



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO TOCANTINS
CAMPUS UNIVERSITÁRIO DE GURUPI
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO VEGETAL**

ANDERSON DALLASTRA

**PREDIÇÃO FENOTÍPICA NO MELHORAMENTO DA SOJA PARA DIFERENTES
REGIÕES DO BRASIL**

**Gurupi - TO
2022**

Anderson Dallastra

Predição fenotípica no melhoramento da soja para diferentes regiões do Brasil

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade Federal do Tocantins (UFT) como requisito à obtenção do grau de Doutor em Produção Vegetal.

Orientador: Prof. Dr. Joênes Mucci Peluzio

Co-orientador: Dr. Leandro de Freitas Mendonça

Gurupi - TO

2022

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal do Tocantins

D145p Dallastra, Anderson.
 Predição fenotípica no melhoramento da soja para diferentes regiões do
 Brasil / Anderson Dallastra. – Gurupi, TO, 2023.
 92 f.

 Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Tocantins – Câmpus
 Universitário de Gurupi - Curso de Pós-Graduação (Doutorado) em Produção
 Vegetal, 2023.
 Orientador: Joênes Mucci Peluzo
 Coorientador: Leandro de Freitas Mendonça

 1. Glycine max 2. Predição de cruzamento. 3. Breeding Value. 4.
 Correlação. I. Título

CDD 635

TODOS OS DIREITOS RESERVADOS – A reprodução total ou parcial, de qualquer forma ou por qualquer meio deste documento é autorizado desde que citada a fonte. A violação dos direitos do autor (Lei nº 9.610/98) é crime estabelecido pelo artigo 184 do Código Penal.

Elaborado pelo sistema de geração automática de ficha catalográfica da UFT com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

Anderson Dallastra

Predição fenotípica no melhoramento da soja para diferentes regiões do Brasil

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade Federal do Tocantins (UFT) como requisito à obtenção do grau de Doutor em Produção Vegetal aprovada em sua forma final pelo orientador e pela Banca Examinadora.

Data de aprovação: 22/11/2022.

Banca Examinadora:

Prof. Dr. Joênes Mucci Peluzio

Professor da Universidade Federal do Tocantins - UFT

Prof. Dr. Rodrigo Ribeiro Fidelis

Professor da Universidade Federal do Tocantins – UFT

Prof^a. Dr^a. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Professora da Universidade Estadual Paulista – UNESP

Dr. Fernando Augusto Henning

Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA Soja

Prof. Dr. Vitor de Laia Nascimento

Professor da Universidade de Lavras – UFV

Aos meus pais Carmen e Volmar, aos meus irmãos Andrei e Emanuel e a minha esposa Eloane, dedico essa conquista.

AGRADECIMENTOS

A Deus pela oportunidade e privilégio de ter me permitido chegar até aqui.

A toda minha família e minha esposa pelo apoio e carinho incondicional.

A Universidade Federal do Tocantins – UFT, pela oportunidade oferecida de desenvolver este trabalho e a toda equipe de colaboradores desta instituição.

Ao Prof. Dr. Joênes Mucci Peluzio, pela orientação e ao Dr. Leandro de Freitas Mendonça pela co-orientação, atenção e ensinamentos proporcionados.

Aos professores da UFT pelo companheirismo e sabedoria transmitida.

A todos os amigos e colegas que de alguma forma contribuíram e incentivaram para o desenvolvimento desse trabalho.

A GDM Genética do Brasil S.A, empresa a qual forneceu todo suporte necessário para o desenvolvimento desse trabalho e a toda equipe de colaboradores pelo auxílio e amizade, em especial, ao saudoso amigo Joel Brollo (*in memoriam*).

A todos que direta ou indiretamente contribuíram para realização deste trabalho.

Muito obrigado!

RESUMO

Entre as diversas culturas socioeconômicas cultivadas no Brasil, a soja merece destaque, sendo cultivada em diversos ambientes, graças aos esforços dos programas de melhoramento genético para desenvolvimento contínuo de novas cultivares. Há inúmeras possibilidades de cruzamentos, a partir do germoplasma disponível, gerando assim, milhares de progênies que precisam ser exaustivamente testadas, tornando o processo de melhoramento muito moroso e oneroso. No presente trabalho foi estudada a correlação entre a predição dos cruzamentos com o real potencial produtivo das progênies de soja convencionais (*Breeding Value* (BV)), visando verificar a eficácia do uso desta metodologia em obter progênies com alto potencial produtivo para as macrorregiões sojícolas (MRS) e regiões edafo-climáticas (RECs) do Brasil. Foi selecionado um grupo de 481 genótipos convencionais como genitores e, a partir dos mesmos, geraram-se os BV e procedeu-se a predição de cruzamentos utilizando o procedimento de modelos mistos com máxima verossimilhança - melhor estimador linear não viesado (REML\BLUP). No ano de 2019, executaram-se os cruzamentos preditos e as populações F₁ foram semeadas em Porto Nacional-TO para obtenção das sementes F₂ as quais, após a colheita, foram enviadas aos cinco programas de melhoramento de uma empresa privada sediados em Passo Fundo-RS, Cambé-PR, Rio Verde-GO, Lucas do Rio Verde-MT e Porto Nacional-TO. Na safra 2019/2020 as populações segregantes F₂ foram semeadas em ensaios experimentais para obtenção de sementes F₃, assim, o processo seletivo das melhores progênies, embora ainda com alto grau de heterozigose, ocorreu na própria região de adaptação. Ao todo, foram selecionadas 1868 progênies que, na safra 2020/2021, foram semeadas em ensaios F₃ nos respectivos programas de melhoramento de cada MRS, avaliando-se o rendimento de grãos (YG). Na safra 2021/2022, as progênies foram semeadas em ensaios F₄ em 50 ambientes nas RECs distribuídas pelo Brasil, onde foram novamente avaliadas quanto ao YG e fenótipo para caracterização. Para se obter os resultados da efetividade da predição de cruzamentos em relação ao potencial produtivo das progênies nos ensaios experimentais de F₃ e F₄, utilizou-se a análise de correlação. A predição de cruzamentos resultou em muito fraca a moderada correlação entre valores de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ indicando, no modelo de predição utilizado nesse estudo, pouca eficiência na identificação preliminar de cruzamentos com alto potencial de gerar progênies agronomicamente superiores para as regiões sojícolas do Brasil.

Palavras-chave: *Glycine max.* Predição de cruzamento. *Breeding value.* Correlação.

ABSTRACT

Among the various socioeconomic cultures cultivated in Brazil, soybean deserves prominence, being cultivated in various environments, thanks to the efforts of genetic improvement programs for continuous development of new cultivars. There are numerous possibilities of crosses, from the available germplasm, thus generating thousands of progenies that need to be thoroughly tested, making the breeding process very time consuming and costly. In the present work it was studied the correlation between the prediction of crosses with the real productive potential of conventional soybean progenies (Breeding Value (BV)), in order to verify the effectiveness of the use of this methodology in obtaining progenies with high productive potential for the macro-regions soybeans (MRS) and edaphoclimatic regions (RECs) of Brazil. We selected a group of 481 conventional genotypes as parents and, from them, generated the BV and proceeded to predict crosses using the procedure of mixed models with maximum likelihood - better unbiased linear estimator (REML BLUP). In 2019, the predicted crosses were performed and the F₁ populations were sown in Porto Nacional-TO to obtain the F₂ seeds which, after harvest, were sent to the five breeding programs of a private company based in Passo Fundo-RS, Cambé-PR, Rio Verde-GO, Lucas do Rio Verde-MT and Porto Nacional-TO. In the 2019/2020 harvest the F₂ segregating populations were sown in experimental tests to obtain F₃ seeds, thus, the selective process of the best progenies, although still with a high degree of heterozygosity, occurred in the adaptation region itself. In all, 1868 progenies were selected which, in the 2020/2021 harvest, were sown in F₃ trials in the respective breeding programs of each MRS, evaluating the grain yield (YG). In the 2021/2022 harvest, the progenies were sown in F₄ trials in 50 environments in the RECs distributed in Brazil, where they were again evaluated for YG and phenotype for characterization. To obtain the results of the effectiveness of the prediction of crosses in relation to the productive potential of the progenies in the experimental tests of F₃ and F₄, the correlation analysis was used. The prediction of crossings resulted in very weak to moderate correlation between values of YG BV vs YG F₃ and YG BV vs YG F₄ indicating, in the prediction model used in this study, little efficiency in the preliminary identification of crosses with high potential to generate agronomically superior progenies for the soybean regions of Brazil.

Keywords: *Glycine max*. Cross prediction. Breeding value. Correlation.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Macrorregiões sojícolas do Brasil (MRS) e regiões edafoclimáticas (RECs) – 3ª Aproximação	20
Figura 2 – Semeadora de parcelas experimental adaptada com sistema a vácuo.....	36
Figura 3 – Colhedora de parcelas experimentais com sistema Seed-spector	37
Figura 4 – Correlação entre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ e regressão para o cenário M1	46
Figura 5 – Correlação entre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ e regressão para o cenário M2	51
Figura 6 – Correlação ntre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ e regressão para o cenário M3	56
Figura 7 – Correlação entre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ e regressão para o cenário M4	63
Figura 8 – Correlação entre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ e regressão para o cenário M5	66
Figura 9 – Correlação entre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ e regressão para o cenário Geral e programas de melhoramento.....	69

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Testemunhas utilizadas nos ensaios de POP, ensaios F ₃ e ensaios F ₄	32
Tabela 2 – Ambientes, MRS, RECs e número de progênies semeados na safra 2021/2022....	37
Tabela 3 – Coeficiente de correlação estatística de referência.....	42
Tabela 4 – Descrição de cruzamentos preditos com valores de BV, YG F ₃ e YG F ₄ para M1, expressos em Kg.ha ⁻¹	43
Tabela 5 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R ²) entre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ para o cenário M1.....	45
Tabela 6 – Descrição de cruzamentos preditos com valores de BV, YG F ₃ e YG F ₄ para M2, expressos em Kg.ha ⁻¹	47
Tabela 7 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R ²) entre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ para o cenário M2.....	50
Tabela 8 – Descrição de cruzamentos preditos com valores de BV, YG F ₃ e YG F ₄ para M3, expressos em Kg.ha ⁻¹	52
Tabela 9 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R ²) entre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ para o cenário M3.....	55
Tabela 10 – Descrição de cruzamentos preditos com valores de BV, YG F ₃ e YG F ₄ para M4, expressos em Kg.ha ⁻¹	57
Tabela 11 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R ²) entre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ para o cenário M4.....	62
Tabela 12 – Descrição de cruzamentos preditos com valores de BV, YG F ₃ e YG F ₄ para M5, expressos em Kg.ha ⁻¹	64
Tabela 13 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R ²) entre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ para o cenário M5.....	65
Tabela 14 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R ²) entre resultados de YG BV vs YG F ₃ e YG BV vs YG F ₄ para o cenário Geral e programas de melhoramento.....	68

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

BV – *Breeding Value*

MRS – macrorregiões sojícolas

REC – regiões edafo-climáticas

BLUP – *Best Linear Unbiased Prediction*

BLUPI – *Best Linear Unbiased Prediction at individual level*

REML – *Restricted Maximum Likelihood*

F₁ – geração 1 (filial)

F₂ – geração 2 (filial)

F₃ – geração 3 (filial)

F₄ – geração 4 (filial)

YG – *Yield grain* (rendimento de grãos)

CF – Cor de flor

CP – Cor da pubescência na haste principal

HC – Tipo de crescimento

GM – Grupo de maturidade relativa

ACA – Acamamento

ASP – Aspecto fenotípico

RNC – Registro Nacional de Cultivares

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

IAC – Instituto Agrônomo de Campinas

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento

MATOPIBA – acrônimo que denomina a região que se estende por territórios de quatro estados do Brasil, formado com as primeiras sílabas dos nomes dessas unidades federativas: Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia

CSM – Coordenação de Sementes e Mudanças

MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

RNC – Registro Nacional de Cultivares

VCU – Valor de Cultivo e Uso

MAS – seleção auxiliada por marcadores molecular

GWS – *Genome Wide Selection*

QTL – *Quantitative Trait Loci*

GxE – interação genótipo x ambiente

RR-BLUP – Modelo misto de regressão linear

GM – Grupo de maturidade relativa

DBA – Delineamento em blocos aumentados

R² – coeficiente de determinação

r – coeficiente de correlação

SSD – *Single-Seed Descendent*

SPD – *Single Pood Descent*

ISAAA – *International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications*

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	16
2.1	A cultura da soja e expansão no Brasil.....	16
2.2	Melhoramento genético da soja	20
2.3	Modelos preditivos no melhoramento de plantas	23
2.4	Análise de correlação e regressão	27
3	MATERIAL E MÉTODOS	30
3.1	Escolha de genitores	30
3.2	Predição de cruzamentos	31
3.3	Cruzamentos, populações segregantes e progênies	32
3.4	Experimentos de campo com progênies	34
3.5	Análise de dados fenotípicos	40
3.6	Análise de correlação	41
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	43
4.1	Cenário M1	43
4.2	Cenário M2	46
4.3	Cenário M3	51
4.4	Cenário M4	57
4.5	Cenário M5	63
4.6	Cenário Geral	66
4.7	Contextualização	70
5	CONCLUSÃO	80
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS	81
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	82

1 INTRODUÇÃO

Nas duas últimas décadas, com a expansão agrícola em grandes áreas dos Cerrados, o processo produtivo da soja ocorre predominantemente em regiões de climas tropical e subtropical. A adaptação da soja às condições de latitudes das regiões Centro Oeste, Norte e Nordeste foi um dos grandes desafios enfrentados pelos programas de melhoramento, contornado pela incorporação de genes que atrasam o florescimento, mesmo em condições de fotoperíodo indutor, conferindo a característica de período juvenil longo, permitindo maior desenvolvimento vegetativo.

As regiões situadas em latitudes menores que 10° representam, atualmente, a área de expansão da soja, especialmente nos estados do Maranhão, Piauí, Tocantins e Pará, que foram alavancadas com o lançamento de cultivares com características agronômicas de melhor adaptação às condições edafoclimáticas dos trópicos (ALMEIDA et al., 1999). Atualmente, há em torno de 4165 cultivares de soja registradas no Registro Nacional de Cultivares (RNC) (SRNC/CGSM/DSV/SDA/MAPA, 2022). Tal expansão da cultura da soja em todo Brasil, especialmente nos Cerrados, impulsionou o investimento em programas de melhoramento genético, especialmente por empresas privadas, as quais detêm em torno de 88% das cultivares registradas no RNC.

Entre os principais objetivos dos programas de melhoramento, destaca-se a obtenção de genótipos superiores, quando comparados aos disponíveis no mercado, e que sejam possíveis de plantio nas diversas regiões do país (OLIVEIRA et al., 2019).

O melhoramento de plantas, desde os seus primórdios, tem se baseado na seleção visual de indivíduos, ou seja, a seleção com base apenas no valor fenotípico (ALLARD, 1999). Assim, os melhoristas escolhiam os melhores indivíduos e os recombinavam através de cruzamentos, também conhecido como hibridação, objetivando a obtenção de progênies com características agronômicas superiores quando comparada aos seus genitores.

As hibridações são realizadas com o intuito de desenvolvimento de germoplasmas superiores e as populações segregantes são conduzidas por métodos tradicionais de melhoramento de plantas autógamas, para permitir a seleção e a avaliação de genótipos com as características agronômicas desejadas nas novas cultivares (ALMEIDA et al., 1999). Dessa forma, devido ao grande número de possíveis cruzamentos, em função do elevado número de genitores disponível, se torna impraticável avaliar todas as combinações, o que necessitaria de grande número de mão de obra e de experimentos a serem implementados. Portanto este é um

processo extremamente oneroso em função da necessidade de avaliação em campo de todas estas combinações sintetizadas (OLIVEIRA, 2019).

A seleção de genótipos superiores tem sido uma tarefa de difícil execução, uma vez que os caracteres de importância agrônômica, em sua maioria quantitativos, apresentam base genética complexa, além de serem altamente influenciados pelo ambiente (CRUZ, 2001). Assim, recursos extras, além daqueles pertinentes à escolha de delineamentos genéticos, métodos de seleção e boa experimentação agrícola, fazem parte de uma tendência recente (PEIXOTO, 2016).

A identificação de genótipos superiores requer métodos de seleção capazes de explorar eficientemente o material genético disponível, maximizando o ganho genético em relação às características de interesse (LORENZ, 2013).

Diversos métodos de seleção têm sido utilizados no melhoramento genético vegetal tal como a seleção por modelos mistos pelo método BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction* - melhor predição linear não viesada) (BARETTA et al., 2016). O uso de modelos mistos pode prever o valor genotípico, também conhecido como *Breeding Value* (BV), aumentando a eficiência nos processos seletivos no melhoramento de plantas. Para o estudo de pedigrees tem se adotado o método dos modelos mistos REML/BLUP (REML - *Restricted Maximum Likelihood* - máxima verossimilhança restrita) que permite estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos dos pedigrees. O BLUP consiste basicamente na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas por meio da metodologia de modelos mistos (RESENDE, 2002).

Segundo Pinheiro et al. (2013), o uso do método REML/BLUP é comum no melhoramento genético de plantas perenes e frutíferas. Entretanto, no melhoramento de espécies anuais, seu uso não é tão frequente, embora haja um número crescente de relatos em diferentes espécies como a soja.

Além das informações fenotípicas, amplamente utilizado para a seleção de genitores e progênies, o uso de dados genotípicos tem aportado de modo essencial no melhoramento de plantas, especialmente com uso de marcadores moleculares e métodos de seleção denominada seleção genômica (GS) ou seleção genômica ampla (*Genome Wide Selection* - GWS). Os avanços nas tecnologias de genotipagem e a redução do custo por amostra, seguidos pelo desenvolvimento de novas ferramentas e métodos estatísticos aplicados à genética vegetal, estão possibilitando a obtenção de conjuntos de dados amplamente aprimorados para análises genéticas (CROSSA, 2017).

Trabalhos iniciais foram propostos por Meuwissen et al., (2001), posteriormente, inúmeros métodos foram desenvolvidos tentando capturar da melhor forma possível a variância genética e reduzir a variância residual de forma a aumentar a acurácia de predição (JANNINK et al., 2001; DE LOS CAMPOS et al., 2009; DE LOS CAMPOS et al., 2010).

Mediante o exposto, pode-se considerar que existe uma crescente demanda dos programas de melhoramento de plantas por aplicações de técnicas e ferramentas modernas que auxiliem os melhoristas na escolha dos melhores genitores e no direcionamento dos cruzamentos, a fim de se obter populações segregantes e progênes com alto potencial genético.

Neste sentido, a predição de cruzamentos por meio da caracterização e identificação de indivíduos com alto BV, poderá possibilitar a geração de progênes com alta variabilidade e/ou dissimilaridade genética, incremento e complementariedade de genes de interesse com alelos favoráveis e alto potencial de rendimento. Em especial, pode reduzir o número de cruzamentos a serem realizados e progênes conduzidas em avaliações de campo que não apresentem potencial produtivo, reduzindo custos, isso porque, a etapa de execução de cruzamentos, a depender da escala adotada, requer grande quantidade de mão-de-obra treinada, em vista à sua complexidade e fatores limitantes. Na sequência, a condução de populações segregantes e progênes e todo processo de experimentação, necessário aos processos seletivos, exige um aparato técnico e estrutural que onera consideravelmente os programas de melhoramento.

Sobretudo, a predição de cruzamentos pode tornar os programas de melhoramento de plantas, especificamente da cultura de soja, mais eficientes em relação aos ganhos genéticos, redução dos custos para obtenção de novas cultivares e, conseqüentemente, aumento da disponibilidade de novas e diversificadas cultivares recomendadas às regiões agrícolas.

Considerando a relevância da cultura da soja em todo território nacional, a crescente demanda por novas cultivares e o potencial das novas técnicas e ferramentas no melhoramento de plantas, o objetivo do presente trabalho consistiu em estudar a correlação entre a predição dos cruzamentos com o real potencial produtivo de progênes de soja convencionais por meio do (*Breeding Value*), visando verificar a eficácia do uso desta metodologia em obter progênes com alto potencial produtivo para as regiões sojícolas do Brasil.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 A cultura da soja e expansão no Brasil

A soja é uma espécie autógama, herbácea, anual, ereta e com porte variável, pertencente à classe das *Dicotiledôneas*, família *Fabaceae*, gênero *Glycine*, subgênero Soja, sendo a espécie cultivada [*Glycine max* (L). Merrill], se diferenciando de outras espécies semelhantes pela presença de pubescência nas hastes e vagens (CHUANG e SHING, 2008).

Nos seus primórdios a soja era de hábito rasteiro, sendo encontrada na costa leste da Ásia, principalmente na China. Sua evolução ocorreu de plantas oriundas de cruzamentos naturais entre duas espécies de soja selvagem, que foram domesticadas e melhoradas por cientistas da antiga China (EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA, 2022). Originária de clima temperado, com ampla adaptação aos climas subtropicais e tropicais (SEDIYAMA et al., 2005), é uma leguminosa anual cultivada comercialmente em mais de 35 países, nas mais diversas condições edafoclimáticas (BORÉM et al., 2009). É considerada uma das culturas mais antigas do mundo (BEZERRA et al., 2015).

De acordo com Sedyama et al., (1989) e Yuyama (1991), fatores ambientais como fotoperíodo, temperatura, radiação solar, vento, umidade, fertilidade do solo, época de semeadura e densidade de plantas, podem afetar diretamente a altura da planta, o grau de acamamento, produtividade e, conseqüentemente, influenciar na manifestação do máximo potencial genético de uma cultivar.

A soja é classificada como planta de dia curto (noites longas), mas existe uma ampla variabilidade genética de resposta às exigências fotoperiódicas. As cultivares convencionais, na grande maioria, são altamente sensíveis a mudanças entre latitudes ou datas de semeadura devido às suas respostas às variações no fotoperíodo (HARTWIG e KIIHL, 1979). O uso da característica período juvenil longo foi a solução encontrada por alguns melhoristas de soja para retardar o florescimento em condições de dias curtos (HARTWIG e KIIHL, 1979; KIIHL et al., 1985; KIIHL e GARCIA, 1989).

A cultura de soja é a mais importante oleaginosa a nível mundial e sua composição apresenta altos teores de óleo e proteína. É a cultura anual mais relevante do cenário agrícola brasileiro, configurando-se como a *commodity* de maior importância econômica do Brasil (SILVA et al., 2017).

No Brasil, Gustavo D'Utra efetuou o primeiro cultivo em 1882, tentativa que fracassou posto que o material genético, desenvolvido para climas frios ou temperados, não se adaptou às

condições da Bahia (GAZZONI, 2018). Em São Paulo, foi cultivada pela primeira vez por Daffert, em 1892, no Instituto Agrônomo de Campinas - IAC (CÂMARA, 1998).

Ainda segundo Gazzoni (2018), o cerne do problema estava na indução floral da soja, determinada pelo comprimento do dia (fotoperíodo), uma característica controlada geneticamente. Foi somente após os cientistas introduzirem o atributo de período juvenil longo que a soja conseguiu se expandir com segurança para as outras regiões. Durante o período juvenil, a planta de soja não floresce, mesmo que as condições de fotoperíodo estejam presentes. Só assim é possível que a planta cresça e se desenvolva, forme biomassa em volume adequado e expresse altos rendimentos. Essa descoberta representou uma quebra de paradigma em escala global, pois nunca havia sido possível cultivar soja com sucesso, em regiões tropicais.

Os primeiros cultivos comerciais foram conduzidos na região sul e, a partir dessa região, desde a década de 1970, as lavouras de soja vêm se expandindo no Cerrado brasileiro, ocupando, atualmente, áreas do sul ao norte. O sucesso e a expansão da soja no Brasil devem-se a diversos fatores, entre eles o melhoramento genético da espécie, com o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, adaptadas e resistentes a diversas doenças (SILVA et al., 2017).

A adaptação de diferentes cultivares a determinadas regiões depende, além das exigências hídricas e térmicas, de sua exigência fotoperiódica. A sensibilidade ao fotoperíodo é característica variável entre cultivares, ou seja, cada cultivar possui seu fotoperíodo crítico, acima do qual o florescimento é atrasado (EMBRAPA, 2011).

Entre as inúmeras culturas socioeconômicas cultivadas no Brasil, a soja merece destaque, podendo ser usada tanto para alimentação humana e animal direta ou indiretamente, bem como para industrialização. Além de sua importância na segurança alimentar, destaca-se também por impulsionar o desenvolvimento regional onde é cultivada, uma vez que, possui uma ampla cadeia produtiva interrelacionada.

Com a ampliação do conhecimento técnico, desenvolvimento de novos cultivares, avanços tecnológicos, manejo adequado, entre outros fatores, foi possível alavancar a agricultura nacional, tornando o Brasil um dos maiores produtores mundiais de alimentos, especialmente da cultura da soja.

A grande importância da soja na agricultura brasileira está relacionada em parte pelas condições climáticas favoráveis e pelo bom manejo do solo e, particularmente pelo alto número de cultivares melhoradas. Este número vem aumentando a cada ano, com cultivares novas e mais produtivas, resistentes a patógenos e com grande expansão e consolidação em novas áreas de cultivo. (EMBRAPA, 2006).

A soja representou 47,6% da produção total de grãos do País na safra 2021/2022 (CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2022). Segundo Hirakuri (2020), o cultivo da soja está concentrado nas regiões Sul e Centro-Oeste, que possuem os cinco estados maiores produtores nacionais da cultura, Mato Grosso, Paraná, Rio Grande do Sul, Goiás e Mato Grosso do Sul.

Embora os incrementos de área e produção nas regiões Centro-Oeste e Sul sejam os mais significativos em valores absolutos, quando se considera as taxas de crescimento, verifica-se um avanço significativo de área e produção nas regiões Norte (16,4% e 17,5% a.a.) e Nordeste (7,1% e 8,8% a.a.). Isso ocorreu, sobretudo, em função do crescimento da sojicultura na Região do MATOPIBA (acrônimo que denomina a região que se estende por territórios de quatro estados do Brasil, formado com as primeiras sílabas dos nomes dessas unidades federativas: Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia) e no Pará, que possuem áreas significativas com condições favoráveis à expansão da fronteira agrícola, notadamente em áreas de pastagens degradadas (HIRAKURI et al., 2018). Além disso, ressalta-se que essas regiões também tiveram evolução destacada na produtividade, que já são similares aos valores alcançados por grandes produtores nacionais, tal como o Mato Grosso, em condições edafoclimáticas favoráveis (HIRAKURI, 2020).

Dados da CONAB (2022), apresentam que a área plantada com soja na safra 2021/2022 foi de 40,9 milhões de hectares, com produção em torno de 124,2 milhões de toneladas que, mesmo com perdas na produção causada pelo déficit hídrico na região sul, permitiu ao Brasil a posição de maior produtor mundial.

Com a expansão da cultura da soja para novas fronteiras agrícolas, faz-se necessário o desenvolvimento de novas cultivares, adaptadas as condições locais, com bons atributos agronômicos e com alto rendimento produtivo.

Embora diversos programas de melhoramento estão focando seus esforços para atender essa nova e crescente demanda, em muitos casos, há uma grande morosidade e onerosidade para gerar novas cultivares de soja, uma vez que, são necessários vários anos de pesquisa para se desenvolver germoplasma adaptado, visto que, nem sempre é possível incorporar um germoplasma já existente numa região em outra região agrícola. Além disso, há a necessidade de ensaios experimentais durante vários anos em diversos ambientes (microrregiões) para se obter confiabilidade do potencial genético deste germoplasma.

As condições de riscos e incertezas na agricultura são elevadas e, para administrá-las, cabe ao produtor rural tomar decisões baseadas em informações técnicas e econômicas. Dentre as diversas práticas culturais, a utilização de genótipos adaptados ao local de cultivo é de

extrema importância, por determinarem melhor aproveitamento de fatores abióticos como água, luz e nutrientes, para que a cultura possa expressar todo o seu potencial (ARGENTA et al., 2001).

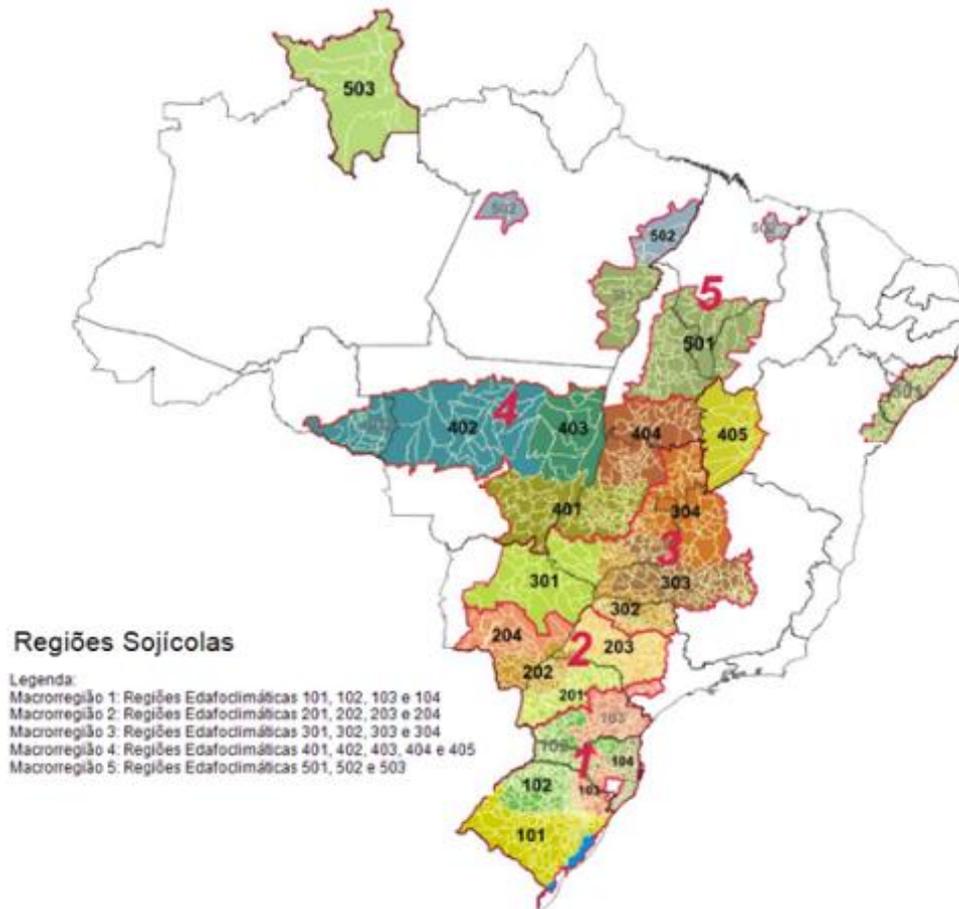
Como mencionam Kaster e Farias (2012), em razão da sensibilidade da soja ao fotoperíodo, a adaptabilidade de cada cultivar varia com a latitude, ou seja, à medida que o seu cultivo se desloca em direção ao sul ou ao norte, portanto, cada cultivar tem uma faixa limitada de adaptação em função do seu grupo de maturidade, havendo grupos de maturidade predominantes em cada região com maior possibilidade de adaptação.

As normas da Coordenação de Sementes e Mudas, do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (CSM/MAPA), para a inscrição de cultivares de soja no Registro Nacional de Cultivares (RNC), preveem a realização de ensaios em pelo menos um local por região edafoclimática, durante dois anos (KASTER e FARIAS, 2012).

Ainda segundo Kaster e Farias (2012), alterações importantes nos perfis genéticos das cultivares introduzidas nos últimos anos no mercado brasileiro e das progênes atualmente em desenvolvimento recomendavam uma nova revisão no modelo de avaliação regional das progênes e cultivares para fins de registro e de zoneamento agrícola.

Considerando a diversidade de ecossistemas, tipos de solo e clima (latitude e altitude) do País, a EMBRAPA Soja apresentou ao MAPA uma proposta de regionalização dos testes de VCU (Valor de Cultivo e Uso) e de indicação de cultivares de soja para o Brasil. Posteriormente, pesquisadores de diversas instituições ofereceram subsídios para o aprimoramento da proposta, resultando neste modelo aprovado pelo MAPA (3ª Aproximação). Foram estabelecidas cinco (5) Macrorregiões Sojícolas (MRS) e vinte (20) Regiões Edafoclimáticas (RECs) distintas para pesquisa e indicação de cultivares, sendo as RECs 101, 102, 103 e 104 correspondentes a MRS 1, RECs 201, 202, 203 e 204 correspondentes a MRS 2, RECs 301, 302, 303 e 304 correspondentes a MRS 3, RECs 401, 402, 403, 404 e 405 correspondentes a MRS 4 e RECs 501, 502 e 503 correspondentes a MRS 5, conforme apresentado na Figura 1. O objetivo é que os obtentores indiquem as respectivas cultivares segundo as MRS e RECs (BROGIN et al., 2013).

Figura 1 – Macrorregiões sojícolas do Brasil (MRS) e regiões edafoclimáticas (RECs) – 3ª Aproximação



Fonte: KASTER; FARIAS, (2012).

2.2 Melhoramento genético da soja

O melhoramento genético possui uma contribuição primordial para o aumento da produtividade por área e da produção total da soja, além de possibilitar a dispersão da exploração da cultura em grande parte do território nacional, impulsionando inovações tecnológicas, contribuindo com a segurança alimentar e no desenvolvimento socioeconômico de forma direta e indireta.

O objetivo principal do melhoramento de plantas é aumentar o rendimento, a produtividade, a adaptação e a qualidade das safras, ao mesmo tempo em que otimiza o uso de recursos (ALLARD, 1960). Por meio do melhoramento de plantas modificamos o ciclo, o hábito de crescimento, a eficiência de fotossíntese, a rusticidade de raízes e a reação a doenças, sendo estas, características que agregam maior estabilidade na produção de uma espécie (ARANTES et al., 1999).

Os programas de melhoramento genético de soja, comumente, são constituídos de quatro partes, sendo elas a escolha dos parentais, os cruzamentos e a obtenção de genótipos segregantes, o avanço das gerações por meio de autofecundações naturais, o teste de desempenho agrônômico e seleção de linhagens experimentais (MUNIZ, 2007).

O ganho genético no melhoramento de plantas é realizado por meio da seleção das melhores combinações genéticas entre os genótipos (FEHR, 1987). Portanto, a probabilidade de sucesso de um programa de melhoramento está intimamente ligada a uma criteriosa seleção de genitores (OLIVEIRA, 1999). O progresso no melhoramento de plantas é dependente da habilidade em selecionar genótipos superiores, dentro de progênies homozigotas e heterozigotas oriundas de cruzamentos entre genitores divergentes. As populações de melhoramento são de tamanho finito e diferentes processos seletivos são adotados para que o genótipo superior seja obtido (FEHR, 1993).

O passo principal no melhoramento genético é a seleção, e o melhoramento convencional é baseado na seleção fenotípica. Os melhoristas escolhem uma boa prole usando sua experiência e os fenótipos observados das culturas, de modo a alcançar o melhoramento genético das características-alvo (WANG, et al., 2018).

A escolha de genitores poderá ser feita por observações do bom desempenho dos genótipos em condições naturais de campo por meio de ensaios de competição. Essa análise consiste na observação das médias, obtidas a partir de informações de parcelas experimentais, de vários indivíduos, recomendando-se as mais promissoras. Outra forma de escolha seria a análise do histórico dos genótipos como pais, vendo se frequentemente originam uma prole com alto desempenho (CHAGAS, 2018).

Os cruzamentos realizados para lançar novo cultivar podem envolver genitores mais próximos ou mais distantes geneticamente que formam, nessa ordem, populações segregantes com baixa e alta variância genética (CHAGAS, 2018). As populações segregantes com baixa variância genética são usadas quando se deseja a maximização dos ganhos genéticos, enquanto as com alta variância são usadas quando se deseja ampliar a possibilidade de manifestação de indivíduos de alta performance na população (BORÉM e MIRANDA, 2013).

Geralmente, as progênies parentais de alto rendimento são cruzadas para garantir um alto desempenho médio da progênie. Para identificar a progênie superior, garantir ganho genético no próximo ciclo de seleção e para manter o ganho de seleção em longo prazo, é importante que o cruzamento também gere uma alta variância genética (LEHERMEIER et al., 2017). A eficiência no uso da variabilidade genética, existente ou criada, aumenta quando

devidamente explorada e analisada (DALLASTRA et al., 2014). Assim, se faz necessário o entendimento do germoplasma disponível para o direcionamento dos cruzamentos.

Embora seja crucial a correta escolha dos genitores, possivelmente este seja um dos maiores dilemas dos melhoristas, pois muito pouco se foi elucidado sobre as bases científicas da seleção de genitores (BORÉM e MIRANDA, 2013).

O objetivo de se cruzarem genitores em espécies autógamas, como a soja, é a obtenção de genótipos superiores (transgressivos) em populações avançadas e linhagens de alto desempenho ao final do programa. Para tanto, almeja-se obter uma população segregante com alta frequência de alelos favoráveis, mas com baixa variação genética para os locos contendo alelos favoráveis na população original (FUMES, 2013). Desta forma, a obtenção de segregantes transgressivos é dependente do número de alelos favoráveis contrastantes entre os genitores, da probabilidade de fixação dos alelos em um único bloco gênico, da contribuição relativa dos alelos desejáveis dos genitores e das diferenças genéticas necessárias para que a distinção e seleção da planta superior seja praticável (ISLEIB, 1999).

Em espécies autógamas, o bom desempenho *per se* do híbrido não necessariamente proporcionará uma população segregante promissora. O cruzamento de genitores com grande dissimilaridade genética tende a resultar em híbridos com muitos locos em heterozigose que, devido aos efeitos de desvio de dominância, proporciona elevado valor fenotípico. Entretanto, nas gerações subsequentes até a formação de linhagens, a segregação dos locos pode resultar no estabelecimento de poucas ou nenhuma combinação alélicas superiores às dos pais (transgressivos). Desta forma, visando a obtenção de linhagens superiores, os efeitos de desvio de dominância atuam como agente perturbador na seleção fenotípica, dificultando o estabelecimento das melhores populações segregantes ainda na geração F₁ (TESSELE, 2017).

Nos programas de melhoramento, um número muito grande de populações é gerado anualmente para avaliação, porém, somente algumas dessas têm potencial para gerar genótipos superiores que possivelmente poderão ser liberados como novos cultivares. Populações com alta variabilidade genética, em geral, possuem uma maior probabilidade de possuir tais genótipos superiores, do que populações com baixa variabilidade genética. Contudo, até se atingir o ponto para determinar se uma população tem potencial de gerar genótipos superiores, parte dos recursos financeiros e humanos disponíveis para o programa já foram consumidos na sua obtenção e avaliação (COLOMBARI FILHO, 2009).

Os melhoristas de plantas têm à sua disposição diferentes métodos de melhoramento, desde os mais simples e rápidos como a seleção massal, até aqueles mais elaborados e dinâmicos baseados no melhoramento populacional. Esses métodos são os que garantem o

sucesso de esquemas como a seleção recorrente, em que os genótipos com desempenho superior são selecionados e recombinados dentro de sua respectiva população. Portanto, o melhoramento populacional torna-se útil aos programas de melhoramento, por possibilitar a manutenção da variabilidade genética nas populações e o deslocamento da média do caráter no sentido desejado, devido ao contínuo aumento da frequência de alelos favoráveis na população (RAMALHO et al., 2012).

Ganhos genéticos significativos têm sido obtidos no melhoramento populacional de várias espécies por meio de seleção recorrente (RAMALHO et al., 2012; MORAIS JÚNIOR, 2013). Porém, o tempo necessário para condução das populações elevam os custos de avaliação, limitando o processo de seleção e impactado nas estratégias adotadas, principalmente ao se considerar o elevado número de genótipos, a baixa pressão de seleção e o reduzido número de repetições, típicos dos programas de melhoramento populacional (MORAIS JÚNIOR, 2013).

À medida que o melhoramento de plantas foi se tornando um negócio, a otimização do uso de recursos físicos, humanos e financeiros, aliados a manutenção de um constante aumento produtivo e a melhoria de características de interesse das plantas se tornou uma necessidade. Desta forma, o melhoramento passou a empregar, cada vez mais, novas ferramentas tecnológicas que aumentam a eficiência e reduzem gastos e tempo para o lançamento de uma cultivar promissora (TESSELE, 2017).

2.3 Modelos preditivos no melhoramento de plantas

Na agricultura moderna novos desafios têm surgido e os programas de melhoramento genético têm buscado, ao longo dos anos, estratégias eficientes para seleção de genótipos que apresentem desempenho superior. A dificuldade de melhorar populações para os caracteres quantitativos como produção de grãos é reconhecida e tem exigido o uso de métodos de melhoramento que permitam a manutenção da variabilidade genética, para contínuos ganhos de seleção e aumento da probabilidade de seleção de genótipos com maior número de alelos favoráveis (BERNARDO, 2002).

A genética quantitativa clássica fundada por Fisher (1918) focava no valor genético. No entanto, o valor genético é de valor mínimo para os melhoristas de plantas, pois estes estão muito mais interessados no valor genotípico do que no valor genético. O valor genotípico é o do próprio candidato, enquanto o valor genético é refletido pela média da progênie do candidato quando ele é cruzado com indivíduos aleatórios.

Battenfield et al., (2016), descrevem que a melhoria simultânea de várias características pode ser alcançada selecionando linhagens de progênie superiores com base em seus valores genéticos genômicos estimados (BV) para todas as características de interesse, especialmente quando isso é feito nos estágios iniciais do processo de seleção. O sucesso de um programa de melhoramento genético depende da acurácia da predição do valor genético (BV) a partir de valores fenotípicos (HEFFNER et al., 2009).

O melhoramento de plantas na década de 2020 é marcadamente diferente do melhoramento de plantas nas décadas anteriores e algumas das abordagens de genética quantitativa mais antigas podem ter se tornado irrelevantes (BERNARDO, 2020). A seleção de bons genitores é a chave para o sucesso no melhoramento de plantas, assim, indivíduos usados como futuros genitores são selecionados em primeiro lugar com base em seu valor genotípico superior como indivíduos (BERNARDO, 2020).

Para a estimação do BV, podem ser utilizados dados fenotípicos, dados genotípicos ou ambos, a depender do modelo estatístico adotado, da cultura que está sendo trabalhada, da quantidade e qualidade dos dados fenotípicos dos genótipos disponíveis e do objetivo final a ser alcançado. Um exemplo disso são os recentes avanços na seleção genômica que permitiram a incorporação de informações genéticas por meio de dados moleculares.

O desenvolvimento de procedimentos estatísticos elaborados e completos que podem usar diversas informações simultaneamente nas análises, tal como modelos mistos, vem aportando consideravelmente nos processos seletivos no melhoramento de plantas e otimizando o uso de métodos preditivos.

A seleção genética tem sido praticada pelo procedimento BLUP, usando dados fenotípicos avaliados a campo. Uma primeira proposição realizada para aumentar a eficiência desse procedimento, baseado em dados fenotípicos, foi a seleção auxiliada por marcadores moleculares (MAS), a qual, usa simultaneamente dados fenotípicos e moleculares. Jarquín et al., (2014) descrevem que a MAS vem desempenhando papel importante no melhoramento da soja, particularmente para características que são difíceis de avaliar fenotipicamente, como a resistência ao nematoide de cisto da soja (*Heterodera glycine*) e rendimento de grãos, porém, para este último, há grande dificuldade de se identificar QTL (*Quantitative trait loci*) com grandes efeitos, mesmo em diferentes origens genéticas.

Posteriormente, foi proposto um novo método de seleção denominado seleção genômica ampla (*genome wide selection – GWS*), o qual apresenta alta acurácia seletiva para a seleção baseada exclusivamente em marcadores, após terem seus efeitos genéticos estimados a partir de dados fenotípicos em uma amostra da população de seleção (RESENDE et al., 2008).

Assim, como ferramenta-suporte aos programas de melhoramento genético, as técnicas baseadas na utilização de marcadores moleculares surgiram para agregar informações à etapa de seleção de genótipos superiores, permitindo estudar com maior facilidade as regiões que influenciam a expressão desses caracteres e respectivos loci (QTL) (MORAIS JÚNIOR, 2013).

Há uma diferença básica na predição de valores genéticos tradicionais e na predição de valores genéticos genômicos. Nos primeiros, informações fenotípicas são utilizadas visando inferências sobre os efeitos dos genótipos dos indivíduos e, nos últimos, informações genotípicas (genótipos para os alelos marcadores) são usadas visando às inferências sobre os valores fenotípicos futuros (ou valores genéticos genômicos preditos) dos indivíduos. Em outras palavras, os métodos tradicionais usam o fenótipo para inferir sobre o efeito do genótipo e a GWS usa o genótipo, com efeito genético pré-estimado em uma amostra da população, para inferir sobre o fenótipo a ser expresso nos candidatos à seleção (RESENDE et al., 2008).

Com relação ao impacto da herdabilidade das características sobre seleção, estudos tem demonstrado que os modelos preditivos funcionam relativamente bem, mesmo para características de baixa herdabilidade. Grattapaglia e Resende (2011), demonstraram que a acurácia aumentou apenas 10-20% à medida que a herdabilidade aumentou de 0,2 para 0,6, independentemente do tamanho da população.

Os caracteres quantitativos de interesse agrônomo são, em sua maioria, resultantes da ação conjunta de vários genes, o que implica em forte influência ambiental na expressão fenotípica. Assim, metodologias que auxiliem os melhoristas a identificar, sob um conjunto de dados, melhores genótipos sob influência da interação genótipo x ambiente (GxE) tendem a ser cada vez mais incorporadas à rotina dos programas de melhoramentos de plantas.

Uma outra forma de se realizar estudos genéticos é pelo uso de dados simulados, que podem ser obtidos em um curto período de tempo sem os custos de implantação e condução de experimentos. (CHAGAS, 2018). Esse fator estimula o uso de modelos preditivos, uma vez que, torna-se ferramenta importante aos melhoristas na definição de possíveis cruzamentos.

O uso da predição genômica para identificar possíveis combinações parentais podem ajudar a melhorar a taxa de ganho genético, permitindo que os melhoristas confiem em tais predições para produzir um conjunto superior de cruzamentos. De fato, um número quase infinito de cruzamentos pode ser avaliado *in silico*, sem a realização de qualquer trabalho de campo, e somente aqueles com os valores preditos mais favoráveis nas características-chave alvo poderia ser executados. Em uma situação ideal, o ganho genético multicausal pode ainda ser maximizado pela seleção de cruzamentos com melhores chances de segregação

transgressiva devido à grande variância da progênie e baixa correlação genética dentro da progênie entre as características alvo (JEAN et al., 2021).

Como descreve Valente (2010), com os avanços computacionais, a grande demanda de processamento exigida nas análises de modelos mistos deixa de ser um problema, sendo atualmente as predições dos efeitos aleatórios facilmente obtidas com o uso do BLUP.

O uso de ferramentas flexíveis que permitam analisar dados desbalanceados, genética e estatisticamente, com a utilização de modelos mistos é essencial no melhoramento de plantas (FRITSCHÉ-NETO et al., 2010). É comum, nos programas de melhoramento haver diferenças significativas no número de indivíduos de um determinado pedigree em comparação com outros, fato este que deve ser observado pelo melhorista ao se utilizar metodologias que analisam não somente o valor individual dos indivíduos, mas sim, o valor coletivo dos indivíduos de um determinado pedigree, visto que, esse desbalanceamento pode resultar em falsas interpretações e julgamentos quanto ao seu potencial genético e produtivo.

Modelos mistos apresentam tanto efeitos fixos, relacionados à população toda ou algum nível repetido em fatores de experimento, quanto efeitos aleatórios, associados a unidades de experimentos escolhidas aleatoriamente na população (CAREY e WANG, 2001).

O BLUP é um método de predição dos efeitos aleatórios do modelo com base nos componentes de variância obtidos por meio do método máxima verossimilhança restrita (REML). A eficiência do REML\BLUP pode ser incrementada por meio da incorporação de matrizes de parentesco genômico nos modelos de seleção genômica, uma vez que os efeitos genéticos genômicos aditivos dos indivíduos avaliados constituem os componentes aleatórios dos modelos mistos abordados (SANTOS, 2016).

O procedimento BLUP permite a utilização de todos os efeitos (fixos e aleatórios) do modelo estatístico, da covariância genética entre os indivíduos ou genitores em avaliação, pondera aqueles genótipos com desigual número de observações na mesma ou em diferentes gerações e, assim, maximizar a acurácia, a qual depende basicamente da proporção entre a variação residual média e a variação genotípica, sendo que a variação residual média depende do número de repetições (CAVALCANTI e RESENDE, 2012).

O BLUP maximiza a confiabilidade das comparações entre genótipos, ao considerar não apenas o desempenho *per se* do indivíduo, mas também sua ancestralidade, e permite lidar com o montante de dados disponíveis, sem comprometer o ordenamento de indivíduos quanto ao caráter observado, pelo fato de um ou outro genótipo ter sido avaliado mais extensivamente (SANTOS, 2016).

O BLUP tornou-se o método mais utilizado para avaliação genética em animais e culturas perenes e com grande potencial em culturas anuais (VIANA et al., 2010).

O desenvolvimento de novas cultivares e a recomendação de novas variedades exigem um conjunto maior de genótipos candidatos para que a seleção seja realizada, portanto buscase estimar os valores genotípicos (PIEPHO et al., 2008).

Modelos preditivos tem ganhado cada vez mais espaço nos programas de melhoramento de plantas e, para a soja, não é diferente. Em um programa de melhoramento relativamente bem estruturado, há abundante quantidade de linhagens disponíveis e passíveis de serem utilizadas como genitores, resultando assim, em inúmeras possibilidades cruzamentos, o que por um lado é extremamente favorável, pois permite ao melhorista explorar ao máximo a variabilidade genética existe ou criada.

Contudo, os elevados custos para implantação e/ou manutenção destes programas de melhoramento torna impraticável a execução de todas estas possibilidades, sendo necessário, limitar a um número eficiente e economicamente sustentável. Assim, a predição de cruzamentos visa atender a esse objetivo, amparando o melhorista na escolha assertiva dos melhores genitores e cruzamentos entre estes, a fim de gerar populações segregantes que permitam obter progênes com maior potencial produtivo, evitando o dispêndio de tempo e recursos, que são finitos. Embora as etapas seguintes de experimentação continuem sendo necessárias para explorar a adaptabilidade, estabilidades e potencial produtivo das progênes nas diversas MRS, a eficiência seletiva tende a ser maior, uma vez que, a predição direciona os cruzamentos com maiores aptidões.

2.4 Análise de correlação e regressão

Análise de correlação é utilizada para estudar o comportamento conjunto de duas variáveis quantitativas distintas, ou, em outras palavras, medir o grau de associação entre duas variáveis aleatórias X e Y (PETERNELLI, 2004). Ainda, Henriques (2011), descreve que a análise de correlação estuda o relacionamento entre uma variável dependente e outras variáveis independentes.

Na interpretação de correlações, três aspectos devem ser considerados: a magnitude, a direção e a significância. Estimativas de coeficiente de correlações positivas indicam a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, correlações negativas indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui (NOGUEIRA et al., 2012).

As análises de correlações entre as variáveis podem também ser expressas graficamente, o que permite inferir a magnitude do relacionamento estabelecido entre as variáveis, bem como, considerar o grau de correlação expresso entre as variáveis, de modo que, no diagrama de dispersão, quanto mais próximos da reta os pontos de relacionamento estiverem, maior será a correlação entre as variáveis. Além disso, se a inclinação da reta se apresentar positiva, ela representa que a correlação entre as variáveis é positiva e que os fenômenos variam no mesmo sentido. Caso contrário, o comportamento das variáveis é considerado inversa (HENRIQUES, 2011).

A análise de regressão consiste na realização de uma análise estatística com o objetivo de verificar a existência de uma relação funcional entre uma variável dependente com uma ou mais variáveis independentes. Em outras palavras consiste na obtenção de uma equação que tenta explicar a variação da variável dependente pela variação do(s) nível(is) da(s) variável(is) independente(s) (PETERNELLI, 2004).

O modelo de regressão linear pode ser simples, formado por uma variável independente, ou múltiplo, formado por duas ou mais variáveis independentes (SANTOS, 2016).

Para tentar estabelecer uma equação que representa o fenômeno em estudo pode-se apresentar graficamente na forma de diagrama de dispersão, para verificar como se comportam os valores da variável dependente (Y) em função da variação da variável independente (X). Contudo, pode-se verificar que os pontos do diagrama de dispersão, não vão se ajustar perfeitamente à curva do modelo matemático proposto. Haverá na maior parte dos pontos, uma distância entre os pontos do diagrama e a curva do modelo matemático. Isto acontece, devido ao fato do fenômeno que está em estudo, não ser um fenômeno matemático e sim um fenômeno que está sujeito a influências que acontecem ao acaso. Assim, o objetivo da regressão é obter um modelo matemático que melhor se ajuste aos valores observados de Y em função da variação dos níveis da variável X (PETERNELLI, 2004).

Quando esse relacionamento acontece na relação de uma variável para outra, dá-se o nome de regressão linear simples. A razão entre a variação explicada e a variação total informa a porcentagem da variação total que é explicada pelo modelo de regressão. A esse resultado atribui-se o nome de coeficiente de determinação (R^2) (SANTOS, 2016).

A raiz quadrada do coeficiente de determinação corresponde ao coeficiente de correlação (r). O valor desse coeficiente deve variar entre 0 e 1. Se for igual a um há uma indicação de que uma associação linear perfeita aconteceu e que a variável independente pode ser, portanto, expressa como uma combinação linear das variáveis independentes. E se esse

valor for igual a zero, significa que não há nenhuma relação linear entre as variáveis (HENRIQUES, 2011).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Escolha de genitores

Foram utilizados genótipos de soja convencionais (não OGM – Organismos Geneticamente Modificados) pertencentes ao banco de germoplasma privado da empresa GDM Genética do Brasil S.A, onde a variabilidade genética para caracteres fisiológicos, morfológicos e agronômicos é ampla.

A escolha por genótipos de soja convencionais ocorreu pelo fato de ser possível isolar o efeito dos genes de transgenia sobre o resultado das análises, visto que, ao se utilizar OGMs nos cruzamentos, na geração e seleção de progênies, os efeitos benéficos da resistência a herbicidas e pragas poderiam superestimar o comportamento *per se* dos genótipos quando comparados com genótipos convencionais, que não possuem tais genes.

Foram selecionados 481 genótipos de soja para serem utilizados como genitores na predição de cruzamentos, contemplando e abrangendo todas as Macrorregiões Sojícolas (MRS) e Regiões Edafoclimáticas (RECs), conforme descrito anteriormente e apresentado detalhadamente na Figura 1, sendo, 31 genótipos pertencentes ao programa de melhoramento denominado M1, que faz referência a MRS 1; 120 genótipos pertencentes ao programa de melhoramento denominado M2 que faz referência a MRS 2; 118 genótipos pertencentes ao programa de melhoramento denominado M3 que faz referência a MRS 3; 176 genótipos pertencentes ao programa de melhoramento denominado M4 que faz referência a MRS 4 e 36 genótipos pertencentes ao programa de melhoramento denominado M5 que faz referência a MRS 5.

A diferença de proporção no número de genótipos selecionados é devido à magnitude de cada um dos programas de melhoramento, relativamente proporcional em relação ao tamanho da área cultivada (em milhões de hectares) na respectiva MRS. Ainda, cada programa de melhoramento possui um histórico diferente do seu início de atividade até o presente momento, especialmente em se tratando de desenvolvimento de genótipos convencionais, o que podemos descrever como “maturidade dos programas”. Além disso, possuem focos diferentes em virtude da necessidade de desenvolvimento de cultivares em cada MRS e respectivas REC.

Cada um destes 481 genótipos possui um banco de dados relacionado ao seu potencial produtivo (YG em kg.ha⁻¹) já testado em diversos ambientes (variando de um a 133 dados de YG) por meio de ensaios experimentais durante as etapas no decorrer do seu desenvolvimento

(durante os anos de 2015 a 2019), respectivamente nos programas de melhoramento. Estas informações são fundamentais para a predição de cruzamentos, uma vez que, tal metodologia se utiliza destas informações para gerar os BVs, que por sua vez, serão os valores de referência para o ranking dos melhores cruzamentos preditos.

3.2 Predição de cruzamentos

Conforme já descrito, para que a predição seja efetiva, é necessário que, previamente, o modelo preditivo dos BVs seja testado e validado por meio de populações de treinamento e validação. Para ambos os casos, os modelos utilizados nesse estudo foram previamente desenvolvidos e testados pela empresa GDM Genética do Brasil S.A no germoplasma do seu programa de melhoramento de soja.

Utilizou-se o procedimento de modelos mistos REML\BLUP com pacote estatístico ASReml-R (BUTLER et al., 2017) via Shiny no software R (R CORE TEAM, 2016) para prever os valores genéticos dos genótipos (BV) e para realizar a predição dos cruzamentos, de acordo com o seguinte modelo:

$$YG BV_{ijkl} = \mu + G_i + E_j + (G \times E)_{ij} + T(E)_{jk} + e_{ijk} \quad (1)$$

Onde μ é a média geral, G_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, p$); E_j é o efeito aleatório do j -ésimo ambiente (combinação de local + ano safra + data de semeadura) $\sim N(0, \sigma_E^2)$; $(G \times E)_{ij}$ é o efeito aleatório de interação $\sim N(0, \sigma_{GE}^2)$, $T(E)_{jk}$ é o efeito aleatório do k -ésimo ensaio (trial) dentro do j -ésimo ambiente $\sim N(0, \sigma_T^2)$; e_{ijkl} é o erro experimental associado a unidade experimental do i -ésimo genótipo no k -ésimo ensaio do j -ésimo ambiente $\sim N(0, \sigma_{ej}^2)$ com uma variância σ_{ej}^2 diferente para cada ambiente e j .

Devido as inúmeras características que diferenciam as RECs, todas as análises foram realizadas considerando grupos de genótipos nas suas respectivas MRS, uma vez que, o modelo utiliza-se de dados reais para realizar a predição corretamente, impossibilitando, nesse caso, prever o comportamento de um genótipo em outra MRS que não seja a de sua origem.

O resultado da predição de cruzamentos forneceu valores de BV para cada genótipo e para cada combinação de cruzamento em unidades médias de $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$. Dessa forma, é possível facilmente visualizar genótipos e combinações de cruzamentos que podem gerar progênies com

maior potencial produtivo. Após essa etapa, procedeu-se então a execução dos cruzamentos de acordo com a combinação de genótipos sugerido pela predição de cruzamentos.

3.3 Cruzamentos, populações segregantes e progênies

No ano de 2019 foram realizados os cruzamentos bi-parentais, sendo que as populações segregantes que deram origem às progênies utilizadas nesse estudo, foram originadas no Centro de Pesquisa da empresa GDM Genética do Brasil S.A localizado na cidade de Porto Nacional-TO.

Ainda em 2019, as populações F_1 foram semeadas na cidade de Porto Nacional-TO para avanço de geração e obtenção das sementes F_2 as quais, após sua colheita, foram enviadas aos programas de melhoramento nos cinco Centros de Pesquisa da GDM Genética do Brasil S.A sediados nas cidades de Passo Fundo-RS, Cambé-PR, Rio Verde-GO, Lucas do Rio Verde-MT e Porto Nacional-TO, de acordo com o direcionamento dos cruzamentos para cada MRS e objetivos de cada melhorista.

No ano agrícola 2019/2020 as populações segregantes F_2 foram então semeadas mecanicamente em ensaios experimentais denominados POP (populações segregantes) com parcelas de quatro linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas de meio metro entre linhas e entre parcelas (corredor), nos respectivos programas de melhoramento para obtenção de sementes F_3 . Assim o processo seletivo das melhores progênies, embora ainda com alto grau de heterozigose, se iniciou na própria região de adaptação.

Nestes ensaios, cada programa de melhoramento incluiu testemunhas (variedades comerciais) de referências para que fosse possível caracterizar inicialmente o grupo de maturidade relativa (GM) de cada progênie, baseado nas observações fenotípicas comparativas do GM das progênies com o GM das testemunhas, onde essa informação já é estabelecida e comprovada pelo obtentor que as desenvolveu, conforme descrito na Tabela 1. Estas mesmas testemunhas foram utilizadas em todos os ensaios durante a condução deste trabalho.

Tabela 1 – Testemunhas utilizadas nos ensaios de POP, ensaios F₃ e ensaios F₄

(Continua)

#	Nome comercial	Nome de registro	Marca comercial	Obtentora	GM	Tecnologia	Programa de melhoramento
1	P95Y02 IPRO	95Y02IPRO	PIONEER	DUPONT DO BRASIL S/A - DIVISÃO PIONEER SEMENTES	47	I PRO	M1
2	BMX RAI0 IPRO	50I52RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A. DUPONT DO BRASIL S/A - DIVISÃO PIONEER SEMENTES	51	I PRO	M1
3	P95Y52	95Y52	PIONEER	DUPONT DO BRASIL S/A - DIVISÃO PIONEER SEMENTES	51	RR	M1
4	NS 5445 IPRO	NS 5445 IPRO	NIDERA	SYNGENTA SEEDS LTDA.	55	I PRO	M1
5	BMX ZEUS IPRO	55I57RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	55	I PRO	M1
6	DM57I52RSF IPRO	57I52RSF IPRO	DONMARIO	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	57	I PRO	M1
7	BMX DELTA IPRO	59I60RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	59	I PRO	M1
8	M5917IPRO	M5917IPRO	MONSOY	D&PL BRASIL LTDA.	61	I PRO	M1
9	M5947IPRO	M5947IPRO	MONSOY	D&PL BRASIL LTDA.	62	I PRO	M1
10	BS2606 IPRO	BS2606 IPRO	BASF	D&PL BRASIL LTDA.	63	I PRO	M1
1	NEO610 IPRO	NEO610 IPRO	NEOGEN	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	61	I PRO	M2
2	BS2606 IPRO	BS2606 IPRO	BASF	D&PL BRASIL LTDA.	62	I PRO	M2
3	M6210IPRO	M6210 IPRO	MONSOY	D&PL BRASIL LTDA.	62	I PRO	M2
4	TMG7063 IPRO	TMG7063 IPRO	TMG	TMG TROPICAL MELHORAMENTO E GENÉTICA S.A.	63	I PRO	M2
5	BMX GARRA IPRO	63I64RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	63	I PRO	M2
6	M6410IPRO	M6410IPRO	MONSOY	D&PL BRASIL LTDA.	64	I PRO	M2
7	BMX COMPACTA IPRO	65I65RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	65	I PRO	M2
8	DM66I68RSF IPRO	66I68RSF IPRO	DONMARIO	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	66	I PRO	M2
9	NEO660 IPRO	NEO660 IPRO	NEOGEN	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	66	I PRO	M2
10	BMX ÍCONE IPRO	68I70RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	68	I PRO	M2
1	AS3680 IPRO	AS3680 IPRO	AGROESTE	D&PL BRASIL LTDA.	66	I PRO	M3
2	68I69RSF IPRO	68I69RSF IPRO	DONMARIO	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	69	I PRO	M3
3	NEO680 IPRO	NEO680 IPRO	NEOGEN	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	68	I PRO	M3
4	CD2728IPRO	CD2728IPRO	COODETEC	D&PL BRASIL LTDA.	69	I PRO	M3
5	NEO710 IPRO	NEO710 IPRO	NEOGEN	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	71	I PRO	M3
6	BMX FOCO IPRO	74I77RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	72	I PRO	M3
7	DM73I75RSF IPRO	73I75RSF IPRO	DONMARIO	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	73	I PRO	M3

								(Conclusão)
#	Nome comercial	Nome de registro	Marca comercial	Obtentora	GM	Tecnologia	Programa de melhoramento	
8	BMX DESAFIO RR	8473 RSF	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	74	RR	M3	
9	BMX VORAZ IPRO	77179RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	75	IPRO	M3	
10	DM75I74RSF IPRO	75I74RSF IPRO	DONMARIO	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	75	IPRO	M3	
1	BMX DESAFIO RR	8473RSF	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	74	RR	M4	
2	M7739IPRO	M7739IPRO	NIDERA	D&PL BRASIL LTDA.	76	IPRO	M4	
3	77HO110 IPRO	77HO110 IPRO	SEEDCORP HO	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	78	IPRO	M4	
4	DM79I81RSF IPRO	79I81RSF IPRO	DONMARIO	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	78	IPRO	M4	
5	NS7901	NS7901	NIDERA	SYNGENTA SEEDS LTDA.	79	RR	M4	
6	BMX OLIMPO IPRO	80I82RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	79	IPRO	M4	
7	BMX BÔNUS IPRO	8579RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	79	IPRO	M4	
8	NEO790 IPRO	O790 IPRO	NEOGEN	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	79	IPRO	M4	
9	BMX EXTREMA IPRO	81I81RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	81	IPRO	M4	
10	CZ48B32 IPRO	CZ48B32 IPRO	BASF	D&PL BRASIL LTDA.	84	IPRO	M4	
1	BMX BÔNUS IPRO	8579RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	79	IPRO	M5	
2	BMX OLIMPO IPRO	80I82RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	80	IPRO	M5	
3	BMX EXTREMA IPRO	81I81RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	81	IPRO	M5	
4	DM82I78RSF IPRO	82I78RSF IPRO	DONMARIO	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	82	IPRO	M5	
5	M8349 IPRO	M8349IPRO	MONSOY	D&PL BRASIL LTDA.	83	IPRO	M5	
6	TMG2383 IPRO	TMG2383 IPRO	TMG	TMG TROPICAL MELHORAMENTO E GENÉTICA S.A.	83	IPRO	M5	
7	BMX DOMÍNIO IPRO	84I86RSF IPRO	BRASMAX	GDM GENÉTICA DO BRASIL S.A.	84	IPRO	M5	
8	SYN1687 IPRO	SYN1687 IPRO	SYNGENTA	SYNGENTA SEEDS LTDA.	85	IPRO	M5	
9	M8644 IPRO	M8644 IPRO	MONSOY	D&PL BRASIL LTDA.	86	IPRO	M5	
10	M8808 IPRO	M8808 IPRO	MONSOY	D&PL BRASIL LTDA.	88	IPRO	M5	

Fonte: SRNC/CGSM/DSV/SDA/MAPA (2022).

O manejo cultural em campo foi realizado seguindo as orientações técnicas apresentadas pela EMBRAPA (2013). Na medida em que as populações segregantes atingiram os estádios fenológicos ideais (FEHR e CAVINESS, 1977), iniciou-se a avaliação e seleção de plantas individuais, por meio de características fenotípicas, dentro de cada população, por tanto, o número de representantes de cada cruzamento foi variável, de acordo com a quantidade de plantas que apresentaram características adequadas para se tornarem potenciais progênies.

Ao todo, foram selecionadas 1868 progênies, sendo que, deste total, 206 progênies são oriundas de 26 pedigrees diferentes, os quais foram gerados pelo cruzamento de 31 genitores pertencentes ao programa de melhoramento M1, sediado em Passo Fundo-RS, que corresponde a Macrorregião Sojícolas (MRS) 1 que abrange as Regiões Edafoclimáticas (RECs) 101, 102, 103 e 104 com GM variando de 5.0 a 6.8.

Adicionalmente, 202 progênies oriundas de 106 pedigrees diferentes, foram geradas pelo cruzamento de 120 genitores pertencentes ao programa de melhoramento M2, sediado em Cambé-PR, que corresponde a MRS 2 que abrange as RECs 201, 202, 203 e 204 com GM variando de 6.0 a 7.0. Também, 679 progênies oriundas de 120 pedigrees diferentes, foram gerados pelo cruzamento de 118 genitores pertencentes ao programa de melhoramento M3, sediado em Rio Verde-GO, que corresponde a MRS 3 que abrange as RECs 301, 302, 303 e 304 com GM variando de 6.5 a 7.6.

Ainda, 732 progênies oriundas de 180 pedigrees diferentes, foram gerados pelo cruzamento de 176 genitores pertencentes ao programa de melhoramento M4, sediado em Lucas do Rio Verde-MT, que corresponde a MRS 4 que abrange as RECs 401, 402, 403 e 404, 405 com GM variando de 7.4 a 8.5. Por fim, 49 progênies oriundas de 28 pedigrees diferentes, quais foram gerados pelo cruzamento de 36 genitores pertencentes ao programa de melhoramento M5, sediado em Porto Nacional-TO, que corresponde a MRS 5 que abrange as RECs 501, 502 e 503 com GM variando de 8.0 a 8.7.

3.4 Experimentos de campo com progênies

Na safra 2020/2021 as progênies foram semeadas em ensaios denominados F₃ possuindo em torno de 75% de homozigose. Cada ensaio foi composto por 60 tratamentos, sendo 50 tratamentos contendo progênies e 10 tratamentos contendo cultivares comerciais como testemunhas repetidas entre os diferentes ensaios. O stand utilizado foi de 15 sementes por metro linear, que na conversão para hectares tem-se então aproximadamente 300.000 plantas.ha⁻¹.

As parcelas foram compostas de duas linhas de cinco metros de comprimento espaçadas meio metro entre linhas e entre parcelas (corredor), com apenas uma repetição, no esquema experimental denominado delineamento em blocos aumentados (DBA), pois como são originadas de uma planta única selecionada no ensaio de POP, não possuem volume de semente suficientes para o emprego de repetições, não sendo possível o teste em mais de um ambiente, logo, tal método se torna atrativo, como descrito por Federer (1956). Este delineamento também é descrito por vários autores como Souza et al., (2000, 2003), Matsuoka et al., (2005) e Resende et al., (2006).

Os ensaios F_3 para cada programa de melhoramento foram semeados nos cinco respectivos Centros de Pesquisa de cada MRS, sendo Passo Fundo-RS, Cambé-PR, Rio Verde-GO, Lucas do Rio Verde-MT e Porto Nacional-TO utilizando-se semeadora de parcelas específicas para experimentação agrícola da marca John Deere, modelo 1107, adaptada ao sistema de distribuição de sementes a vácuo (Figura 2).

Algumas avaliações foram realizadas para caracterização e consistiram na atribuição de notas e medidas do fenótipo de cada progênie individualmente, sendo avaliadas as características agronômicas, porém, por se tratar ainda de progênies com relativo alto grau de heterozigose, tais avaliações são mais simplificadas e generalistas, à saber:

Grupo de maturidade relativa (GM): avaliado no estágio R8 de desenvolvimento da planta compreendendo o período entre a data da semeadura e a data em que 50% das plantas da área útil se encontravam com 95% das vagens maduras, tomando como base o GM das testemunhas utilizadas. O GM é determinado pela resposta ao fotoperíodo e temperatura, sendo que, a sensibilidade para ambas depende da genética da cultivar (BEXAIRA et al., 2018).

Acamamento (ACA): caráter avaliado no estágio R8 de desenvolvimento da planta através de uma escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas eretas) a 5 (todas as plantas acamadas);

Aspecto fenotípico (ASP): caráter avaliado no estágio R8 de desenvolvimento da planta através de uma escala de notas visuais, a qual varia de 1 (plantas com características agronômicas ótimas) a 5 (plantas com características agronômicas ruins), sendo a nota atribuída representativa de um conjunto de caracteres visuais como arquitetura da planta, quantidade de vagens cheias, vigor e sanidade da planta, debulha prematura das vagens e retenção foliar na maturação;

Rendimento de grãos (YG): caráter obtido através do peso dos grãos por parcela colhida (até a umidade de 13%), sendo expressa em kg.parcela^{-1} e que, posteriormente, é convertido para kg.ha^{-1} .

A colheita das parcelas foi realizada mecanicamente com auxílio de colhedora de parcelas experimentais marca Almaco, modelo SPC-20 com sistema Seed-Spector, equipamento no qual permite a coleta instantânea de informações de YG em $\text{kg} \cdot \text{parcela}^{-1}$ e umidade relativa em % de cada parcela (Figura 3), sendo que, tais dados ficam armazenados em um chip acoplado ao sistema que possibilita extrair tais dados após o término da colheita. Posteriormente, YG da parcela é convertido para $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ para possibilitar análises comparativas de produtividade entre as progênies. As duas linhas centrais de cada parcela foram colhidas por completo e as sementes foram utilizadas para avanço de geração e seguiram para a fase seguinte em ensaios experimentais denominados F4.

Figura 2 – Semeadora de parcelas experimental adaptada com sistema a vácuo



Fonte: Autor (2022).

Figura 3 – Colhedora de parcelas experimentais com sistema Seed-spector

Fonte: Autor (2022).

Por sua vez, na safra 2021/2022, as progênies foram semeadas em ensaios denominados F₄ em 50 ambientes distribuídos em todo Brasil, proporcionalmente e correspondente às RECs em cada MRS de responsabilidade de gestão de cada programa de melhoramento, sendo 10 ambientes na MRS 1, 12 ambientes na MRS 2, 8 ambientes na MRS 3, 10 ambientes na MRS 4 e 10 ambientes na MRS 5, conforme descrito na Tabela 2.

Tabela 2 – Ambientes, MRS, RECs e número de progênies semeados na safra 2021/22

(Continua)

Ambientes	MRS	RECs	Programa	Número de progênies
Cachoeira do Sul-RS	MRS 1	101	M1	206
Restinga Seca-RS	MRS 1	101	M1	206
Abelardo Luz-SC	MRS 1	102	M1	206
Condor-RS	MRS 1	102	M1	206
Passo Fundo-RS	MRS 1	102	M1	206
Giruá-RS	MRS 1	102	M1	206
São Luiz Gonzaga-RS	MRS 1	102	M1	206
Itapeva-SP	MRS 1	103	M1	206
Muitos Capões-RS	MRS 1	103	M1	206
Ponta Grossa-PR	MRS 1	103	M1	206
Cascavel-PR	MRS 2	201	M2	202
Itaipulândia-PR	MRS 2	201	M2	202
Rolândia-PR	MRS 2	201	M2	202

(Conclusão)				
Ambientes	MRS	RECs	Programa	Número de progênes
Batayporã-MS	MRS 2	202	M2	202
Caarapó-MS	MRS 2	202	M2	202
Francisco Alves-PR	MRS 2	202	M2	202
Naviraí-MS	MRS 2	202	M2	202
Dourados-MS	MRS 2	204	M2	202
Maracaju-MS	MRS 2	204	M2	202
Ponta Porã-MS	MRS 2	204	M2	202
Rio Brilhante-MS	MRS 2	204	M2	202
Sidrolândia-MS	MRS 2	204	M2	202
Jataí -GO	MRS 3	301	M3	679
Rio Verde -GO	MRS 3	301	M3	679
Santa Helena-GO	MRS 3	302	M3	679
Turvelândia -GO	MRS 3	302	M3	679
Uberlândia -MG	MRS 3	303	M3	679
São Miguel do Passa Quatro-GO	MRS 3	304	M3	679
Montividiu-GO	MRS 4	401	M3	679
Paraúna -GO	MRS 4	401	M3	679
Campo Verde-MT	MRS 4	401	M4	732
Primavera do Leste -MT	MRS 4	401	M4	732
Campo Novo do Parecis-MT	MRS 4	402	M4	732
Campos de Julio-MT	MRS 4	402	M4	732
Lucas do Rio Verde-MT	MRS 4	402	M4	732
Nova Mutum-MT	MRS 4	402	M4	732
Santa Rita do Trivelato-MT	MRS 4	402	M4	732
Sinop-MT	MRS 4	402	M4	732
Sorriso-MT	MRS 4	402	M4	732
Santo Antonio do Leste-MT	MRS 4	403	M4	732
Santa Rosa do Tocantins-TO	MRS 4	404	M5	49
Barreiras-BA	MRS 4	405	M5	49
Correntina-BA	MRS 4	405	M5	49
Baixa Grande do Ribeiro-PI	MRS 5	501	M5	49
Campos Lindos-TO	MRS 5	501	M5	49
Caseara-TO	MRS 5	501	M5	49
Porto Nacional-TO	MRS 5	501	M5	49
São Domingos do Azeitão-MA	MRS 5	501	M5	49
Tasso Fragoso-MA	MRS 5	501	M5	49
Uruçuí-PI	MRS 5	501	M5	49

Fonte: Autor (2022).

Os ensaios F₄ são caracterizados com progênes em torno de 87,5% de homozigose o que permite ao melhorista fazer uma seleção relativamente mais assertiva, embora a segregação ainda cause considerável efeito nessa geração. Cada ensaio experimental foi composto por 60

tratamentos, sendo 50 tratamentos contendo progênies, sem repetições e 10 tratamentos contendo testemunhas intercalares no ensaio e repetidas entre os diferentes ensaios, caracterizando o delineamento experimental em blocos aumentados (DBA). Como o volume de sementes utilizado nos ensaios de F₄ foi originado da colheita dos ensaios de F₃, tal volume de semente ainda foi limitado, não permitindo empregar repetições em cada ambiente, ao invés disso, optou-se por semeá-las em diversos ambientes, sem repetições, permitindo captar informações sobre a interação genótipo x ambiente (GxE) de cada progênie entre as RECs dentro de cada MRS, permitindo avaliações de adaptabilidade, estabilidade e rendimento em relação às testemunhas nas diferentes condições ambientais.

O stand utilizado foi de 15 sementes por metro linear, que na conversão para hectares tem-se então em torno de 300.000 plantas.ha⁻¹. Antes da semeadura, foi realizado o tratamento das sementes com metalaxil-m + fludioxonil (Maxim® XL) na dosagem de 1 mL.kg⁻¹, tiametoxam (Cruiser® 350 FS) na dosagem de 3 mL.kg⁻¹ e clorantraniliprole (Dermacor®) na dosagem de 1 mL.kg⁻¹, ainda, a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*.

Neste ensaio as parcelas foram de quatro linhas de cinco metros de comprimento espaçadas meio metro entre linhas e entre parcelas (corredor). Para a semeadura e colheita dos ensaios de F₄, utilizou-se os mesmos equipamentos utilizado na semeadura e colheita dos ensaios de F₃, já descritos anteriormente. Os tratos culturais, controle de pragas, doenças e plantas daninhas foram efetuados à medida em que se fizeram necessários, conforme recomendação para cultura da soja (EMBRAPA, 2013).

As duas linhas centrais de cada parcela foram colhidas por completo e a massa de grãos convertida posteriormente de kg.parcela⁻¹ para kg.ha⁻¹.

Quanto as avaliações para caracterização fenotípica neste nível de ensaio, além das mesmas características avaliadas em F₃ como GM, ACAM, ASP e YG, adicionaram-se:

Cor de flor (CF): caráter avaliado no estágio R2 de desenvolvimento da planta através de observações visuais da coloração das pétalas, sendo estas na cor branca ou na cor roxa;

Cor da pubescência na haste principal (CP): caráter avaliado no estágio R8 de desenvolvimento da planta através de observações visuais da coloração da pubescência das vagens e haste, variando entre cor cinza, marrom clara ou marrom escura;

Hábito de crescimento (HC): caráter avaliado no estágio R8 de desenvolvimento da planta através de observações visuais, caracterizando como determinado, semideterminado ou indeterminado.

As avaliações sanitárias ocorreram de acordo com o surgimento da enfermidade, a depender do ambiente onde os experimentos foram avaliados. Caso alguma progênie

apresentasse alta incidência e/ou severidade de determinada doença, esta deveria ser descartada do *set* de progênies em avaliação, uma vez que, tal problema sanitário poderia influenciar negativamente no resultado *per se*. Do mesmo modo, ao ser observado alta incidência e/ou severidade de determinada doença em um grupo de progênies do mesmo pedigree, optou-se por descartar o mesmo, ação esta muito comum e recomendada nos programas de melhoramento. Neste caso, em determinados pedigrees houve significativas ocorrências de incidência de doenças, sendo necessário proceder o descarte de progênies e pedigrees, evitando assim que, caso avancem para gerações posteriores, embora apresentasse alto potencial produtivo, ofereçam riscos no lançamento de novas cultivares com suscetibilidade a doenças, especialmente as de difícil controle e com alto potencial de causar danos, tal como mancha-alvo (*Corynespora cassiicola*), antracnose (*Colletotrichum dematium* var. *truncata*), macrofomina (*Macrophomina phaseolina*), fitoftora (*Phytophthora sojae*) e ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*). Outro fator que causou redução no número de progênies e pedigrees foi relacionado a baixa qualidade de sementes, especialmente causado por excessos hídricos no período de colheita das plantas e parcelas, fato este também extremamente comum em situações de experimentação a campo.

3.5 Análise de dados fenotípicos

Os dados de rendimento referente a colheita das parcelas foram analisados por meio do software R (R CORE TEAM, 2016).

Nos ensaios F₃ obteve-se o rendimento de cada progênie, respectivamente implantadas em cada um dos cinco Centros de Pesquisa de cada MRS. Utilizou-se a metodologia de modelos mistos, por meio do modelo:

$$YG F_3_{ijk} = \mu + G_i + B_k + e_{ik} \quad (2)$$

Onde μ é a média geral; G_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, p$); B_k é o efeito aleatório do k -ésimo bloco $\sim N(0, \sigma_B^2)$; e_{ik} é o erro experimental associado a unidade experimental do i -ésimo genótipo no k -ésimo bloco $\sim N(0, \sigma_e^2)$.

Assim, para cada progênie que já possuía a informação do YG BV, associou-se também a informação de YG F₃, fornecido em kg.ha⁻¹.

Por sua vez, nos ensaios F₄ obteve-se o rendimento de cada progênie, considerando o conjunto de dados de todos os ambientes de ensaios em cada REC dentro de cada MRS,

respectivamente. Também para essa análise, utilizou-se a metodologia de modelos mistos, por meio do modelo:

$$YG F_{4ijk} = \mu + G_i + E_j + B(E)_{jk} + e_{ijk} \quad (3)$$

Onde μ é a média geral; G_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, p$); E_j é o efeito aleatório do j -ésimo ambiente $\sim N(0, \sigma_E^2)$; $B(E)_{jk}$ é o efeito aleatório do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente $\sim N(0, \sigma_B^2)$; e_{ijk} é o erro experimental associado a unidade experimental do i -ésimo genótipo no k -ésimo bloco do j -ésimo ambiente $\sim N(0, \sigma_{ej}^2)$ com uma variância σ_{ej}^2 diferente para cada ambiente j .

Assim, para cada progênie que já possuía a informação do YG BV e YG F₃, associou-se também a informação de YG F₄, dados em kg.ha⁻¹.

3.6 Análise de correlação

Utilizou-se a análise de correlação para se obter os resultados do ajustamento e efetividade da predição de cruzamentos, especificamente, dos valores de BV gerados que indicaram genitores e cruzamentos com maior potencial predito em relação às progênies que realmente apresentaram maior potencial produtivo nos ensaios experimentais de F₃ e F₄.

Além de possibilitar medir a correlação entre duas variáveis, é possível também verificar a direção dessa correlação (positiva ou negativa). Nesse estudo, utilizou-se os valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄ como variáveis, sendo estas expressas em kg.ha⁻¹, para medir tal correlação. Esse modelo de regressão tenta associar os dados de YG BV com dados de YG F₃ e YG F₄, de forma par a par (YG BV vs YG F₃ e YG BV vs F₄). O modelo de regressão linear é representado por:

$$Y = \beta_0 + \beta_1 x + e \quad (4)$$

Onde Y = Variável dependente; β_0 = Coeficiente de interseção (Valor de Y para X = 0); β_1 = Inclinação da reta (pode ser positiva, negativa ou nula); x = Variável independente; e = erro devido a efeitos aleatórios.

Para analisar o grau de correlação entre as variáveis (YG BV, YG F₃ e YG F₄) seguiu-se como proposto por Devore (2006) e apresentado na Tabela 3. Dessa forma, utilizando os valores de r como referência de coeficiente de correlação, torna-se possível definir a intensidade da correlação entre as variáveis estudadas e assim, inferir se o modelo de predição de

cruzamentos foi efetivo na indicação dos melhores cruzamentos que deveriam gerar progênie com maior potencial produtivo.

Tabela 3 - Coeficiente de correlação estatística de referência

Valor de r	Definição
0.00 a 0.19	Correlação muito fraca
0.20 a 0.39	Correlação fraca
0.40 a 0.69	Correlação moderada
0.7 a 0.89	Correlação forte
0.90 a 1.00	Correlação muito forte

Fonte: DEVORE (2006).

As análises de correlação foram geradas por meio do software R 4.2.1 (R CORE TEAM, 2016) e analisadas em diferentes cenários, de forma independente, sendo estes; cenário M1, cenário M2, cenário M3, cenário M4, cenário M5 e também de forma conjunta; cenário Geral (conjuntos de todos os cenários) de modo que fosse possível estudar a aplicação da metodologia para cada MRS e programa de melhoramento.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A seguir, são apresentados os resultados de forma independente (cenários), a fim de entender a aplicabilidade da metodologia e as correlações em cada programa de melhoramento já que há especificidades em cada uma das respectivas MRS e RECs. Posteriormente, são apresentados e discutidos os resultados da análise conjunta (cenário Geral).

As variáveis utilizadas nas análises de correlação foram YG BV, que refere-se ao rendimento do BV predito, YG F₃ que refere-se ao rendimento das progênes nos ensaios F₃ e YG F₄ que refere-se ao rendimento das progênes nos ensaios F₄, todos estes expressos em kg.ha⁻¹.

4.1 Cenário M1

O resumo com os resultados dos valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄, expressos em kg.ha⁻¹, bem como descritivo dos pedigrees dos cruzamentos e GM dos cruzamentos gerados pela predição de cruzamentos para a MRS 1 e programa de melhoramento M1 são apresentados na Tabela 4. As informações de GM do cruzamento referem-se ao GM dos genitores envolvidos no cruzamento.

Tabela 4 – Descrição de cruzamentos preditos com valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄ para M1, expressos em kg.ha⁻¹

(Continua)						
MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
1	M1_001	2478067x2992923	46x56	4829	4387	4432
1	M1_002	1671728x2932933	50x55	4822	4633	4484
1	M1_003	2986566x3572120	50x56	4805	3966	4548
1	M1_004	1671728x3572626	50x58	4806	4211	4399
1	M1_005	2986566x3572626	50x58	4854	4131	4355
1	M1_006	2985256x2994643	50x60	4616	4060	4758
1	M1_007	2478672x20350794	50x67	4505	3992	4241
1	M1_008	2987142x2992713	51x57	4622	4123	4033
1	M1_009	2934875x3474327	53x48	4749	4211	4386
1	M1_010	1357155x2478067	54x46	4871	4236	4579
1	M1_011	1357155x2932970	54x53	4933	3998	4397
1	M1_012	1357155x2932933	54x55	4957	4520	4364
1	M1_013	1357155x2934998	54x55	4887	4247	4481
1	M1_014	2934453x3474327	55x48	4716	4119	4352

(Conclusão)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
1	M1_015	3572039x2478067	56x46	4774	4175	4352
1	M1_016	3572039x2932970	56x53	4837	4222	4504
1	M1_017	3572039x3572120	56x56	4797	4254	4351
1	M1_018	2993245x2488842	57x50	4728	4308	4066
1	M1_019	2993245x2993561	57x56	4799	4167	4272
1	M1_020	2993245x2992855	57x60	4830	4303	4610
1	M1_021	3572626x2478672	58x50	4838	4017	4285
1	M1_022	3572461x20368682	58x58	4757	4177	4295
1	M1_023	3572626x20368682	58x58	4834	4000	4494
1	M1_024	2993094x1955919	60x50	4879	4456	4374
1	M1_025	2992963x1979493	60x60	4639	3880	4353
1	M1_026	3572239x3474327	61x48	4682	3993	4283

Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

Os valores de YG BV originado da predição dos cruzamentos variaram de, no mínimo 4505 kg.ha⁻¹ ao máximo de 4957 kg.ha⁻¹, uma variação de 452 kg.ha⁻¹. Ao se comparar com os valores da média de YG F₃, estes variaram de 3880 kg.ha⁻¹ a 4633 kg.ha⁻¹, uma variação de 753 kg.ha⁻¹. Já ao se comparar os valores da média de YG F₄, estes variaram de 4033 kg.ha⁻¹ a 4758 kg.ha⁻¹, uma variação de 725 kg.ha⁻¹. Essa simples comparação indica que há considerável variação entre os valores mínimos e máximos de YG F₄ e YG F₃.

A Tabela 5 apresenta o resultado da análise de correlação e respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R²) entre YG BV vs YG F₃, YG BV vs YG F₄ para o cenário da MRS 1 e programa de melhoramento M1. Os valores do coeficiente de correlação (r) indicam quanto da variável X está associada a variável Y, o valor restante é explicado por outros fatores não discriminados, podendo ser considerado como valor residual, assim, quanto maior o valor de r, maior será a correlação entre as variáveis. Nesse cenário, o resultado de 0.3278 em r indica que há fraca correlação entre YG BV vs YG F₃, conforme critérios propostos por Devore (2006) e apresentado na Tabela 3, ou seja, em torno de 32,7% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₃. O resultado de 0.2206 em r indica que há fraca correlação entre YG BV vs YG F₄, em torno de 22% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₄.

Tabela 5 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R²) entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário M1

	Variável dependente:	
	YG BV	
	(1)	(2)
YG F ₃	0.088*** (0.018)	
YG F ₄		0.086*** (0.026)
Constante	4,427.646*** (75.072)	4,422.639*** (116.579)
Observações	206	206
R ²	0.108	0.049
r	0.3278	0.2206
R ² ajustado	0.103	0.044
Erro padrão residual (df = 204)	83.690	86.406
Estatística F (df = 1; 204)	24.580***	10.434***
<i>Nota:</i>	*p<0.1; **p<0.05; ***p<0.01	

Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

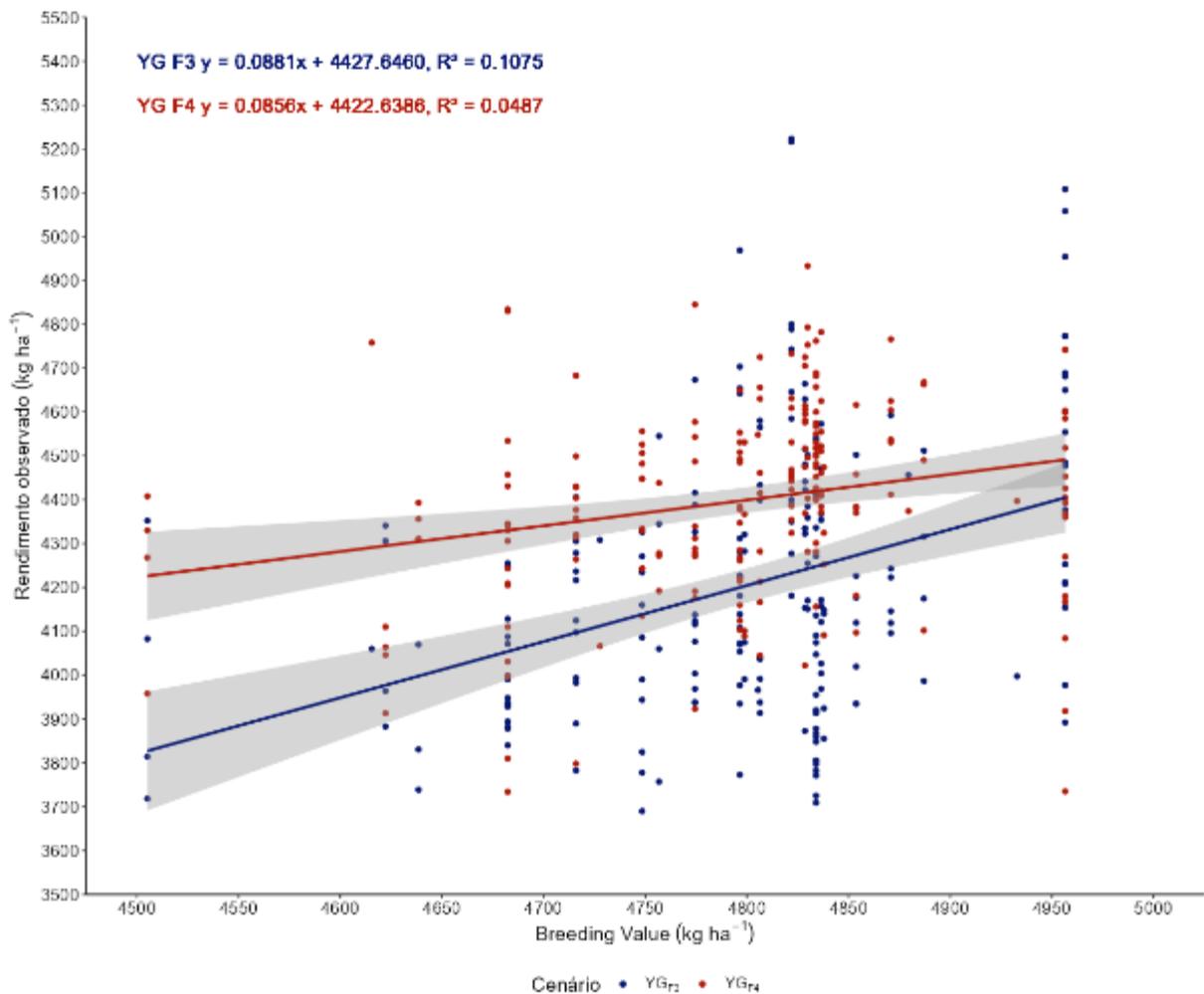
A Figura 4 apresenta graficamente a análise de correlação e regressão entre as variáveis YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário da MRS 1 e programa de melhoramento M1, caracterizado por uma equação da reta, que serve para determinar a relação entre as variáveis contínuas, resultando em parâmetros (α e β), sendo que α indica a altura da reta e β indica a inclinação da reta (positiva ou negativa).

Embora haja fraca correlação entre YG BV vs YG F₃, tal correlação é positiva (0.088), indicada pela inclinação positiva da reta, ou seja, os valores seguem a mesma tendência entre as variáveis, e os valores das variáveis estão altamente dispersos e distantes em relação a reta o que faz com que tal correlação seja efetivamente fraca.

A correlação entre YG BV vs YG F₄ também é fraca e positiva (0.086) e com alta dispersão de dados. Embora haja apenas um ambiente de ensaio de F₃ na MRS 1, esta localidade também faz parte da rede de ensaios de F₄, sendo que no cenário M1, essa cidade é Passo Fundo-RS, que pode ser considerada como referência para a região.

O programa de melhoramento de M1 tem abrangência sob as RECs 101, 102, 103 e 104, porém, nesta esta última REC, não havia ensaios de F₄ e os ensaio de F₃ estavam implantados somente na REC 102, fato esse que tende a causar inconsistência na média final de YG.

Figura 4 – Correlação entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ e regressão para o cenário M1



Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

4.2 Cenário M2

O resumo com os resultados dos valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄, expressos em kg.ha⁻¹, bem como descritivo dos pedigrees dos cruzamentos e GM dos cruzamentos gerados pela predição de cruzamentos para a MRS 2 e programa de melhoramento M2 são apresentados na Tabela 6. As informações de GM do cruzamento referem-se ao GM dos genitores envolvidos no cruzamento.

Tabela 6 – Descrição de cruzamentos preditos com valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄ para M2, expressos em kg.ha⁻¹

(Continua)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
2	M2_001	2987247x2993245	48x57	4174	6636	5063
2	M2_002	2986921x2992750	48x60	3920	6556	4321
2	M2_003	2986926x2993624	48x60	4053	6210	4703
2	M2_004	2986697x2994148	48x62	3950	7479	4577
2	M2_005	2986928x2994146	48x62	3786	6881	4490
2	M2_006	2986705x2994606	48x67	3923	6264	4625
2	M2_007	2934875x20358694	53x64	4104	6677	4659
2	M2_008	1357155x2490180	54x60	4294	6299	4611
2	M2_009	1357155x20002111	54x68	4373	6132	4597
2	M2_010	2993564x1979385	55x60	3881	7147	4734
2	M2_011	3572290x20347962	55x60	4071	5859	4565
2	M2_012	3572290x2036161	55x63	4269	6660	4919
2	M2_013	2934453x2949676	55x66	4326	6317	4760
2	M2_014	2992697x2949674	55x66	4363	6174	5061
2	M2_015	2992697x20003162	55x69	4305	6035	4539
2	M2_016	2934453x20350202	55x71	4088	6413	4566
2	M2_017	3572120x1357155	56x54	4239	6209	5644
2	M2_018	3572039x3535182	56x65	4206	6458	4693
2	M2_019	2993655x1979699	57x52	4094	6352	4269
2	M2_020	2992679x1979381	57x60	4181	7077	4316
2	M2_021	2992713x1979381	57x60	3970	6020	4839
2	M2_022	2992720x1703885	57x60	3316	6545	4883
2	M2_023	2992923x2490374	57x61	4207	6178	4662
2	M2_024	2993245x2993027	57x62	4273	6228	5279
2	M2_025	2993655x2488741	57x63	4395	6438	4909
2	M2_026	2993245x2994292	57x65	4449	6642	4797
2	M2_027	3572626x2948479	58x58	4106	7294	4471
2	M2_028	3572461x20358353	58x62	4154	6354	5035
2	M2_029	20368682x1745978	58x64	4191	6418	5221
2	M2_030	3572461x20348998	58x64	3824	6317	4927
2	M2_031	20368682x20359537	58x65	3979	6585	5209
2	M2_032	2935010x3534610	58x65	4403	6411	4264
2	M2_033	3572626x20359537	58x65	4170	6459	4546
2	M2_034	20368682x20350762	58x66	3867	6788	4439
2	M2_035	20368682x20350202	58x71	3924	6136	4471
2	M2_036	2948521x2934453	59x55	4075	6469	4531
2	M2_037	2993028x3572120	59x56	4385	6064	4968
2	M2_038	3572576x2947121	59x66	4404	6174	5102

(Continuação)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
2	M2_039	2992610x1955677	60x48	4195	7032	4237
2	M2_040	2993899x2993730	60x57	4084	6699	4799
2	M2_041	2993902x2992081	60x57	4359	6567	4515
2	M2_042	2993910x2992713	60x57	4179	6913	4518
2	M2_043	2490180x2490403	60x60	4397	6002	4813
2	M2_044	2992856x1979385	60x60	3812	7234	5121
2	M2_045	2992963x1979385	60x60	3908	6477	4718
2	M2_046	2993899x1979381	60x60	4091	6384	4482
2	M2_047	2993902x2991978	60x60	3925	6134	4543
2	M2_048	2993902x2994075	60x60	3305	6910	4663
2	M2_049	2993910x121396	60x60	4140	6407	4531
2	M2_050	2993910x2992498	60x60	4397	7337	5217
2	M2_051	2933078x20003268	60x61	4184	6276	5039
2	M2_052	2993899x2994220	60x62	4167	6394	4574
2	M2_053	2993902x2994220	60x62	4050	6612	4995
2	M2_054	2490403x2484101	60x65	4259	6059	4819
2	M2_055	2490374x3533464	61x63	4404	6781	3991
2	M2_056	20003268x2949682	61x65	4287	6574	4820
2	M2_057	20003268x20348338	61x66	4058	6489	4789
2	M2_058	2994144x2488902	62x50	3961	7297	4577
2	M2_059	2994148x1979699	62x52	3898	6641	4507
2	M2_060	20358353x2948479	62x58	4085	5756	5129
2	M2_061	2993027x2949679	62x60	4290	6553	5172
2	M2_062	2994145x2490702	62x60	3922	7654	4882
2	M2_063	2994146x2490702	62x60	3922	6467	4592
2	M2_064	2994147x2488741	62x63	4291	6042	4550
2	M2_065	2993027x20003162	62x69	4379	6792	4975
2	M2_066	3572239x20358378	63x63	4336	6810	4618
2	M2_067	3572239x20377853	63x63	4384	5988	4817
2	M2_068	20358694x20358353	64x62	4082	6306	4877
2	M2_069	2949682x2934453	65x55	4310	6583	4365
2	M2_070	2994425x2993201	65x57	4594	6332	4759
2	M2_071	2994427x2992720	65x57	4260	6200	4438
2	M2_072	2994427x2993201	65x57	4591	7031	4384
2	M2_073	2994293x1979385	65x60	4149	6622	4196
2	M2_074	2994425x121396	65x60	4228	6548	4465
2	M2_075	2994427x2994148	65x62	4268	6877	4497
2	M2_076	2994430x2994147	65x62	4232	7229	4457
2	M2_077	20003419x3534610	65x65	4506	6416	4725
2	M2_078	20003433x2484101	65x65	4393	7032	4946
2	M2_079	2994430x2993843	65x65	4130	6586	4758

(Conclusão)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
2	M2_080	2994441x2994321	65x65	4063	7401	4812
2	M2_081	2994425x1718945	65x67	4337	6575	4694
2	M2_082	2947121x2934998	66x55	4317	6993	4733
2	M2_083	2947121x20002111	66x68	4624	6018	4828
2	M2_084	2994602x1709136	67x49	3923	6187	4655
2	M2_085	2994602x2991693	67x51	4064	6448	4834
2	M2_086	20351146x2948521	67x59	3938	6278	5175
2	M2_087	2994606x2992856	67x60	4159	6771	4524
2	M2_088	2994602x2992363	67x62	4261	6311	4341
2	M2_089	2994606x2992361	67x62	4114	6747	4450
2	M2_090	2994615x2992358	67x62	4351	6125	4645
2	M2_091	2994602x2992999	67x65	4193	6656	5127
2	M2_092	2994606x2992997	67x65	4196	6336	4486
2	M2_093	2994602x2994674	67x67	4261	6888	4436
2	M2_094	20002994x2986566	68x48	4205	5660	4777
2	M2_095	20003149x2949679	68x60	4369	6670	4676
2	M2_096	20002111x2949682	68x65	4545	7175	4547
2	M2_097	20003162x2297333	69x60	4317	6064	4238
2	M2_098	3572239x3474327	61x48	4263	6381	4796
2	M2_099	2993094x1955919	60x50	4202	6634	4713
2	M2_100	3572461x20368682	58x58	3983	5968	4696
2	M2_101	1357155x2934998	54x55	4066	7313	4494
2	M2_102	1357155x2932970	54x53	4215	6256	4775
2	M2_103	2934875x3474327	53x48	4178	6360	4301
2	M2_104	2986566x3572626	50x58	4105	6179	4696
2	M2_105	1671728x3572626	50x58	4002	6969	4865
2	M2_106	2986566x3572120	50x56	4180	6739	5360

Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

Os valores de YG BV originados da predição dos cruzamentos variaram de, no mínimo 3305 kg.ha⁻¹ ao máximo de 4624 kg.ha⁻¹, sendo uma variação de 1319 kg.ha⁻¹. Ao se comparar com os valores da média de YG F₃, estes variaram de 5660 kg.ha⁻¹ a 7654 kg.ha⁻¹, uma variação de 1994 kg.ha⁻¹. Já ao se comparar os valores da média de YG F₄, estes variaram de 3991 kg.ha⁻¹ a 5644 kg.ha⁻¹, uma variação de 1653 kg.ha⁻¹. Essa simples comparação indica que há alta variação entre os valores mínimos e máximos em cada nível de ensaio (F₃ e F₄) e também nos valores preditos (BVs), diferentemente do que pode se observar no cenário M1 onde a maior variação de mínimos e máximos ocorreu nos valores YG F₃ seguida por YG F₄.

A Tabela 7 apresenta o resultado da análise de correlação e respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R^2) entre YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário da MRS 2 e programa de melhoramento M2. Nesse cenário, o resultado de 0.1428 em r indica que há correlação muito fraca entre YG BV vs YG F₃, conforme critérios propostos por Devore (2006) e apresentado na Tabela 3, ou seja, 14,2% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₃. O resultado de 0.030 em r indica que há muito fraca correlação entre YG BV vs YG F₄, apenas 3% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₄.

Tabela 7 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R^2) entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário M2

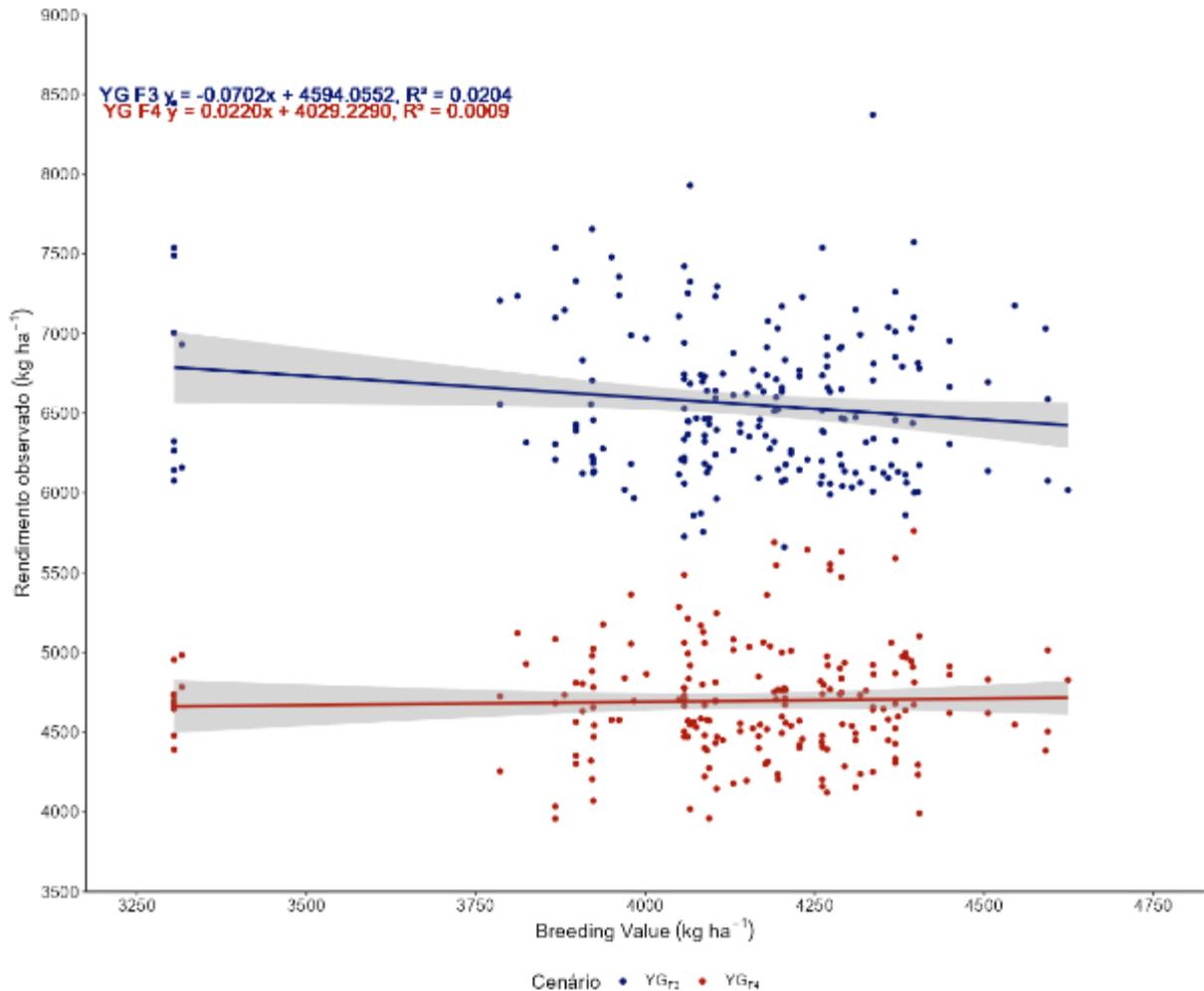
	Variável dependente:	
	YG BV	
	(1)	(2)
YG F ₃	-0.070** (0.034)	
YG F ₄		0.022 (0.052)
Constante	4,594.055*** (226.818)	4,029.229*** (242.660)
Observações	202	202
R ²	0.020	0.001
r	0.1428	0.030
R ² ajustado	0.016	-0.004
Erro padrão residual (df = 200)	252.781	255.286
Estatística F (df = 1; 200)	4.169**	0.182

Nota: * $p < 0.1$; ** $p < 0.05$; *** $p < 0.01$

Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

A Figura 5 apresenta graficamente a análise de correlação e regressão entre as variáveis YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário da MRS 2 e programa de melhoramento M2. Além de apresentar correlação muito fraca entre YG BV vs YG F₃, tal correlação é negativa (-0.070), indicada pela inclinação negativa da reta, ou seja, os valores são inversamente constantes entre as variáveis e os valores das variáveis estão consideravelmente dispersos e distantes em relação a reta o que faz com que tal correlação seja efetivamente baixa. A correlação entre YG BV vs YG F₄ também é fraca, porém, positiva (0.022) e com alta dispersão de dados.

Figura 5 – Correlação entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ e regressão para o cenário M2



Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

4.3 Cenário M3

O resumo com os resultados dos valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄, expressos em kg.ha⁻¹, bem como descritivo dos pedigrees dos cruzamentos e GM dos cruzamentos gerados pela predição de cruzamentos para a MRS 3 e programa de melhoramento M3 são apresentados na Tabela 8. As informações de GM do cruzamento referem-se ao GM dos genitores envolvidos no cruzamento.

Tabela 8 – Descrição de cruzamentos preditos com valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄ para M3, expressos em kg.ha⁻¹

(Continua)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
3	M3_001	3497291x20285199	65x69	4035	5878	4300
3	M3_002	20287944x20286576	66x69	3937	6231	4417
3	M3_003	20285522x20286523	66x75	4219	6639	4155
3	M3_004	20285332x20286581	67x68	4098	5383	4475
3	M3_005	20286278x20285877	67x68	4292	5558	4292
3	M3_006	20287578x20285725	67x68	4086	4949	4527
3	M3_007	20286271x20285352	67x72	4128	5043	4426
3	M3_008	20287960x20285342	67x72	4056	4643	4421
3	M3_009	20286266x20286523	67x75	4320	5196	4132
3	M3_010	20285424x20286775	68x68	4203	5436	4086
3	M3_011	20285725x20286775	68x68	4208	5700	4236
3	M3_012	20285738x20286581	68x68	4202	5496	4028
3	M3_013	20286029x20286581	68x68	4259	4939	4556
3	M3_014	20285702x20286757	68x69	4096	5122	4510
3	M3_015	20286764x20285440	68x69	4199	5354	4404
3	M3_016	20287956x20285199	68x69	4020	5437	4261
3	M3_017	20286779x20286559	68x70	4208	4847	3959
3	M3_018	20285877x20286523	68x75	4299	5142	4340
3	M3_019	20287603x20286523	68x75	4267	4955	4592
3	M3_020	20285440x20285766	69x67	4153	4805	4029
3	M3_021	20286758x20285766	69x67	4101	5564	4497
3	M3_022	20285199x20285424	69x68	3992	4603	4104
3	M3_023	20285199x20285725	69x68	3997	5200	4207
3	M3_024	20285199x20285877	69x68	4048	5506	3929
3	M3_025	20285709x20285725	69x68	4123	6284	4466
3	M3_026	20286576x20285424	69x68	3946	5250	4161
3	M3_027	20286576x20285725	69x68	3951	5241	4393
3	M3_028	20286576x20285877	69x68	4002	5791	4455
3	M3_029	20286760x20285877	69x68	4105	5273	4680
3	M3_030	20285199x20285435	69x69	3992	5558	4164
3	M3_031	20285199x20286760	69x69	3951	4888	4433
3	M3_032	20286136x20286757	69x69	4160	4819	4173
3	M3_033	20286245x20285440	69x69	4210	4883	4168
3	M3_034	20286257x20285440	69x69	4154	5227	4198
3	M3_035	20286576x20285435	69x69	3945	4994	4627
3	M3_036	20286576x20286760	69x69	3905	4912	4253
3	M3_037	20285199x20286523	69x75	4146	5750	4349
3	M3_038	20285602x20286523	69x75	4285	5530	4186
3	M3_039	20286576x20286523	69x75	4099	4975	4183

(Continuação)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
3	M3_040	20286760x20286523	69x75	4202	5538	4481
3	M3_041	20287766x20285522	70x66	4042	5724	4459
3	M3_042	20285299x20286581	70x68	4210	4759	4538
3	M3_043	20287777x20285877	70x68	4170	5447	4514
3	M3_044	20286244x20285440	70x69	4212	5292	4329
3	M3_045	20286190x20286559	70x70	4250	5676	4317
3	M3_046	20287136x20285357	70x72	4147	5278	4397
3	M3_047	3504295x20285352	70x72	4049	5360	4201
3	M3_048	2503164x3014205	70x74	4357	5504	4678
3	M3_049	2503164x3014734	70x74	4456	5656	4408
3	M3_050	2503183x2065098	70x74	4213	6070	4250
3	M3_051	20285718x20285424	71x68	4187	5064	4327
3	M3_052	3506931x20285424	71x68	4161	5048	4433
3	M3_053	3504044x20285199	71x69	4125	5550	4477
3	M3_054	3504044x20285357	71x72	4237	5539	4250
3	M3_055	2065059x1718136	72x62	3887	5830	4397
3	M3_056	20285342x20285424	72x68	4069	5107	4340
3	M3_057	20285342x20285725	72x68	4075	5051	4386
3	M3_058	20285342x20285877	72x68	4125	5264	4711
3	M3_059	20285348x20285424	72x68	3999	5541	4283
3	M3_060	20285348x20285725	72x68	4005	5392	4601
3	M3_061	20285348x20285877	72x68	4055	5674	4359
3	M3_062	20285352x20286775	72x68	4186	5650	4492
3	M3_063	20285342x20285435	72x69	4069	4812	4519
3	M3_064	20285342x20286760	72x69	4028	5717	4347
3	M3_065	20285348x20285435	72x69	3999	4609	4110
3	M3_066	20285348x20286760	72x69	3958	5100	4425
3	M3_067	20287291x20285199	72x69	4302	5412	4358
3	M3_068	20287372x20285602	72x69	4244	5210	4031
3	M3_069	20289613x20285199	72x69	4186	4748	4348
3	M3_070	20289668x20286576	72x69	4107	5290	4463
3	M3_071	20289679x20286576	72x69	4098	5372	4610
3	M3_072	20290105x20286260	72x69	4238	5325	4421
3	M3_073	20290107x20285615	72x69	4290	5266	4522
3	M3_074	20289683x20285342	72x72	4168	5673	4543
3	M3_075	20289708x20285342	72x72	4311	5061	4244
3	M3_076	3506930x20285352	72x72	4084	5075	4263
3	M3_077	2065059x3013669	72x74	4285	4971	4367
3	M3_078	20285342x20286523	72x75	4223	4829	4263
3	M3_079	20285348x20286523	72x75	4153	5265	4346
3	M3_080	20285352x20286523	72x75	4226	5114	4286

(Conclusão)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
3	M3_081	20288996x20285522	73x66	4208	5495	4146
3	M3_082	20288248x20285877	73x68	4248	5667	4502
3	M3_083	20288868x20285877	73x68	4125	5515	4429
3	M3_084	20288874x20285877	73x68	4039	5372	4579
3	M3_085	20290067x20286581	73x68	4132	5074	4372
3	M3_086	20287986x20285615	73x69	4290	5032	4332
3	M3_087	20288435x20285199	73x69	4259	5136	4375
3	M3_088	20288875x20286260	73x69	4173	5129	4350
3	M3_089	20289252x20286243	73x69	4271	6875	4674
3	M3_090	20289266x20285602	73x69	4122	4853	4228
3	M3_091	20288250x20286559	73x70	4283	5679	4332
3	M3_092	20288761x20299824	73x72	4221	5846	4107
3	M3_093	20288909x20285357	73x72	4306	5008	4406
3	M3_094	20289992x20285522	74x66	4192	5629	4246
3	M3_095	20290225x20286576	74x69	4127	5619	4330
3	M3_096	20290238x20285199	74x69	4229	5511	4290
3	M3_097	3014724x3014172	74x78	4300	5605	4665
3	M3_098	20286523x20286775	75x68	4356	4962	4292
3	M3_099	3508061x20285199	75x69	4089	5169	4112
3	M3_100	2503468x2503183	75x70	4198	5334	4319
3	M3_101	3508061x20299824	75x72	4166	5118	4330
3	M3_102	2503361x3013643	75x74	4049	5317	4475
3	M3_103	3506935x20286523	75x75	4203	4958	4424
3	M3_104	2065196x3014203	75x76	4059	4830	4294
3	M3_105	2065196x3013898	75x78	4108	4354	4292
3	M3_106	2503367x3013892	75x78	4223	5140	4384
3	M3_107	2503361x3014892	75x79	4483	6056	4355
3	M3_108	2503367x3014803	75x80	4255	4782	3836
3	M3_109	2065250x2488904	78x60	4197	4938	4221
3	M3_110	3014172x2490702	78x60	4135	5725	4243
3	M3_111	2065249x2503467	78x75	4088	5395	4447
3	M3_112	2065249x2503468	78x75	4080	5162	4276
3	M3_113	3015155x2490702	79x60	4191	5507	4327
3	M3_114	3013682x3014179	79x78	3959	5379	4307
3	M3_115	2065253x2488904	80x60	4207	4836	4340
3	M3_116	3015159x2491094	80x68	3962	5236	4417
3	M3_117	2504039x3014689	80x79	4397	5309	4136
3	M3_118	2065253x1354488	80x80	4169	4870	4379
3	M3_119	2503815x2065253	80x80	4172	4898	4393
3	M3_120	2504039x2504129	80x80	4290	5277	4528

Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

Os valores de YG BV originados da predição dos cruzamentos variaram de, no mínimo 3387 kg.ha⁻¹ ao máximo de 4483 kg.ha⁻¹, uma variação de 596 kg.ha⁻¹. Ao se comparar com os valores da média de YG F₃, estes variaram de 4354 kg.ha⁻¹ a 6875 kg.ha⁻¹, uma variação extremamente alta de 2521 kg.ha⁻¹. Já ao se comparar os valores da média de YG F₄, estes variaram de 38361 kg.ha⁻¹ a 4711 kg.ha⁻¹, uma variação de 875 kg.ha⁻¹. Essa simples comparação indica que há alta variação entre os valores mínimos e máximos em cada nível de ensaio (F₃ e F₄) e também nos valores preditos (BVs), semelhante ao cenário MRS 1 e M1 e MRS 2 e M2 onde a maior variação de mínimos e máximos ocorreu nos valores YG F₃.

A Tabela 9 apresenta o resultado da análise de correlação e respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R²) entre YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário da MRS 3 e programa de melhoramento M3. Nesse cenário, o resultado de 0.0360 em r indica que há correlação muito fraca entre YG BV vs YG F₃, conforme critérios propostos por Devore (2006) e apresentado na Tabela 3, ou seja, apenas 3,6% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₃. O resultado de 0.010 em r indica que há muito fraca correlação entre YG BV vs YG F₄, apenas 1% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₄.

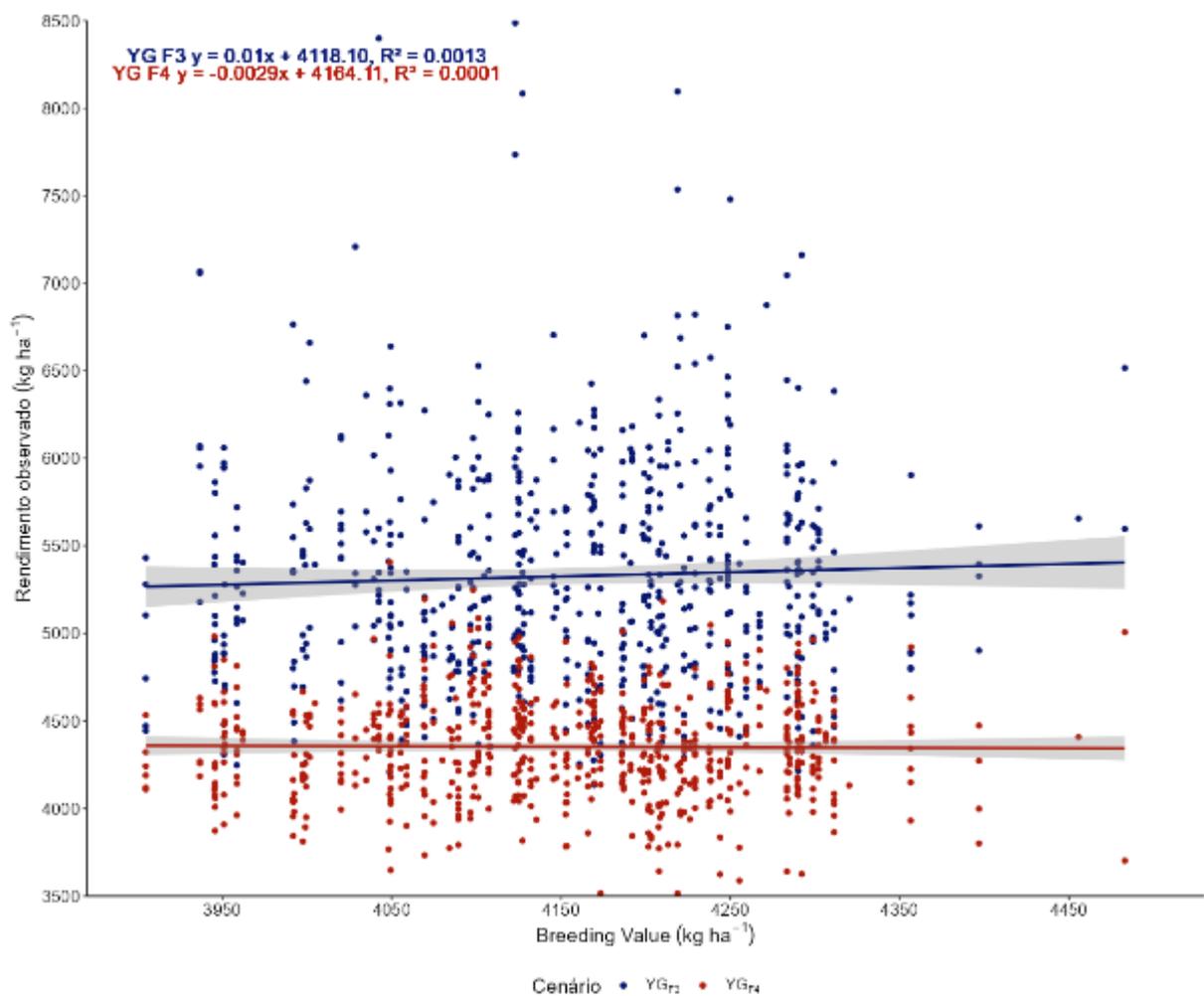
Tabela 9 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R²) entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário M3

	Variável dependente:	
	YG BV	
	(1)	(2)
YG F ₃	0.006 (0.007)	
YG F ₄		-0.003 (0.015)
Constante	4,118.097*** (36.323)	4,164.108*** (64.027)
Observações	679	679
R ²	0.001	0.0001
r	0.0360	0.010
R ² ajustado	-0.0002	-0.001
Erro padrão residual (df = 677)	109.798	109.864
Estatística F (df = 1; 677)	0.856	0.039
<i>Nota:</i>	*p<0.1; **p<0.05; ***p<0.01	

Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

A Figura 6 apresenta graficamente a análise de correlação e regressão entre as variáveis YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário da MRS 3 e programa de melhoramento M3. Embora apresente correlação muito fraca entre YG BV vs YG F₃, tal correlação é positiva (0.006), indicada pela inclinação positiva da reta, ou seja, os valores seguem a mesma tendência entre as variáveis e os valores das variáveis estão consideravelmente dispersos e distantes em relação a reta o que faz com que tal correlação seja efetivamente baixa. A correlação entre YG BV vs YG F₄ também é muito fraca, porém é negativa (-0.003) e com alta dispersão de dados.

Figura 6 – Correlação entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ e regressão para o cenário M3



Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

4.4 Cenário M4

O resumo com os resultados dos valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄, expressos em kg.ha⁻¹, bem como descritivo dos pedigrees dos cruzamentos e GM dos cruzamentos gerados pela predição de cruzamentos para a MRS 4 e programa de melhoramento M4 são apresentados na Tabela 10. As informações de GM do cruzamento referem-se ao GM dos genitores envolvidos no cruzamento.

Tabela 10 – Descrição de cruzamentos preditos com valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄ para M4, expressos em kg.ha⁻¹

(Continua)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
4	M4_001	1366400x3013594	68x82	4332	4451	4270
4	M4_002	3575632x2503164	70x70	4078	4316	4231
4	M4_003	3574990x3014713	70x78	4680	4760	4319
4	M4_004	3015247x3015152	70x84	4407	4317	4216
4	M4_005	2650559x2065196	74x75	4459	4250	4359
4	M4_006	20344225x20345730	74x76	4351	4435	4134
4	M4_007	20346189x20344549	74x76	4429	4225	4264
4	M4_008	20346189x20345735	74x77	4526	4281	4273
4	M4_009	20343656x20345734	74x78	4159	4317	4253
4	M4_010	20344094x20343919	74x78	4312	4218	4259
4	M4_011	20345451x20345734	74x78	4310	4247	4358
4	M4_012	20346032x20343919	74x78	4524	4342	4275
4	M4_013	20346189x3577626	74x80	4545	4254	4464
4	M4_014	2650559x1354488	74x80	4388	4523	4221
4	M4_015	1986902x3013872	75x76	4029	4289	4076
4	M4_016	1986902x3013645	75x78	3981	4264	4152
4	M4_017	20345730x20344297	76x72	4481	4320	4480
4	M4_018	20344549x20343953	76x74	4292	4309	4203
4	M4_019	20344549x20344680	76x74	4269	4302	4210
4	M4_020	20344549x20346189	76x74	4429	4417	4272
4	M4_021	20345727x20343953	76x74	4361	4445	4320
4	M4_022	20345727x20344680	76x74	4338	4282	4236
4	M4_023	20345727x20346189	76x74	4497	4403	4104
4	M4_024	20345730x20344225	76x74	4351	4294	4363
4	M4_025	20343870x20344549	76x76	4307	4255	4375
4	M4_026	20343892x20344549	76x76	4309	4439	4257
4	M4_027	20343929x20345727	76x76	4408	4272	4314
4	M4_028	20344089x20345727	76x76	4357	4274	4270
4	M4_029	20344089x20345730	76x76	4495	4547	4134

(Continuação)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
4	M4_030	20345103x20344549	76x76	4165	4347	4138
4	M4_031	20345112x20344549	76x76	4133	4456	4282
4	M4_032	20345112x20345730	76x76	4339	4360	4149
4	M4_033	20345727x20343892	76x76	4378	4446	4350
4	M4_034	20345727x20345035	76x76	4361	4262	4317
4	M4_035	20345727x20346041	76x76	4380	4208	4290
4	M4_036	20345730x20344387	76x76	4490	4201	4442
4	M4_037	20345730x20345108	76x76	4521	4512	3942
4	M4_038	20343892x20345735	76x77	4407	4762	4200
4	M4_039	20343929x20345735	76x77	4436	4937	4399
4	M4_040	20345103x20345704	76x77	4260	4139	4187
4	M4_041	20345112x20345735	76x77	4230	4411	4008
4	M4_042	20343870x20299875	76x78	4353	4113	4557
4	M4_043	20344387x20343919	76x78	4323	4247	4426
4	M4_044	20345103x20299875	76x78	4211	4336	4125
4	M4_045	20345112x20299875	76x78	4179	4289	3964
4	M4_046	20346041x20343919	76x78	4351	4435	4270
4	M4_047	20346044x20343919	76x78	4491	4380	4171
4	M4_048	3014013x3010077	76x79	4582	4717	3846
4	M4_049	20343892x3577626	76x80	4425	4176	5028
4	M4_050	20344549x20346103	76x80	4144	4440	4044
4	M4_051	20344549x3576868	76x80	4315	4431	4331
4	M4_052	20345727x20346103	76x80	4213	4592	4294
4	M4_053	20345727x3576868	76x80	4383	4377	4386
4	M4_054	20343870x3597911	76x81	4572	4284	4475
4	M4_055	20343929x3014381	76x81	4530	4496	4536
4	M4_056	20344089x3575216	76x81	4423	4329	4165
4	M4_057	20345112x3597911	76x81	4398	4306	4100
4	M4_058	20345727x20346812	76x82	4302	4372	4445
4	M4_059	3014013x2955129	76x82	4560	4391	3866
4	M4_060	20343956x2504612	76x90	4299	4141	4513
4	M4_061	20344869x2504612	76x90	4352	4298	3891
4	M4_062	20344923x2504612	76x90	4294	4284	4218
4	M4_063	20347155x2504612	76x90	4432	4562	4137
4	M4_064	20345704x20344078	77x74	4355	4308	4295
4	M4_065	20345704x20345451	77x74	4309	4309	4262
4	M4_066	20345704x20344869	77x76	4290	4338	4196
4	M4_067	20345704x20345990	77x78	4329	4427	4229
4	M4_068	20343895x20346189	78x74	4488	4368	4889
4	M4_069	20343919x20320877	78x74	4249	4368	4171
4	M4_070	20343919x20343656	78x74	4104	4500	4245

(Continuação)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
4	M4_071	20345734x20320877	78x74	4305	4444	4287
4	M4_072	20345734x20343656	78x74	4159	4174	4416
4	M4_073	20299875x20343892	78x76	4356	4135	3978
4	M4_074	20299875x20344923	78x76	4183	4437	4313
4	M4_075	20299875x20346041	78x76	4358	4374	4390
4	M4_076	20343886x20343892	78x76	4402	4457	3941
4	M4_077	20343919x20347155	78x76	4315	4435	4298
4	M4_078	20343924x20345727	78x76	4254	4162	4456
4	M4_079	20345734x20347155	78x76	4370	4447	4613
4	M4_080	20345984x20345108	78x76	4329	4382	4270
4	M4_081	20345987x20345108	78x76	4263	4269	4036
4	M4_082	20345990x20345727	78x76	4302	4319	4371
4	M4_083	20345990x20345730	78x76	4440	4425	4185
4	M4_084	2651217x3013777	78x76	4284	4543	4584
4	M4_085	2651217x3015202	78x76	4530	4162	3939
4	M4_086	20343924x20345735	78x77	4282	4261	4085
4	M4_087	20299875x20344128	78x78	4303	4224	4277
4	M4_088	20299875x3574584	78x78	4360	4423	4329
4	M4_089	20343919x20343924	78x78	4225	4248	4165
4	M4_090	20345734x20343924	78x78	4281	4323	4741
4	M4_091	2650620x3015414	78x79	4311	4143	4219
4	M4_092	2651217x3014914	78x79	4435	4200	3905
4	M4_093	2955300x3014689	78x79	4294	4395	3822
4	M4_094	3014179x2955378	78x79	4251	4249	4024
4	M4_095	3015242x2065253	78x80	4065	4549	4115
4	M4_096	2955300x3014882	78x82	4529	4941	4274
4	M4_097	3014179x2955114	78x84	4505	4281	4105
4	M4_098	20345990x3574667	78x86	4458	4250	4587
4	M4_099	2954061x2503361	79x75	4365	4416	4140
4	M4_100	2954064x2503468	79x75	4463	4101	4311
4	M4_101	2954064x3014314	79x76	4215	4383	4278
4	M4_102	3014382x2955129	79x82	4579	4130	4091
4	M4_103	3014759x2780709	80x72	3930	4246	4323
4	M4_104	3574627x2065183	80x72	4158	4557	4643
4	M4_105	3577626x2780706	80x72	3930	4188	4157
4	M4_106	3597514x2780706	80x72	3932	4302	4095
4	M4_107	3574521x3546658	80x74	4481	4403	4151
4	M4_108	3597482x2951926	80x74	4571	4445	4001
4	M4_109	3576868x3546547	80x75	4492	4123	3525
4	M4_110	2954070x3013777	80x76	4305	4282	3879
4	M4_111	20345126x20345704	80x77	4282	4614	4282

(Continuação)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
4	M4_112	3574505x2951957	80x77	4577	4525	4257
4	M4_113	3577626x3546731	80x77	4404	4244	4012
4	M4_114	2954070x3015242	80x78	4421	4031	4125
4	M4_115	3574505x3014179	80x78	4557	4377	4366
4	M4_116	3574524x2065252	80x78	4404	4427	4312
4	M4_117	3574626x3013572	80x78	4066	4111	4334
4	M4_118	3574706x3549157	80x78	4541	4222	4585
4	M4_119	3575898x3014713	80x78	4474	4456	3999
4	M4_120	3576249x2065252	80x78	3923	4407	4173
4	M4_121	3015466x2954064	80x79	4538	4212	4435
4	M4_122	3574899x3014892	80x79	4367	4523	4197
4	M4_123	3576344x2951872	80x79	4560	4707	4522
4	M4_124	3611171x3549166	80x79	4519	4218	4037
4	M4_125	3611172x3014892	80x79	4476	4208	4417
4	M4_126	2952204x2503992	80x80	4328	4457	3856
4	M4_127	2954070x2504039	80x80	4397	4474	4287
4	M4_128	3014756x3015462	80x80	4458	4479	4145
4	M4_129	3574524x3015462	80x80	4582	4432	4198
4	M4_130	3574635x3014803	80x80	4419	4395	4322
4	M4_131	3574652x3014839	80x80	4406	4315	4150
4	M4_132	3574627x3015533	80x82	4392	4561	3931
4	M4_133	3574647x3014425	80x82	4361	4301	4797
4	M4_134	3574706x3015533	80x82	4478	4260	4216
4	M4_135	3576581x3014176	80x82	4331	4522	4359
4	M4_136	3597515x3015104	80x82	4440	4260	4241
4	M4_137	3597918x3014176	80x82	4504	4756	4356
4	M4_138	3611171x2650936	80x82	4610	4492	4255
4	M4_139	3611171x2651340	80x82	4583	4555	3922
4	M4_140	3574598x2955196	80x83	4602	4854	3954
4	M4_141	3611171x2955196	80x83	4631	4244	4067
4	M4_142	2952204x3013963	80x84	4454	4191	4101
4	M4_143	3574505x2953173	80x84	4499	4421	4430
4	M4_144	3597514x3015152	80x84	4306	4495	4330
4	M4_145	3611171x3550869	80x86	4365	5021	4182
4	M4_146	20343927x2504612	80x90	4419	4343	4170
4	M4_147	3015163x2504412	80x90	4194	4231	4446
4	M4_148	3574652x2504606	80x90	4420	4358	4169
4	M4_149	3611172x2504613	80x90	4464	4314	4307
4	M4_150	3574644x2780709	81x72	3935	4338	4314
4	M4_151	3575645x2780706	81x72	3980	4544	4531
4	M4_152	3014381x3546658	81x74	4477	4695	4031

(Conclusão)

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
4	M4_153	3014981x3546721	81x78	4466	4236	4176
4	M4_154	3574644x3546636	81x78	4319	4345	4379
4	M4_155	3597517x3546683	81x78	4450	4276	4184
4	M4_156	3575216x3548730	81x79	4435	4447	4145
4	M4_157	3576865x3548730	81x79	4343	5086	4334
4	M4_158	3014381x3547119	81x80	4554	4156	4421
4	M4_159	3574646x2780702	82x72	3908	4361	4165
4	M4_160	20345132x20345730	82x76	4446	4144	3995
4	M4_161	20345988x20345727	82x76	4314	4617	4212
4	M4_162	20345132x20345704	82x77	4335	4310	4265
4	M4_163	20345988x20345704	82x77	4341	4320	4096
4	M4_164	3575646x2650947	82x77	4460	4878	4170
4	M4_165	20345132x20299875	82x78	4287	4346	4140
4	M4_166	3575646x3014172	82x78	4286	4163	4637
4	M4_167	2955114x3013594	84x82	4335	4634	4194
4	M4_168	2504275x2954074	85x80	4567	4387	4560
4	M4_169	3574667x20345734	86x78	4477	4271	4409
4	M4_170	2504612x20344297	90x72	4432	4518	4212
4	M4_171	2504612x20344225	90x74	4302	4163	4432
4	M4_172	3577208x3546557	90x75	4664	4136	4157
4	M4_173	2504612x20344387	90x76	4441	4431	4284
4	M4_174	2504612x20345108	90x76	4472	4511	4294
4	M4_175	3576384x3013572	90x78	4263	4925	4265
4	M4_176	3577010x2951872	90x79	4690	4442	4108
4	M4_177	3577208x2955378	90x79	4394	4446	4245
4	M4_178	3577204x2955319	90x80	4431	4472	4264
4	M4_179	3597547x3015153	90x80	4383	4585	4389
4	M4_180	3577208x2955114	90x84	4648	4165	4310

Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

Os valores de YG BV originados da predição dos cruzamentos variaram de, no mínimo 3908 kg.ha⁻¹ ao máximo de 4690 kg.ha⁻¹, uma variação de 782 kg.ha⁻¹. Ao se comparar com os valores da média de YG F₃, estes variaram de 4031 kg.ha⁻¹ a 5086 kg.ha⁻¹, uma variação de 1055 kg.ha⁻¹. Já ao se comparar os valores da média de YG F₄, estes variaram de 3525 kg.ha⁻¹ a 5028 kg.ha⁻¹, uma variação de 1503 kg.ha⁻¹. Essa simples comparação indica que há alta variação entre os valores mínimos e máximos em cada nível de ensaio (F₃ e F₄) e também nos valores preditos (BVs), porém, contrariamente aos cenários M1, M2 e M3, a maior variação de mínimos e máximos ocorreu nos valores YG F₄, fato que chama a atenção pois havia

10 ambientes de ensaios e, tais ambientes não apresentam diferenças significativas entre si em relação a condições climáticas, porém, outros fatores como textura do solo, altitude, rotação de culturas dentre outros fatores também exercem elevada influência na resposta do genótipo ao ambiente.

A Tabela 11 apresenta o resultado da análise de correlação e respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R^2) entre YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário da MRS 4 e programa de melhoramento M4. Nesse cenário, o resultado de 0.0574 em r indica que há correlação muito fraca entre YG BV vs YG F₃, conforme critérios propostos por Devore (2006) e apresentado na Tabela 3, ou seja, 5,7% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₃. O resultado de 0.0223 em r indica que há muito fraca correlação entre YG BV vs YG F₄, apenas 2,2% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₄.

Tabela 11 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R^2) entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário M4

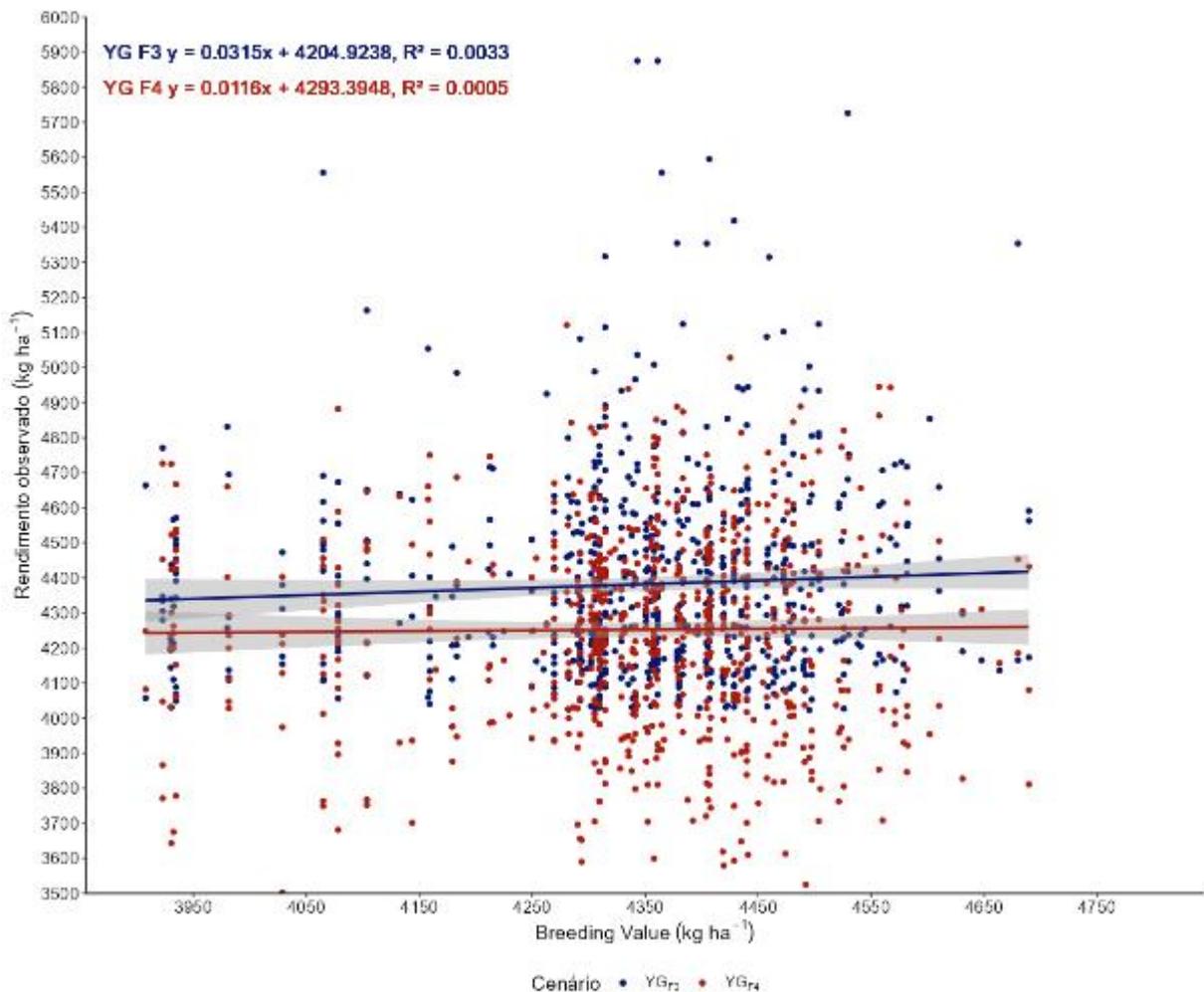
	Variável dependente:	
	YG BV	
	(1)	(2)
YG F ₃	0.031 (0.020)	
YG F ₄		0.012 (0.020)
Constante	4,204.924*** (89.043)	4,293.395*** (83.968)
Observações	732	732
R ²	0.003	0.0005
r	0.0574	0.0223
R ² ajustado	0.002	-0.001
Erro padrão residual (df = 730)	149.704	149.915
Estatística F (df = 1; 730)	2.408	0.348
<i>Nota:</i>	* p<0.1; ** p<0.05; *** p<0.01	

Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

A Figura 7 apresenta graficamente a análise de regressão da correlação entre as variáveis YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário da MRS 4 e programa de melhoramento M4. Embora apresente correlação muito fraca entre YG BV vs YG F₃, tal correlação é positiva (0.031), indicada pela inclinação positiva da reta, ou seja, os valores seguem a mesma tendência

entre as variáveis e os valores das variáveis estão consideravelmente dispersos e distantes em relação a reta o que faz com que tal correlação seja efetivamente baixa. A correlação entre YG BV vs YG F₄ também caracterizada como muito fraca e positiva (0.012) e com alta dispersão de dados.

Figura 7 – Correlação entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ e regressão para o cenário M4



Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

4.5 Cenário M5

O resumo com os resultados dos valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄, expressos em kg.ha⁻¹, bem como descritivo dos pedigrees dos cruzamentos e GM dos cruzamentos gerados pela predição de cruzamentos para a MRS 5 e programa de melhoramento M5 são apresentados

na Tabela 12. As informações de GM do cruzamento referem-se ao GM dos genitores envolvidos no cruzamento.

Tabela 12 – Descrição de cruzamentos preditos com valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄ para M5, expressos em kg.ha⁻¹

MRS	Código de cruza	Pedigree do cruzamento	GM do cruzamento	YG BV	YG F ₃	YG F ₄
5	M5_001	3576906x20298131	70x78	3880	5988	4284
5	M5_002	3576906x20298329	70x78	3867	5497	3692
5	M5_003	3597551x20298352	70x78	3791	6011	4311
5	M5_004	3576906x20299100	70x79	4071	6059	4099
5	M5_005	3577446x20298228	70x79	3951	5721	4402
5	M5_006	3576906x20297504	70x80	3852	5088	4449
5	M5_007	3577446x20298858	70x82	4010	5968	4225
5	M5_008	3576906x20371297	70x86	3845	5990	4219
5	M5_009	3576909x20298352	80x78	3936	6140	4183
5	M5_010	3578192x20298352	80x78	3977	5465	3986
5	M5_011	2504129x3540301	80x79	4087	5341	3985
5	M5_012	3576909x20298864	80x79	4192	5300	4157
5	M5_013	3577859x20299100	80x79	4183	5790	4508
5	M5_014	3576627x20297416	80x80	4110	6178	4318
5	M5_015	3576627x3578214	80x80	4145	5592	3972
5	M5_016	3576634x20298040	80x80	4028	5354	3834
5	M5_017	3578192x20298010	80x80	3969	5578	4435
5	M5_018	3576627x20299366	80x82	4160	5948	4601
5	M5_019	3576634x20298858	80x82	4143	5444	4208
5	M5_020	3578210x20297863	80x82	4088	5528	4352
5	M5_021	3578211x20298858	80x82	4202	5378	3776
5	M5_022	3578192x20299289	80x84	4051	5880	4069
5	M5_023	3578214x20299289	80x84	4050	6108	4426
5	M5_024	20346040x20300265	82x80	4047	5528	3979
5	M5_025	20346807x20345730	85x78	4042	5862	4133
5	M5_026	20346807x2951969	85x80	4272	5543	4087
5	M5_027	20343872x20345727	86x76	4191	6291	4006
5	M5_028	20343872x3548809	86x80	4184	6087	4251

Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

Os valores de YG BV originados da predição dos cruzamentos variaram de, no mínimo 3791 kg.ha⁻¹ ao máximo de 4272 kg.ha⁻¹, uma variação de 481 kg.ha⁻¹. Ao se comparar com os valores da média de YG F₃, estes variaram de 5088 kg.ha⁻¹ a 6291 kg.ha⁻¹, uma variação de 1203 kg.ha⁻¹. Já ao se comparar os valores da média de YG F₄, estes variaram de 3692 kg.ha⁻¹ a 4601 kg.ha⁻¹, uma variação de 909kg.ha⁻¹. Essa simples comparação indica que há alta

variação entre os valores mínimos e máximos em cada nível de ensaio (F₃ e F₄) e também nos valores preditos (BVs), e assim como os cenários M1, M2 e M3 a maior variação de mínimos e máximos ocorreu nos valores YG F₃.

A Tabela 13 apresenta o resultado da análise de correlação e respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R²) entre YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG para o cenário da MRS 5 e programa de melhoramento M5. Nesse cenário, o resultado de 0.0141 em r indica que há correlação muito fraca entre YG BV vs YG F₃, conforme critérios propostos por Devore (2006) e apresentado na Tabela 3, ou seja, apenas 1,4% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₃. O resultado de 0.0812 em r indica que há muito fraca correlação entre YG BV vs YG F₄, aproximadamente 8,1% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₄.

Tabela 13 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R²) entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário M5

	Variável dependente:	
	YG BV	
	(1)	(2)
YG F ₃	0.004 (0.041)	
YG F ₄		-0.039 (0.069)
Constante	4,035.583*** (233.874)	4,218.453*** (288.572)
Observações	49	49
R ²	0.0002	0.007
r	0.0141	0.0812
R ² ajustado	-0.021	-0.015
Erro padrão residual (df = 47)	128.821	128.405
Estatística F (df = 1; 47)	0.009	0.314

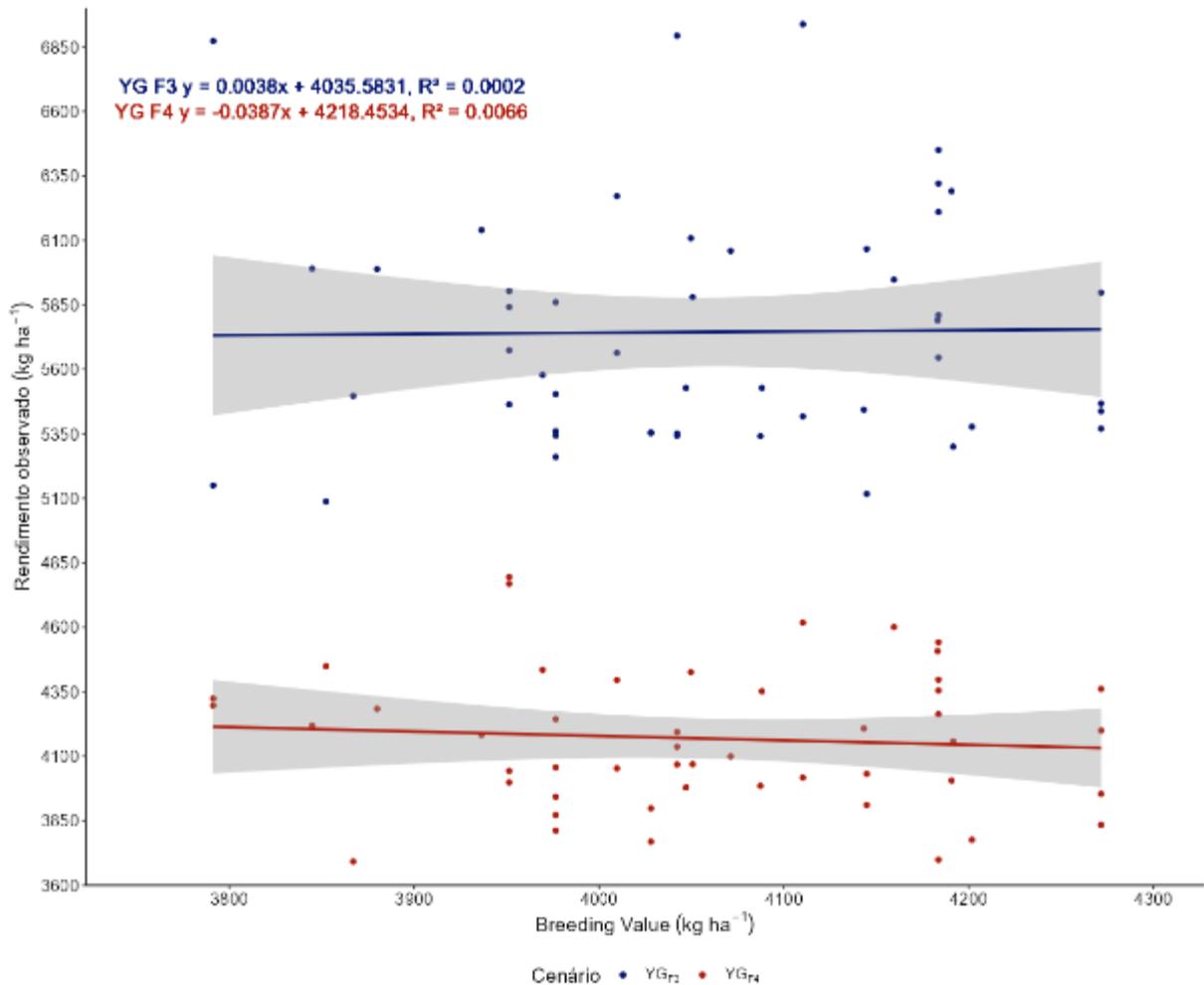
Nota: * p<0.1; ** p<0.05; *** p<0.01

Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

A Figura 8 apresenta graficamente a análise de correlação e regressão entre as variáveis YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG para o cenário M5. A correlação entre YG BV vs YG F₃ é muito fraca e positiva (0.004) indicada pela inclinação positiva da reta, ou seja, os valores

seguem a mesma tendência entre as variáveis e os valores das variáveis estão consideravelmente dispersos e distantes em relação a reta o que faz com que tal correlação seja efetivamente baixa. A correlação entre YG BV vs YG F₄ também é muito fraca e negativa (-0.039) e com alta dispersão de dados.

Figura 8 – Correlação entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ e regressão para o cenário M5



Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

4.6 Cenário Geral

O resumo com os resultados dos valores de YG BV, YG F₃ e YG F₄, expressos em kg.ha⁻¹, bem como o descritivo dos pedigrees dos cruzamentos e GM dos cruzamentos gerados pela predição de cruzamentos para todas as MRS e programas de melhoramento foram apresentadas anteriormente de forma independente.

Os valores de YG BV originados da predição dos cruzamentos para o conjunto de todas as MRS e programas de melhoramento variaram de, no mínimo 3305 kg.ha⁻¹ ao máximo de 4957 kg.ha⁻¹, uma variação de 1652 kg.ha⁻¹. Ao se comparar com os valores da média de YG F₃, estes variaram de 3380 kg.ha⁻¹ a 7654 kg.ha⁻¹, uma variação de 3774 kg.ha⁻¹. Já ao se comparar os valores da média de YG F₄, estes variaram de 3525 kg.ha⁻¹ a 5644 kg.ha⁻¹, uma variação de 2119 kg.ha⁻¹. Essa simples comparação indica que há alta variação entre os valores mínimos e máximos em cada nível de ensaio (F₃ e F₄) e também nos valores preditos (BVs). Tal resultado pode ser explicado pela diferença entre a origem dos dados, uma vez que, os dados de YG BV são oriundos do modelo preditivo o qual utilizou dados históricos dos genitores, que por sua vez, são oriundos das avaliações fenotípicas durante o avanço de geração e processos seletivos. Outra possível explicação poderia estar relacionada ao número de ambientes de dados de cada genitor que foi utilizado para a predição de cruzamentos, uma vez que, há dados de um ambiente contra dados de 133 ambientes, a depender da geração de endogamia e testes durante as etapas no decorrer do seu desenvolvimento, entre os anos de 2015 a 2019, respectivamente nos programas de melhoramento.

A maior variação de valores mínimos e máximos (em kg.ha⁻¹) ocorreu em YG F₃, embora para YG F₄ também houve variação considerável e, possivelmente, tal variação pode ser causada pelo modelo experimental que, como já relatado, são ensaios compostos com parcelas de duas linhas de cinco metros de comprimento com espaçamento de meio metro entre linhas e meio metro entre parcelas (corredor), implantados em apenas uma localidade, no caso de ensaios F₃, com apenas uma repetição, no esquema experimental DBA, pois como são originadas de uma única planta selecionada no ensaio de POP, não possuem volume de semente suficientes para o emprego de repetições, muito menos, permite testá-las em mais ambientes, uma vez que, uma planta gera em média em torno de 80 a 150 sementes.

Complementarmente, ao se analisar a correlação entre YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ no cenário Geral, um outro fator causal da muito fraca a moderada correlação entre as variáveis pode estar relacionada a amplitude dos ambientes analisados que são distintos entre si, por isso, tal correlação tende a ter menor consistência. Tal como analisando o cenário Geral, os cenários individuais também apresentaram, em sua maioria, correlações muito fracas a fracas, mesmo quando analisadas dentro de cada MRS, o que também pode ser atribuído a um certo desbalanceamento do número de ambientes testados dentro de cada REC, onde em alguns casos, RECs não estavam contempladas nos ensaios de F₄ ou havia apenas uma localidade, ou ainda, os ensaios estavam distribuídos de forma mais concentrada em uma REC do que outra. No caso de F₃, a abrangência de localidades por MRS torna-se ainda mais limitada, uma vez

que, houve apenas um local de ensaio dentro de uma única REC de cada MRS, pelo fator limitante de volume de semente, já relatados anteriormente.

Paralelamente, a resposta dos genótipos nestes distintos ambientes tende a ser inconstantes. Lima et al., (2008) descrevem que a interação genótipo \times ambiente (GxE) é um dos principais complicadores do trabalho dos melhoristas. Segundo Carvalho et al., (2002), existe grande dificuldade em obter genótipos amplamente adaptados. Para diminuir o efeito da interação GxE, se faz necessário a condução de experimentos em maior número de locais, avaliando a magnitude da interação, e seu possível o impacto sobre a seleção e a recomendação dos genótipos (SOUZA et al., 2010).

Continuamente, a Tabela 14 apresenta o resultado da análise de correlação e respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R^2) entre YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário Geral e programas de melhoramento. Nesse cenário, o resultado de 0.4800 em r indica que há correlação moderada entre YG BV vs YG F₃, ou seja, em torno de 48% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₃. O resultado de 0.0447 em r indica que há muito fraca correlação entre YG BV vs YG F₄, ou seja, aproximadamente 4,4% dos valores de YG BV explicam o resultado de YG F₄. Conforme critérios propostos por Devore (2006) e apresentado na Tabela 3, para ser considerada uma correlação forte entre variáveis, os valores de r devem estar entre 0.7 a 0.89, valores estes muito superiores aos encontrados nesse estudo onde houve, majoritariamente, correlações muito fracas a fracas.

Tabela 14 – Análise de correlação, respectivos coeficientes de correlação (r) e coeficiente de determinação (R²) entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário Geral e programas de melhoramento

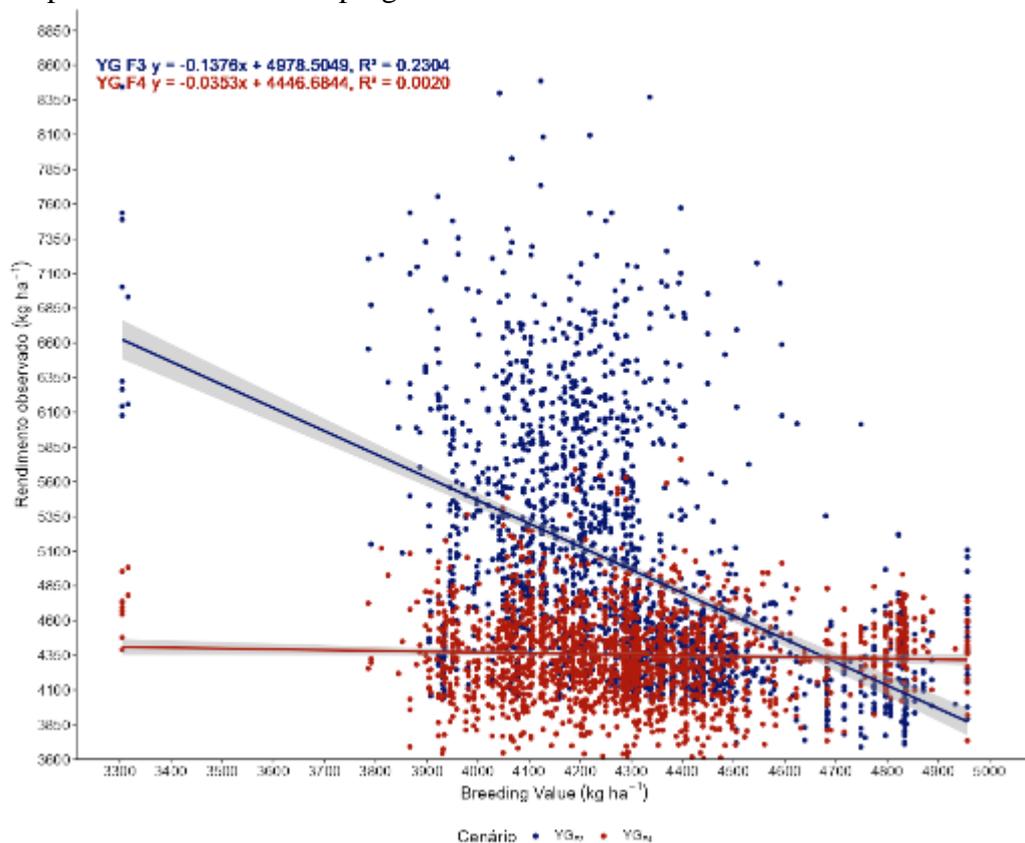
	Variável dependente:	
	YG BV	
	(1)	(2)
YG F ₃	-0.138*** (0.006)	
YG F ₄		-0.035* (0.018)
Constante	4,978.505*** (29.431)	4,446.684*** (79.666)
Observações	1.868	1.868
R ²	0.230	0.002
r	0.4800	0.0447
R ² ajustado	0.230	0.001
Erro padrão residual (df = 1866)	218.778	249.133
Estatística F (df = 1; 1866)	558.559***	3.726*
<i>Nota:</i>	*p<0.1; **p<0.05; ***p<0.01	

Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

A Figura 9 apresenta graficamente a análise de correlação e regressão entre as variáveis YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ para o cenário Geral e programas de melhoramento. A correlação entre YG BV vs YG F₃ é classificada como moderada e negativa (-0.138) indicada pela inclinação negativa da reta, ou seja, os valores não seguem a mesma tendência entre as variáveis e tais valores destas variáveis estão consideravelmente dispersos e distantes em relação a reta o que faz com que tal correlação seja efetivamente baixa.

A correlação entre YG BV vs YG F₄ também foi muito fraca e negativa (-0.035) e com alta dispersão de dados. Nesse último caso, tais resultados são, de certo modo, surpreendentes, pois esperava-se maior afinidade entre si, uma vez que os ensaios F₄ foram implantados em 10 localidades na MRS 1, 12 localidades na MRS 2, 8 localidades na MRS 3, 10 localidades na MRS 4 e 10 localidades na MRS 5, o que, teoricamente, permitiria maior captação da interação GxE e identificação de progênies agronomicamente superiores, especialmente em YG e adaptação, por meio do volume de dados gerados. No entanto, como o efeito ambiental exerce forte influência no comportamento do germoplasma, tal efeito certamente foi um agente causal das divergências de YG nas RECs de cada MRS e entre MRS.

Figura 9 – Correlação entre resultados de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ e regressão para o cenário Geral e programas de melhoramento



Fonte: Dados trabalhados pelo autor.

4.7 Contextualização

O modelo experimental pode ter afetado o resultado de YG F₃, uma vez que, o erro experimental associado a falta de repetições pode ser significativo, pois como descreve Silva e Silva (1999), há maior precisão em estimativas determinadas sobre um número maior de repetições e que não se pode estimar a variação a partir de uma amostra com uma única observação.

Outros pontos de atenção descritos por Duarte (2000), no que concerne à seleção de genótipos em fases preliminares dos programas de melhoramento, via DBA, é o pequeno tamanho das parcelas, já que, nessas fases, é comum a adoção de parcelas de apenas uma ou duas fileiras de plantas em razão da pouca disponibilidade de material de propagação. Ainda, como descreve Duarte et al., (2001), o DBA tem sido bastante utilizado em programas de melhoramento genético vegetal, embora esteja condicionado a necessidade de repetição das testemunhas sistematicamente entre blocos e/ou ensaios para cálculo de estimativas residuais.

Uma maneira de minimizar o erro experimental associado ao *layout* das parcelas pode ser a alteração para um modelo que reduza o efeito bordadura, pois como descreve Silva et al., (1991), tal efeito pode causar baixa precisão experimental, como por exemplo, a utilização de parcelas com quatro linhas de dois metros e meio de comprimento com espaçamento de meio metro entre linhas e meio metro entre parcelas (corredor), sendo que, para se obter os dados experimentais, utiliza-se apenas as linhas centrais e não as laterais que, conforme descrevem Costa e Zimmermann (1998), servem para evitar a influência mútua entre as unidades experimentais adjacentes, fato que ocorre quando as linhas externas sofrem concorrência ou a exercem, caracterizando uma interferência interparcelar ou competição entre parcelas adjacentes. Dessa forma, seu uso tem sido uma técnica experimental utilizada para reduzir o efeito da competição interparcelar, aumentando a precisão experimental (STORCK et al., 2000).

Como já relatado, nos ensaios F₄ onde já se possuía maior volume de sementes, foi possível o emprego de parcelas com quatro linhas, evitando assim, efeito bordadura interparcelar nas linhas centrais, onde foi realizado a colheita para análise de rendimento neste estudo. Ainda, pode se utilizar parcelas com duas linhas de dois metros e meio de comprimento com espaçamento de meio metro entre linhas e entre parcelas (corredor) com duas repetições onde, embora possa haver efeito bordadura, as repetições podem minimizar o erro experimental. No entanto, para Cargnelutti Filho et al., (2003), o uso de bordadura só é recomendado quando realmente existe efeito sobre a precisão experimental via competição interparcelar, caso contrário, segundo Storck et al., (2000), o pesquisador pode coletar os dados em toda unidade experimental, possibilitando o uso de unidades experimentais menores, e maior número de repetições na mesma área experimental o que pode resultar numa maior precisão do experimento. Todavia, como já relatado, tais melhorias estão sujeitas ao volume de semente disponível nas gerações iniciais dos programas de melhoramento.

Também é usual a alocação sistemática das cultivares testemunhas ou mesmo de grupos de tratamentos adicionais com alguma procedência em comum. Outras questões como o tamanho ideal dos blocos, a proporção das parcelas do bloco com testemunhas e o número de testemunhas, também não estão ainda esclarecidas nesse tipo de experimentação. Bearzoti (1994), alerta ainda para o cuidado na escolha das testemunhas, as quais devem representar bem a variância residual da população segregante em estudo. Diante disso, as testemunhas escolhidas e utilizadas nesse estudo e descritas na Tabela 1 podem ser consideradas como representativas, pois foram determinadas por cada melhorista com sendo cultivares de referência em cada uma das MRS onde os programas de melhoramento atuam.

O sucesso de um programa de melhoramento depende fundamentalmente da existência de variabilidade genética, a qual permite que os processos seletivos resultem em ganhos genéticos significativos (BERNARDO, 2002). Em um programa de melhoramento genético é de fundamental importância o conhecimento do germoplasma disponível em termos de desempenho, capacidade de combinação e a dissimilaridade genética (VIEIRA et al., 2005).

Ao se utilizar genitores altamente dissimilares geneticamente nos cruzamentos visando aumentar a proporção da variabilidade genética, proporcionalmente, aumenta-se o grau de heterozigose das populações segregantes, tornando o processo de seleção de progênies em gerações precoces nas etapas do melhoramento mais complexo e desafiador. Por outro lado, utilizar genitores com maior similaridade genética, pode ser extremamente útil quando se objetiva a complementariedade de genes aditivos a um grupo de genótipos que já possuem bons atributos agrônômicos para a maioria de seus caracteres.

As respostas das correlações obtidas neste estudo podem estar associadas aos cruzamentos divergentes resultantes da dissimilaridade entre os genitores envolvidos nos cruzamentos. Embora os cruzamentos fossem gerados apenas com genitores dentro de cada programa de melhoramento, haveria a necessidade de melhor entendimento da similaridade e/ou dissimilaridade genética entre estes genitores e dos efeitos diretos e indiretos nas progênies utilizadas nos ensaios de geração precoces (F₃ e F₄).

Por se tratar de progênies em geração F₃ e F₄ com alto grau de heterozigose, a variação na resposta de YG de cada progênie e/ou pedigree é esperado, uma vez que, os alelos ainda estão em recombinação gênica e podem apresentar comportamento ocasional (intenso a sutil) quanto a interação GxE, a depender do número de genes envolvidos em cada e no conjunto de característica que está sendo avaliado. Como citado por Mendonça et al., (2020), é difícil selecionar para características quantitativas nas etapas iniciais do melhoramento, devido ao alto nível de heterozigosidade e pelo grande número de novas progênies, o que às vezes leva o melhorista a selecionar aleatoriamente essas características nesta fase. Portanto, o fenótipo neste ponto não é representativo do potencial de rendimento para linhas homozigóticas. Além disso, geralmente há muitas progênies por cruzamento, tornando a avaliação em campo de todos os indivíduos inviável.

Nesse sentido, a predição genômica em estágios iniciais pode aumentar a possibilidade de encontrar indivíduos superiores e poderia complementar e incrementar o resultado deste trabalho. Tal como descreve Del Conte (2021), para contornar os possíveis efeitos perturbadores à seleção que podem ser ocasionados pelos loci em heterozigose em fases precoces do programa de melhoramento, se faz necessário lançar mão de metodologias que

permitam alcançar boas acurácias de seleção na avaliação das progênes, além de conduzir os ensaios com boa qualidade experimental, sobretudo em fases de populações segregantes, onde ainda se considera cada indivíduo como um genótipo único e diferente dos demais.

A maioria dos resultados relatados em soja derivam do estudo de populações homozigotas (Duhnen et al., 2017; Jarquín et al., 2014; Zhang et al., 2016), considerando diferentes culturas e interação $G \times E$. No entanto, isso não preenche todo o conjunto de situações em que a predição pode ser utilizada. Assim, poucas informações estão disponíveis sobre o desempenho nas fases iniciais de melhoramento, prevendo progênes e populações segregantes (MENDONÇA et al., 2020).

Adicionalmente, os efeitos aditivos dos genes são cumulativos ao longo de gerações e são as principais fontes de variação genética explorada pela maioria dos programas de melhoramento (ISIK et al., 2003). A correlação entre YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ podem, possivelmente, apresentar aumento da magnitude e alteração da direção (para positiva) ao ponto que reduzem o grau de heterozigose.

Uma forma de minimizar o efeito da heterozigose nos resultados de YG F₄ e, principalmente YG F₃ poderia ser a utilização de outros métodos de melhoramento, onde há o avanço de geração até que as progênes atinjam maior grau de homozigose e, só depois disso, avancem para ensaios de competição e seleção. Tal como descreve Almeida e Kiihl (1998), métodos tradicionais de melhoramento de plantas autógamas são utilizados para desenvolver novas cultivares de soja tais como, genealógico, população (*bulk*), genealógico, genealógico modificado, *Single-Seed Descendent* (SSD), *Single Pood Descent* (SPD) e retrocruzamento. Variações e/ou combinações de métodos são bastante utilizados pelos melhoristas durante o processo de avanço de gerações das populações segregantes. Técnicas de biotecnologia e engenharia genética, como marcadores moleculares e transformação de plantas, são importantes ferramentas tecnológicas de grande aplicação nos processos de seleção e aumento de variabilidade genética (ALMEIDA e KIIHL, 1998).

Adicionalmente, para acelerar o processo de homozigose, pode-se eficientemente adotar metodologias de avanço rápido de gerações, ou seja, avançar duas, três ou até quatro gerações com o cultivo em um mesmo ano, à depender do ciclo das progênes, região a ser cultivada, técnicas e ferramentas suplementares, como estufas, sistemas de aquecimento e ventilação, suplementação ou supressão de luz para alterar o fotoperíodo, uso de hormônios, colheita antecipada das sementes, alteração na concentração de CO₂ em ambientes controlados entre outros. Nesse caso, como o interesse do melhorista é apenas avançar gerações sem realizar nenhum processo seletivo direto e o montante de sementes não se torna um fator limitante, esse

avanço rápido de gerações pode ser feito fora da MRS de origem do programa de melhoramento, como por exemplo, regiões de baixa latitude.

De modo geral, como descreve Del Conte (2021), estas estratégias utilizadas para acelerar o melhoramento são conhecidas como “*speed breeding*” e tem sido assunto de muitos estudos na atualidade. Do ponto de vista de ganho genético, combinar metodologias que somam a seleção de genótipos agronomicamente superiores em gerações precoces em um programa de melhoramento, reduzindo o tempo e custo para obtenção de uma nova cultivar, sem dúvida, tende a ser a melhor estratégia a ser adotada pelo melhorista.

O efeito da interação GxE é conhecidamente um dos maiores desafios dos programas de melhoramento de plantas, especialmente da soja, pelo fato da cultura ser altamente responsiva as condições ambientais, tal como; altitude, latitude, temperatura, luminosidade e pluviosidade. Soma-se a isso o efeito do ano/safra, uma vez que, as condições ambientais não necessariamente são as mesmas em seguidos anos de cultivo, por tanto, é pouco provável e assertivo prever o comportamento de um genótipo em anos subsequentes. Como exposto, o efeito ambiental tem forte influência no genótipo e, esta interação, pode ser potencializada e atípica em genótipos em heterozigose, causando ruídos nos resultados de rendimento das progênes e nas análises de correlação entre variáveis consideradas, como no caso deste trabalho.

Certamente, tem de se considerar que há forte efeito da heterozigose das progênes nesses ensaios experimentais.

A dissimilaridade genética entre genitores, já contextualizada anteriormente, pode ocasionar um evento genético que pode ter influenciado fortemente na formação das progênes e, conseqüentemente nos resultados de YG BV, YG F₃, YG F₄ e nas suas respectivas correlações, chamado “*yield drag* ou *linkage drag*” que ocorre especialmente nos cruzamentos entre genitores exóticos, muito antigos ou muito dissimilares. Este tipo de cruzamento, como descreve Kofsky et al., (2018) pode trazer partes indesejadas do genoma junto com os genes selecionados devido ao desequilíbrio de ligação. O arrasto de ligação geralmente resulta em arrastos de características desfavoráveis, como redução no rendimento.

Há considerável contribuição de germoplasma exótico na formação, complementação e ampliação do germoplasma das espécies cultivadas, no entanto, as dificuldades envolvidas no trabalho com germoplasma exótico têm limitado sua utilidade no melhoramento de plantas. As ligações indesejadas muitas vezes impedem a incorporação bem-sucedida de genes exóticos benéficos em linhagens comerciais. Assim, o uso de exóticos no melhoramento tradicional torna o processo de melhoramento das culturas um empreendimento tedioso, demorado e caro.

Para Bornhofen (2019), além do processo demorado de piramidação, o qual pode conduzir a um “atraso” na produtividade comparado com as cultivares mais recentes (*yield lag*) genótipos doadores geralmente são pouco melhorados e quando retrocruzados, podem impactar negativamente a produtividade.

Do ponto de vista genético, outro fator a ser considerado nos resultados obtidos diz respeito ao germoplasma utilizado nesse estudo que é essencialmente convencional (não OGM – Organismos Geneticamente Modificados). No Brasil, em torno de 94% da soja cultivada é geneticamente modificada (OGM) segundo International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications - ISAAA (2018). Essa grande adoção por novas biotecnologias fez com que, praticamente, todas as empresas de melhoramento genético de soja, sejam elas públicas ou, principalmente privadas, migrassem suas pesquisas para OGMs ocasionando drástica redução na disponibilidade comercial de cultivares convencionais, limitando e estreitando fortemente a base genética. Comercialmente, há poucas opções de cultivares convencionais disponíveis no mercado, conseqüentemente, resultando em redução no número de opções de possíveis genitores para blocos de cruzamento e formação de bancos de germoplasma, seleção de progênies e lançamento de novos cultivares.

Uma estratégia para contornar a indisponibilidade de germoplasma convencional pode ser a conversão de cultivares comerciais (OGM) em linhagens convencionais, seja por meio de cruzamentos simples ou pela metodologia de retrocruzamentos, também conhecidos como backcross, desde que, utilizando-se de algum dos genitores convencionais no cruzamento, seguindo os processos seletivos buscando indivíduos que apresentem ausência de genes de transgenia. Para isso, tal identificação e seleção de indivíduos segregantes convencionais é facilitado com o suporte de ferramentas como marcadores moleculares. Contudo, esse processo demanda muito esforço, tempo e recursos que, em muitos casos, pode tornar a linhagem a ser desenvolvida ultrapassada ou com características inferiores às atuais ou a seus próprios genitores.

Da mesma forma como descrito anteriormente, a utilização de métodos, ferramentas e estratégias que visam acelerar os processos de homozigose é totalmente aplicável e recomendada também nos processos de conversão de linhagens, contornando a problemática de *yield lag*, ampliando e tornando mais eficientes e robustos os bacos de germoplasma convencionais.

Como mencionado, as progênies utilizadas nesse estudo são convencionais e foram originadas, em sua grande maioria, do cruzamento entre linhagens e cultivares comerciais OGM e linhagens convencionais.

No germoplasma de um programa de melhoramento, havendo melhores genótipos, sejam elas progênes, linhagens ou cultivares comerciais, especialmente em relação a YG, não necessariamente pode se considerar que, quando utilizados como genitores em blocos de cruzamento, seja pelo método tradicional ou preditivo, impreterivelmente irão gerar populações segregantes e progênes com características agronômicas superiores, embora a seleção recorrente seja comprovadamente eficiente na maioria dos casos, fato esse que pode também explicar a baixa correlação entre YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄.

Dentre algumas metodologias, para fins de seleção de indivíduos, pode-se considerar como exposto por Resende (2002), o qual afirma que a predição de valores genotípicos utilizando o BLUP a nível de indivíduo (BLUPI) é uma ótima estratégia para a seleção entre e dentro de populações, visto que, tal procedimento considera simultaneamente informações das populações e indivíduos dentro das populações. Posteriormente, outras estratégias surgiram e foram sendo adaptadas e/ou melhoradas, tal como BLUP individual simulado (BLUPIS) (RESENDE e BARBOSA, 2006) e BLUP individual simulado modificado (BLUPISM – BLUP) (CASTRO et al., 2016).

A seleção efetuada contemplando as informações de genitores ou de pedigree tende a ser mais eficiente que a efetuada considerando apenas a informação das progênes (BAUER e LEÓN, 2008). Visando aumentar a eficiência do REML/BLUP, a utilização de matriz de parentesco também pode ser uma estratégia de melhoria da estimação, como também sugere Nejati-Javaremi et al., (1997). O nível de parentesco entre os genótipos no conjunto de treinamento e o conjunto de teste também tem um forte impacto na precisão da predição (HABIER et al., 2010; CLARK et al., 2012). Usar informações de arquitetura genética contida no conjunto de dados é uma estratégia eficaz (WANG et al., 2018).

André (1999), relata que a utilização de informações de parentesco, ou similaridade genética, obtidas com dados de genealogias ou mesmo por marcadores moleculares, além de melhorar as predições dos valores genéticos, remove tendências atribuídas aos diversos grupos genéticos, diminui influências de processos seletivos e permite até prever valores genéticos (BV) de indivíduos não avaliados. Isso porque, sob pouca ou nenhuma informação de um indivíduo, os dados de seus parentes contribuem para a predição do seu valor genético.

Caracteres de importância agronômica, em sua maioria apresentam baixa herdabilidade (CRUZ, SALGADO e BHERING, 2013). Diante disso, uma alternativa possível visando melhorar a predição de cruzamentos e a correlação seria a análise conjunta de características múltiplas que, conforme descrevem Jia, Jannink e Jean-Luc (2012) e Alimi et al., (2013), pode

melhorar a precisão da predição com características altamente correlacionadas, particularmente para algumas características de baixa herdabilidade. A herdabilidade está positivamente relacionada à precisão da predição. Como exemplo, usando o mesmo método de seleção genômica, a precisão da predição de uma característica de alta herdabilidade (como peso de mil grãos) é frequentemente maior do que a de uma característica de baixa herdabilidade (como rendimento de grãos) (WANG et al., (2018). Por tanto, a baixa herdabilidade da variável YG, unicamente utilizada nesse estudo, possivelmente contribuiu para os resultados de correlação fraca a muito fraca.

Desse modo, a utilização destas estratégias e metodologias tende a melhorar a predição e correlação entre as variáveis consideradas nesse estudo.

Nas análises de correlação, em todos os cenários apresentados, foi possível identificar que houve uma grande dispersão dos dados, especialmente fora do intervalo de confiança da regressão o que culminou nas baixas correlações entre as variáveis, o que pode indicar que o modelo de regressão pode não estar ajustado ao tipo de correlação entre as variáveis e objetivo comparativo.

As baixas correlações podem ainda estar associadas a representatividade dos ensaios em cada REC nas respectivas MRS, especialmente nos ensaios F₄, ou seja, uma determinada REC possui maior número de ambientes com ensaios do que outra. Esse fator não é exclusivo deste trabalho, mas sim, comum nos programas de melhoramento, uma vez que, a definição dos ambientes a serem explorados com ensaios experimentais depende de atributos técnicos, tais como, extensão territorial da REC, homogeneidade ambiental e área efetivamente cultivada dentro da extensão territorial total da REC. Por outro lado, depende também de alguns atributos não técnicos, pode-se citar, logística de acesso, nível tecnológico e práticas culturais adotadas nas áreas cultivadas, estratégias comerciais e *marketshare*, presença e concorrência com outros programas de melhoramento entre outros diversos fatores que, embora não estejam diretamente relacionados ao programa de melhoramento, é fundamental que sejam avaliadas e consideradas pelo melhorista, afim de, determinar estratégias para enquadrar o programa de melhoramento com as características intrínsecas de cada MRS.

Ainda em relação aos ambientes dos ensaios F₃ e F₄ utilizados neste estudo e descritos na Tabela 2, ao se comparar com as informações divulgadas no último Censo Agropecuário 2017 (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE, 2017) onde foram apresentados informações sobre o ranking de estados e cidades com maiores áreas cultivadas (hectares) e cartograma com a produção (toneladas) da cultura da soja, é possível verificar que grande parte dos ambientes de ensaios estão em concordância com a

representatividade em cada REC e MRS. De fato, pode se considerar que os 50 ambientes utilizados neste estudo geraram informações de grande relevância e abrangem os principais ambientes produtores da soja no Brasil.

Levando em conta os cenários analisados (M1, M2, M3, M4, M5 e Geral) as correlações entre os valores de YG BV vs YG F₃ e YG BV vs YG F₄ tiveram variações do valor de r entre 0.01 (YG BV vs YG F₄ no cenário M3) a 0.4800 (YG BV vs YG F₃ no cenário Geral). A correlação entre YG BV vs YG F₃ no cenário Geral, com valor de r de 0.4800, se deu de forma moderada, indicando que, para este cenário, a utilização da predição de cruzamentos pode ser utilizada como metodologia de identificação de cruzamentos com maior potencial para gerar progênies com melhores atributos agronômicos.

Ao se obter resultados de correlações de forma moderada, pode-se adotar a estratégia de utilizá-la para descartar os piores cruzamentos, ao invés de usá-la para selecionar os melhores cruzamentos, pois é razoável considerar que os cruzamentos caracterizados como piores pelo modelo preditivo, dificilmente serão aqueles que possuem melhor potencial produtivo real e, caso sejam descartados, não haverá perdas significativas no germoplasma.

Pode se considerar ainda que os modelos de predição de cruzamentos podem ser ajustados a depender da MRS, uma vez que, cada programa de melhoramento possui características próprias, a começar pela diversidade dos respectivos germoplasmas e dos ambientes onde os processos seletivos são aplicados. Como comparativo, Mendonça et al., (2020) conseguiram modelos que alcançaram habilidades de predição entre 0,40 e 0,56, permitindo assim a aplicação de uma seleção de baixa intensidade em F₂. Como resultado, metade das progênies poderiam ser descartadas sem grandes perdas, indicando que, por meio da predição genômica, é possível selecionar para características quantitativas nas etapas iniciais de melhoramento, o que pode aumentar a eficiência do programa nas fases avançadas.

Embora a utilização de dados fenotípicos para predição de cruzamentos objetivando identificar melhores combinações que tenderiam a gerar progênies com caracteres agronomicamente superiores e assim, reduzir consideravelmente o número de possíveis cruzamentos inaptos e excessivas etapas experimentais, reduzindo os custos dos programas de melhoramento nas diversas regiões sojícolas do Brasil, neste trabalho, não tenha se mostrado altamente eficiente ao ponto de ser aplicado, diversos outros trabalhos contribuem com resultados extremamente positivos utilizando esta metodologia, tal como Xu et al., (2014), com a cultura do arroz, Daetwyler et al., (2014), em seu trabalho com trigo e Mendonça et al., (2020) trabalhando com populações segregantes e progênies de soja.

A predição de cruzamentos utilizando informações fenotípicas e/ou genotípicas apresenta grande potencial nos programas de melhoramento com comprovável aplicabilidade em genótipos elites com alto grau de homozigose, porém, sua utilização em germoplasmas com considerável grau de heterozigose ainda carece estudos aprimorados, especialmente pela relevância e desafio imposto aos melhoristas.

5 CONCLUSÃO

A predição de cruzamentos mostrou pouca eficácia na identificação preliminar de cruzamentos com alto potencial de gerar progênies agronomicamente superiores para as macrorregiões sojícolas (MRS) e regiões edafo-climáticas (RECs) do Brasil.

A utilização de modelos preditivos que contemplem maior número de variáveis, além da utilização da matriz de parentesco tende a ter estimativas de maior acurácia, especialmente quando se objetiva selecionar progênies em gerações iniciais, com alto grau de heterozigose.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados encontrados neste trabalho aportam com importantes fundamentos que podem nortear demais pesquisas que buscam desenvolver e implementar metodologias e ferramentas que auxiliem os melhoristas nos processos seletivos em gerações precoces nos programas de melhoramento de plantas, isso porque, o grande objetivo dos melhoristas é aumentar a frequência de alelos favoráveis no germoplasma, melhorando simultaneamente múltiplas características e, seu desafio é encontrar tais indivíduos que reúnam o máximo dessa frequência alélica favorável no menor tempo possível.

Certamente, com avanços nos processos de melhoramento genético, adoção de novas metodologias e equipamentos, novas ferramentas biotecnológicas, modelos estatísticos, modelos preditivos mais aprimorados, especialmente aqueles que consideram multicaracterísticas e multiambientes, fenotipagem de alto rendimento, redução nos custos de genotipagem e metodologias de análises de dados, o tempo despendido para se obter progênies com alto potencial produtivo e com caracteres agronômicos superiores tende a ser reduzido, aumentando assim, o ganho genético por ano de melhoramento.

À visto disto, a cada ciclo, novas linhagens estarão disponíveis aos melhoristas para serem utilizadas como genitores nos cruzamentos, seja este pelo método tradicional ou pela predição de cruzamentos e assim, o melhoramento genético de plantas continuará a exercer sua considerável contribuição para o aumento da produtividade das espécies cultivadas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALIMI, N. A.; BINK, M. C. A. M.; DIELEMAN, J. A.; MAGÁN, J. J.; WUBS, A. M.; PALLOIX, A.; VAN EEUWIJK, F. A. Multi-trait and multi-environment QTL analyses of yield and a set of physiological traits in pepper. **Theoretical and applied genetics**, v. 126, n. 10, p. 2597-2625, 2013. <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2160-3>.
- ALLARD, Robert. W. **Principles of plant breeding**. John Willey & Sons, New York. 1960.
- ALLARD, Robert. W. **Principles of plant breeding**. John Willey & Sons, New York. 1999.
- ALMEIDA, L. A *et al.* Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. *In: QUEIRÓZ, M. A. de; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S.R.R. (eds.). Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro*. Brasília, Distrito Federal: Embrapa, 1999. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/153831>. Acesso em: 18 jul. 2022.
- ALMEIDA, L.A.; R.A.S. KIIHL. Melhoramento da soja no Brasil - desafios e Perspectivas. *In: Soja: Tecnologia da Produção*. Gil. M. S. Câmara (ed.). Piracicaba, SP, USP-ESALQ, 1998. p. 40-54.
- ANDRÉ, Claudiomiro Moura Gomes. **Avaliação da melhor predição linear não tendenciosa (BLUP) associada ao uso de marcadores moleculares na análise dialélica**. 1999. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Viçosa, 1999. Disponível em: <http://repositorio.ufla.br/jspui/handle/1/33779>. Acesso em: 18 jul. 2022.
- ARANTES, N. E.; KIIHL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A. Melhoramento genético visando à resistência. *In: SILVA, J. F. V. (org.). O Nematóide de Cisto da Soja: A Experiência Brasileira*. Jaboticabal, São Paulo: Embrapa, 1999.
- ARGENTA, G.; SILVA, P. R. F.; BORTOLINI, C. G.; FORSTHOFER, E. L.; MANJABOSCO, E. A.; BEHEREGARAY NETO, V. Resposta de híbridos simples de milho à redução do espaçamento entre linhas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 1, p. 71-78, 2001. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2001000100009>
- BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; DE OLIVEIRA, A. C.; DE SOUZA, V. Q.; DA MAIA, L. C. Performance of maize genotypes of Rio Grande do Sul using mixed models. **Científica**, v. 44, p. 403-411, 2016. <http://dx.doi.org/10.15361/1984-5529.2016v44n3p403-411>
- BATTENFIELD, S. D.; GUZMÁN, C.; GAYNOR, R. C.; SINGH, R. P.; PEÑA, R. J.; DREISIGACKER, S.; FRITZ, A. K.; POLAND, J. A. Genomic selection for processing and end-use quality traits in the CIMMYT spring bread wheat breeding program. **The Plant Genome**, v. 9 (2), p. 1-12. 2016. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2016.01.0005>
- BAUER, A. M.; LÉON, J. Multiple-trait breeding values for parental selection in selfpollinating crops. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 116, n. 2, p. 235–242, 2008. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0662-6>

BEARZOTI, Eduardo. **Comparação entre métodos estatísticos na avaliação de clones de batata em um programa de melhoramento**. Lavras: ESAL, 1994.

BERNARDO, R. Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. **Heredity**. v. 125, p. 375–385. 2020. <https://doi.org/10.1038/s41437-020-0312-1>

BERNARDO, Rex. **Breeding for quantitative traits in plants** Woodbury: Stemma Press, 2002, 360p.

BEXAIRA, K. P.; STRECK, N. A.; ZANON, A. J.; ROCHA, T. S. M. da; RICHTER, G. L., SILVA, M. R. da; TAGLIAPIETRA, E. L.; WEBER, P. S.; DUARTE JUNIOR, A. J.; CERA, J. C.; RIBAS, G. G.; UHRY JUNIOR, D.F.; MEUS, L.D.; ALVES, A.F.; BALEST, D. Grupo de maturidade relativa: Variação no ciclo de desenvolvimento da soja em função da época de semeadura. *In: VIII Congresso Brasileiro de Soja. Anais do VIII Congresso Brasileiro de Soja. Goiânia-GO, Brasil*. 2018

BEZERRA, A.R.G *et al.* Importância Econômica. *In: SEDIYAMA, Tuneo (Ed.) A. Soja: do plantio à colheita*. Viçosa: Editora UFV, 2015. Cap. 1. p. 9-26.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 6ª ed. Viçosa: Editora UFV. 2013. 523p.

BORNHOFEN, Elesandro. **Análises genéticas revelam oportunidades e obstáculos da tolerância ao fungo da ferrugem asiática da soja**. 2019. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo. Programa de Pós-Graduação Genética e Melhoramento de Plantas, Piracicaba, 2019. Disponível em: https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde-17102019-164015/publico/Elesandro_Bornhofen.pdf. Acesso em: 19 jul. 2022.

BROGIN, Rodrigo Luis *et al.* **Cultivares Convencionais de Soja: Macrorregiões 3, 4 e 5**. 2013. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - Embrapa Soja - Londrina, PR 2013. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/79794/1/Catalogo-Soja-2013-MT-RO.pdf>. Acesso em: 18 jul. 2022.

BUTLER, David *et al.* **ASReml-R reference manual, Version 4**. Hemel Hempstead, UK: VSN International Ltd. 2017. Disponível em: <https://asreml.kb.vsnl.co.uk/wp-content/uploads/sites/3/ASReml-R-Reference-Manual-4.pdf>. Acesso em: 19 jul. 2022.

CÂMARA, Gil Miguel de Sousa. Origem, difusão geográfica e importância da soja. *In: CÂMARA, G.M.S (org). Soja: tecnologia da produção*. Piracicaba: USP, 1998. p. 1-25.
CAREY, V.J.; WANG, Y. Mixed-Effects Models in S and S-Plus, **Journal of the American Statistical Association**, 96:455, p. 1135-1136, 2001. <https://doi.org/10.1198/jasa.2001.s411>

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; LÚCIO, A. D. C.; CARVALHO, M. P. D.; SANTOS, P. M. D. A precisão experimental relacionada ao uso de bordaduras nas extremidades das fileiras em ensaios de milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, p. 607-614, 2003. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782003000400003>

CARVALHO, C.G.P.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F.F.; OLIVEIRA, M.F.; VELLO, N.A. Correlação e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.3, p.311-320, 2002.
<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2002000300012>

CASTRO, R. D.; PETERNELLI, L. A.; DE RESENDE, M. D. V.; MARINHO, C. D.; COSTA, P. M. A.; BARBOSA, M. H. P.; MOREIRA, E. F. A. Selection between and within full-sib sugarcane families using the modified BLUPIS method (BLUPISM). **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 1, 2016. <https://doi.org/10.4238/gmr.15017334>

CAVALCANTI, J.J.V.; RESENDE, M. D. V. D.; SANTOS, F. H. C. D. Predição simultânea dos efeitos de marcadores moleculares e seleção genômica ampla em cajueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v. 34, p. 840-846, 2012.
<https://doi.org/10.1590/S0100-29452012000300025>

CHAGAS, Francyse Edite de Oliveira. **Análises genômica e biométrica para escolha de genitores e predição de híbridos não realizados**. 2018. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Viçosa, 2018. Disponível em:
<https://www.locus.ufv.br/bitstream/123456789/20149/1/texto%20completo.pdf>. Acesso em: 18 jul. 2022.

CHUANG, G.; SINGH, R.J. Broadening the genetic base of soybean: A multidisciplinary approach. **Critical Reviews in Plant Science**, v. 27, n. 5, p. 295-341, 2008.
<https://doi.org/10.1080/07352680802333904>

CLARK, S. A.; HICKEY, J. M.; DAETWYLER, H. D.; VAN DER WERF, J. H. The importance of information on relatives for the prediction of genomic breeding values and the implications for the makeup of reference data sets in livestock breeding schemes. **Genetics Selection Evolution**, v. 44, n. 1, p. 1-9, 2012. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-44-4>

COLOMBARI FILHO, José Manoel. **Seleção de genitores para cruzamentos com base em distâncias genéticas moleculares e perspectivas para o melhoramento de soja**. 2009. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Piracicaba, 2009. Disponível em:
https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde-19052009-074549/publico/Jose_Colombari_Filho.pdf. Acesso em: 18 jul. 2022.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos 2021/2022**, v.9 – Safra 2021/22, n.9 - Nono levantamento, p. 1-98, junho 2022. Disponível em <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos> > acesso em 16 jun. 2022.

COSTA, J.G.C.; ZIMMERMANN, F.J.P. Efeitos de bordaduras laterais e de cabeceira no rendimento e altura de plantas de feijoeiro comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.8, p. 1297-1304, 1998. Disponível em:
<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/45560/1/EFEITOS-DE-BORDADURAS-LATERAIS.pdf>. Acesso em: 20 jul. 2022.

CROSSA, J.; PÉREZ-RODRÍGUEZ, P.; CUEVAS, J.; MONTESINOS-LÓPEZ, O.; JARQUÍN, D.; de los CAMPOS, G.; BURGUEÑO, J.; GONZÁLEZ-CAMACHO, J. M.; PÉREZ-ELIZALDE, S.; BEYENE, Y.; DREISIGACKER, S.; SINGH, R.; ZHANG, X.; GOWDA, M.; ROORKIWAL, M.; RUTKOSKI, J.; VARSHNEY, R. K. Genomic selection in plant breeding: Methods, model, and perspectives. **Trends in Plant Science**, v. 22, n. 11, p. 961-975, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.08.011>

CRUZ, Cosme Damião. **Programa Genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Editora UFV, 2001. 648p.

DAETWYLER, H. D.; BANSAL, U. K.; BARIANA, H. S.; HAYDEN, M. J.; HAYES, B. J. Genomic prediction for rust resistance in diverse wheat landraces. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 127, n. 8, p. 1795-1803, 2014. <https://doi.org/10.1007/s00122-014-2341-8>

DALLASTRA, A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; FERRAUDO, A. S.; MAURO, A. O. Multivariate approach in the selection of superior soybean progeny which carry the RR gene. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.45, n.3, p. 588-597, 2014. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902014000300021>

DE LOS CAMPOS, G.; GIANOLA, D.; ROSA, G. J. M.; WEIGEL, K. A.; CROSSA, J., Semi-parametric genomic-enabled prediction of genetic values using reproducing kernel Hilbert spaces methods. **Genetics Research**, v. 92, p. 295-308, 2010. <https://doi.org/10.1017/S0016672310000285>

DE LOS CAMPOS, G.; NAYA, H.; GIANOLA, D.; CROSSA, J.; LEGARRA, A.; MANFREDI, E.; WEIGEL, K.; COTES, J. M. Predicting quantitative traits with regression models for dense molecular markers and pedigree. **Genetics**, v. 182, p. 375-385, 2009. <https://doi.org/10.1534/genetics.109.101501>

DEL CONTE, Murilo Viotto. **Estratégias de seleção em estágios precoces do melhoramento de soja com o uso de modelos mistos**. 2021. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Programa de Pós-Graduação Genética e Melhoramento de Plantas, Viçosa, 2021. Disponível em: <https://locus.ufv.br/handle/123456789/28747>. Acesso em: 22 jul. 2022.

DEVORE, Jay L. **Probabilidade e estatística: para engenharia e ciências**. Tradução Joaquim Pinheiro Nunes da Silva. São Paulo. Cengage Learning, 2006. 706 p. Título original: Probability and statistics forengineering and the sciences

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R.; DIAS, C. T. D. S. Estimadores de componentes de variância em delineamento de blocos aumentados com tratamentos novos de uma ou mais populações. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** [online] v. 36, n. 9, p. 1155-1167. 2001. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2001000900009>

DUARTE, João Batista. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. 2000. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Piracicaba, 2000. Disponível em: <https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde-28022002-100846/en.php>. Acesso em: 21 jul. 2022.

DUHNEN, A.; GRAS, A.; TEYSSÉDRE, S.; ROMESTANT, M.; CLAUSTRES, B.; DAYDE, J., MANGIN, B. Genomic selection for yield and seed protein content in soybean: A study of breeding program data and assessment of prediction accuracy. **Crop Science**, v. 57, p. 1325–1337. 2017. <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.06.0496>

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil, 2012 e 2013**. - Londrina: Embrapa Soja, 2011. 261p. (Sistemas de Produção / Embrapa Soja, ISSN 2176-2902; n.15). Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/44954/1/TEC.-PROD.15.pdf>. Acesso em: 18 jul. 2022.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil, 2014**. - Londrina: Embrapa Soja, 2013. 265p. (Sistemas de Produção / Embrapa Soja, 2176- 2902; n.16). Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/95489/1/SP-16-online.pdf>. Acesso em: 18 jul. 2022.

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Centro Nacional de Pesquisa de Soja. **Tecnologia de Produção de Soja – Região Central do Brasil 2007**. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste. 2006. 225p. Disponível em: https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPSO-2009-09/26770/1/tpsoja_2007.pdf. Acesso em: 18 jul. 2022.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **História da soja**. 2022. Disponível em: <https://www.embrapa.br/en/soja/cultivos/soja1/historia>. Acesso em: 10 de ago. 2022.

FEDERER, Walter Theodore. **Augmented (hoonuiaku) designs**. **Hawaiian Planters' Record**, Aiea, v.55, p.191-208, 1956.

FEHR, W. R.; CAVINESS, J. A. **Stages of soybean development**. **Aimes Iowa State University**. Special Report, 80, 11p..1977.

FEHR, Walter R. **Principles of Cultivar Development**. 3ª ed. v.1 Ames: Macmillan. Publishing Company, 1993. 527p.

FEHR, Walter R. **Principles of cultivar development**. Macmillan Inc., New York. 1987.

FISHER, Ronald Aylmer. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Trans R Soc**. Edinb 52. p. 399–433, 1918.

FRITSCHÉ-NETO, R.; GONÇALVES, M.C.; VENCOVSKY, R.; SOUZA-JÚNIOR, C. Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 1, p. 32-39, 2010. <http://dx.doi.org/10.12702/1984-7033.v10n01a05>

FUMES, Leandro Augusto Andrade. **Resposta à seleção em duas populações de soja com diferentes proporções de cada genitor**. 2013. Tese. (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Programa de

Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Piracicaba, 2013. Disponível em: https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde-04022014-160317/publico/Leandro_Augusto_Andrade_Fumes.pdf. Acesso em: 10 ago. 2022.

GAZZONI, D. L. A soja no Brasil é movida por inovações tecnológicas. **Cienc. Cult.**, São Paulo, v. 70, n. 3, p. 16-18, July 2018. <http://dx.doi.org/10.21800/2317-66602018000300005>.

GRATTAPAGLIA, D.; RESENDE, M. D. V. Genomic selection in forest tree breeding. **Tree Genetics & Genomes**, v. 7, p. 241-255, 2011. <https://doi.org/10.1007/s11295-010-0328-4>

HABIER, D.; TETENS, J.; SEEFRIED, F. R.; LICHTNER, P.; THALLER, G. The impact of genetic relationship information on genomic breeding values in German Holstein cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 42, n. 1, p. 1-12, 2010. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-42-5>

HARTWIG, E.E.; R.A.S. KIIHL. Identification and utilization of a delayed flowering character in soybean for short-day conditions. **Field Crops Res.** v. 2. p. 145-151. 1979. [https://doi.org/10.1016/0378-4290\(79\)90017-0](https://doi.org/10.1016/0378-4290(79)90017-0)

HEFFNER, E.L.; SORRELLS, M.E.; JANNINK, J. Genomic selection for crop improvement. **Crop Science**, v.49, n.1, p.1-12, 2009. <https://doi.org/10.2135/cropsci2008.08.0512>

HENRIQUES, Carla. **Análise de regressão linear simples e múltipla**. Departamento de Matemática. Escola Superior de Tecnologia de Viseu. Portugal, 2011.

HIRAKURI, M. H. O contexto econômico da produção de soja. In: BALBINOT JUNIOR, A. A. et al. (ed.). **Tecnologias de Produção de Soja**. Londrina: Embrapa Soja, 2020. (Sistemas de Produção), cap. 1, p. 15 – 32. ISBN 2176-2902. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/223209/1/SP-17-2020-online-1.pdf>. Acesso em: 04 nov. 2021.

HIRAKURI, M. H.; CONTE, O.; PRANDO, A. M.; CASTRO, C. de; BALBINOT JUNIOR, A. A.; CAMPOS, L. J. M. Análise financeira da produção de soja na macrorregião sojícola 5. In: HIRAKURI, M. H.; CONTE, O.; PRANDO, A. M.; CASTRO, C. de; BALBINOT JUNIOR, A. A. (Ed.). **Diagnóstico da produção de soja na macrorregião sojícola 5**. Londrina: Embrapa Soja, 2018. p. 63-98. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/188528/1/Doc405-OL.pdf>. Acesso em: 10 ago. 2022.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE. **Censo Agropecuário 2017**. Rio de Janeiro: IBGE, 2017. Disponível em: https://censoagro2017.ibge.gov.br/templates/censo_agro/resultadosagro/agricultura.html?localidade=0&tema=76518. Acesso em: 14 out. 2022.

ISAAA. Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops in 2018: Biotech Crops Continue to Help Meet the Challenges of Increased Population and Climate Change. **ISAAA Brief**. No. 54. ISAAA: Ithaca, NY. 2018. Disponível em: <https://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/54/download/isaaa-brief-54-2018.pdf>. Acesso em: 14 out. 2022

ISIK, F.; LI, B.; FRAMPTON, J. Estimates of additive, dominance and epistatic genetic variances from a clonally replicated test of loblolly pine. **Forest Sci.** v. 49. p. 77-88, 2003. <https://doi.org/10.1093/forestscience/49.1.77>

ISLEIB, T. G. Recovery of superior homozygous progeny from biparental crosses and backcrosses. **Crop science**, v.39, n.2, p.558-563, 1999. <https://doi.org/10.2135/cropsci1999.0011183X003900020042x>

JANNINK, J.-L.; BINK, M.C.A.M.; JANSEN, R.C. Using complex plant pedigrees to map valuable genes. **TYGs Plant Sci.** v. 6, p. 337–342. 2001. [https://doi.org/10.1016/S1360-1385\(01\)02017-9](https://doi.org/10.1016/S1360-1385(01)02017-9)

JARQUÍN, D.; KOCAK, K.; POSADAS, L.; HYMA, K.; JEDLICKA, J.; GRAEF, G.; LORENZ, A. Genotyping by sequencing for genomic prediction in a soybean breeding population. **Bmc Genomics**, 15, 740. 2014. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-740>

JEAN, M.; COBER, E.; O'DONOUGHUE, L.; RAJCAN, I.; BELZILE, F. Improvement of key agronomical traits in soybean through genomic prediction of superior crosses, **Crop Science**, v. 61, n. 6, p. 3908-3918, 2021. <https://doi.org/10.1002/csc2.20583>

JIA, Y.; JANNINK, J. L.; JEAN-LUC. Multiple-trait genomic selection methods increase genetic value prediction accuracy. **Genetics**, v. 192, n. 4, p. 1513-1522, 2012. <https://doi.org/10.1534/genetics.112.144246>

KASTER, M.; FARIAS, J. R. B. **Regionalização dos testes de valor de cultivo e uso e da indicação de cultivares de soja: terceira aproximação.** Londrina: Embrapa Soja, 2012. 69 p. (Documentos, 330). Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/54939/1/Doc-330-OL1.pdf>. Acesso em: 10 abr. 2022.

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

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

KOFSKY, J.; ZHANG, H.; SONG, B. H.. The untapped genetic reservoir: the past, current, and future applications of the wild soybean (*Glycine soja*). **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 949, 2018. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00949>

LEHERMEIER C.; TEYSSÈDRE S.; SCHÖN, C.C. Genetic Gain Increases by Applying the Usefulness Criterion with Improved Variance Prediction in Selection of Crosses. **Genetics**. V. 207(4), p. 1651-1661. 2017. <https://doi.org/10.1534/genetics.117.300403>

LIMA, W.F.; PÍPOLO, A.E.; MOREIRA, J.U.V.; CARVALHO, C.G.P. de; PRETE, C.E.C.; ARAIS, C.A.A.; OLIVEIRA, M.F. de; SOUSA, G.E. de; TOLEDO, J.F.F. Interação genótipo-ambiente de soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no Estado do

Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.729-736, 2008.
<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008000600009>

LORENZ, A. J. Resource allocation for maximizing prediction accuracy and genetic gain of genomic selection in plant breeding: a simulation experiment. **G3: Genes|Genomes|Genetics**, v. 3, p. 481-491, 2013. <https://doi.org/10.1534/g3.112.004911>

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; ARIZOMO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. *In*: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p.225-274.

MENDONÇA, L. D. F.; GALLI, G.; MALONE, G.; FRITSCHÉ-NETO, R. Genomic prediction enables early but low-intensity selection in soybean segregating progenies. **Crop Science**, v. 60, n. 3, p. 1346-1361, 2020. <https://doi.org/10.1002/csc2.20072>

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, p. 1819– 1829, 2001.
<https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>

MORAIS JÚNIOR, Odilon Peixoto. de. **Seleção genômica ampla (GWS) aplicada ao melhoramento populacional**. 2013. Tese. (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Goiás. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Goiânia, 2013. Disponível em:
https://files.cercomp.ufg.br/weby/up/237/o/Revis%C3%A3o_Odilon.pdf. Acesso em: 8 jul. 2022.

MUNIZ, Franco Romero Silva. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja**. 2007. Tese. (Doutorado em Agronomia). Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Jaboticabal, 2007. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/102817>. Acesso em: 8 jul. 2022.

NEJATI-JAVAREMI, A.; SMITH, C.; GIBSON, J. Effect of total allelic relationship on accuracy of evaluation and response to selection. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 75, n. 7, p. 1738-1745, 1997. <https://doi.org/10.2527/1997.7571738x>

NOGUEIRA, A.P.O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L.B.; HAMAWAKI, O.T.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, D.G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal** v. 28, p. 877-888, 2012. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14576>. Acesso em: 8 jul. 2022.

OLIVEIRA, Isadora Cristina Martins. **Estudo da interação genótipo × ambiente e predição genômica de híbridos de sorgo biomassa**. 2019. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Viçosa, 2019. Disponível em:
<https://www.locus.ufv.br/bitstream/123456789/29124/1/texto%20completo.pdf>. Acesso em: 10 jul. 2022.

OLIVEIRA, V.R.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, P.R.G.; BRACCINI, A.L. Avaliação da diversidade genética em pimentão através de análise multivariada. **Horticultura**

Brasileira, Brasília, v. 17, n. 1, p. 19-24, 1999. <https://doi.org/10.1590/S0102-05361999000100006>

PEIXOTO, Leonardo de Azevedo. **Abordagem sobre modelos, covariáveis e acurácia na seleção genômica**. 2016. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Viçosa, 2019. Disponível em: <https://locus.ufv.br/handle/123456789/9507>. Acesso em: 8 jul. 2022.

PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M. D.; BARBOSA, M. H. P.; CARVALHO, M. P. D. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, v. 39, p. 2425-2430, 2009. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782009005000209>

PETERNELLI, Luiz Alexandre. Capítulo 9: regressão linear e correlação. **Viçosa: UFV**, 2004. Disponível em: <http://www.dpi.ufv.br/~peterneli/inf162.www.16032004/materiais/CAPITULO9.pdf>. Acesso em: 01 de nov.2022.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2008. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>

PINHEIRO, L.C. de M.; GOD, P.I.V.G.; FARIA, V.R.; OLIVEIRA, A.G.; HASUI, A.A.; PINTO, E.H.G.; ARRUDA, K.M.A.; PIOVESAN, N.D.; MOREIRA, M.A. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína de soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, p.1246-1253, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013000900008>

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2016. Disponível em: <http://www.R-project.org>. Acesso em: 15 jul. 2021.

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

RESENDE, M. D. V. DE; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 3, p. 421–429, 2006. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2006000300008>

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen–REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 67p. (Embrapa Florestas. Documentos, 77).

RESENDE, Marcos Deon Vilela de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, Colombo: Embrapa Florestas, 2002.

RESENDE, Marcos Deon Vilela de. **Genética Quantitativa e Seleção no Melhoramento de Plantas Perenes e Animais**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. 330 p.

SANTOS, Anna Rita Marcondes dos. **Efeito da densidade de marcadores e do tipo de matriz de parentesco genômico na acurácia da seleção genômica em milho tropical**. 2016. Tese. (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade de São Paulo. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Piracicaba, 2016. Disponível em: <https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde-09082016-155117/pt-br.php>. Acesso em: 8 jul. 2022.

SANTOS, Vanessa Marinho dos. **Qualidade percebida e satisfação do consumidor quanto à prestação de serviços do restaurante universitário da UFPE**. 2016. Dissertação (Mestrado em Administração) - Universidade Federal de Pernambuco. Programa de Pós-Graduação Profissional em Administração, Recife, 2016. Disponível em: <https://repositorio.ufpe.br/handle/123456789/26896>. Acesso em: 8 jul. 2022.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed). **Hibridação artificial de plantas**. 2. Ed. atual. ampl. – Viçosa, MG : Ed. UFV, 2005. 625p. : il. 22 cm.

SEDIYAMA, Tuneo *et al.* **Cultura da soja: 1ª parte**. Viçosa: UFV, 1989.

SILVA, Francisco Charles dos Santos *et al.* Importância Econômica e Evolução do Melhoramento. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (Eds.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, Minas Gerais: Ed. UFV, 2017.

SILVA, I.P.; SILVA, J.A.A. **Métodos estatísticos aplicados à pesquisa científica: uma abordagem para profissionais da pesquisa agropecuária**. Recife: UFRPE, 1999. 305 p.

SILVA, P.S.L.; SOUZA, P.G.; MONTENEGRO, E.E. Efeito de bordadura nas extremidades de parcelas de milho irrigado. **Ceres**, Viçosa, v.38, n.216, p.101-107, 1991. Disponível em: <http://www.ceres.ufv.br/ojs/index.php/ceres/article/viewFile/2125/174>. Acesso em: 9 jul. 2022.

SILVEIRA, Vanildo. **Melhoramento Genético em Soja na COODETEC**. 1998. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) – Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 1998.

SOUZA, C.A.; GAVA, F.; CASA, R.T.; BOLZAN, J.M.; KUHNEM JUNIOR, P.R. Relação entre densidade de plantas e genótipos de soja Roundup Ready™. **Planta Daninha**, v.28, n.4, p.887-896, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0100-83582010000400022>

SOUZA, E. A. D.; GERALDI, I. O.; RAMALHO, M. A. P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 1765-1771, 2000. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2000000900009>

SOUZA, E. A. D.; GERALDI, I. O.; RAMALHO, M. A. P.; BERTOLUCCI, F. D. L. G. Experimental alternatives for evaluation of progenies and clones in eucalyptus breeding programs. **Revista Árvore**, v. 27, p. 427-434, 2003. <https://doi.org/10.1590/S0100-67622003000400002>

SRNC/CGSM/DSV/SDA/MAPA. **Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Registro Nacional de Cultivares – RNC.** Brasília: Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. 2022. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares-2013-rnc-1>. Acesso em: 28 jun. 2022.

STORCK, Lindolfo *et al.* **Experimentação vegetal.** Santa Maria: UFSM, 2000. 198p.

TESSELE, Augusto. **Seleção genômica ampla para escolha de genitores de soja e predição do desempenho de populações híbridas.** 2017. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Viçosa, 2017. Disponível em: <https://locus.ufv.br/handle/123456789/11699>. Acesso em: 8 jul. 2022.

VALENTE, Mágnio Sávio Ferreira. **Emprego do BLUP/REML na avaliação genética de linhagens elites de milho-pipoca.** 2010. Dissertação (mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Viçosa, Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. Viçosa, 2010. Disponível em: <https://locus.ufv.br/handle/123456789/4719>. Acesso em: 12 ago. 2022.

VIANA, J.M.S.; ALMEIDA, I.F. de; RESENDE, M.D.V. de; FARIA, V.R.; SILVA, F.F. BLUP for genetic evaluation of plants in noninbred families of annual crops. **Euphytica**, v.174, p.31-39, 2010. <https://doi.org/10.1007/s10681-009-0094-2>

VIEIRA, E.A.; CARVALHO, F.I.F; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; ZIMMER, P.D.; SILVA, J.A.G.; MARTINS, A.F.; BERTAN, E.; SILVA, G.O.; SCHMIDT, D.A.M. Comparação entre medidas de distância genealógica, morfológica e molecular em aveia em experimentos com e sem a aplicação de fungicida. **Bragantia**, v.64, n.1, p.51-60, 2005. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052005000100006>

WANG, X.; XU, Y.; HU, Z.; XU, C.. Genomic selection methods for crop improvement: Current status and prospects. **The Crop Journal**, v. 6, n. 4, p. 330-340, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2018.03.001>

XU, S.; ZHU, D.; ZHANG, Q. Predicting hybrid performance in rice using genomic best linear unbiased prediction. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 111, n. 34, p. 12456-12461, 2014. <https://doi.org/10.1073/pnas.141375011>

YUYAMA, Kaory. **Avaliação de algumas características agrônômicas e morfofisiológicas de cinco cultivares de soja (*Glycine max* (L.) Merrill), cultivados em solo de várzea e de terra firme da Amazônia Central.** 1991. Tese (Doutorado Agronomia) - Universidade Estadual Paulista, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Jaboticabal, 1991.

ZHANG, J.; SONG, Q.; CREGAN, P. B.; JIANG, G.-L. Genome-wide association study, genomic prediction and marker-assisted selection for seed weight in soybean (*Glycine max*). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 129, p. 117–130. 2016. <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2614-x>.