cinco plantas tomadas ao acaso dentro da parcela no estágio R2;
- d) Ângulo médio de acamamento (AC) - ângulo médio entre a haste principal de cinco plantas tomadas ao acaso dentro da parcela e a superfície do solo, avaliado no campo no estágio R8;
- e) Número médio de hastes laterais das plantas (NHL) - número de hastes laterais contidas em toda extensão da haste principal de cinco plantas tomadas ao acaso dentro da parcela no estágio R8;
- f) Massa de cem sementes (MCS) - massa, em gramas, de uma amostra de 100 sementes da parcela, obtida após a colheita; e,
- g) Produtividade em gramas por planta (PROD) – produção média, em gramas por planta, baseada na razão entre a massa total de sementes e o número de plantas vivas da parcela (taxa de sobrevivência). Essa razão pôde ser realizada devido à análise previa e posterior verificação da ausência de variabilidade genética entre as progênies para a característica número de plantas vivas, ou seja, o efeito de estande para as progênies foi não significativo, logo concluiu-se que as diferenças entre parcelas foram atribuídas aos efeitos ambientais.

Análises genético-estatísticas

De posse das informações fenotípicas e com auxílio do programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2007b) utilizou-se, para estimar os parâmetros genéticos e ambientais, e para predizer os valores genéticos das progênies $F_{2:3}$. O procedimento adotado no programa para a predição dos valores genéticos foi o BLUP, com uso das estimativas de variâncias obtidas pelo REML (RESENDE, 2007a).

O programa Selegen-REML/BLUP foi utilizado para estimar os componentes de variância e prever os valores genéticos das progênes, e possui a seguinte descrição: $y = Xr + Zf + Wi + Sp + \varepsilon$, em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos fixos (repetição, local) somados à média geral; f é o vetor dos efeitos de progênes $F_{2:3}$ (aleatórios), em que, $f \sim N(0, I\sigma_f^2)$; i é o vetor dos efeitos de interação progênie x local (aleatórios), em que, $i \sim N(0, I\sigma_i^2)$; p é o vetor dos efeitos de população (aleatórios), em que, $p \sim N(0, I\sigma_{pop}^2)$; e, ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), sendo que $\varepsilon \sim N(0, I\sigma_e^2)$. As letras maiúsculas (X, Z, W e S) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos r, f, i e p , respectivamente.

As equações de modelo misto para a predição de $r, f, i, e p$ equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{f} \\ \hat{i} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'S \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda & Z'W & Z'S \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'S \\ S'X & S'Z & S'W & S'S + I\lambda_3 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ S'y \end{bmatrix}$$

Em que,

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{prog}^2} = \frac{1 - h^2 - c_{pop}^2 - c_{int}^2}{h^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_i^2} = \frac{1 - h^2 - c_{pop}^2 - c_{int}^2}{c_{int}^2}; e \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{pop}^2} = \frac{1 - h^2 - c_{pop}^2 - c_{int}^2}{c_{pop}^2}$$

Sendo, σ_e^2 , σ_{prog}^2 , σ_i^2 , σ_{pop}^2 a variância residual, variância entre progênes, variância do efeito de interação e variância do efeito de população, respectivamente; e h^2, c_{pop}^2 e c_i^2 a herdabilidades a nível de média de progênes $F_{2:3}$, coeficiente de determinação do efeito de populações e coeficiente de determinação do efeito de interação, respectivamente.

Sob esse modelo o valor genotípico das progênes foi determinado pelo método *BLUP-SIPP*, considerando apenas as frações referentes às populações e às progênes dentro de populações, como se segue: $VG_{ij} = u + f_{i/j} + p_j$, em que: VG_{ij} é o valor genotípico da progênie i dentro da população j ; u é a média geral; $f_{i/j}$ é o efeito da progênie i dentro da população j ; e, p_j é o efeito da população j .

Seleção de progênes

Segundo Resende et al. (2015b), o índice ótimo (*BLUP-SIPP*), combinando informações de populações e progênes para a seleção dentro de uma geração é dado por:

$$I = b_1(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + b_2(Y_{.j.} - \bar{Y}_{i..}) = \frac{\rho_p \sigma_{aT}^2}{\rho_p \sigma_{aT}^2 + \rho_{gd} \sigma_{aT}^2 / f + \sigma_e^2 / (fb)} (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + \frac{\rho_{gd} \sigma_{aT}^2}{\rho_{gd} \sigma_{aT}^2 + (\sigma_e^2 / b) - \rho_p \sigma_{aT}^2} (Y_{.j.} - \bar{Y}_{i..})$$

$$= \frac{f b \rho_p h_{aT}^2}{(1 + F^* h_{aT}^2) + (b-1) \rho_{gd} h_{aT}^2 + (fb-1) \rho_p h_{aT}^2} (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + \frac{b \rho_{gd} h_{aT}^2}{1 + F^* h_{aT}^2 + (b-1) \rho_{gd} h_{aT}^2 - \rho_p h_{aT}^2} (Y_{.j.} - \bar{Y}_{i..})$$

em que σ_e^2 é a variância residual (dentro de populações) e ρ_{gd} é a correlação genética intraclasse entre indivíduos das progênes dentro de população na geração g. As quantidades $Y_{.j.}$, $\bar{Y}_{i..}$ e $\bar{Y}_{...}$ são valores de médias de progênes, de médias de população e média geral, respectivamente, b é o número de repetições e f é o número de famílias por população. Tem-se ainda as definições:

h_{aT}^2 : herdabilidade total entre e dentro de populações.

$\rho_p = \frac{\sigma_{pop}^2}{\sigma_{aT}^2}$: proporção da variação genética total ($\sigma_{aT}^2 = \sigma_{pop}^2 + \sigma_a^2$) devida à variação entre populações (σ_{pop}^2), em que σ_a^2 é a variação genética aditiva média dentro de população.

$F^* = \frac{F_{IT}(1 + F_{ST}) - 2F_{ST}}{(1 + F_{ST})}$: F de um indivíduo na geração g, corrigido para o F entre populações;

$\rho_{gd} = \frac{(1 + F_{IT}^*)}{(1 + F_{ST})}$; $F_{IT}^* = (1 - F_{ST})F_{IS}$; $F_{ISg} = 0.00; 0.50; 0.75; 0.875; 0.9375$, para F₂, F₃, F₄, F₅ e F₆,

respectivamente. Define-se ainda o coeficiente de endogamia devido à estruturação em populações: $F_{ST} = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + 2\sigma_a^2}$.

A quantidade $(1 + F_{IT}^*)$ é o coeficiente da variância genética aditiva entre progênes e baseia-se na em C_{tgg} , conforme notação de Cockerham (1963), em que os índices g, t e g' são referentes às gerações atuais, precedente e qualquer geração posterior a g, respectivamente.

A estimação de σ_a^2 usando dados apenas da geração F₃ implica assumir 0,25 σ_d^2 tendendo a zero (ausência de dominância alélica) na variação entre progênes (COCKERHAM, 1954; RESENDE 2014). Entretanto, mesmo sem esta suposição, a presença desta pequena fração da variância de dominância (σ_d^2) não deverá afetar o ranking pelo BLUP, pois tal variância estará incluída (0,125 σ_d^2) também no numerador

do peso (b_1) dado ao componente dentro de linhagem, ao se obter 0,50 da variância genética entre linhagens no numerador de b_1 (RESENDE, 2007a).

Análise de deviance

O teste da razão de verossimilhança (LRT), denominado de análise de deviance (ANADEV), para os efeitos aleatórios foi realizado considerando o modelo adotado, conforme relatado por Resende (2015b). A ANADEV é uma estatística derivada da razão entre as verossimilhanças do modelo completo, em relação ao modelo sem o efeito que se deseja testar (modelo reduzido). Para testar a significância dessa razão utilizou-se o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, pois estas estimativas tendem a ter este tipo de distribuição.

Índice de seleção

Para realizar a seleção de progênies, a fim de, conseguir ganhos genéticos entre as combinações ótimas das sete características, utilizou-se o índice aditivo genético (IAG). Para tal, foi utilizado os valores genéticos preditos para as progênies, conforme definido por RESENDE (2007b).

Para a estruturação do IAG, os valores genéticos foram padronizados, definiu-se os pesos para cada característica e estabeleceu-se a direção para a seleção de cada característica, sendo que, apenas para a característica NDM o objetivo da seleção foi para valores “menores”, ou seja, para a seleção de genótipos mais precoces. Após a definição da direção de seleção, os valores genotípicos para cada progênie, ponderados pelos pesos pré-estabelecidos para cada característica, foram somados e diminuídos (neste trabalho apenas para a característica NDM), gerando o valor do IAG e, posteriormente, ordenados de forma decrescente.

O peso econômico foi estabelecido conforme proposto por Viana e Resende (2014) a partir das correlações genotípicas entre as características, em que, a característica principal adotada foi a PROD. O estimador do peso econômico é dado por:

$$W_i = \frac{r_{g_{ij}}}{\sum_{j=1}^n r_{g_{ij}}} ;$$

em que: W_i é o peso econômico para a característica i ; r_{gij} é a correlação genética entre as características i e j , sendo j a característica principal adotada; e n é o total de caracteres em estudo.

Realizou-se a seleção das 30 melhores progênies, perfazendo uma intensidade de seleção de 15%.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Controle genético e componentes da variância

Foi observado efeito significativo a partir das análises de deviance para variação genética entre populações em todas as características ($p \leq 0,01$), exceto para a variável AC (Tabela 2). Contudo, para a análise associada ao efeito de progênies, apenas para a característica NHL não foi verificada significância. Assim, para as características significativas, os respectivos componentes de variância genética foram significativamente diferentes a zero, evidenciando a existência de variabilidade genética e, conseqüentemente, a possibilidade de seleção entre e dentro de populações via o método *BLUP-SIPP*, utilizando, no caso deste trabalho, informações apenas de populações e de progênies.

Pelas análises de deviance observou-se efeito de progênies x locais significativos pelo teste de qui-quadrado para todos os caracteres (Tabela 2). Estes resultados indicam que os fatores ambientais exerceram grande influência na expressão desses caracteres. Verificou-se também, que as estimativas de correlação genotípica entre os ambiental (r_{gg}) variam de acordo com o caractere analisado.

Segundo Cruz et al. 2012, a interação genótipo x ambientes ocorre quando há respostas diferenciais dos genótipos em relação a variação do ambiente. Para as variáveis NDM, APF, NNHPF e MCS, o efeito da interação progênies x locais foi significativo, e as estimativas do coeficiente de correlação genética entre os ambientes (r_{gg}) foram de altas magnitudes (0,95, 0,96, 0,95 e 0,90, respectivamente), indicando que essa interação é do tipo simples, não constituindo um problema para a seleção, permitindo assim, a identificação de progênies superiores nos ambientes considerados (Tabela 2).

As variáveis AC e PROD, foram significativas a 1% de probabilidade, sendo o valor do r_{gg} de menor magnitude (0,62 e 0,72 respectivamente). Esses resultados indicam

que a variação ambiental influenciou de maneira desigual a expressão de diferentes genes nas progênies que controlam as variáveis ângulo médio de acamamento e produção de grãos por plantas.

Tabela 2. Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (Likelihood Ratio Test - LRT) para os efeitos de populações (Pop), de progênies (Prog) e da interação progênies locais (Prog x L), além da correlação genética entre os ambientes (r_{gg}), estimados via método *BLUP-SIPP*, para as características maturação (NDM), altura média das plantas na floração (APF), número médio de nós na haste principal na floração (NNHPF), ângulo médio de acamamento (AC), número médio de hastes laterais (NHL), massa de cem sementes (MCS) e produtividade em gramas por planta (PROD) em progênies segregantes de soja.

Características	BLUP-SIPP			
	Pop	Prog	Prog x L	r_{gg}
NDM	103,39**	78,13**	3,53*	0,95
APF	178,50**	57,79**	3,62*	0,96
NNHPF	193,54**	64,08**	7,17**	0,95
AC	2,58 ^{NS}	30,80**	24,78**	0,62
NHL	27,98**	1,11 ^{NS}	12,19**	0,45
MCS	174,62**	27,76**	19,54**	0,90
PROD	96,72**	3,05*	10,65**	0,72

Significativo a **P = 0,01, *P = 0,1, e NS não-significativo pelo teste χ^2

A variável NHL apresentou baixa magnitude do efeito de correlação genética entre os ambientes ($r_{gg} = 0,45$), e o efeito da interação progênies x locais foi significativo, indicando que os fatores ambientais exerceram grande influência na expressão desse caractere. Os valores encontrados de r_{gg} para esta variável, qualifica o tipo predominante de interação progênies x locais como complexa, ou seja, o comportamento dos genótipos é diferencial nos ambientes avaliados, tornando mais difícil a seleção e/ou sua recomendação (CRUZ et al. 2012).

De acordo com Ramalho et al. (2013), o sucesso na seleção de progênies superiores está intrinsecamente ligado à experimentação adequada, pois para a análise estatística resultar em boas previsões de BLUP, é indispensável que haja boas estimativas dos componentes de variância.

Os resultados obtidos para as variâncias estimados pelo REML, demonstraram que a variação da população (V_{pop}) apresentou contribuição de maior magnitude no efeito da variância fenotípica total para todos os caracteres avaliados, com exceção de

AC, em que, não apresentou variabilidade genética entre as populações, ao se realizar a análise de deviance. O estudo da distribuição da variância genética entre e dentro de populações no início do programa de melhoramento de soja, possibilita melhores precisões para se inferir a respeito da herdabilidade genotípica. Os altos valores encontrados de variância entre população nas análises, indicam que os efeitos de populações possuem pesos consideráveis para a seleção de progênies, resgatando informações que possibilitam melhorar a acurácia seletiva.

Os efeitos de populações utilizados no índice, ocorre quando a variação genética total é reduzida dentro de populações, ditada pela fração $(1 - F_{ST})\sigma_{a0}^2$, possibilitando estimar a VGA dentro da população por meio de $\sigma_a^2 = (1 - F_{ST})\sigma_{a0}^2$ nas sucessivas gerações de autofecundações. Portanto, mesmo sem considerar a matriz de parentesco completo (*pedigree*) dos indivíduos das populações, pode-se prever os VGAs.

A variação ambiental (V_e) também apresentou valores de contribuições significativas para a variância fenotípica total considerando as características AC, NHL e PROD. Estes valores indicam que, quando se trata de caracteres que envolvem maiores números de genes (poligênicas), a influência ambiental se apresenta de forma mais pronunciada (RAMALHO et al. 2012), resultando em estimativas de herdabilidades de baixas magnitudes, conforme apresentado na Tabela 3.

Contudo, as herdabilidades a nível de populações estimadas para todos os caracteres, com exceção da variável AC, possibilitou alta precisão na seleção de populações, com acurácia seletiva entre 81,40 a 79,57%, consideradas todas de magnitude alta, sendo a variável AC de magnitude moderada (68,42%), de acordo com Resende & Duarte (2007a). Fato esse que foi justificado pela natureza dos valores das herdabilidades (h^2_{pop}) variando de 8% a 57% e da variância genética entre as populações. Para essas características a possibilidade de identificação de populações superiores é maior.

Herdabilidades de progênies de baixa magnitude (h^2_{prog}) podem ser interpretadas como informação adicional às herdabilidades entre populações, quando o método *BLUP-SIPP* é usado. Assim, as herdabilidades de progênies observadas no presente trabalho, em comparação às herdabilidades a nível de populações, foram menores, exceto para a característica AC (Tabela 3). Esses valores contribuíram para demonstrar a eficiência em

se considerar os efeitos de populações na seleção de progênies $F_{2:3}$ como preconizado pelo método.

Os valores de acurácia na seleção de progênies, apresentados na Tabela 3, variaram de moderado a alto. Para as características NHL e PROD, com valores de acurácia de 54,04 e 54,48%, respectivamente, apresentaram os menores valores de herdabilidades dentre as características avaliadas.

A Tabela 3, informa também, as acurácias ($r_{aa\infty}$) visando a inferência sobre os valores genéticos das futuras linhagens na geração F_{∞} . Todas as variáveis apresentaram valores esperados de acurácias para linhagens menores em relação aos valores de acurácia na seleção atual de progênies, exceto para a variável AC, em que, não houve variação significativa. Esses resultados eram esperados, uma vez que, os valores de acurácia para linhagens, são baseadas a partir dos cálculos dos pesos entre populações ($2F_{ST}\sigma_{a0}^2$) e de dentro de progênies $\{(1-F_{ST})\sigma_{a0}^2\}$ pelo total $(1+F_{ST})$. Logo, ao se obter a variação genética total ($2\sigma_{a0}^2$) projetadas para F_{∞} , a confiabilidade de seleção diminui à medida que aumenta a taxa de endogamia entre e dentro de populações. Esses resultados são importantes nos estágios iniciais do ciclo de seleção, ocasiões essas em que ainda não se dispõe de informações de gerações mais avançadas.

O coeficiente de variação genética individual (CVgi) quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção e, portanto, altos valores são desejáveis. Neste estudo, os valores de CVgi_e apresentados na tabela 3, demonstraram situação favorável para o processo de seleção para as características APF, NNHPF, MCS e PROD entre populações. Os valores dos coeficientes de variação genético dentro de populações, ou seja, de progênies (CVgi_d) apresentaram inferiores, exceto para a variável AC (19,19%), em que coincidiu com os resultados esperados dos efeitos de significâncias da análise de deviance. Entretanto, pode-se observar efeito de variância genética expressiva dentro de populações, principalmente para as variáveis NDM e NHL.

Tabela 3. Estimativa de variância e parâmetros genéticos estimados para os caracteres número de dias para a maturação (NDM), altura da planta na floração (APF), número de nós na haste principal na floração (NNHPF), ângulo de acamamento (AC), número de hastes laterais (NHL), massa de cem sementes (MCS) e produtividade em gramas por planta (PROD) avaliados em progênies segregantes de soja.

Parâmetros ¹	NDM	APF	NNHPF	AC	NHL	MCS	PROD
Vpop	37,02	109,31	2,65	7,10	0,09	5,08	18,09
Vint	3,28	6,18	0,16	71,4	0,16	0,72	8,55
Vprog	25,95	33,38	0,75	108,45	0,04	1,13	4,19
Ve	35,15	65,57	1,12	253,7	0,86	2,85	50,95
Vf	101,40	214,44	4,68	440,66	1,14	9,77	81,78
h2pop	0,37±0,05	0,51±0,06	0,57±0,07	0,02±0,01	0,08±0,02	0,52±0,06	0,22±0,04
c2int	0,03	0,03	0,03	0,16	0,14	0,07	0,10
h2prog	0,26	0,16	0,16	0,25	0,04	0,12	0,05
r _{aapop}	0,81	0,81	0,81	0,68	0,80	0,81	0,81
r _{aaprog}	0,81	0,78	0,80	0,69	0,54	0,74	0,54
r _{aa∞}	0,65	0,59	0,60	0,67	0,42	0,55	0,40
CV _{gi_e}	4,34	17,52	12,25	4,91	8,16	12,28	17,45
CV _{gi_d}	3,63	9,68	6,49	19,19	5,58	5,78	8,40
CV _{r_e}	1,03	1,29	1,54	0,17	0,32	1,34	0,60
CV _{r_d}	0,86	0,71	0,82	0,65	0,22	0,63	0,29
CV _e	4,23	13,57	7,96	29,35	25,65	9,20	29,29
Média Prog.	142,37	61,41	13,81	53,55	3,63	18,23	27,22
Média Test.	139,98	59,48	13,23	54,35	3,61	18,37	24,37

¹Vpop: Variância entre populações; Vint: Variância da interação (progênies x local); Vprog: Variância entre progênies, não ajustada para variância genética aditiva total; Ve: variância ambiental; Vf: variância fenotípica individual; h2pop = Herdabilidade da população; c2int = Coeficiente de determinação dos efeitos da interação; h2prog = Herdabilidade entre progênies, não ajustado para variância genética aditiva total; r_{aapop} = acurácia seletiva para populações; r_{aaprog} = acurácia seletiva para progênies; r_{aa∞} = acurácia seletiva para seleção de linhagens na geração F_∞; CV_{gi_e} = Coeficiente de variação genotípica entre populações; CV_{gi_d} = Coeficiente de variação genotípica dentro populações; CV_{r_d} = Coeficiente de variação relativa dentro de populações; CV_{r_e} = Coeficiente de variação relativa entre populações; CV_e = Coeficiente de variação residual.

O coeficiente de variação experimental (CV_e) representa a precisão que o experimento foi conduzindo, sendo de natureza estatística e não genética. As precisões experimentais oscilaram de 4,23 para NDM a 29,35% para AC. Tentativas de classificação do CV_e são comuns na literatura. Pimentel-Gomes e Garcia (2002), ao analisar dados experimentais de campo, classificaram como baixo os coeficientes abaixo

de 10%; médios de 10 a 20%; altos de 20 a 30% e muito altos acima de 30%. No entanto, essa classificação não é adequada ao se considerar as particularidades de cada cultura nem a natureza do caráter sob avaliação (GARCIA, 1989; SCAPIM et al. 1995; COSTA et al. 2002). Scapim et al. (1995) também conclui que, a eficiência do CVe é influenciada pelas condições edafoclimáticas e o ciclo reprodutivo da cultura.

A razão entre CV_{gi} e o CVe permite obter o coeficiente de variação relativa (CV_r%), cujo valor pode indicar uma situação favorável à seleção, se superior a 1,0 (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992), e propiciar inferências com alta acurácia e precisão (RESENDE & DUARTE, 2007c). Para os caracteres NDM, APF, NNHPF e MCS, o valor do coeficiente de variação relativo entre populações (CV_{r_e}) foi superior a 1,0, indicando grande possibilidade de sucesso com a seleção de populações. No entanto, para os valores de CV_{r_d}, nenhuma característica alcançou valores superiores desejáveis para seleção, de acordo com os critérios adotados (Tabela 3). Isso demonstra que, para valores de CV_r abaixo de 1,0, a variação fenotípica observada foi mais influenciada por causas ambientais do que genéticas. Portanto, deve-se ressaltar a importância dos efeitos de populações na seleção de progênies F_{2:3}, por meio das estimativas de ganho genéticos mais acurados.

Seleção de progênies

Quando se analisa o efeito de tratamentos, tomando-os como aleatórios, os testes de comparações múltiplas entre médias de tratamentos não devem ser utilizados, uma vez que estes testes são derivados de uma suposição de efeitos fixos de tratamentos e, também, porque produzem inferências sobre médias fenotípicas e não médias genotípicas (RESENDE, 2004). O que se obtém da análise de modelos mistos é um ordenamento decrescente dos genótipos, de acordo com seus valores genéticos (DUARTE & VENCOVSKY, 2001) corrigidos e penalizados, pela ocorrência de efeitos ambientais. Desta forma, são classificados e selecionados os genótipos com maiores valores genéticos (VGAs), os quais, podemos inferir sobre as informações dos caracteres estudados, indicando assim, as melhores progênies respectivamente.

As Tabelas 4 e 5, apresentam os valores dos efeitos genéticos das 30 melhores progênies F_{2:3} para cada característica avaliada. Verificou-se que, para todas as características, foi possível obter ganhos genéticos. Considerando a característica PROD,

a seleção das 30 melhores progênies favoreceu o ganho de 5,33 g planta⁻¹. Esses resultados, evidenciam a variabilidade genética entre as populações e entre progênies.

Tabela 4. Efeito genético aditivo (g) e ganho genético acumulado (G.A.) preditos para seleção de 30 progênies F_{2:3} de soja superiores (Prog) e suas respectivas populações (Pop), para as características número de dias para maturação (NDM), altura da planta na floração (APF), número de nós da haste principal na floração (NNHPF) e ângulo médio de acamamento (AC).

NDM				APF				NNHPF				AC			
Pop	Prog	g	G.A.	Pop	Prog	g	G.A.	Pop	Prog	g	G.A.	Pop	Prog	g	G.A.
1	19	-15,9	-15,90	2	71	21,94	21,94	2	24	2,46	2,46	2	10	15,21	15,21
1	40	-15,78	-15,84	2	24	19,72	20,83	2	44	2,36	2,41	2	46	15,21	15,21
1	68	-14,76	-15,48	2	29	16,90	19,52	2	71	2,29	2,37	2	48	15,21	15,21
1	18	-14,74	-15,29	2	42	16,69	18,81	2	26	2,28	2,35	1	59	15,13	15,19
1	59	-14,45	-15,12	2	32	16,55	18,36	2	67	2,28	2,33	5	37	14,72	15,09
1	47	-14,33	-14,99	2	60	16,46	18,04	2	49	2,24	2,32	5	27	14,11	14,93
1	29	-14,12	-14,87	2	59	16,45	17,81	2	17	2,24	2,31	2	58	13,46	14,72
1	57	-13,84	-14,64	2	17	16,45	17,64	2	30	2,21	2,29	1	57	13,35	14,55
1	21	-13,84	-14,74	2	45	15,98	17,46	2	38	2,21	2,28	5	59	12,66	14,34
1	15	-13,71	-14,55	2	6	15,91	17,31	2	35	2,19	2,28	5	8	12,22	14,13
1	69	-13,33	-14,27	2	70	15,54	17,14	2	3	2,16	2,26	1	55	11,77	13,91
1	55	-13,33	-14,34	2	21	15,54	17,01	2	31	2,16	2,26	5	10	11,72	13,73
1	17	-13,33	-14,44	2	49	15,51	16,90	2	22	2,11	2,25	2	50	11,72	13,57
1	22	-13,07	-14,18	2	10	15,26	16,78	2	55	2,11	2,24	2	39	11,72	13,44
1	61	-12,63	-14,08	2	52	15,24	16,68	2	66	2,11	2,23	2	63	11,70	13,33
1	36	-11,97	-13,94	2	4	15,16	16,58	2	42	2,09	2,22	1	62	10,63	13,16
1	60	-11,27	-13,79	2	51	15,07	16,49	2	16	2,09	2,21	5	23	10,62	13,01
1	52	-10,50	-13,60	2	7	14,83	16,40	2	69	2,06	2,20	1	52	10,40	12,86
5	57	-9,59	-13,39	2	33	13,96	16,27	2	9	2,04	2,19	1	60	10,06	12,72
5	55	-9,54	-13,20	2	55	13,54	16,14	2	23	2,04	2,19	2	62	9,97	12,58
1	62	-9,04	-13,00	2	30	13,26	16,00	2	50	2,01	2,18	2	68	9,97	12,45
1	72	-9,04	-12,82	2	22	12,91	15,86	2	53	2,01	2,17	2	4	9,97	12,34
1	63	-8,87	-12,65	2	20	12,81	15,73	2	46	2,01	2,16	2	7	9,97	12,24
5	26	-8,70	-12,49	2	54	12,77	15,60	2	52	1,99	2,16	2	2	9,97	12,14
5	42	-8,70	-12,33	2	23	12,63	15,48	2	2	1,99	2,15	2	21	9,97	12,06
1	71	-8,36	-12,18	2	44	12,58	15,37	2	5	1,99	2,14	2	29	9,97	11,98
5	35	-8,26	-12,04	2	14	12,53	15,27	2	59	1,97	2,14	2	66	9,67	11,89
5	27	-8,24	-11,90	2	18	12,39	15,16	2	36	1,94	2,13	5	31	8,87	11,78
1	26	-8,17	-11,77	2	50	12,09	15,06	2	58	1,92	2,12	5	49	8,74	11,68
1	53	-8,04	-11,65	2	58	12,06	14,96	2	43	1,89	2,12	2	55	8,23	11,56

Tabela 5. Efeito genético aditivo (g) e ganho genético acumulado (G.A.) preditos para seleção de 30 progênies F_{2:3} de soja superiores (Prog) e suas respectivas populações (Pop), para as características número médio de hastes laterais por planta (NHL), massa de cem sementes (MCS) e produtividade em gramas por planta (PROD).

NHL				MCS				PROD			
Pop	Prog	g	G.A.	Pop	Prog	g	G.A.	Pop	Prog	g	G.A.
5	33	0,44	0,44	5	21	4,41	4,41	2	30	7,27	7,27
5	30	0,39	0,41	5	7	4,40	4,40	2	6	6,77	7,02
5	12	0,38	0,4	5	18	3,80	4,20	2	5	5,91	6,65
5	1	0,37	0,39	5	9	3,60	4,05	2	29	5,82	6,44
5	11	0,37	0,39	5	29	3,53	3,95	2	57	5,81	6,31
5	64	0,36	0,39	5	37	3,53	3,88	2	7	5,61	6,20
5	31	0,36	0,38	5	55	3,42	3,81	2	72	5,51	6,10
5	5	0,36	0,38	5	22	3,39	3,76	2	14	5,50	6,02
5	13	0,36	0,38	5	10	3,39	3,72	2	34	5,43	5,96
5	28	0,35	0,37	5	6	3,36	3,68	2	46	5,37	5,90
5	24	0,34	0,37	5	71	3,36	3,65	2	17	5,34	5,85
5	67	0,33	0,37	5	54	3,33	3,63	2	35	5,28	5,80
5	43	0,33	0,36	5	67	3,27	3,60	2	42	5,24	5,76
5	45	0,32	0,36	5	3	3,26	3,58	2	58	5,22	5,72
5	44	0,32	0,36	5	50	3,24	3,55	2	3	5,17	5,68
5	60	0,32	0,36	5	62	3,21	3,53	2	36	5,17	5,65
5	62	0,31	0,35	5	69	3,18	3,51	2	62	5,15	5,62
5	4	0,31	0,35	5	26	3,04	3,48	2	21	5,14	5,59
5	14	0,30	0,35	5	42	2,99	3,46	2	39	5,10	5,57
5	56	0,30	0,35	5	25	2,98	3,43	2	8	5,08	5,54
5	20	0,29	0,34	5	20	2,92	3,41	2	43	5,07	5,52
5	57	0,29	0,34	5	44	2,91	3,39	2	12	4,99	5,50
5	71	0,29	0,34	5	68	2,90	3,37	2	52	4,98	5,47
5	18	0,28	0,34	5	51	2,87	3,35	2	4	4,89	5,45
5	70	0,28	0,33	5	35	2,86	3,33	2	37	4,87	5,43
5	16	0,28	0,33	5	56	2,82	3,31	2	11	4,87	5,41
2	43	0,28	0,33	5	63	2,77	3,29	2	66	4,86	5,39
5	37	0,28	0,33	5	17	2,72	3,27	2	18	4,86	5,37
5	61	0,27	0,33	5	64	2,71	3,25	2	2	4,86	5,35
5	66	0,27	0,32	5	49	2,67	3,23	2	27	4,81	5,33

Contudo, em programas de melhoramento, a identificação de progênies superiores se dá pela seleção simultânea para todas as características, visto que essa maximiza os ganhos ótimos de cada característica, de acordo com o critério de ganhos por seleção adotado pelo melhorista.

Segundo Resende (2002), o índice baseado em valores genéticos predito pelo procedimento BLUP multivariado possui a maior acurácia seletiva entre os diversos índices adotados. O BLUP multivariado trabalha com os valores genotípicos preditos e não com valores fenotípicos, pois além de ponderar os valores fenotípicos, usa as

herdabilidades dos vários caracteres, e, capitaliza também, os benefícios da seleção com caracteres auxiliares, já que considera as correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres. Esta metodologia permite ainda, corrigir os valores fenotípicos para os efeitos ambientais identificáveis e considera a correlação genética entre indivíduos aparentados. A seleção das 30 melhores progênies utilizando o índice aditivo genético (IAG) é apresentado na Tabela 6.

Para selecionar materiais genéticos que sejam de fato superiores, é necessário que o material selecionado reúna diversos atributos favoráveis de desempenho. Logo, as seleções simultâneas de um conjunto de caracteres de importância econômica maximizam as chances de sucesso de um programa de melhoramento (PIRES et al. 2011). A partir do valor genético das progênies selecionadas ($u + g$) realizou-se a predição dos ganhos com a seleção, utilizando os pesos 0,1104, 0,1291, 0,1467, 0,0692, 0,1294, 0,0509 e 0,3640, obtidos por meio da correlação genética das progênies, para as respectivas características NDM, APF, NNHPF, AC, NHL, MCS e PROD, por meio, do índice aditivo genético (IAG) (Tabela 6). Os ganhos preditos com a seleção das 30 progênies superiores, foram desejáveis para todas as variáveis, com exceção da variável MCS. Os ganhos com a seleção das 30 melhores progênies de 17,17%, demonstram que as populações apresentam grande variabilidade entre e dentro, e que, é possível obter ganhos expressivos explorando a variabilidade dos genitores. Logo, observa-se que a melhor população é a oriunda do cruzamento entre as cultivares UFVS Citrino RR e UFVS Turqueza RR, evidenciando o potencial para o desenvolvimento de futuras linhagens de destaque produtivo, por meio das progênies obtidas desta hibridação.

Ao analisar os ganhos por variável separadamente por meio dos VGAs das progênies selecionadas, observou que, para a característica NDM os ganhos genéticos não foram satisfatórios para seleção de progênies precoces, visto que, os números de dias para maturação aumentaram em 3,12%. Esta análise evidencia a baixa variabilidade entre as progênies avaliadas, uma vez que, os progenitores utilizados na obtenção dos híbridos, não podem ser considerados contrastantes quanto ao ciclo e possuem grupo de maturidade relativa acima de 8,0. Este fato, favorece a obtenção de progênies mais semelhantes aos progenitores e com baixa variabilidade genética a ser explorada, conforme apresentado na Tabela 3.

Tabela 6. Índice Aditivo Genético (IAG) na seleção das 30 melhores progênes de soja de acordo com os valores genéticos (g +u) para as variáveis número de dias para a maturação (NDM), altura da planta no florescimento (APF), número de nós da haste principal no florescimento (NNHPF), angulação de acamamento (AC), número de hastes laterais (NHL), massa de cem sementes (MCS) e produtividade em gramas por planta (PROD).

Ordem	Populações	Progênes	Características							IAG
			NDM	APF	NNHPF	AC	NHL	MCS	PROD	
1	2	58	138,62	71,74	15,21	67,73	3,76	17,19	29,58	6,14
2	2	30	147,67	72,94	15,50	57,26	3,73	17,25	31,63	6,14
3	2	17	139,92	76,13	15,53	60,75	3,69	17,44	29,71	6,14
4	2	42	144,44	76,37	15,38	59,00	3,80	18,38	29,61	6,10
5	2	6	148,19	75,59	14,99	62,49	3,69	17,51	31,13	6,10
6	2	43	142,24	71,51	15,18	60,75	3,89	16,96	29,44	6,07
7	2	29	146,90	76,58	14,96	64,24	3,69	17,92	30,18	6,06
8	2	46	144,83	69,40	15,31	69,47	3,67	18,52	29,73	6,04
9	2	7	148,45	74,51	15,11	64,24	3,63	19,02	29,98	6,00
10	2	36	140,56	71,25	15,23	55,51	3,77	17,05	29,53	6,00
11	2	60	139,83	76,14	14,89	62,08	3,73	16,54	28,59	5,97
12	2	3	143,15	67,59	15,45	60,75	3,76	16,24	29,54	5,95
13	2	49	141,60	75,19	15,53	50,27	3,67	17,8	29,08	5,94
14	2	51	140,30	74,75	14,85	55,93	3,67	17,31	29,16	5,93
15	2	66	144,58	68,08	15,40	63,94	3,70	17,61	29,23	5,93
16	2	4	148,06	74,84	14,77	64,24	3,70	18,18	29,25	5,92
17	2	27	143,79	68,86	14,74	62,49	3,78	17,60	29,17	5,91
18	2	35	146,38	68,53	15,48	59,00	3,66	18,05	29,65	5,90
19	2	71	138,69	81,62	15,58	48,81	3,67	15,87	27,86	5,89
20	2	5	147,41	69,33	15,28	57,26	3,62	17,52	30,28	5,88
21	2	2	143,28	65,01	15,28	64,24	3,65	17,73	29,22	5,88
22	2	11	144,57	67,87	14,96	62,49	3,75	16,61	29,24	5,87
23	2	34	146,38	67,59	14,89	62,49	3,75	15,91	29,80	5,87
24	2	72	147,16	67,85	15,01	59,00	3,66	18,37	29,88	5,86
25	2	47	144,83	68,48	15,06	62,49	3,72	17,17	28,98	5,86
26	2	37	143,79	69,80	15,11	53,76	3,75	17,07	29,24	5,86
27	2	21	151,04	75,22	14,54	64,24	3,71	17,21	29,50	5,85
28	2	54	146,38	72,45	15,13	62,49	3,83	17,51	27,76	5,83
29	2	20	144,44	72,49	15,16	59,00	3,64	16,46	28,98	5,83
30	2	62	147,29	70,95	14,86	64,24	3,59	17,22	29,52	5,83
Média dos selecionados			144,49	71,95	15,15	60,69	3,71	17,37	29,48	5,95
Média geral			140,18	59,68	13,29	54,26	3,61	18,36	24,37	5,08
Ganho (%)			3,12	17,33	12,67	10,45	2,70	-5,76	17,36	17,17

Segundo Sedyama (2005), a maioria dos cultivares varia entre 75 a 120 dias para alcançar o estágio de maturação fisiológica, embora, dentro de um mesmo cultivar, esse número também pode oscilar, dependendo de fatores como clima, época de semeadura (fotoperíodo), latitude e altitude da região. Portanto, para maximizar os ganhos ao avaliar o número de dias para maturação, deve-se considerar a adaptabilidade e estabilidade dos efeitos em diferentes ambientes para seleção.

Ao se realizar as análises e comparar os resultados obtidos dos valores genéticos (u+g) preditos pelo BLUP para cada variável, verifica-se que as médias de todas as progênes em relação as testemunhas (genitores e cultivares) obtém-se ganhos, principalmente para a variável PROD (Tabela 7). Estes resultados evidenciam o potencial genético das populações, uma vez que, para a característica principal, houve ganhos significativos em comparações com as cultivares de destaque produtivos no panorama nacional. Quando se realiza as comparações com as progênes selecionadas, observa-se que há predição de ganhos desejáveis para todas as variáveis, com exceção da variável MCS.

Tabela 7. Valores genéticos (u+g) corrigidos pelo BLUP de progênes e testemunhas e seus respectivos ganhos para as variáveis número de dias para a maturação (NDM), altura da planta no florescimento (APF), número de nós da haste principal no florescimento (NNHPF), angulação de acamamento (AC), número de hastes laterais (NHL), massa de cem sementes (MCS) e produtividade em gramas por planta (PROD).

Tratamento	Características						
	NDM	APF	NNHPF	AC	NHL	MCS	PROD
Médias das Testemunhas	139,92	59,48	13,23	54,35	3,61	18,37	24,04
Médias das progênes	142,37	61,41	13,81	53,55	3,63	18,23	27,22
Ganho (%)	1,72	3,14	4,20	-1,49	0,55	-0,77	11,68
Médias das progênes selecionadas	144,49	71,95	15,15	60,69	3,71	17,37	29,48
Ganho (%)	3,16	17,33	12,67	10,45	2,70	-5,76	18,45

Ganho (%): porcentagem de ganho em relação a média das testemunhas.

O sucesso do índice de seleção, atribui-se ao fato de, permitir que caracteres excelentes possam compensar, em partes, a deficiência de outros, ou seja, ignora as correlações entre os caracteres ponderando pelos pesos fornecidos aos índices individualmente. Com isso, verifica-se que a variável MCS, possuem ganhos negativos

(-5,76) para as progênies selecionadas. O IAG encontrou ganhos indesejáveis para esta característica, pois verificou-se que o ganho foi determinado pela baixa correlação entre MCS e a característica principal PROD (0,14), refletindo na seleção de tratamentos com baixo peso estimado de sementes. Contudo, pode-se notar que, há variabilidade genética e médias altas desejáveis para esta variável entre todas as progênies, como demonstrado na Tabela 3. Conclui-se, também que, o aumento da produção de grãos em gramas por planta das progênies selecionadas, deve-se ao fato de haver maior número médio de vagens por planta, ou ainda, maior número médio de grãos por vargens. Esta relação pode ser extremamente útil em futuras avaliações nos programas de melhoramento de soja.

Os resultados corroboram com o trabalho elaborado por Resende et al. (2015a). O autor demonstrou que ao inserir as informações de populações e de progênies avaliadas simultaneamente, os ganhos em acurácias de seleção são maximizados, gerando, em torno, de 12% de incremento em relação aos métodos tradicionais de melhoramento. Portanto, o efeito de população ditados pelos componentes da variância populacional (Tabela 3) para seleção de progênies, se demonstrou trivial para compor o índice do método de seleção *BLUP-SIPP*. No caso deste experimento, a população dois (Tabela 6) foi a que apresentou maiores valores genéticos (pesos) dos efeitos de população e progênie.

De modo geral, verificou-se que as progênies 58, 30 e 17 selecionadas pelo IAG, todas oriundas da população 2, apresentaram valores genéticos mais favoráveis ao programa de melhoramento de soja para todas as características avaliadas. Contudo, fica evidenciado a possibilidade de obtenção de linhagens com alta produtividade de grãos, extraídas dessas progênies, que possuem maiores concentrações de alelos favoráveis para as características avaliadas.

CONCLUSÕES

A adoção do método *BLUP-SIPP* na seleção de progênies de soja, contribuiu para a predição de valores genotípicos mais acurados, além de, fornecer o entendimento da distribuição da variância genotípica entre e dentro de populações F_3 .

A distribuição da variância populacional, apresentou contribuição majoritária para a variância fenotípica total, na avaliação de progênies de soja $F_{2,3}$, corroborando para a seleção de progênies superiores, via método *BLUP-SIPP*. Logo, os efeitos de populações

são extremamente importantes, uma vez que, os componentes herdáveis são preditos com maiores acurácias. Assim, as informações dos efeitos de populações F₃, são compensatórias na seleção de progênes de soja F_{2:3}.

As progênes 58, 30 e 17 oriundas da população 2, se destacaram entre as progênes selecionadas via Índice Aditivo Genético. Os ganhos com a seleção das 30 melhores progênes foram satisfatórios, indicando materiais que possuem potenciais produtivos melhores que as testemunhas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. 6th ed. Viçosa: UFV, 2013. 525 p.

COCKERHAM, C.C. 1963. **Estimation of genetic variances**. In: W.D. Hanson and H.F. Robinson, editors, *Statistical genetics and plant breeding*. Publ. 982. Natl. Acad. Sci., Natl. Res. Counc., Washington, DC. p. 53–94.

COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. **Genetics, Austin**, v. 39, n. 6, p. 859-882, Nov. 1954.

COSTA, N.H.A.D.; SERAPHIN, J.C.; ZIMMERMANN, F.J.P. Novo método de classificação de coeficientes de variação para a cultura do arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.3, p.243-249, 2002.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: Ed. da UFV, 2012. 514p.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. Estimacão 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.

FERH, W.R.; CAVINESS, C.E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and a Technology, 1977. 11p.

FREY, K.J. 1954. **The use of F₂ lines in predicting the performance of F₃ selections in two barley crosses**. *Agron. J.* 46:541-544. doi:10.2134/agronj1954.00021962004600120003x

GARCIA, C.H. Tabelas para classificação de coeficientes de variação. **Piracicaba: IPEF**, 1989. 12 p. (Circular Técnica, 171).

HENDERSON, C. R. **Application of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph – Canada, 1984. 462 p.

PERRI, S. H. V.; IEMMA, A. F. **Ajuste de modelos mistos através do sistema estatístico SAS**. Piracicaba: DME, ESALQ/USP, 1996. 75 p.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C.H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais**: exposição com exemplos e orientações pra uso de aplicativos. Piracicaba: Fealq, 2002. 309p.

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

RAMALHO, M.A.P., A. de F.B. Abreu, J.B. Santos, and J.A.R. Nunes. 2012. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamias**. 1st ed. Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil.

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

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

RESENDE, M. D. V.; RAMALHO, M. A. P.; GUILHERME, S.; ABREU, A. F. B. Multigeneration index in the within progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science**, DOI: 10.2135/cropsci2014.08.0580, 2015a.

RESENDE, M. D. V.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S; BATISTA, L. G.; GOIS, I. B. Selection index with parents, populations, progenies and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science**, 2015b.

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional**: modelos mistos, categóricos e generalizados (REML\BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. Viçosa, MG: Suprema, 2014. 881 p.

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

RESENDE, M.D.V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Embrapa Florestas, Colombo. 561 p. 2007c.

SCAPIM, C.A. ; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, p.683-686, 1995.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. E. **Variance componente**. Neu York: John Wiley & Sons, 1992. 501 p.

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; OLIVEIRA, R.C.T.; GLASENAPP, J.S. Origem e evolução. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenaz, 2015. p. 11-18.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S. Melhoramento da Soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. Ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2005. p. 553-604

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers. 363 p. 1989.

CAPÍTULO II – SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA F_{2:3} PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS VIA MÉTODO *BLUP-SIPPG* (*Selection Index with Populations, Progenies and Generation*) COM INFORMAÇÕES DE GERAÇÃO DAS POPULAÇÕES F₂ E F₃

RESUMO

Em programas de melhoramento de espécies autógamas, os melhoristas focam na seleção de progênies que, com o avanço das gerações e, conseqüentemente, ao atingirem a homozigose, acumulem maior quantidade de alelos favoráveis que estão associados aos maiores Valores Genéticos Aditivos (VGA). O uso de modelos mistos do tipo REML/BLUP é fundamental para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos, tanto intra quanto interpopulacionalmente. Dentre a utilização dos métodos de modelos mistos no processo de seleção, o índice *BLUP-SIPPPG* (BLUP associado ao esquema bulk dentro de progênies e ao índice de seleção usando os efeitos de genitores, populações, progênies e gerações), considerando a covariância entre as gerações sucessivas, deve ser utilizado com o objetivo de aumentar a eficiência do processo de seleção de progênies conduzidas pelo método *bulk* dentro de progênies. Contudo, a seleção de progênies em gerações iniciais do programa de melhoramento reflete no uso do método com restrições de informações. Neste sentido, o objetivo do presente trabalho foi verificar a eficiência de seleção do método *BLUP-SIPPG* (*Selection Index with Populations, Progenies and Generations*) e comparar sua utilização ao método *BLUP-SIPP* (BLUP associado ao esquema *bulk* dentro de progênies e ao índice de seleção usando os efeitos de populações e de progênies em apenas uma geração) na seleção de progênies F_{2:3} de soja. Três populações F₂'s, oriundas de três híbridos F₁'s resultantes de cruzamentos entre os progenitores TMG 123 RR, M7211 RR, UFVS Citrino RR, UFVS Turqueza RR e M7908 RR, foram avaliadas em casa de vegetação, utilizando o delineamento experimental em blocos ao acaso com três repetições. Cada planta F₂ foi colhida separadamente originando 204 progênies F_{2:3}, as quais foram plantadas em dois locais, utilizando para cada local o delineamento experimental de blocos incompletos desbalanceados, com três repetições e nove testemunhas adicionais. A partir dos dados das gerações F₂ e F₃ com avaliações de progênies, utilizou-se os índices *SIPPG* e *SIPP* para compor as análises. As características avaliadas foram: o número de dias para o

florescimento, altura da planta na floração, número de nós na haste principal na floração, diâmetro do hipocótilo (DH), número de hastes laterais (NHL) e produção média de grãos por planta. Os dados foram submetidos à análise, via software Selegen–REML/BLUP, utilizando os índices: combinando informações dos experimentos F_2 e $F_{2:3}$ (*BLUP-SIPPG*) e apenas com informações dos experimentos $F_{2:3}$ (*BLUP-SIPP*). Os resultados nas análises de deviance verificaram-se que as variâncias associadas aos efeitos entre populações e de progênie, todos os caracteres foram significativos, com exceção do NHL. As estimativas das herdabilidades a nível de progênie, estimadas para ambos os modelos, foram de modo geral, de baixas magnitudes para todas as características. A utilização dos valores genotípicos preditos em ambos os modelos para a seleção das 30 melhores progênie, resultou em um alto nível de coincidência para todas as características avaliadas, não havendo ganhos significativos ao adicionar o efeito da geração de população F_2 nas análises, com exceção da variável DH a qual foi influenciada pelos efeitos de interações ambientais. Assim conclui-se que a inclusão do efeito de geração da população F_2 , via modelo *BLUP-SIPPG*, não implicou em aumento dos valores das acurácias seletivas para progênie, em relação ao modelo *BLUP-SIPP*.

Palavras-chave: Ganho de seleção; Modelos mistos; Índice multigerações e multipopulações; *Glycine max* (L.) Merrill.

CHAPTER II - SOYBEAN PROGENIES SELECTION FOR GRAIN YIELD VIA *BLUP-SIPPG* METHOD (*Selection Index with Populations, Progenies and Generation*) WITH GENERATION OF POPULATIONS INFORMATION F₂ AND F₃

ABSTRACT

In breeding programs of autogamous species, breeders focus on the selection of progeny that with the advance of generations and consequently to reach homozygosity, accumulate greater amount of favorable alleles that are associated with higher Genetic Values Additives (GVA). Use of mixed models of *REML/BLUP* type is fundamental for the prediction of additive genetic and genotypic values, intra and interpopulation. From among the use of methods of mixed models in the selection process, the *BLUP-SIPPG* index (BLUP associated with *bulk* scheme within progenies and the selection index using the parents, populations, progenies and generations effects), considering the covariance between successive generations, it must be used in order to increase the efficiency of progenies selection process conducted by the *bulk* method within progenies. However, the progenies selection in early generations of the breeding program reflects the use of the method with information constraints. In this respect, the objective of this work was to verify the selection efficiency *BLUP-SIPPG* method (Selection Index with Populations, Progeny and Generations) and compare their use to *BLUP-SIPP* method (BLUP associated with *bulk* scheme within progenies and index selection using the effects of populations and progenies within a single generation) the soybean F_{2:3} progenies selection. Three F₂'s populations, from three F₁'s hybrids resulting from crosses between parent TMG 123 RR, M7211 RR, UFVS Citrine RR, UFVS Turqueza RR and M7908 RR were evaluated in a greenhouse, using the experimental design in blocks chance (DBC) with three replications. Each F₂ plant was harvested separately giving 204 F_{2:3} progenies, which were planted in two locations using for each location the experimental design of incomplete blocks unbalanced, with three replications and nine additional witnesses. From the data of the F₂ and F₃ generations with progenies assessments, the was used *SIPPG* and *SIPP* indexes to compose the analysis. Plants traits evaluated were: the number of days to flowering, plant height at flowering, number of nodes on the main stem at flowering, diameter of hypocotyls (DH), number of lateral branches (NLB) and average

grain yield per plant. The data were submitted to analysis via Selegen-REML/BLUP software, using the indexes: combining information from F₂ and F_{2:3} experiments (*BLUP-SIPPG*) and only with information from experiments F_{2:3} (*BLUP-SIPP*). The results in deviance analysis found that the variances associated with the populations and progenies effects, all characters were significant except the NLB. Heritability estimates the level of progenies estimated for both models were generally low magnitude on all traits. Use of predicted genotypic values in both models for the selection of 30 best progenies, resulted in a high level of coincidence for all traits, with no significant gains by adding of generation F₂ population effect in the analysis, with the exception of DH trait which is influenced by the effects of environmental interactions. Therefore, it is concluded that the inclusion of the generation F₂ population effect, via *BLUP-SIPPG* model not result in increased values of accuracies selective for progeny, in relation to *BLUP-SIPP* model.

Keywords: Selection gains; Índex multigeneration and multipopulation; mixed models; *Glycine max* (L.) Merrill.

INTRODUÇÃO

O melhoramento genético da soja, desenvolvido por diversas instituições públicas e privadas, em prol do desenvolvimento de novas variedades mais produtivas e adaptadas para as condições brasileiras, foi e tem sido um dos grandes responsáveis pela ocupação e expansão da soja no Brasil. Originada e domesticada da região nordeste da China, conhecida também como Manchúria, a soja chegou ao Brasil em 1882, no Estado da Bahia. Iniciava-se assim a chamada “tropicalização da soja no Brasil”. Atualmente, o mercado de sementes é extremamente competitivo, principalmente nas as regiões em que despontam como fronteiras agrícolas. Nessas regiões e em regiões já consolidadas com a cultura da soja, a obtenção de novas cultivares é fundamental no progresso de produção de grãos, uma vez que, essas novas cultivares só terão sucesso se elas forem melhores, em um ou mais caracteres, em relação aquelas já cultivadas.

Os caracteres de produtividade de grãos, depende de uma série de outros caracteres, por se tratar do grande número de genes envolvidos no controle do caráter, além de sofre pronunciada influência do ambiente. Os programas de melhoramento que visam o desenvolvimento de novas cultivares de soja, estão condicionados às condições da interação genótipo x ambiente avaliados em diferentes épocas, safras e locais, identificando dessa forma, a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos (SEDIYAMA et al. 2015). A saber dos efeitos das interações genótipos x ambientes, para atender a demanda dos produtores visando o mercado de sementes, usualmente são obtidas centenas de populações pelas empresas da área. As populações inicialmente são conduzidas em bulk e extraídas milhares de progênies e avaliadas ao longo do tempo. Ao se obterem a homozigose (linhagens), as melhores plantas são selecionadas e avaliadas em programas de melhoramento em diversas localidades.

Melhoristas de espécies autógamas estão, primordialmente, interessados na seleção de famílias que, ao atingirem a homozigose, acumulem maior quantidade de alelos favoráveis, que estão associados aos maiores Valores Genéticos Aditivos (VGA) (RAMALHO et al. 2012). Para caracteres quantitativos, os valores fenotípicos nem sempre estão associados aos VGAs, por conterem efeitos de blocos, parcelas e efeitos ambientais aleatórios embutidos em alguma proporção em suas estimativas (RESENDE, 2007a). Nesse caso, é importante a utilização de metodologias que otimizem o uso da

informação disponível, para que se possa classificar as progênies o mais próximo possível da classificação que seria obtida com os verdadeiros VGAs (WHITE e HODGE, 1989).

O principal método de melhoramento de plantas utilizados para a cultura da soja e geralmente para espécies autógamas, é o método da hibridação. Os cruzamentos convergentes entre os genitores envolvem materiais altamente produtivos e adaptados as condições de interesse, apresentando ganho genético limitado, porém a média da população tende a ser alta, proporcionando elevada média das progênies selecionadas (BORÉM e MIRANDA, 2013).

Em plantas autógamas, difundiu-se duas alternativas para a seleção de plantas, com intuito de explorar o método da população, ou como é conhecido mundialmente, método *Bulk*, sugerido por Golden (1939), que mais tarde Brim (1966) nomeou de SSD- Single Descent Seed, e Frey (1954) propôs o método de *Bulk* dentro de progênies (BDP). Neste último método, progênies são geradas e conduzidas em bulk desde a geração $F_{2:3}$ ou $F_{3:4}$ e avaliados em experimentos com repetições. O processo é repetido até a geração $F_{2:6}$ ou $F_{3:6}$, selecionado progênies, para obtenção de linhas puras ou linhagens (RAMALHO, 2012).

Para melhorar a eficiência de seleção do método BDP Resende et al. (2015a) apresenta a metodologia *BDP-BLUP* (BLUP associado ao esquema Bulk Dentro de Progênies - BDP, combinando informações de populações e progênies). Esse método foi desenvolvido usando a genealogia completa associada à condução da população via BDP utilizando as médias fenotípicas das progênies nas gerações $F_{2:3}$, $F_{2:4}$, $F_{2:5}$ e $F_{2:6}$ por meio de um índice com efeito de gerações.

Na avaliação de progênies $F_{2:3}$, oriundas do método BDP, deve-se levar em consideração as informações de populações e de progênies, visto que a probabilidade de obtenção de progênies superiores dentro de populações superiores, é elevada. Tradicionalmente os métodos de seleção consistem na performance das progênies endogâmicas, avaliadas em apenas uma geração. Contudo, nestas análises estão confundidos efeitos genéticos de diferentes gerações, populações e dos pais. Nesse sentido, Resende et al. (2015b) propuseram o método de seleção *BLUP-SIPPPG*, BLUP associado ao esquema Bulk Dentro de Progênies e ao índice de seleção usando os efeitos de genitores, populações, progênies e gerações.

O método *BLUP-SIPPPG* foi desenvolvido para abarcar toda a estrutura de um programa de melhoramento de plantas autógamas, incluindo todos os dados desde os pais, a geração F₁ e F₂ e também tanto os efeitos de progênies quanto de populações e gerações endogâmicas a partir de F₂. Contudo, a seleção de progênies em gerações iniciais do programa de melhoramento reflete no uso do método com restrições de informações.

Diante do exposto, o presente trabalho objetivou-se avaliar a importância das inclusões de informações de gerações das populações F₂ e F₃ na seleção de progênies F_{2:3} de soja para produtividade de grãos.

MATERIAL E MÉTODOS

Material genético

Do cruzamento entre as cinco cultivares de soja (TMG123RR, M7211RR, UFVS Citrino RR, UFVS Turqueza RR e M7908RR) foram obtidas três populações F₁, especificadas na Tabela 1, as quais foram autofecundadas originando as populações F₂ compostas de 72 plantas para cada uma das populações 1 e 2, e 60 plantas para a população 3. Cada planta F₂ foi colhida em separado para a obtenção das progênies F_{2:3}.

Tabela 1. Relação das populações segregantes de soja, número total de progênies F_{2:3} avaliadas por população e distribuição dessas populações nos blocos experimentais em cada local de avaliação, Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão Diogo Alves de Mello (local 1) e Horta Nova (local 2).

População ¹	Número de progênies F _{2:3} avaliadas	Distribuição de progênies F _{2:3} avaliadas em cada bloco experimental		
		BI	BII	BIII
Local 1				
1	72	72	71	66
2	72	72	71	71
3	60	60	50	37
Local 2				
1	72	72	51	32
2	71	71	71	63
3	59	59	24	7

¹ População 1: TMG 123 RR/M7211 RR; População 2: UFVS CITRINO RR/UFVS TURQUEZA RR; População 3: M7908 RR/M7211 RR.

Condução experimental

A condução experimental da geração F_2 foi realizada entre os meses de abril a julho de 2015, em casa de vegetação do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (latitude $20^{\circ}45'14''S$, longitude $42^{\circ}52'55''W$ e altitude de 648 metros) em Viçosa, Minas Gerais. Os ensaios experimentais da $F_{2:3}$ ocorreram no ano agrícola de 2015, perfazendo até meados de março de 2016, nas Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão (UEPE) pertencentes à Universidade Federal de Viçosa: Diogo Alves de Mello (latitude $20^{\circ}45'14''S$, longitude $42^{\circ}52'55''W$ e altitude de 648 metros), denominada de local 1; e, Horta Nova (latitude $20^{\circ}45'45''S$; longitude $42^{\circ}49'27''W$, a 647 m de altitude) no distrito São Jose do Triunfo, denominada de local 2. Ambas unidades experimentais estão localizadas no município de Viçosa, Minas Gerais.

Os tratamentos genéticos da geração F_2 (populações e testemunhas) foram dispostos em delineamento de blocos ao acaso (DBC) com três repetições, sendo a unidade experimental composta por 24 vasos de 3,5 litros, para as duas primeiras populações, e 20 vasos para a população 3. Cada vaso era composto de uma planta. Na ocasião da implantação dos ensaios, além das populações segregantes F_2 , os genitores e as cultivares MG/BR 46 (Conquista), TMG 7262RR e TMG1168RR foram plantados como testemunhas com objetivo de corrigir e ajustar a eficiência da estimação dos parâmetros ambientais.

Por meio das análises de solo, realizou-se as devidas correções, sendo o solo, de textura argilosa. A cada kg de solo, foi adicionado 1,5 g de calcário dolomítico, anteriormente preparado, e na adubação utilizou-se 70, 400 e 200 mg de N, P e K kg^{-1} de solo, respectivamente. O preparo dos vasos foi elaborado nas seguintes proporções: 1/3 de torta de mamona curtida + 2/3 de solo virgem corrigido. A adubação foi feita no terço médio do vaso antes do plantio, e em seguida, completada com a mistura de solo + substrato. As sementes foram tratadas com fungicida e inoculante contendo *Bradyrhizobium*, e plantadas com profundidade uniforme.

Para condução experimental da geração F_2 , durante o desenvolvimento das plantas, a casa de vegetação foi condicionada com temperatura ideal para o desenvolvimento de acordo com a recomendação da cultura, com amplitude máxima para o dia e a noite de $23^{\circ}C$ à $32^{\circ}C$. Devido à baixa disponibilidade de luz em razão da época de plantio, foi realizado o controle com fotoperíodo de acordo com um número de horas

luz por dia, de modo qualitativo e quantitativo, simulando o fotoperíodo ambiental de Viçosa na época entre outubro a fevereiro.

Em outubro de 2015, na ocasião da implantação dos ensaios, além das progêneses F_{2:3}, os progenitores e as cultivares MG/BR 46 (Conquista), TMG 7262RR, TMG1168RR e M9144RR foram plantados como testemunhas com objetivo de corrigir e ajustar a variância ambiental entre e dentro de populações e comparar com as progêneses selecionadas quanto aos aspectos agronômicos de interesse.

Devido ao desbalanceamento gerado na avaliação das progêneses em cada local, por motivo de baixa disponibilidade de sementes (Tabela 1), o delineamento de blocos incompletos (DBI) desbalanceados foi adotado com três repetições experimentais. A parcela experimental foi composta por uma linha de 1,5 m de comprimento, espaçadas em 0,60 m e a densidade de plantio adotada foi de 256 mil plantas ha⁻¹.

A adubação foi realizada com base na análise de solo e recomendação da cultura, com 370 kg ha⁻¹ do adubo formulado NPK 08-28-16. Foram realizadas todas as operações de manejo conforme as exigências da cultura. O controle de pragas, doenças e plantas daninhas foi feito de forma preventiva e à medida que se fizeram necessário. Os demais tratos culturais seguiram as recomendações técnicas para cultivo da soja (SEDIYAMA et al. 2015).

As características avaliadas foram:

- a) Número de dias para a floração (NDF) - número de dias contados desde a emergência até quando mais de 50% das plantas na parcela atingiram o estágio R2 definido por Fehr & Caviness (1977);
- b) Altura média das plantas em floração plena (APF) - Distância, em centímetro, da superfície do solo até a extremidade da haste principal de cinco plantas tomadas ao acaso dentro da parcela no estágio R2 definido por Fehr & Caviness (1977);
- c) Número médio de nós na haste principal das plantas em floração plena (NNHPF) - número de nós contados a partir da folha unifoliolada até o último nó da haste principal de cinco plantas tomadas ao acaso dentro da parcela no estágio R2;
- d) Diâmetro do hipocótilo (DH) - medida, em centímetro, da região localizada, aproximadamente, a um (1) cm acima do nó cotiledonar de cinco plantas tomadas ao acaso dentro da parcela no estágio R8 definido por Fehr & Caviness (1977);

e) Número médio de hastes laterais das plantas (NHL) - número de hastes laterais contidas em toda extensão da haste principal de cinco plantas tomadas ao acaso dentro da parcela no estágio R8;

f) Produtividade em gramas por planta (PROD) – produção média, em gramas por planta, baseada na razão entre a massa total de sementes e o número de plantas vivas da parcela (taxa de sobrevivência). Essa razão pôde ser realizada devido à análise previa e posterior verificação da ausência de variabilidade genética entre as progênies para a característica número de plantas vivas, ou seja, o efeito de estande para as progênies foi não significativo, logo concluiu-se que as diferenças entre parcelas foram atribuídas aos efeitos ambientais.

Análises genético-estatísticas

De posse das informações fenotípicas e com auxílio do programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2007b) utilizou-se, para estimar os parâmetros genéticos e ambientais, e, ainda, predizer os valores genéticos das populações e progênies. Os dados fenotípicos oriundos das avaliações das gerações F₂ e F₃, foram analisados utilizando as informações das progênies F_{2:3}, populações e efeito de gerações em F₂ e F₃, adotando o método *BLUP-SIPPG*, e as informações de populações F₃ e de progênies F_{2:3}, foram analisadas por meio da metodologia *BLUP-SIPP*. O procedimento adotado no programa para a predição dos valores genéticos foi o BLUP, com uso das estimativas de variâncias obtidas pelo REML.

Método *BLUP-SIPP*

O modelo genético-estatístico (RESENDE, 2007b) do programa Selegen-REML/BLUP foi utilizado para estimar os componentes de variância e predizer os valores genéticos das progênies, e possui a seguinte descrição: $y = Xr + Zf + Wi + Sp + \varepsilon$, em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos fixos (repetição, local) somados à média geral; f é o vetor dos efeitos de progênies F_{2:3} (aleatórios), em que, $f \sim N(0, I\sigma_f^2)$; i é o vetor dos efeitos de interação progênie x local (aleatórios), em que, $i \sim N(0, I\sigma_i^2)$; p é o vetor dos efeitos de população (aleatórios), em que, $p \sim N(0, I\sigma_{pop}^2)$; e, ε é o vetor de erros ou

resíduos (aleatórios), sendo que $\varepsilon \sim N(0, I\sigma_e^2)$. As letras maiúsculas (X, Z, W e S) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos r, f, i e p, respectivamente.

As equações de modelo misto para a predição de **r, f, i, e p** equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{f} \\ \hat{i} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'S \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda & Z'W & Z'S \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'S \\ S'X & S'Z & S'W & S'S + I\lambda_3 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ S'y \end{bmatrix}$$

Em que,

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{prog}^2} = \frac{1 - h^2 - c_{pop}^2 - c_{int}^2}{h^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_i^2} = \frac{1 - h^2 - c_{pop}^2 - c_{int}^2}{c_{int}^2}; e \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{pop}^2} = \frac{1 - h^2 - c_{pop}^2 - c_{int}^2}{c_{pop}^2}$$

Sendo, σ_e^2 , σ_{prog}^2 , σ_i^2 , σ_{pop}^2 a variância residual, variância entre progênes, variância do efeito de interação e variância do efeito de população, respectivamente; e h^2 , c_{pop}^2 e c_i^2 a herdabilidades a nível de média de progênes F_{2:3}, coeficiente de determinação do efeito de populações e coeficiente de determinação do efeito de interação, respectivamente.

Sob esse modelo o valor genotípico das progênes foi determinado pelo método *BLUP-SIPP*, considerando apenas as frações referentes às populações e às progênes dentro de populações, como se segue: $VG_{ij} = u + f_{i/j} + p_j$, em que: VG_{ij} é o valor genotípico da progênie i dentro da população j; u é a média geral; $f_{i/j}$ é o efeito da progênie i dentro da população j; e, p_j é o efeito da população j.

Seleção de progênes via *BLUP-SIPP*

Segundo Resende et al. (2015b), o índice ótimo (*BLUP-SIPP*), combinando informações de populações e progênes para a seleção dentro de uma geração é dado por:

$$\begin{aligned} I &= b_1(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + b_2(Y_{.j.} - \bar{Y}_{i..}) = \frac{\rho_p \sigma_{aT}^2}{\rho_p \sigma_{aT}^2 + \rho_{gd} \sigma_{aT}^2 / f + \sigma_e^2 / (fb)} (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + \frac{\rho_{gd} \sigma_{aT}^2}{\rho_{gd} \sigma_{aT}^2 + (\sigma_e^2 / b) - \rho_p \sigma_{aT}^2} (Y_{.j.} - \bar{Y}_{i..}) \\ &= \frac{f b \rho_p h_{aT}^2}{(1 + F^* h_{aT}^2) + (b-1) \rho_{gd} h_{aT}^2 + (fb-1) \rho_p h_{aT}^2} (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + \frac{b \rho_{gd} h_{aT}^2}{1 + F^* h_{aT}^2 + (b-1) \rho_{gd} h_{aT}^2 - \rho_p h_{aT}^2} (Y_{.j.} - \bar{Y}_{i..}) \end{aligned}$$

em que σ_e^2 é a variância residual (dentro de populações) e ρ_{gd} é a correlação genética intraclasse entre indivíduos das progênes dentro de população na geração g. As quantidades $Y_{.j.}$, $\bar{Y}_{i..}$ e $\bar{Y}_{...}$ são valores de médias de progênes, de médias de população e

média geral, respectivamente, b é o número de repetições e f é o número de famílias por população. Tem-se ainda as definições:

h_{aT}^2 : herdabilidade total entre e dentro de populações.

$\rho_p = \frac{\sigma_{pop}^2}{\sigma_{aT}^2}$: proporção da variação genética total ($\sigma_{aT}^2 = \sigma_{pop}^2 + \sigma_a^2$) devida à variação entre populações (σ_{pop}^2), em que σ_a^2 é a variação genética aditiva média dentro de população.

$F^* = \frac{F_{IT}(1+F_{ST})-2F_{ST}}{(1+F_{ST})}$: F de um indivíduo na geração g, corrigido para o F entre populações;

$\rho_{gd} = \frac{(1+F_{IT}^*)}{(1+F_{ST})}$; $F_{IT}^* = (1-F_{ST})F_{IS}$; $F_{ISg} = 0.00; 0.50; 0.75; 0.875; 0.9375$, para F₂, F₃, F₄, F₅ e F₆,

respectivamente. Define-se ainda o coeficiente de endogamia devido à estruturação em populações: $F_{ST} = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + 2\sigma_a^2}$.

A quantidade $(1+F_{IT}^*)$ é o coeficiente da variância genética aditiva entre progênies e baseia-se na em C_{igg} , conforme notação de Cockerham (1963), em que os índices g, t e g' são referentes às gerações atuais, precedente e qualquer geração posterior a g, respectivamente.

A estimação de σ_a^2 usando dados apenas da geração F₃ implica assumir 0,25 σ_a^2 tendendo a zero (ausência de dominância alélica) na variação entre progênies (COCKERHAM, 1954; RESENDE 2014). Entretanto, mesmo sem esta suposição, a presença desta pequena fração da variância de dominância (σ_d^2) não deverá afetar o *ranking* pelo BLUP, pois tal variância estará incluída (0,125 σ_d^2) também no numerador do peso (b₁) dado ao componente dentro de linhagem, ao se obter 0,50 da variância genética entre linhagens no numerador de b₁ (RESENDE, 2007a).

Método BLUP-SIPPG

O modelo misto ajustado do programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2007b), foi utilizado sob a seguinte descrição: $y = Xg + Za + Sp + Ti + \varepsilon$, em que y é o vetor de dados; g é o vetor dos efeitos de geração e repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos de progênies (aleatórios), em que, $a \sim N(0, I\sigma_{prog}^2)$; p é o vetor dos efeitos de populações (aleatórios), em

que, $p \sim N(0, I\sigma_{pop}^2)$; i é vetor dos efeitos da interação progênes x gerações (aleatórios), em que, $i \sim N(0, I\sigma_{ge}^2)$ e ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), sendo que $\varepsilon \sim N(0, I\sigma_e^2)$. As letras maiúsculas (X, Z, S e T) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos g, a, p, b e i, respectivamente.

Sob esse modelo o valor genotípico das progênes foi determinado pelo método *BLUP-SIPPG* considerando apenas as frações referentes às populações e às progênes dentro de populações, como se segue: $VG_{ij} = u + f_{i/j} + p_j$, em que: VG_{ij} é o valor genotípico da progênie i dentro da população j ; u é a média geral; $f_{i/j}$ é o efeito da progênie i dentro da população j ; e, p_j é o efeito da população j .

Seleção de progênes via *BLUP-SIPPG*

O índice *BLUP-SIPPG* combinando os efeitos de gerações F_2 e $F_{2,3}$, se apresenta da seguinte forma: $\hat{a} = b_2F_{2pop} + b_3F_{3pop} + b_3F_{2:3prog}$, conforme demonstrado por Resende et al. (2015b) e, segundo os autores, b_x são os vetores de pesos que ponderam as fontes de informação nas gerações de endogamia, F_x as médias fenotípicas das progênes na geração em questão, b_{3prog} peso fornecido de progênes para geração avaliada e, b_{xpop} são os pesos para o efeito de populações.

O estimador da acurácia do índice é dado por:

$$\hat{r}_{\hat{a}\infty} = [(b_{F2pop}r_2 + b_{F3pop}r_3 + b_{F3prog}r_3)/(1 + F_\infty)]^{1/2}$$

sendo b_x os coeficientes de ponderação das fontes de informação associadas à geração de endogamia, F_x ($x = 1, 2, \dots, z$); r_x o coeficiente de correlação entre as informações fenotípicas da geração F_x e os valores genéticos das linhagens em F_∞ ; e F o coeficiente de endogamia na geração F_∞ .

Análise de deviance

O teste da razão de verossimilhança (LRT), denominado de análise de deviance (ANADEV), para os efeitos aleatórios foi realizado considerando o modelo adotado, conforme relatado por Resende (2015b). A ANADEV é uma estatística derivada da razão entre as verossimilhanças do modelo completo, em relação ao modelo sem o efeito que se deseja testar (modelo reduzido). Para testar a significância dessa razão utilizou-se o

teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, pois estas estimativas tendem a ter este tipo de distribuição.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Controle genético e componentes da variância

Foi observado efeito significativo, nas análises de deviance, de variação genética entre populações para todas as variáveis exceto para a característica NHL ao utilizar o modelo *BLUP-SIPPG* (Tabela 2). Já, para o efeito de progênes, apenas para a característica NHL não foi verificada significância, para ambos os modelos adotados. Portanto, para as características em que os efeitos foram significativos, os respectivos componentes de variância genética e coeficientes de herdabilidades foram significativamente diferentes de zero, o que mostra a existência de variabilidade genética para essas características, principalmente ao se considerar os efeitos de populações, pois possuíram maiores magnitudes de valores estimados pela razão de verossimilhança (LRT).

Segundo Cruz et al. 2012, a interação genótipos x ambientes ocorre quando há respostas diferenciais dos genótipos em relação à variação do ambiente. Apenas para as características NNHPF e PROD, analisadas por meio do método *BLUP-SIPPG*, os efeitos da interação progênes x locais foi significativo a 1% de probabilidade (Tabela 2). Contudo, a estimativa do coeficiente de correlação genética entre os ambientes (r_{gg}) foi de alta magnitude para a característica NNHPF, indicando que essa interação é do tipo simples, não constituindo um problema para a seleção, permitindo assim, a identificação de progênes superiores nos ambientes considerados (Tabela 2). O mesmo não pode ser concluído para a característica PROD, visto que, baixa magnitude de correlação genética entre os ambientes foi encontrado na análise ($r_{gg}=0,56$), caracterizando o tipo predominante de interação progênes x locais como complexa, ou seja, o comportamento dos genótipos é diferencial nos ambientes avaliados, tornando mais difícil a seleção e, ou, sua recomendação (CRUZ et al. 2012).

As demais características, NDF, APF, DH e NHL, analisadas pelo método *BLUP-SIPPG*, apresentaram efeitos não significativos para a interação progênes x locais, e a estimativa do coeficiente de correlação entre os ambientes avaliados (r_{gg}) foram de alta

magnitude (0.98, 0.99, 0.87 e 0.80). Esses resultados indicam que o efeito de ambientes afeta todas as progênies de maneira semelhante, pois as estimativas de r_{gg} foram de altas magnitudes para os ambientes combinados.

Ao se desconsiderar as informações do efeito de geração da população F_2 no modelo (método *BLUP-SIPP*), verificou-se que os efeitos das interações progênies x locais foram significativos para todas as características, com exceção do DH, e as estimativas dos coeficientes de correlação genética entre os ambientes foram altas, com exceção da variável NHL, indicando para as variáveis significativas e de alta correlação entre os ambientes, interação do tipo simples. Ao analisar a correlação genética entre os ambientes para a característica PROD, verificou-se que está foi maior ao utilizar o método *BLUP-SIPP* em relação ao método *BLUP-SIPPG*, evidenciando que a avaliação dos efeitos entre populações F_2 em casa de vegetação, não favoreceu a identificação entre e dentro de populações F_3 superiores no campo, ou seja, o efeito ambiental consumiu a variabilidade das populações, evidenciado na Tabela 3.

Tabela 2. Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (Likelihood Ratio Test - LRT) para os efeitos de populações (Pop), de progênies (Prog) e da interação progênies locais (Prog x L), além da correlação genética entre os ambientes (r_{gg}), estimados via métodos BLUP-SIPPG e BLUP-SIPP, para as características florescimento (NDF), altura da planta na floração (APF), número de nós na haste principal na floração (NNHPF), diâmetro do hipocótilo (DH), número de hastes laterais (NHL) e produtividade em gramas por planta (PROD), avaliadas em progênies $F_{2:3}$ de soja.

Características	BLUP-SIPPG				BLUP-SIPP			
	Pop	Prog	Prog x L	r_{gg}	Pop	Prog	Prog x L	r_{gg}
NDF	423,26**	127,17**	2,13NS	0,98	254,99**	117,18**	24,13**	0,97
APF	266,09**	28,36**	0,00NS	0,99	178,5**	57,79**	3,62*	0,96
NNHPF	178,25**	76,46**	6,63**	0,93	193,54**	64,08**	7,17**	0,95
DH	48,30**	18,52**	1,32NS	0,87	61,53**	17,26**	0,06 NS	0,97
NHL	1,60NS	1,66 NS	0,00NS	0,80	27,98**	1,11NS	12,19**	0,45
PROD	59,08**	4,94*	22,98**	0,56	96,72**	3,05*	10,65**	0,72

Significativo a **P = 0,01, *P = 0,10, e NS não-significativo pelo teste χ^2 .

Os resultados obtidos para as variâncias preditas pelo REML, utilizando o método *BLUP-SIPPG*, demonstraram que a variação da população (V_{pop}) foi a fração que mais contribuiu para a variância fenotípica total (V_f) das características NDF e NNHPF (Tabela 3). Já, para as demais características a variação ambiental (V_e) apresentou valores de

contribuições majoritários para a variância fenotípica total. Estes valores indicam que, quando se trata de caracteres que envolvem maiores números de genes (quantitativos), a influência ambiental se apresenta de forma mais pronunciada (RAMALHO et al. 2012), resultando em estimativas de herdabilidades de baixas magnitudes. Realizando essas mesmas observações para o método *BLUP-SIPP*, encontrou-se as mesmas conclusões, entretanto, a característica APF apresentou a variação da população como a fração que mais contribui para a variância fenotípica total.

As herdabilidades a nível de populações estimadas, adotando o modelo *BLUP-SIPPG*, para todas as características, com exceção da variável NHL, possibilitaram alta precisão na seleção de populações, fornecendo acurácia seletiva entre 82 a 81%, consideradas de magnitude alta de acordo com Resende & Duarte (2007a). O mesmo foi encontrado para as estimativas obtidas nas análises utilizando o modelo *BLUP-SIPP*.

As estimativas das herdabilidades a nível de progênies dentro de populações, estimadas para ambos os modelos, foram de baixas magnitudes para todas as características, contudo altos valores de acurácia seletiva foram encontrados para as características NDF e NNHPF (Tabela 3).

O coeficiente de variação genética (CV_g) quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção e, portanto, altos valores são desejáveis. Os valores de CV_{g_i} demonstraram situação favorável para o processo de seleção para as características APF, NDF, e PROD, ao utilizar o modelo *BLUP-SIPPG*. Em contraste, todas as variáveis com exceção da NHL, se verifica condição de variação genotípica desejáveis ao se utilizar o modelo *BLUP-SIPP*. Considerando as estimativas dos valores dos coeficientes de variação genético dentro de populações ($CV_{g_{i_d}}$), ou seja, de progênies, verificou-se que foram menores em relação aos CV_{g_i} (entre) para os dois modelos, com exceção para a variável DH ao utilizar o modelo *BLUP-SIPPG*. Neste caso, já era de se esperar esses resultados para a variável DH, uma vez que, a herdabilidade de progênies, foram superiores aos valores entre populações.

A razão entre CV_{g_i} e o CV_e permite obter o coeficiente de variação relativa (CV_r), cujo valor pode indicar uma situação favorável à seleção, se superior a 1,0 (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992), e propiciar inferências com alta acurácia e precisão (RESENDE & DUARTE, 2007b). Os caracteres NDF e NNHPF para os dois modelos, apresentaram os valores dos coeficientes de variação relativo entre populações (CV_{r_e})

superior a 1,0, entretanto, o modelo *BLUP-SIPP* também obteve ganho superior a uma unidade, inclusive para a variável APF. Já para os valores de CV_{ra} , apenas a característica NDF do modelo *BLUP-SIPP*, alcançou valores superiores aos desejáveis para seleção, de acordo com os critérios adotados.

A acurácia do índice varia somente em função da herdabilidade individual dentro de populações (h^2) e total (h^2_{aT}) do caráter, do número de repetições ou plantas por progênie, do número de progênies por população e r_x . As eficiências relativas dos diferentes procedimentos de seleção podem então ser computadas via experimental ou via simulações.

A comparação entre as acurácias seletivas para progênies entre (r_{aapop}) e dentro (r_{aaprog}) de populações, obtidas pelos métodos, revelaram a baixa influência da inclusão da geração F_2 para a seleção de progênies $F_{2:3}$ (Tabela 4).

A eficiência do método *BLUP-SIPPG* em relação ao *BLUP-SIPP* não se evidencia para os efeitos de populações, ou seja, as inclusões das populações F_2 não gerou ganhos reais para a seleção das melhores populações. Logo, as eficiências das estimativas de acurácias seletivas não se alteraram ao comparar os dois métodos empregados. Entretanto, verificou-se menor eficiência para a variável NHL, visto que já era esperado, uma vez que, não houve efeito significativo, ou seja, não se verificou variabilidade genética entre populações para esta característica ao se empregar o método *BLUP-SIPPG*.

Segundo Resende et al. (2015b), utilizando a simulação numérica para obter as fontes de informações do índice total *BLUP-SIPPPG* em diferentes cenários, o autor apresentou as contribuições percentuais (%) de cada fonte de informação. O autor verificou que a informação de população F_2 contribui com cerca de 1,0% de peso em porcentagem no índice *SIPPPG*, e a informação de progênie $F_{2:3}$ com 6,4%. Ao se comparar com os valores de pesos em porcentagem de gerações mais avançadas de populações e progênies, verificou-se, ainda, que as menores contribuições em porcentagem no índice *SIPPPG* são dados por genitores, populações F_1 e F_2 . Logo, o autor conclui que essas fontes de informações na composição do índice são poucos importantes, não gerando ganhos significativos na seleção. Essas conclusões foram encontradas pelo autor, de posse de todas as informações disponíveis ao final do avanço das gerações endogâmicas até F_6 .

Tabela 3. Estimativa de variância e parâmetros genéticos estimados via método *BLUP-SIPPG* e *BLUP-SIPP* para as características número de dias para o florescimento (NDF), altura da planta na floração (APF), número de nós na haste principal na floração (NNHPF), diâmetro do hipocótilo (DH), número de hastes laterais (NHL) e produtividade em gramas por planta (PROD) avaliadas em progênies F_{2:3} de soja.

Parâmetros ¹	<i>BLUP-SIPPG</i>						<i>BLUP-SIPP</i>					
	NDF	APF	NNHPF	DH	NHL	PROD	NDF	APF	NNHPF	DH	NHL	PROD
Vpop	23,1	101,72	1,22	0,15	0,01	8,98	38,56	109,31	2,65	0,28	0,09	18,09
Vint	0,56	0,87	0,15	0,05	0,01	11,42	1,55	6,18	0,16	0,01	0,16	8,55
Vprog	9,38	20,35	0,96	0,19	0,04	5,78	7,91	33,38	0,75	0,16	0,04	4,19
Ve	8,62	134,93	1,16	0,94	1,43	44,14	5,74	65,57	1,12	1,12	0,86	50,95
Vf	41,67	257,87	3,49	1,33	1,50	70,33	53,76	214,44	4,68	1,57	1,14	81,78
h2pop	0,55±0,05	0,39±0,04	0,35±0,04	0,11±0,02	0,00±0,00	0,12±0,02	0,71±0,07	0,51±0,06	0,57±0,07	0,17±0,03	0,08±0,02	0,22±0,04
c2int	0,01	0,00	0,04	0,04	0,01	0,16	0,03	0,03	0,03	0,01	0,14	0,10
c2prog	0,23	0,08	0,27	0,14	0,03	0,08	0,15	0,16	0,16	0,10	0,04	0,05
CVgi _e	9,36	15,05	8,35	4,35	2,85	12,82	12,37	17,52	12,25	5,35	8,16	17,45
CVgi _d	5,42	7,16	6,48	4,5	8,60	8,32	5,60	9,68	6,49	4,04	5,58	8,40
CVr _e	1,64	0,87	1,03	0,41	0,08	0,45	2,59	1,29	1,54	0,50	0,32	0,60
CVr _d	0,95	0,41	0,80	0,42	0,25	0,29	1,17	0,71	0,82	0,37	0,22	0,29
CVe	5,72	17,34	8,12	10,7	33,98	28,43	4,77	13,57	7,96	10,8	25,65	29,29
Média Geral	51,34	67,00	13,24	9,05	3,52	23,37	50,18	59,68	13,29	9,80	3,61	24,37

¹Vpop: Variância entre populações; Vint: Variância da interação (progênies x local); Vprog: Variância entre progênies, não ajustada para variância genética aditiva total; Ve: variância ambiental; Vf: variância fenotípica individual; h2pop: Herdabilidade da população; c2int: Coeficiente de determinação dos efeitos da interação; c2prog: Herdabilidade entre progênies, não ajustado para variância genética aditiva total; CVgi_e: Coeficiente de variação genotípica entre populações; CVgi_d: Coeficiente de variação genotípica dentro populações; CVr_d: Coeficiente de variação relativa dentro de populações; CVr_e: Coeficiente de variação relativa entre populações; CVe: Coeficiente de variação residual.

Portanto, espera-se que, de acordo com o trabalho de Resende et al. (2015b) a inclusão das informações de população F₂ não venha gerar ganhos significativos na seleção, fato esse comprovado em experimentação prática neste trabalho, apresentado na Tabela 4, valores de eficiência da acurácia seletiva entre populações e dentro de populações (progênes). No entanto, houve alguma variação quanto a eficiência seletiva de acurácia entre progênes, principalmente pela variável APF, por razões, em que, majoritariamente o efeito ambiental consumiu ou mitigou a variabilidade da população (Tabela 3).

O sucesso do índice utilizando as duas metodologias de ponderações das diversas fontes de informações, nas diferentes etapas do programa de melhoramento de soja, se deve, tanto no modelo *SIPPG* como no *SIPP*, aos efeitos de progênes F_{2:3} e, principalmente, as populações F₃. Segundo Resende et al. (2015b), a contribuição percentual (%) do efeito de população em F₃ para o índice *SIPPPG* é um dos mais importantes pesos em porcentagem. Portanto, pode-se inferir que no programa de melhoramento de plantas endogâmicas, é recomendado a avaliação das unidades experimentais, a partir da segunda geração de autofecundação, ou seja, a avaliação de genitores, F₁ e F₂ são igualmente pouco importantes ou não tem serventia. Em termos práticos, ao se obter as sementes híbridas, pode-se realizar a colheita das sementes F₂ em *bulk* e derivar progênes a partir de cada planta F₂ colhida separadamente.

Para as estimativas das acurácias visando a inferência sobre os valores genéticos das futuras linhagens ($r_{aa\infty}$) ao estimar a variância total $2\sigma_a^2$ em F_∞, para todas as características e em ambos os modelos, os valores foram inferiores em relação às acurácias na seleção de progênes (r_{aapro}) apresentados na Tabela 4. Esses valores já eram esperados, visto que a variância de dominância entre e dentro de progênes é de 0,25 em relação à variância genética total (RAMAHLO et al. 2012) e os valores da acurácia para linhagens, são ponderadas pelas correlações de alelos entre e dentro de populações em F_∞ (RESENDE et al. 2015b). Esses resultados são importantes nos estágios iniciais do ciclo de seleção, ocasiões essas em que ainda não se dispõe de informações de gerações mais avançadas, ou seja, há um direcionamento ou predição sobre o desempenho das futuras progênes (linhagens) que estão em fase iniciais de seleção do programa de melhoramento.

As gerações iniciais de populações segregantes de soja, encontram-se em um alto nível de heterogeneidade e pronunciado valores de desvio de dominância, refletindo na baixa precisão na seleção de progênies, quando o objetivo do programa é obter ganhos para caracteres quantitativos. Além da produção de grãos ser de natureza quantitativa, o ambiente exerce grande influência sobre o caráter. Portanto, baixos valores de acurácia na seleção de progênies são esperados na fase inicial do programa de melhoramento de soja, evidenciado pelos dois índices utilizados neste trabalho, porém com estimativas mais precisas dos verdadeiros valores, pelo fato de se considerar todos os efeitos envolvidos na seleção entre e dentro de populações.

Visando a inferência sobre os valores genéticos das futuras linhagens Resende et al. (2015b) demonstrou através de simulações diversos cenários, em que, à medida que se aumenta a variação entre populações, os efeitos de populações passam a terem mais importâncias em comparação com os efeitos de progênies. Estes resultados corroboraram com os experimentos práticos apresentados neste trabalho, no qual a variância entre populações (V_{pop}) apresentou maior contribuição na variação total (Tabela 3), logo espera-se que a acurácia do efeito de progênies seja de menor magnitude (Tabela 4). Esses resultados demonstram a importância em incluir os efeitos de populações nas análises estatísticas a fim de aplicar no melhoramento, pois os efeitos de populações são igualmente significativos para a seleção de futuras linhagens, assim como, os efeitos de progênies.

Tabela 4. Eficiência das estimativas de acurácia seletiva entre populações (r_{aapop}) e de progênies (r_{aaprog}) e de acurácia seletiva para linhagens na geração F_{∞} ($r_{aa\infty}$); na adoção do método *BLUP-SIPPG* em detrimento ao método *BLUP-SIPP* para as características número de dias para o florescimento (NDF), altura da planta na floração (APF), número de nós na haste principal na floração (NNHPF), diâmetro do hipocótilo (DH), número de hastes laterais (NHL) e produtividade em gramas por planta (PROD)

	r_{aapop}			r_{aaprog}			$r_{aa\infty}$		
	SIPPG	SIPP	Eficiência	SIPPG	SIPP	Eficiência	SIPPG	SIPP	Eficiência
NDF	0,82	0,82	1,00	0,84	0,84	0,99	0,62	0,62	0,99
APF	0,81	0,81	1,00	0,67	0,78	0,86	0,50	0,59	0,84
NNHPF	0,81	0,81	1,00	0,80	0,80	1,00	0,60	0,60	1,00
DH	0,81	0,81	1,00	0,70	0,68	1,02	0,55	0,53	1,03
NHL	0,69	0,80	0,86	0,60	0,54	1,10	0,49	0,42	1,17
PROD	0,81	0,81	1,00	0,53	0,54	0,97	0,39	0,40	0,96

Seleção de progênies

A utilização dos valores genotípicos preditos em ambos os modelos para a seleção das 30 melhores progênies, resultou em um alto nível de coincidência para todas as características avaliadas (Tabelas 5 a 7).

Entretanto, ao adicionar o efeito da geração de população F_2 nas análises (método *BLUP-SIPPG*), os ganhos obtidos foram razoavelmente menores. Neste caso, os valores genotípicos foram diferentes para cada progênie, resultando em diferentes médias das variáveis, o que está associado ao número de ambientes utilizados para a predição dos valores genéticos em cada modelo utilizado.

Ao se incluir o efeito da geração de população F_2 , avaliado em casa de vegetação, o efeito da variância da populacional foi distribuído de forma mais homogênea (ambientes controlados) refletindo em diferentes valores genotípicos das progênies, conseqüentemente reduzindo o ganho genético das características, demonstrado principalmente pelas variáveis APF e NHL (Tabela 5 e 7, respectivamente). Ganhos maiores foram verificados apenas para a característica DH ao se utilizar o modelo *BLUP-SIPPG* em detrimento ao modelo *BLUP-SIPP*. No entanto, estes ganhos não indicam que se deve utilizar o efeito de geração de população F_2 nas análises, uma vez que, o efeito da variância da interação progênies x locais (Vint) foram mais expressivos, além da menor variância entre populações (Vpop) indicando que o efeito de população tem menor peso.

Para a seleção de progênies precoces, representado neste trabalho pelo número de dias para o florescimento (NDF), a população 1 possui maiores ganhos genéticos desejáveis (Tabela 5). A população 5, se destacou possuindo os maiores valores genéticos de diâmetros do caule (DH) e números de hastes laterais (NHL) demonstrado respectivamente pelas Tabelas 6 e 7, no entanto, a população 2 que se destacou possuindo caracteres de valores genéticos maiores quanto a respeito ao porte (tamanho) da planta (APF e NNHPF), Tabelas 5 e 6 respectivamente. Mas somente a população 2 que se destacou na seleção de progênies (Tabela 7), quando se deseja genótipos com maiores potenciais produtivos, fato este, podendo ser amparado pelos caracteres de porte relacionados ao ciclo mais tardio.

Resultados de simulação e experimentais publicado por Resende et al. (2015b), revelaram que o novo índice *BLUP-SIPPPG* propicia ganhos em eficiência seletiva variando de 5% a 28%, dependendo da magnitude relativa da variação genética entre

populações. No entanto, também foi constatado pelo autor, que as fontes de informações de genitores, F_1 e F_2 , contribuíram com menos de 1% ao compor o índice total. Esses resultados, corroboram com os resultados encontrados neste trabalho, demonstrado pelo baixo efeito da inclusão de geração da população F_2 , na seleção de progênies de soja quanto aos caracteres que influenciam na produtividade de grãos.

CONCLUSÕES

A inclusão do efeito da geração de população F_2 , via metodologia *BLUP-SIPPG*, não implicou em aumento dos valores das acurácias para seleção de progênie, refletindo em ausência de ganhos com a seleção, em relação a adoção do modelo *BLUP-SIPP* para realizar as análises.

O método *BLUP-SIPP* se demonstrou mais eficiente para selecionar progênies de soja quanto aos caracteres de produtividade de grãos, ao se considerar os efeitos de população F_3 e de progênies $F_{2:3}$, demonstrados pelos valores de acurácias seletivas.

Tabela 5. Valores genotípicos (u+g), das progênies F_{2:3} selecionadas, preditos pelos modelos *BLUP-SIPPG* e *BLUP-SIPP* para as características número de dias para o florescimento (NDF) e altura da planta no florescimento (APF).

NDF						APF					
BLUP-SIPPG			BLUP-SIPP			BLUP-SIPPG			BLUP-SIPP		
Pop	Prog	u + g	Pop	Prog	u + g	Pop	Prog	u + g	Pop	Prog	u + g
1	19	41,64	1	19	40,46	2	71	84,67	2	71	81,62
1	61	41,85	1	61	40,49	2	24	83,77	2	24	79,40
1	60	42,72	1	60	41,56	2	29	81,89	2	29	76,58
1	22	42,79	1	17	41,70	2	42	81,75	2	42	76,37
1	17	42,97	1	22	41,72	2	32	81,66	2	32	76,23
1	29	43,12	1	29	41,92	2	59	81,60	2	60	76,14
1	47	43,33	5	64	42,15	2	17	81,60	2	59	76,13
1	68	43,61	1	47	42,20	2	60	81,44	2	17	76,13
1	51	43,63	1	68	42,26	2	45	81,28	2	45	75,66
1	48	43,63	1	51	42,54	2	6	81,24	2	6	75,59
1	50	43,67	1	48	42,54	2	70	80,98	2	70	75,22
5	64	43,76	1	50	42,55	2	21	80,98	2	21	75,22
1	55	43,85	1	55	42,77	2	49	80,97	2	49	75,19
1	15	43,91	1	40	42,80	2	10	80,80	2	10	74,94
1	40	43,97	1	15	42,82	2	4	80,73	2	52	74,92
1	69	44,04	1	69	42,94	2	52	80,61	2	4	74,84
1	9	44,05	1	9	42,95	2	7	80,51	2	51	74,75
1	21	44,19	1	21	43,09	2	33	79,93	2	7	74,51
5	23	44,21	1	1	43,12	2	55	79,65	2	33	73,64
1	1	44,23	5	23	43,17	2	51	79,61	2	55	73,22
1	59	44,32	1	59	43,18	2	30	79,46	2	30	72,94
1	18	44,32	1	18	43,18	2	22	79,23	2	22	72,59
1	49	44,34	1	49	43,23	2	20	79,17	2	20	72,49
1	35	44,48	1	35	43,36	2	54	79,14	2	54	72,45
1	72	44,65	1	72	43,50	2	23	79,04	2	23	72,31
1	57	44,90	1	62	43,55	2	44	79,01	2	44	72,26
1	52	44,90	1	52	43,66	2	14	78,98	2	14	72,21
1	62	44,92	1	57	43,77	2	18	78,88	2	18	72,07
1	36	45,02	5	17	43,86	2	50	78,68	2	50	71,77
1	45	45,04	1	36	43,89	2	58	78,66	2	58	71,74
\bar{X}_S		43,87			42,70			80,53			74,64
\bar{X}_0		51,34			50,25			67,00			59,68
Ganho (%)		-14,55			-15,02			16,80			20,04

Tabela 6. Valores genotípicos (u+g), das progênies F_{2:3} selecionadas, preditos pelos modelos *BLUP-SIPPG* e *BLUP-SIPP* para as características número de nós da haste principal no florescimento (NNHPF) e diâmetro do hipocótilo (DH).

NNHPF						DH					
BLUP-SIPPG			BLUP-SIPP			BLUP-SIPPG			BLUP-SIPP		
Pop	Prog	u + g	Pop	Prog	u + g	Pop	Prog	u + g	Pop	Prog	u + g
2	24	15,61	2	24	15,75	5	33	10,41	5	33	11,13
2	44	15,50	2	44	15,65	5	12	10,22	5	12	10,96
2	26	15,43	2	71	15,58	5	21	10,06	5	21	10,82
2	67	15,42	2	26	15,57	5	67	10,02	5	45	10,78
2	71	15,41	2	67	15,57	5	45	10,01	5	67	10,77
2	49	15,37	2	49	15,53	5	35	9,97	5	35	10,74
2	17	15,37	2	17	15,53	5	44	9,95	5	44	10,73
2	30	15,35	2	30	15,50	5	53	9,94	5	53	10,72
2	38	15,35	2	38	15,50	5	71	9,93	5	71	10,71
2	35	15,32	2	35	15,48	5	1	9,86	5	1	10,64
2	3	15,30	2	3	15,45	5	24	9,83	5	5	10,62
2	31	15,30	2	31	15,45	5	5	9,81	5	24	10,61
2	22	15,24	2	22	15,40	5	50	9,78	5	50	10,58
2	55	15,24	2	55	15,40	5	62	9,77	5	62	10,58
2	66	15,24	2	66	15,40	5	64	9,75	5	64	10,56
2	42	15,22	2	42	15,38	5	60	9,75	5	43	10,55
2	16	15,21	2	16	15,38	5	43	9,74	5	60	10,54
2	69	15,18	2	69	15,35	5	25	9,71	5	25	10,52
2	9	15,17	2	9	15,33	5	17	9,70	5	32	10,51
2	23	15,17	2	23	15,33	5	32	9,70	5	70	10,51
2	50	15,14	2	50	15,31	5	30	9,69	5	17	10,51
2	53	15,14	2	53	15,31	5	70	9,69	5	29	10,5
2	46	15,14	2	46	15,31	5	29	9,68	5	30	10,5
2	2	15,11	2	52	15,28	5	16	9,68	5	16	10,48
2	5	15,11	2	2	15,28	5	14	9,67	5	14	10,48
2	52	15,11	2	5	15,28	2	29	9,62	5	11	10,43
5	5	15,10	2	59	15,26	5	11	9,60	5	22	10,43
2	59	15,09	2	36	15,23	5	54	9,60	5	54	10,42
2	36	15,06	2	58	15,21	5	22	9,59	5	68	10,41
2	58	15,04	2	43	15,18	5	68	9,57	5	56	10,4
	\bar{X}_S	15,25			15,41			9,81			10,60
	\bar{X}_0	13,24			13,29			9,05			9,80
	Ganho (%)	13,17			13,73			7,79			7,54

Tabela 7. Valores genotípicos (u+g), das progênies F_{2:3} selecionadas, preditos pelos modelos *BLUP-SIPPG* e *BLUP-SIPP* para as características número de hastes laterais (NHL) e produtividade em gramas por planta (PROD).

NHL						PROD					
BLUP-SIPPG			BLUP-SIPP			BLUP-SIPPG			BLUP-SIPP		
Pop	Prog	u + g	Pop	Prog	u + g	Pop	Prog	u + g	Pop	Prog	u + g
5	33	3,80	5	33	4,05	2	30	30,57	2	30	31,63
5	30	3,75	5	30	4,00	2	6	29,95	2	6	31,13
5	12	3,74	5	12	4,00	2	5	28,89	2	5	30,28
5	31	3,74	5	1	3,99	2	29	28,77	2	29	30,18
5	5	3,73	5	11	3,98	2	57	28,76	2	57	30,17
5	13	3,72	5	64	3,98	2	7	28,52	2	7	29,98
5	11	3,72	5	31	3,98	2	72	28,39	2	72	29,88
2	43	3,71	5	5	3,97	2	14	28,37	2	14	29,86
5	1	3,71	5	13	3,97	2	34	28,29	2	34	29,8
5	24	3,70	5	28	3,96	2	46	28,21	2	46	29,73
5	64	3,70	5	24	3,95	2	17	28,18	2	17	29,71
5	67	3,70	5	67	3,95	2	35	28,10	2	35	29,65
5	28	3,70	5	43	3,94	2	42	28,06	2	42	29,61
5	45	3,70	5	45	3,94	2	58	28,03	2	58	29,58
5	60	3,69	5	44	3,93	2	3	27,97	2	3	29,54
5	4	3,68	5	60	3,93	2	36	27,96	2	36	29,53
5	14	3,68	5	62	3,93	2	62	27,95	2	62	29,52
5	44	3,68	5	4	3,92	2	21	27,93	2	21	29,50
5	43	3,67	5	14	3,91	2	39	27,88	2	39	29,47
5	71	3,67	5	56	3,91	2	8	27,85	2	8	29,45
5	62	3,67	5	20	3,91	2	43	27,85	2	43	29,44
5	56	3,66	5	57	3,90	2	12	27,74	2	12	29,35
5	16	3,66	5	71	3,90	2	52	27,72	2	52	29,35
2	54	3,65	5	18	3,90	2	4	27,62	2	4	29,25
5	57	3,65	5	70	3,90	2	37	27,60	2	37	29,24
5	20	3,64	5	16	3,90	2	11	27,59	2	11	29,24
5	37	3,64	2	43	3,89	2	18	27,59	2	66	29,23
5	18	3,64	5	37	3,89	2	2	27,58	2	18	29,23
5	70	3,64	5	61	3,89	2	66	27,54	2	2	29,22
5	61	3,64	5	66	3,88	2	27	27,52	2	27	29,17
\bar{X}_S		3,69			3,94			28,16			29,70
\bar{X}_0		3,52			3,61			23,37			24,37
Ganho (%)		4,57			8,24			17,01			17,95

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. 6th ed. Viçosa: UFV, 2013. 525 p.

BRIM, C.A. 1966. A modified pedigree method of selection in soybeans. **Crop Sci.** 6:220. doi: 10.2135/cropsci1966.0011183X000600020041x.

COCKERHAM, C.C. 1963. **Estimation of genetic variances**. In: W.D. Hanson and H.F. Robinson, editors, *Statistical genetics and plant breeding*. Publ. 982. Natl. Acad. Sci., Natl. Res. Council., Washington, DC. p. 53–94.

COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. **Genetics, Austin**, v. 39, n. 6, p. 859-882, Nov. 1954.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: Ed. da UFV, 2012. 514p.

FERH, W.R.; CAVINESS, C.E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and a Technology, 1977. 11p.

FREY, K.J. 1954. **The use of F2 lines in predicting the performance of F3 selections in two barley crosses**. *Agron. J.* 46:541-544. doi:10.2134/agronj1954.00021962004600120003x.

GOLDEN, C.H. 1939. **Problems in plant selection**. In: R.C. Burnett, editor, *Proceedings of the 7th International Genetics Congress (Edinburgh)*. Cambridge Univ. Press, Cambridge, UK. p. 132–133.

RAMALHO, M.A.P., A. de F.B. Abreu, J.B. Santos, and J.A.R. Nunes. 2012. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1st ed. Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil.

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

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

RESENDE, M. D. V.; RAMALHO, M. A. P.; GUILHERME, S.; ABREU, A. F. B. Multigeneration index in the within progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science**, DOI: 10.2135/cropsci2014.08.0580, 2015a.

RESENDE, M. D. V.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S.; BATISTA, L. G.; GOIS, I. B. Selection index with parents, populations, progenies and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science**, 2015b.

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional**: modelos mistos, categóricos e generalizados (REML\BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. Viçosa, MG: Suprema, 2014. 881 p.

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; OLIVEIRA, R.C.T.; GLASENAPP, J.S. Origem e evolução. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenaz, 2015. p. 11-18.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers. 363 p. 1989.

CONCLUSÕES GERAIS

O uso da metodologia *BLUP* com dados de múltiplas gerações de populações e progênes avaliadas em diferentes locais, possibilitou obter a predição dos valores genotípicos livre das interações com o ambiente. O uso de modelos mistos via índice *BLUP-SIPPPG* possibilita selecionar progênes endogâmicas com maior qualidade experimental, por meio da estimação de valores genéticos mais acurados. No entanto, devido às restrições de informações fornecidas ao pesquisador advindas da fase inicial do programa de melhoramento, o índice pode ser utilizado por meio da combinação de diferentes efeitos. A utilização dos métodos *BLUP-SIPP* e *BLUP-SIPPPG*, nas diferentes etapas do programa de melhoramento de soja, proporcionaram um ganho extra, sem nenhum custo adicional.

A adoção do método *BLUP-SIPP* favoreceu a estimação dos parâmetros genético e ambientais, além do entendimento da distribuição da variância genotípica entre populações F_3 e progênes $F_{2:3}$.

As variações entre populações apresentaram contribuições majoritárias para a variância fenotípica total, na avaliação de famílias de soja $F_{2:3}$, contribuindo para a seleção de progênes superiores.

A adoção do método *BLUP-SIPP* contribuiu para a predição de valores genotípicos acurados, o que refletiu na obtenção de ganhos com seleção de progênes com maior produção de grãos ao utilizarem os índices de seleção.

A inclusão do efeito da geração de população F_2 , via modelo *BLUP-SIPPPG*, como já esperado, não implicou em aumento dos valores das acurácias para a seleção de progênie, refletindo em ausência de ganhos com a seleção, em relação ao modelo *BLUP-SIPP*.