LARISSA CORREIA DE MELO PINHEIRO

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA PARA TEOR DE ÓLEO, PROTEÍNA E PRODUTIVIDADE BASEADA EM MODELOS MISTOS

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Produção Vegetal), para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

RIO PARANAÍBA
MINAS GERAIS – BRASIL
2013

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e Classificação da Biblioteca UFV - Campus de Rio Paranaíba

T
P654s
2013

Pinheiro, Larissa Correia de Melo, 1985-.
Seleção de progênies de soja para teor de óleo, proteína e produtividade baseada em modelos mistos / Larissa Correia de Melo Pinheiro . – Rio Paranaíba, MG, 2013.
18f. : il.; 29cm.

Orientador: Prof. Pedro Ivo Vieira Good God.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. *Glycine max*. 2. BLUP/REML. 3. melhoramento. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22. ed. 633.34

LARISSA CORREIA DE MELO PINHEIRO

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA PARA TEOR DE ÓLEO, PROTEÍNA E PRODUTIVIDADE BASEADA EM MODELOS MISTOS

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Produção Vegetal), para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Aprovada: 18 de março de 2013.

Dr. Newton Deniz Piovesan (Coorientador)	Prof. Vinícius Ribeiro Faria
Prof. Pedro Ivo Vieira Good God (Orientador)	Prof. Carlos Eduardo M. dos Santos

A Deus.

Aos meus pais João Batista e Silvania.

À minha irmã Lorainne e ao meu cunhado Tiago.

E em especial, ao meu esposo Nelio Marcelo Pinheiro e a nossa futura filha.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por ter iluminado o meu caminho durante toda a minha trajetória para que hoje eu pudesse estar aqui concluindo mais essa etapa na minha vida.

Ao CNPq, CAPES e FAPEMIG pelo auxílio financeiro e concessão de bolsas para a realização deste trabalho.

À Universidade Federal de Viçosa e ao curso de Pós-Graduação em Agronomia (Produção Vegetal) pela oportunidade oferecida.

Ao professor Pedro Ivo Vieira Good God, pela orientação e pela paciência demonstrada desde o início do programa.

Ao professor Vinícius Ribeiro Faria pela paciência e dedicação.

Ao Programa de Melhoramento da Qualidade da Soja desenvolvido pela UFV.

Aos demais professores do programa de Pós-Graduação da UFV/*campus* de Rio Paranaíba, pela paciência e dedicação com todos nós alunos do programa.

Aos colegas do programa, que mesmo com as dificuldades encontradas por sermos a primeira turma do programa de mestrado do campus de Rio Paranaíba, permaneceram confiantes durante toda caminhada.

Às amigas Roxana e Daianna, pelo companheirismo e amizade demonstrada desde o início.

Aos meus pais e à minha irmã, que estiveram presentes comigo durante toda essa caminhada me incentivando para que eu não desistisse ao longo do caminho.

Em especial ao meu esposo Nelio Marcelo Pinheiro, pelo incentivo e compressão sem igual demonstrado desde o início da minha jornada.

A todos os demais que de maneira direta ou indiretamente contribuíram para o sucesso do meu trabalho.

BIOGRAFIA

LARISSA CORREIA DE MELO PINHEIRO, filha de João Batista de Melo e Silvania Correia Tavares Melo, nasceu em 19 de abril de 1985, na cidade de Vazante, estado de Minas Gerais.

Em agosto de 2004 ingressou na Universidade Federal de Lavras (UFLA – MG), tendo concluído o curso de Agronomia em janeiro de 2010.

No período de agosto a dezembro de 2008 foi estagiária da *The Ohio State Univesity, Departament Horticulture & Crop Science*, na cidade de *Columbus, Ohio* nos Estados Unidos da América (EUA).

Em agosto de 2011, iniciou o curso de mestrado em Agronomia, com ênfase em Produção Vegetal na Universidade Federal de Viçosa, *campus* de Rio Paranaíba.

RESUMO

PINHEIRO, Larissa Correia de Melo, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2013. **Seleção de progênies de soja para teor de óleo, proteína e produtividade baseada em modelos mistos.** Orientador: Pedro Ivo Vieira Good God. Coorientadores: Maurilio Alves Moreira e Newton Deniz Piovesan.

O presente trabalho teve como objetivo a utilização da metodologia BLUP/REML na predição de valores genéticos para seleção de progênies de soja que contenham alto teor de óleo e/ou proteína e alta produtividade. Foram utilizados nos cruzamentos 57 genótipos envolvendo cultivares elite e linhagens do Programa de Melhoramento da Qualidade da Soja da Universidade Federal de Viçosa. No ano agrícola 2008/2009 a geração $F_{4(5)}$ foi plantada em Rio Paranaíba - MG. Plantas individuais foram selecionadas para serem plantadas nos anos agrícolas 2009/2010, 2010/2011 e 2011/2012. Os teores de óleo e proteína das sementes foram avaliados por espectroscopia do infravermelho próximo. Foram realizadas análises visando estabelecer a melhor metodologia a ser seguida, o modelo aleatório ou o modelo misto. Foram selecionadas as progênies que continham os maiores teores de óleo e/ou proteína e que apresentaram alta produtividade. A metodologia BLUP/REML constituiu uma ferramenta eficaz para a seleção de genótipos de soja e a utilização da matriz de parentesco aumentou a eficiência de seleção dos genótipos avaliados.

Termos para indexação: BLUP/REML, *Glycine max*, melhoramento.

ABSTRACT

PINHEIRO, Larissa Correia de Melo, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March, 2013. **Selection of soybean progenies for oil content, protein and productivity based on mixed models.** Adviser: Pedro Ivo Vieira Good God. Coadvisers: Maurilio Alves Moreira and Newton Deniz Piovesan.

This study aimed to investigate the use of the BLUP / REML methodology to predict breeding values for selection of soybean progenies containing high oil and / or protein content and high productivity. We used at intersections 57 genotypes including elite cultivars and lines from the Soybean Quality Breeding Program being developed at UFV. In the agricultural year 2008/2009 the $F_{4(5)}$ generation was planted in Rio Paranaíba - MG. Individual plants were selected to be planted in the agricultural years 2009/2010, 2010/2011 and 2011/2012. Seed oil and protein content were evaluated by near infrared spectroscopy. Analyses were conducted to establish the best methodology to be followed, the random model or mixed model. We selected progenies containing the highest oil and /or protein content that showed high productivity. The BLUP/REML methodology was an effective tool for selecting soybean genotypes and the use of relationship matrix increased the efficiency of genotypes selection.

Index terms: BLUP/REML, *Glycine max*, improvement.

ÍNDICE

1. INTRODUÇÃO..... 01
2. MATERIAL E MÉTODOS..... 04
2.1. Material genético..... 04
2.2. Análises estatísticas..... 05
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO..... 08
4. CONCLUSÕES..... 14
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... 15

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) possui origem no continente asiático e se destaca como uma das mais importantes oleaginosas cultivada no Brasil e no mundo (SEDYIAMA, et al. 2009). Durante milênios foi cultivada na China como a principal fonte de alimento. Atualmente, devido ao seu alto teor de óleo (19%) e proteína (38%), alta produtividade, baixo custo de produção e alta versatilidade, constitui uma das principais commodities mundiais (CNPso, 2012).

No Brasil, o complexo soja é um dos que mais se destacam pela expressiva participação nas exportações, sob a forma de farelo, óleo e grãos. A soja destaca-se também como uma das mais importantes culturas produtoras de óleo, contribuindo com 29,4% da produção global no mercado internacional, os quais são destinados principalmente para o consumo humano e que, atualmente, tem sido utilizado também para a produção de biodiesel (ABIOVE, 2013).

Nos programas de melhoramento de soja a seleção de genótipos é feita com base nos valores fenotípicos, em que estão confundidos os valores genéticos e ambientais. Uma maneira de se predizer o valor genético, e com isso aumentar a eficiência da seleção é por meio do uso das Equações de Modelos Mistos (EMM) (HENDERSON, 1975). Com base nas EMM torna-se possível obter o Melhor Preditor Linear Não-Viesado (BLUP) dos valores genéticos. Para se fazer predição por meio de modelos mistos se faz necessário obter as estimativas dos componentes de variância associados aos efeitos aleatórios do modelo. As estimativas são obtidas através do método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) (PATTERSON & THOMPSON, 1971), simultaneamente à predição dos valores genéticos, consistindo na metodologia BLUP/REML.

Por ser considerada uma ferramenta flexível para estimação de parâmetros genéticos e predição de variáveis aleatórias (valores genéticos), a metodologia de modelos mistos apresenta várias vantagens como: permite utilizar simultaneamente um grande número de informações provenientes de diferentes gerações, locais, gerando estimativas e predições mais precisas; não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação, podendo ser aplicada a dados obtidos normalmente nos programas de melhoramento, os quais não precisam estar associados a delineamentos, bastando que se tenha informação sobre a genealogia dos indivíduos; permite a estimação de efeitos de dominância e epistáticos, além dos aditivos, pois utiliza maior número de relações de

parentesco; pode ser aplicada a dados desbalanceados; e permite comparar indivíduos analisados ao longo do tempo e espaço (RESENDE, 2002).

Em plantas perenes como eucalipto (ROSADO et al., 2009), café (RAMALHO et al., 2012) e frutíferas (BRUNA et al., 2012), a utilização de modelos mistos é realizada com bastante frequência, assim como no melhoramento animal (VENTURA et al., 2012). A utilização de modelos mistos no melhoramento de plantas anuais vem crescendo no Brasil e no mundo. No Brasil, melhoristas da cultura do milho (VIANA et al., 2010; VIANA et al., 2011, VIANA et al., 2012), feijão (BALDISSERA et al., 2012), arroz (BORGES, et al., 2012) e trigo (SILVA et al., 2011) utilizaram com eficiência essa metodologia em diferentes contextos.

No melhoramento genético da soja alguns trabalhos utilizaram a metodologia de modelos mistos. PANTER & ALLEN (1995a) estudaram a eficiência dos mínimos quadrados e BLUP na identificação de linhagens superiores de soja. Os autores simularam situação de balanceamento e desbalanceamento de dados. Em todas as situações as predições BLUP apresentaram menor erro padrão e maiores correlações entre valores preditos e desempenho dos genótipos. Com base na metodologia REML, NAOE et al. (2006) utilizando dados de populações oriundas de retrocruzamentos verificaram a influência de parentesco na estimação de parâmetros genéticos para o teor de proteína em sementes de soja. Estes autores perceberam que ao incorporar informação de parentesco ocorreram mudanças nas estimativas de componentes de variância e herdabilidade, contudo a magnitude variou dependendo das particularidades de cada população. CARVALHO et al. (2008) compararam os procedimentos BLUP/REML e mínimos quadrados, na predição e estimação de parâmetros e valores genéticos em soja, sem incorporação da informação de parentesco. Como resultado verificou-se que não houve diferença entre procedimentos.

Nesse contexto, o presente trabalho tem como principal objetivo a utilização de modelos mistos na predição de valores genéticos em progênies de soja e a avaliação dos efeitos da incorporação da informação de parentesco, na seleção de genótipos para o teor de óleo, proteína e produtividade. Sendo assim, alguns aspectos foram abordados de acordo com os seguintes objetivos específicos:

1) Estabelecer a comparação entre o delineamento em blocos casualizados e o delineamento em látice;
2) Dentro da metodologia BLUP/REML, estabelecer a comparação entre a utilização da matriz identidade e da matriz de parentesco;

3) Determinar qual o método de análise se torna mais eficiente na seleção de genótipos de soja, o modelo aleatório ou modelo misto.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material genético

Progenitores com alto teor de óleo foram cruzados com progenitores de alto teor proteico para a obtenção das populações utilizadas nesse trabalho. Ao todo, foram utilizados 57 progenitores, os quais envolvem cultivares elite e linhagens do Programa de Melhoramento da Qualidade da Soja desenvolvido pela Universidade Federal de Viçosa.

Foram obtidos após a realização de todos os intercruzamentos 450 híbridos óctuplos, dos quais 150 eram tolerantes ao herbicida glifosato. Estes foram autofecundados dando origem a progênies $F_{4(2)}$ e após está etapa inicial, utilizou-se o método SPD (*Single Pod Descent*) para condução destas populações até a geração $F_{4(4)}$.

A partir desta geração, todos os ensaios de campo foram conduzidos na área experimental da Cooperativa Agropecuária do Alto Paranaíba (COOPADAP) localizada no município de Rio Paranaíba – MG. No ano agrícola 2008/2009, a partir da geração F_4, foram selecionadas, aproximadamente, 1300 plantas individuais com base no fenótipo (caracteres agronômicos) para serem plantadas nos anos agrícolas 2009/2010.

A partir dos 1300 genótipos semeados ano agrícola 2009/2010 foram colhidas sementes $F_{4(6)}$ de 1243 progênies $F_{4(5)}$ e uma pequena amostra de cada parcela foi triturada e avaliada para teor de óleo e proteína, pela metodologia FT-NIR. Foram selecionadas 487 (39%) famílias com maior teor proteína e 479 (38%) famílias com maior teor de óleo. Como 77 famílias ficaram classificadas tanto entre aquelas com maior teor de óleo quanto entre as com maior teor de proteína, foram selecionadas ao todo 889 famílias $F_{4(6)}$ para o plantio no ano agrícola 2010/2011.

Com propósito de avaliar a produtividade de grãos, teor de óleo e proteína das 889 famílias selecionadas, as mesmas foram plantadas juntamente a outras 6 famílias selecionadas por apresentarem características agronômicas desejáveis, e 5 testemunhas (A 7002, Suprema, UFVTN 105AP, VX04-5622 e NA 7255RR). O delineamento utilizado foi o de látice 30 x 30 com duas repetições, em parcelas de 2 m, espaçadas em 0,5 m e densidade de semeadura de 13 a 15 sementes por metro.

Cerca de 200 progênies foram selecionadas para compor o Ensaio Preliminar I na safra agrícola 2011/2012. Como testemunhas foram empregadas genótipos de alto teor de óleo (A 7002, Msoy 6101 e Suprema), alto teor de proteína (VX04-5622 e UFVTN 105AP) e alto rendimento de grãos (Conquista, CS 030 e CXA 2), totalizando

208 genótipos. Neste experimento o delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com duas repetições sendo que cada parcela foi composta de 4 fileiras de 5 x 0,50 m e a parcela útil considerada para avaliação do rendimento de grãos e os teores de óleo e proteína constituída pelas duas fileiras centrais de cada parcela. A densidade de semeadura considerada foi de 13 a 15 sementes por metro.

As determinações dos teores de óleo e proteína foram feitas no Laboratório de Análises Bioquímicas/BIOAGRO/UFV, pela metodologia de espectrometria de infravermelho próximo (FT-NIR), sendo os espectros coletados a partir de amostras de grãos moídos.

2.2. Análises estatísticas

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o software SAS®. Para o modelo aleatório, com base no método dos mínimos quadrados, foi utilizado o procedimento GLM (PROC GLM). No caso das análises para os modelos mistos, foi utilizado o procedimento INBRED (PROC INBRED). As rotinas utilizadas nas análises de modelos mistos estão apresentadas em VIANA et al. (2011).

Com o objetivo de se verificar a eficiência de modelos de delineamentos experimentais, considerando os dados experimentais da safra 2010/2011, foram realizadas duas análises, considerando a análise com base no delineamento em látice e o delineamento em blocos casualizados. Os modelos estatísticos adequados são apresentados a seguir. Desta forma, o modelo matemático utilizado para o esquema em látice é dado por:

$$y_{ijk} = \mu + t_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$$

Onde: y_{ijk} é o valor fenotípico; μ é a constante do modelo; t_i é o efeito da progênie i; r_j é o efeito da repetição j; $b_{k(j)}$ é o efeito do bloco k dentro da repetição j; e, e_{ijk} é o erro experimental.

Para o experimento em blocos casualizados o modelo é:

$$y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij}$$

Onde: y_{ij} é o valor fenotípico; μ é a constante do modelo; t_i é o efeito da progênie i; b_j é o efeito do bloco j; e, e_{ij} é o erro experimental.

Para a análise dos dados experimentais da safra 2011/2012 foi utilizado apenas o modelo de blocos casualizados.

Com o objetivo de aplicar a metodologia de modelos mistos e mensurar a influência da inclusão das informações de parentesco na predição dos valores genéticos aditivos, os experimentos das safras 2010/2011 e 2011/2012 foram analisados utilizando metodologia BLUP/REML de duas maneiras distintas. No primeiro cenário, não foram incluídas as informações de parentesco. No segundo cenário foi incluída a informação de parentesco, através da composição da genealogia das progênies. O modelo misto utilizado nesse trabalho foi o aditivo, que é dado matricialmente por:

$$y = X\beta + Za + Zb + e$$

Onde: y é o vetor de observações (valores fenotípicos); X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; β é o vetor de efeitos fixos; Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência dos efeitos aleatórios; a é o vetor de valores genéticos aditivos dos pais; b é o vetor de blocos e, e é o vetor de erros.

A matriz de covariâncias do vetor a é dada por:

$$Var(a) = G_1 = \sigma_A^2 \begin{bmatrix} 2F & 2r_{12} & \cdots & 2r_{1t} \\ 2r_{12} & 2F & \cdots & 2r_{2t} \\ \cdots & \cdots & \ddots & \cdots \\ 2r_{1t} & 2r_{2t} & \cdots & 2F \end{bmatrix} = \sigma_A^2 A$$

sendo $r_{jj'}$ o coeficiente de parentesco entre os pais das progênies j e j' e F o coeficiente de endogamia. A matriz de parentesco A foi obtida por meio do procedimento PROC INBRED, conforme VIANA et al. (2011). No cenário sem informação de parentesco, considerou-se a matriz de parentesco como uma matriz identidade, o que faz com que a matriz de covariâncias seja dada por $I\sigma_A^2$.

A predição dos efeitos aleatórios e estimação dos efeitos fixos são feitas por meio das equações de modelo misto descritas por HENDERSON (1984):

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + G_1^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1}Z_2 + G_2^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \tilde{a} \\ \tilde{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_1'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Onde, $G_2 = I\sigma_b^2$.

Para a obtenção das soluções anteriores, os componentes de variância genéticos e não genéticos serão assumidos desconhecidos, como ocorre na prática, sendo estimados pela máxima verossimilhança restrita (REML).

A função da predição de ganho pode ser definida por:

$$\Delta G = p.DS.h^2$$

onde, a resposta à seleção direta em um caráter é uma função do diferencial de seleção (DS), da herdabilidade (h^2) e do controle parental adotado pelo esquema seletivo (p)(EBERHART, 1970).

O diferencial de seleção é definido por:

$$DS = \hat{\mu}_{ps} - \hat{\mu}_{p},$$

sendo, μ_{ps} a média dos valores fenotípicos dos indivíduos selecionados e μ_{p} a média fenotípica da população.

As correlações genotípicas entre duas características de interesse foram calculadas pela expressão:

$$\hat{\rho}_G = Cov_G(X,Y) \Big/ \sqrt{\hat{\sigma}^2_{g_X} \ \hat{\sigma}^2_{g_Y}}$$

sendo $Cov_G(X,Y)$ a covariância entre as duas características.

A comparação das metodologias e cenários de análise foi realizada determinando-se os valores de acurácia dos valores genéticos preditos, intervalos de confiança para os componentes de variância aditiva, correlação entre os valores genéticos preditos pelas análises de modelos mistos e as médias fenotípicas (utilizadas para seleção no modelo aleatório). Também foi verificada a coincidência entre os indivíduos selecionados pelas diferentes metodologias.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Quanto ao teor de óleo, proteína e produtividade foi detectada variabilidade genética significativa pelo teste F ($p < 0,0001$), para os experimentos conduzidos nas safras 2010/2011 e 2011/2012 (Tabela 1). Os coeficientes de variação (CV%) para óleo e proteína, variaram de 3,5 a 3,6% e 2,2 a 3,0%, respectivamente. RODRIGUES et al. (2010) ao detectar e mapear locos de caracteres quantitativos (QTL) que afetam o conteúdo de proteína e óleo em soja, obtiveram valores de CV correspondentes a 4,06% e 3,8% para teor de proteína e óleo respectivamente, em experimento avaliado em blocos casualizados. Para produtividade, os coeficientes de variação encontrados variaram de 20 a 30% e podem ser considerados como elevados. STORCK et al. (2010) ao avaliar a precisão experimental em 216 ensaios de competição de cultivares de soja, detectaram que 76,4% dos ensaios possuem alta precisão e apenas 6,9% têm baixa precisão.

Os valores de herdabilidade variaram de 11 a 36%, 38 a 87% e de 41 a 83% para produtividade, proteína e óleo, respectivamente (Tabela 1 e Tabela 2). Avaliando 207 famílias nas gerações F_2 e F_3 derivadas de cruzamentos contrastantes para teor de proteína, MIRANDA (2006) obteve valores de herdabilidade correspondentes a 62,36% para teor de proteína, 71,5% para teor de óleo e 56,5% para produção de grãos. LIMA et al. (2012) ao selecionar linhagens de soja obteve valores de herdabilidade referente à produtividade de grãos variando de 32 a 81%.

Os maiores ganhos preditos foram verificados quando se utilizou a metodologia BLUP/REML. Para o teor de proteína, o ganho de seleção foi de aproximadamente 5% utilizando o modelo aleatório, e de aproximadamente 10% utilizando a metodologia BLUP/REML. O teor de óleo atingiu valores de ganho de seleção de aproximadamente 5,5% com o modelo aleatório, já com BLUP/REML esses valores chegaram a aproximadamente 12%. Para produtividade os maiores valores com o modelo aleatório foram de aproximadamente 7% e com BLUP/REML foram de aproximadamente 19%. Desta forma, os maiores ganhos de seleção são obtidos quando se utiliza a metodologia BLUP/REML.

No melhoramento genético de soja, é dada especial atenção ao desenvolvimento de cultivares com altos teores de proteína e óleo, além de alta produtividade e estabilidade (VIDIC et al., 2010). Dessa forma, é importante analisar os valores de correlação entre as características avaliadas. Os valores de correlações genotípicas obtidos foram de -0,57, 0,49 e 0, para teor de óleo x proteína, teor de óleo x

Tabela 1. Parâmetros genéticos estimados por mínimos quadrados referente aos experimentos realizados em 2010/2011 e 2011/2012 para os teores de proteína, óleo e produtividade

Experimento	Parâmetros	Proteína	Óleo	Produtividade
2010/2011 Látice	Var. aditiva	2,39 (p < 0,0001)	1,23 (p < 0,0001)	69833 (p < 0,0001)
	Intervalo de confiança	2,19 – 2,64	1,12 – 1,35	63722 – 76873
	Var. residual	1,11	0,53	245799
	Acurácia	0,83	0,83	0,47
	Herdabilidade	0,68	0,69	0,22
	Média da população	38,08	20,51	1779
	Ganho direto	1,14	0,75	96,16
	Ganho de seleção (%)	2,90	3,70	5,40
	CV(%)	2,80	3,60	27,80
	Eficiência (%)	120	115	119
2010/2011 DBC	Var. aditiva	2,49 (p < 0,0001)	1,28 (p < 0,0001)	58821 (p < 0,0001)
	Intervalo de confiança	2,27 – 2,74	1,16 – 1,40	53674 – 64751
	Var. residual	1,34	0,61	293636
	Acurácia	0,80	0,82	0,40
	Herdabilidade	0,65	0,67	0,16
	Média da população	38,08	20,51	1779
	Ganho direto	1,09	0,73	74,28
	Ganho de seleção (%)	2,90	3,50	4,20
	CV(%)	3,0	3,8	30,5
2011/2012	Var. aditiva	5,47 (p < 0,0001)	2,75 (p < 0,0001)	224940 (p < 0,0001)
	Intervalo de confiança	4,55 – 6,69	2,29 – 3,37	187195 – 275442
	Var. residual	0,80	0,52	392094
	Acurácia	0,93	0,91	0,60
	Herdabilidade	0,87	0,84	0,36
	Média da população	40,27	20,44	3119
	Ganho direto	1,85	1,11	201,39
	Ganho de seleção (%)	4,6	5,4	6,4
	CV(%)	2,2	3,5	20

Tabela 2. Parâmetros genéticos estimados por BLUP/REML referente aos experimentos realizados em 2010/2011 e 2011/2012 para os teores de proteína, óleo e produtividade

Experimento	Parâmetros	Proteína		Óleo		Produtividade	
		Sem Parentesco	Com parentesco	Sem parentesco	Com parentesco	Sem parentesco	Com parentesco
2010/2011	Var. aditiva	2,49 (p < 0,0001)	1,28 (p < 0,0001)	1,29 (p < 0,0001)	0,67 (p < 0,0001)	72946 (p < 0,0001)	29261 (p < 0,0001)
	Intervalo de confiança	2,20 – 2,83	0,8 – 1,77	1,15 – 1,47	0,41 – 0,93	53397 - 105663	17331 - 41190
	Var. residual	1,12	2,05	0,54	0,96	244535	273178
	Acurácia	0,93	0,96	0,94	0,96	0,80	0,91
	Herdabilidade	0,68	0,38	0,70	0,41	0,22	0,09
	Média da população	38,08		20,51		1779	
	Ganho direto	2,56	2	1,70	1,6	288,41	311,21
	Ganho de seleção (%)	6,70	5,20	8,30	7,79	16,20	17,50
2011/2012	Var. aditiva	5,49 (p < 0,0001)	5,38 (p < 0,0001)	2,76 (p < 0,0001)	1,81 (p < 0,0001)	223898 (p < 0,0001)	65728 (p = 0,0022)
	Intervalo de confiança	4,51 – 6,84	3,5 – 7,26	2,26 – 3,46	1,08 – 2,53	155784 - 349181	23706 - 107751
	Var. residual	0,8	0,98	0,52	0,71	390829	494396
	Acurácia	0,98	0,96	0,97	0,96	0,86	0,92
	Herdabilidade	0,87	0,84	0,83	0,71	0,36	0,11
	Média da população	40,27		20,4442		3119	
	Ganho direto	3,95	3,83	2,4	2,44	581,52	442,65
	Ganho de seleção (%)	9,80	9,50	11,70	11,90	18,60	14,20

produtividade e teor de proteína x produtividade, respectivamente. Correlações genotípicas entre os caracteres produção de grãos (PRO), teor de óleo (OLEO) e teor de proteína (PTN) em 207 famílias F_3 de soja foram estimadas por MIRANDA (2006). Para PRO e PTN, PRO e OLEO, PTN e OLEO, foram encontrados valores iguais a -0,08, 0,35 e -0,89, respectivamente. Assim, observa-se a dificuldade para se obter ganhos simultâneos para óleo e proteína, pois a correlação obtida para essas duas características apresentou valor muito negativo.

O ganho realizado com relação ao experimento conduzido em 2011/2012 para o teor de óleo e proteína foi de 2,3% e 3,07%, respectivamente. Tais ganhos são semelhantes aos valores preditos pelo modelo aleatório. Este resultado é esperado uma vez que a seleção nesses experimentos foi realizada com base nos teores de óleo e proteína. Em contrapartida, o caráter produtividade apresentou ganho realizado equivalente a -1,94%. Este fato pode ser explicado também pelo alto valor do coeficiente de variação da produtividade e menores valores de herdabilidade, o que resulta em uma maior oscilação de resultados experimentais.

Pode-se observar bom desempenho populacional para o teor de proteína, óleo e produtividade. O teor de proteína atingiu 40,27% no experimento 2011/2012. A produtividade média alcançou 3119 Kg ha^{-1}. Não houve aumento em relação à média populacional apenas para o teor de óleo, permanecendo em torno de 20% após seleção. ALBRECHT et al. (2008) visando determinar os teores de óleo, proteína e produtividade de soja em função da antecipação da semeadura, obteve valores correspondentes a 23,95% para o teor de óleo, 38,69% para o teor de proteína e 3197 Kg ha^{-1} para produtividade.

A eficiência do delineamento látice sobre o delineamento em blocos casualizados foi da ordem de 20% para o teor de proteína, 15% para o teor de óleo e 19% para produtividade. BARONA et al. (2009) ao verificar o efeito da epistasia para a produção de grãos em soja observou que a eficiência do delineamento látice sobre blocos casualizados foi da ordem de 127%. PIMENTEL GOMES & GARCIA (2002) afirmam que, se existirem outros efeitos que afetem o tamanho dos blocos e se o número de tratamentos a serem avaliados for muito grande ou heterogêneo, o delineamento em látice torna-se o mais adequado. O experimento realizado no ano agrícola 2010/2011 era composto por de 900 famílias, desta forma o delineamento em látice torna-se o mais eficaz quando comparado com o delineamento em blocos casualizados.

Os dados foram analisados via modelos mistos BLUP/REML, com e sem utilização de informação de parentesco. Foi detectada variabilidade genética significativa ($p < 0,0001$) pelo teste da razão de verossimilhança para as três características avaliadas nos dois experimentos realizados (Tabela 2).

Para produtividade, a inclusão de parentesco promoveu o aumento da acurácia (Tabela 2). O mesmo não foi verificado para as características teor de óleo e proteína, onde a inclusão de parentesco não promoveu alterações relevantes nos valores de acurácia. NUNES et al. (2008a; 2008b) demonstraram que a inclusão de parentesco na análise de modelos mistos aumentou a acurácia dos valores e parâmetros genéticos. PIEPHO et al. (2008) relatam a importância da utilização da metodologia BLUP assim como a inclusão de parentesco nas análises. VIANA et al. (2010) descrevem a eficiência da utilização da metodologia BLUP juntamente com a utilização das informações de parentesco em culturas anuais, determinando a eficiência de seleção com base nos valores genéticos preditos pela análise BLUP.

Ao realizar a comparação do modelo aleatório com o BLUP/REML sem informação de parentesco foram observados altos valores de correlação e coincidência entre selecionados, sendo os valores obtidos próximos de 1 (Tabela 3). O mesmo foi observado por CARVALHO et al. (2008) ao compararem os procedimentos BLUP/REML e mínimos quadrados, na predição e estimação de parâmetros e valores genéticos em soja, demonstrando equivalência entre as duas metodologias no processo de seleção. Altos valores de coincidência e correlação também foram verificados entre os valores genéticos preditos pela metodologia BLUP com e sem informação de parentesco para as características óleo e proteína no experimento de 2011/2012. Para produtividade, nesse experimento a correlação foi de 0,74 e a coincidência de apenas 50%. Valores semelhantes foram verificados no experimento 2010/2011. Esse fato, aliado aos maiores valores de acurácia obtidos para produção na análise com informação de parentesco indica que a inclusão de parentesco aumenta a eficiência de seleção para essa característica. PANTER & ALLEN (1995b), utilizando linhagens de soja na predição de cruzamentos, compararam BLUP com e sem inclusão de parentesco, observando que o modelo com informação de parentesco foi ligeiramente superior.

Tabela 3. Correlação e coincidência entre o modelo aleatório e a metodologia BLUP/REML (com e sem parentesco) para as características teores de óleo, proteína e produtividade

Experimento		Proteína			Óleo			Produtividade		
		Modelo aleatório	Sem parentesco	Com parentesco	Modelo aleatório	Sem parentesco	Com parentesco	Modelo Aleatório	Sem parentesco	Com parentesco
2010/2011	Modelo aleatório	-	0,9773	0,7728	-	0,9876	0,8007	-	0,9621	0,6103
	Sem parentesco	0,86	-	0,7633	0,84	-	0,7884	0,77	-	0,5584
	Com parentesco	0,52	0,52	-	0,60	0,57	-	0,41	0,42	-
2011/2012	Modelo aleatório	-	0,999	0,9842	-	0,9993	0,9650	-	0,9932	0,7351
	Sem parentesco	1	-	0,9845	1	-	0,9667	1	-	0,7402
	Com parentesco	0,85	0,85	-	0,90	0,85	-	0,50	0,50	-

*Valores acima da diagonal são referentes à correlação e abaixo da diagonal referentes à coincidência.

4. CONCLUSÕES

1) A metodologia BLUP/REML constitui ferramenta eficaz na seleção de genótipos de soja para teor de óleo, teor de proteína e produtividade;
2) A utilização da matriz de parentesco aumentou a eficiência de seleção principalmente para produtividade;
3) As progênies selecionadas irão compor a próxima etapa de seleção.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABIOVE. **Associação Brasileira das Indústrias de Óleos Vegetais**. Disponível em: http://www.abiove.com.br. Acesso em: 10 jan. 2013.

ALBRECHT, L.P.; BRACCINI, A. de L.; ÁVILA, M.R.; SUZUKI, L.S.; SCAPIM, C.A.; BARBOSA, M.C. Teores de óleo, proteínas e produtividade de soja em função da antecipação da semeadura na região oeste do Paraná. **Bragantia**, v.67, p.865-873, 2008.

BALDISSERA, J.N. da C.; BERTOLDO, J.G.; VALENTINI, G.; COAN, M.M.D.; ROZETO, D.S.; GUIDOLIN, A.F.; COIMBRA, J.L.M. Uso do melhor preditor linear não-viesado (BLUP) na predição de híbridos em feijão. **Bioscience Journal**, v.28, p.395-403, 2012.

BARONA, M.A.A.; COLOMBARI FILHO, J.M.; GERALDI, I.O. Epistasia para a produção de grãos em soja. **Bragantia**, v.68, p.313-318, 2009.

BORGES, V.; SOARES, A.A.; RESENDE, M.D.V. de; REIS, M. de S.; CORNELIO, V.M. de O.; LEITE, N.A.; SOARES, P.C.; JÚNIOR, G.T.C. Value for cultivation and use of upland rice cultivars tested in multi-environments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.12, p.25-33, 2012.

BRUNA, E.D.; MORETO, A.L.; DALBÓ, M.A. Uso do coeficiente de repetibilidade na seleção de clones de pessegueiro para o litoral sul de Santa Catarina. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.34, p.206-215, 2012.

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

CNPso. C**entro Nacional de Pesquisa da Soja**. Disponível em: http://www.cnpso.embrapa.br/. Acesso em: 10 jan. 2013.

EBERHART, S. A. Factors effecting efficiencies of breeding methods. **African soils**, p. 669-680, 1970.

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

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

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

MIRANDA, F.D. de. **Produção, conteúdo de proteína e óleo no grão da soja: herdabilidades, correlações e seleção de genótipos superiores.** 2006. 76p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, 2006.

NAOE, L.K.; SEDIYAMA, C.S.; PIOVESAN, N.D.; LOPES, P.S.; COIMBRA, R.R.; BARROS, E.G. de.; MOREIRA, M.A. Estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos, considerando o parentesco em população de retrocruzamento de soja. **Revista Ciência Agroambiental**, v.1, p.21-26, 2006.

NUNES, J.A.R.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F. Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetics and Molecular Biology**, v.31, p.73-78, 2008b.

NUNES, J.A.R; MORETO, A.L.; RAMALHO, M.A.P. Using genealogy to improve selection efficiency of pedigree method. **Scientia Agricola**, v.65, p.25-30, 2008a.

PANTER, D.M.; ALLEN, F.L. Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: I. Choosing parents. **Crop Science**, v.35, p.397-405, 1995a.

PANTER, D.M.; ALLEN, F.L. Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: II. Selection of superior crosses from a limited number of yield trials. **Crop Science**, v.35, p.405-410, 1995b.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.

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

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

RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, B.L.; NUNES, J.A.R. Perspectives for the Use of Quantitative Genetics in Breeding of Autogamous Plants. **ISRN Genetics**, v.2013, p.1-6, 2012.

RODRIGUES, J.I. da S.; MIRANDA, F.D. de; BORGES, A.F.L.L.; FERREIRA, M.F. da S.; GOOD-GOD, P.I.V.; PIOVESAN, N.D.; BARROS, E.G. de; CRUZ, C.D.; MOREIRA, M.A. Mapeamento de QTL para conteúdos de proteína e óleo em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.472-480, 2010.

ROSADO, A.M.; ROSADO, T.B.; RESENDE JÚNIOR, M.F.R.; BHERING, L.L. & CRUZ, C.D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.1653-1659, 2009.

SAS Institute. **SAS/STAT User's Guide: statistics**, versão 9.2 Edition. Cary, NC: SAS Inst. Inc., 1999.

SEDYIAMA, T; TEIXEIRA, R. de C. & BARROS, H.B. Origem, Evolução e Importância Ecônomica. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 2009. p.1-5.

SILVA, R.R.; BENIN, G.; SILVA, G.O. da; MARCHIORO, V.S.; ALMEIDA, J.L. de; MATEI, G. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de trigo em diferentes épocas de semeadura, no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.1439-1447, 2011.

STORCK, L.; FILHO, A.C.; LÚCIO, A.D.C; MISSIO, E.L.; RUBIN, S. de A.L. Avaliação da precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de soja. **Ciência e Agrotecnologia**, v.34, p.572-578, 2010.

VENTURA, R.V.; SILVA, M.A.; MEDEIROS, T.H.; DIONELLO, N.L.; MADALENA, F.E.; FRIDRICH, A.B.; VALENTE, B.D.; SANTOS, G.G.; FREITAS, L.S.; WENCESLAU, R.R.; FELIPE, V.P.S.; CORRÊA, G.S.S. Uso de redes neurais artificiais na predição de valores genéticos para peso aos 205 dias em bovinos da raça Tabapuã. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.64, p.411-418, 2012.

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 non-inbred families of annual crops. **Euphytica**, v.174, p.31-39, 2010.

VIANA, J.M.S.; DELIMA, R.O.; FARIA, V.R.; MUNDIM, G.B.; RESENDE, M.D.V. de; SILVA, F.F. Relevance of Pedigree, Historical Data, Dominance, and Data Unbalance for Selection Efficiency. **Agronomy Journal**, v.104, p.722-728, 2012.

VIANA, J.M.S.; FARIA, V.R.; SILVA, F.F.; RESENDE, M.D.V. de. Best Linear Unbiased Prediction and Family Selection in Crop Species. **Crop Science**, v.51, p.2371-2381, 2011.

VIDIC, M.; HRUSTIC, M.; MILADINOVIC, J.; DJUKIC, V.; DJORDJEVIC, V.; POPOVIC, V. Latest NS varieties of soybean. **Field and Vegetable Crops Research**, v.47, p.347-355, 2010.