

UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ

LAURA ALEXANDRA MADELLA

**PROGRESSO GENÉTICO DA SOJA NO BRASIL EM UM PROGRAMA DE
MELHORAMENTO COMERCIAL**

PATO BRANCO

2022

LAURA ALEXANDRA MADELLA

**PROGRESSO GENÉTICO DA SOJA NO BRASIL EM UM PROGRAMA DE
MELHORAMENTO COMERCIAL**

Soybean Genetic Progress in Brazil in a Commercial Breeding Program

Dissertação apresentada como requisito para obtenção do título de Mestre em Agronomia – Área de concentração: Produção Vegetal, do Programa de Pós Graduação em Agronomia da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR).
Orientador: Giovani Benin.

PATO BRANCO

2022



[4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/)

Esta licença permite compartilhamento do trabalho, mesmo para fins comerciais, sem a possibilidade de alterá-lo, desde que sejam atribuídos créditos ao(s) autor(es). Conteúdos elaborados por terceiros, citados e referenciados nesta obra não são cobertos pela licença.



Ministério da Educação
Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Campus Pato Branco



LAURA ALEXANDRA MADELLA

PROGRESSO GENÉTICO DA SOJA NO BRASIL EM UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO COMERCIAL

Trabalho de pesquisa de mestrado apresentado como requisito para obtenção do título de Mestra Em Agronomia da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR).
Área de concentração: Produção Vegetal.

Data de aprovação: 03 de Fevereiro de 2022

Prof Giovani Benin, Doutorado - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Prof Cristian Rafael Brzezinski, Doutorado - Gdm Genética do Brasil Ltda

Prof Welton Luiz Zaluski, Doutorado - Gdm Genética do Brasil Ltda

Documento gerado pelo Sistema Acadêmico da UTFPR a partir dos dados da Ata de Defesa em 03/02/2022.

PATO BRANCO

2022

Dedico este trabalho à Deus, Ele que sempre teve controle sobre a minha vida e a minha família, que nunca mediu esforços para que a realização desse sonho fosse possível.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, gostaria de agradecer a Deus, por permitir que continue a fazer parte da Sua criação, ter saúde e finalizar mais essa etapa da minha vida.

A minha família, em especial meus pais Carlos e Eliane por todo o apoio, não menos importante, ao meu irmão, Carlos Junior, obrigada por ser esse grande irmão, amo vocês.

Ao apoio dos meus queridos avós, que sempre me incentivaram e vibraram com cada conquista minha, Luiz, Lourdes (*in memoriam*), Claudino e Ivone, obrigada.

A minha segunda família de coração, que sempre acreditaram no meu potencial, Tia Su, Tio Delcio, Julia e Leticia, obrigada.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Giovani Benin, por todo o conhecimento, confiança e orientação, um excelente mestre, obrigada por sempre compartilhar seu conhecimento conosco.

A minha amiga, Maiara Cecilia, famosa Ceci Panho, a caminhada, os desafios, os erros, acertos, as conquistas, foram sempre mais leves e mais felizes, porque caminhamos juntas. Obrigada pelos 7 anos de jornada, da graduação ao mestrado.

Aos colegas do Laboratório de Genética e Melhoramento de Trigo e Soja da UTFPR, obrigada por alegrarem os dias intensos de trabalho e fazerem essa jornada ser a melhor, desejo sucesso a cada um, e tenho certeza de que terão, nosso time é gigante.

A GDM Genética do Brasil, pela confiança e oportunidade de trabalhar com um conjunto de dados fantástico, pelas orientações e trocas de conhecimento, obrigada.

A todos os mestres da UTFPR, que fizeram parte da minha formação, obrigada.

A todos os servidores da UTFPR, obrigada.

A todos aqueles que direta ou indiretamente, fizeram parte desse trabalho, obrigada.

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

Quando você se aventura para longe do que lhe é
confortável é quando você se torna mais forte e
capaz.
(RALPH MARSTON).

RESUMO

O incremento na produtividade de soja ao longo dos anos é resultado da melhoria do ambiente, manejo de pragas e doenças, fertilidade do solo, entre outros e a genética, desenvolvimento de cultivares com maior potencial produtivo. Os avanços na genética, medidos pelo ganho genético, dentro de uma série histórica, auxiliam os melhoristas na compreensão dos avanços obtidos, e permite traçar estratégias e adotar novos métodos com o intuito de aumentar a eficiência do programa. Os objetivos do presente estudo foram quantificar o ganho genético do programa de melhoramento de soja da GDM; mensurar o ganho genético das plataformas, convencionais, Intacta, Enlist Conkesta E3™ e Intacta 2 Xtend, nas diferentes macrorregiões brasileiras; e estabelecer estratégias para o incremento e continuidade de obtenção de ganhos futuros no programa de melhoramento. Para isso, foram utilizados dados de ensaios de valor de cultivo (VCU), conduzidos nas safras 2011/12 a 2020/21. Os dados foram analisados via modelos mistos, com o auxílio do pacote lme4, para obtenção do melhor preditor linear não viesado, para cada genótipo testado. A partir desses valores, foi quantificado o ganho, utilizando análises de regressão. Todas as análises foram realizadas no Software R Core Team (2020). O programa de melhoramento de soja tem apresentado progresso positivo em todas as macrorregiões sojícolas e plataformas. A nível Brasil, o programa apresentou taxa de progresso de 118,69 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (3,69 % ao ano⁻¹). As técnicas de melhoramento utilizadas têm sido eficientes na seleção de linhagens produtivas.

Palavras-chave: *Glycine max* (L). Merrill; ganho genético; modelos mistos.

ABSTRACT

The increase in soybean productivity over the years is the result of improved environment, pest and disease management, soil fertility, among others, and genetics, development of cultivars with greater productive potential. Advances in genetics, measured by genetic gain, within a historical series, help breeders to understand the advances obtained, and allow them to outline strategies and adopt new methods in order to increase the efficiency of the program. The objectives of the present study were to quantify the genetic gain of the GDM soybean breeding program; to measure the genetic gain of the conventional platforms, Intacta, Enlist Conkesta E3™ and Intacta 2 Xtend, in the different Brazilian macroregions; and establish strategies for the increment and continuity of obtaining future gains in the improvement program. For this, data from crop value tests (VCU) were used, conducted in the 2011/12 to 2020/21 harvests. Data were analyzed via mixed models, with the aid of the lme4 package, to obtain the best unbiased linear predictor for each genotype tested. From these values, the gain was quantified using regression analysis. All analyzes were performed in the Software R Core Team (2020). The soybean improvement program has shown positive progress in all soybean macroregions and platforms. At the Brazilian level, the program showed a progress rate of 118,69 kg ha⁻¹ year⁻¹ (3.69% a year⁻¹). The breeding techniques used have been efficient in the selection of productive lines.

Keywords: Glycine max (L). Merrill; genetic gain; mixed models.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 Distribuição geográfica dos locais de ensaio de campo no Brasil, de Valor de Cultivo e Uso (VCU) do programa de melhoramento da GDM Genética do Brasil S.A, em suas respectivas macrorregiões, durante as safras 2011/12 a 2020/21	24
Figura 2 - Distribuição de frequência e amplitude do rendimento de grãos (kg ha^{-1}) da plataforma convencional, para a macrorregião 1 A), 2 B), 3 C), 4 D) e E) 5 para as safras de teste 2011/12 a 2020/21	36
Figura 3 - Ganho genético ($\text{kg ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) para a plataforma convencional para as macrorregiões 1 A), macrorregião 2 B), macrorregião 3 C), macrorregião 4 D) e macrorregião 5 E), para as safras de teste 2011/12 a 2020/21	38
Figura 4 - Distribuição de frequência e amplitude do rendimento de grãos (kg ha^{-1}) da plataforma Intacta, para a macrorregião 1 A), 2 B), 3 C), 4 D) e E) 5 para as safras de teste 2011/12 a 2020/21	41
Figura 5 - Ganho genético ($\text{kg ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) para a plataforma Intacta para as macrorregiões 1 A), macrorregião 2 B), macrorregião 3 C), macrorregião 4 D) e macrorregião 5 E), para as safras de teste 2010/11 a 2020/21.....	43
Figura 6 - Distribuição de frequência e amplitude do rendimento de grãos (kg ha^{-1}) da plataforma Conkesta Enlist E3™, para a macrorregião 1 A), 2 B), 3 C), 4 D) e E) 5 para as safras de teste 2014/15 a 2020/21.....	46
Figura 7 - Ganho genético ($\text{kg ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) da plataforma Conkesta Enlist E3™, para a macrorregião 1 A), macrorregião 2 B) macrorregião 3 C) e macrorregião 4 D) para as safras de teste 2014/15 a 2020/21	47
Figura 8 - Distribuição de frequência e amplitude do rendimento de grãos (kg ha^{-1}) da plataforma Intacta 2 Xtend, para a macrorregião 1 A), 2 B), 3 C), 4 D) e E) 5 para as safras de teste 2016/17 a 2020/21	50
Figura 9 - Ganho genético ($\text{kg ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) da plataforma Intacta 2 Xtend, para a macrorregião 1 A), macrorregião 2 B) macrorregião 3 C) e macrorregião 4 D) para as safras de teste 2016/17 a 2020/21	51
Figura 10 - Ganho genético ($\text{kg ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) para a macrorregião 1 A), macrorregião 2 B) macrorregião 3 C), macrorregião 4 D) e macrorregião 5 E) para as safras de teste 2011/12 a 2020/21 e o ganho geral do programa de melhoramento da GDM Genética do Brasil S.A F)	53
Figura 11 - Valores preditos por BLUP para o ganho genético para rendimento de grãos de cultivares brasileiras de soja de diferentes empresas obtentoras, lançadas entre 2006 e 2020, para a macrorregião 1 A), macrorregião 2 B) e macrorregião 3 C).....	56
Figura 12 - Valores preditos por BLUP para o ganho genético para rendimento de grãos de cultivares brasileiras de soja de diferentes empresas obtentoras, lançadas entre 2004 e 2020, para a macrorregião 4 A) e macrorregião 5 B).....	58
Figura 13 - Produtividade ($\text{kg ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) para as regiões brasileiras Norte/Nordeste, Centro-oeste, Sul e para o Brasil, para as safras 2011/12 a 2020/21	59

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 Município, Unidade Federativa (UF), Latitude e Longitude dos locais de teste dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU)	20
Tabela 2 - Macrorregião, Região Edafoclimática de Cultivo e Unidade Federativa, das regiões sojícolas brasileiras	25
Tabela 3 - Locais utilizados nos ensaios de avaliação de cultivares entre as safras 2011/12 e 2020/21, coordenadas geográficas (latitude, longitude e altitude) e número total de ensaios por local	27
Tabela 4 - Descrição de cultivares de soja avaliadas em ensaios multi-ambientes entre as safras 2011/12 e 2020/21, no Brasil, quanto ano de registro, mantenedor.....	30
Tabela 5 - Análise conjunta de variância da plataforma Convencional, envolvendo conjuntos de dados das safras 2011/12 a 2020/21 das diferentes regiões sojícolas brasileiras, com decomposição dos efeitos em fração interação genótipo x local, genótipo e local de teste (G x L + G + L), para rendimento de grãos. E número de genótipos (NG) e número de locais (NL) de teste por safra.....	35
Tabela 6 - Análise conjunta de variância da plataforma Intacta, envolvendo conjuntos de dados das safras 2011/12 a 2020/21 das diferentes regiões sojícolas brasileiras, com decomposição dos efeitos em fração interação genótipo x local, genótipo e local de teste (G x L + G + L), para rendimento de grãos. E número de genótipos (NG) e número de locais (NL) de teste por safra	39
Tabela 7 - Análise conjunta de variância da plataforma Conkesta Enlist E3™ envolvendo conjuntos de dados das safras 2014/15 a 2020/21 das diferentes regiões sojícolas brasileiras, com decomposição dos efeitos em fração interação genótipo x local, genótipo e local de teste (G x L + G + L), para rendimento de grãos. E número de genótipos (NG) e número de locais (NL) de teste por safra.....	45
Tabela 8 - Análise conjunta de variância da plataforma Intacta 2 Xtend envolvendo conjuntos de dados das safras 2016/17 a 2020/21 das diferentes regiões sojícolas brasileiras, com decomposição dos efeitos em fração interação genótipo x local, genótipo e local de teste (G x L + G + L), para rendimento de grãos. E número de genótipos (NG) e número de locais (NL) de teste por safra.....	49
Tabela 9 - Análise conjunta de variância das cultivares testemunhas envolvendo conjuntos de dados das safras 2011/12 a 2020/21 das diferentes regiões sojícolas brasileiras, para rendimento de grãos	55

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

%	Porcentagem
a.C	Antes de Cristo
ano ⁻¹	por ano
BA	Unidade da Federação – Bahia
BLUP	Melhor preditor linear não viesado
CONAB	Companhia Nacional de Abastecimento
CQB	Certificado de Qualidade em Biossegurança
CTNBio	Comissão técnica nacional de biossegurança
EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
EUA	Estados Unidos da América
FAO	Food and Agriculture Organization of the United Nations
G	Genótipo
G x L	Interação genótipo x Local
GDM	Grupo DonMario
GM	Grupo de maturação
GM	Geneticamente modificados
GO	Unidade da Federação – Goiás
ha	Hectare
ha ⁻¹	por hectare
ISAAA	International Service for the acquisition of agri-biotech
kg ha ⁻¹	Quilogramas por hectare
kg ha ⁻¹ ano ⁻¹	Quilogramas por hectare por ano
L	Local
Lat.	Latitude
Long.	Longitude
m ²	Metro quadrado
MA	Unidade da Federação – Maranhão
MAPA	Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento
MET	Multi-ambiente
MG	Unidade da Federação – Minas Gerais
MR1	Macrorregião 1
MR2	Macrorregião 2
MR3	Macrorregião 3
MR4	Macrorregião 4
MR5	Macrorregião 5
MS	Unidade da Federação – Mato Grosso do Sul
MT	Unidade da Federação – Mato Grosso
NASS	National Agricultural Statistical Service
NG	Número de genótipos
NL	Número de locais
p	Probabilidade de erro
PA	Unidade da Federação – Pará
PI	Unidade da Federação – Piauí
PR	Unidade da Federação – Paraná
R ²	Coefficiente de Determinação
R8	Estádio fenológico de maturação plena
REC	Região Edafoclimática de Cultivo

RG	Rendimento de Grão
RNC	Registro Nacional de Cultivares
RR1	Roundup Ready 1
RR2	Roundup Ready 2
RS	Unidade da Federação – Rio Grande do Sul
SC	Unidade da Federação – Santa Catarina
SP	Unidade da Federação – São Paulo
TO	Unidade da Federação – Tocantins
UTFPR	Universidade Tecnológica Federal do Paraná
VCU	Valor de Cultivo e Uso

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	REVISÃO DE LITERATURA	15
2.1	O cultivo de soja no Brasil	15
2.2	Melhoramento Genético da Soja	15
2.3	Transgenia no Melhoramento	16
2.4	Ganho Genético	17
2.5	Uso de Modelos Mistos no Melhoramento de Plantas	19
3	MATERIAL E MÉTODOS	20
3.1	Origem dos dados: Linhagens	20
3.1.1	Locais de estudo: Linhagens	20
3.1.2	Análises estatísticas: Linhagens.....	25
3.2	Região de Estudo: testemunhas	26
3.2.1	Conjunto de dados: testemunhas	30
3.2.2	Análises estatísticas: testemunhas.....	33
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
4.1	Ganho Genético Plataforma Convencional	34
4.2	Ganho Genético Plataforma Intacta	39
4.3	Ganho Genético Plataforma Conkesta Enlist E3™	44
4.4	Ganho Genético Plataforma Intacta 2 Xtend	48
4.5	Ganho Genético a Nível Brasil	52
4.6	Ganho Genético Testemunhas	54
5	CONCLUSÃO	61
	APÊNDICE A - Tabela de Acurácia Seletiva	69

1 INTRODUÇÃO

A nível mundial, na safra 2020/21, a cultura da soja ocupou uma área de mais de 127 milhões de hectares com produção de 362,9 milhões de toneladas (EMBRAPA, 2021). No Brasil, a área cultivada foi de 38,5 milhões de hectares, com produção de 135,8 milhões de toneladas na safra 2020/21 (CONAB, 2021). Com essa produção, o Brasil ocupa a posição de maior produtor e exportador mundial de soja. Além da produção, a produtividade média tem aumentado com o passar dos anos no Brasil, sendo constatado taxa média de incremento de $39,5 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, passando de 1748 kg ha^{-1} na safra 1976/77 para 3528 kg ha^{-1} na safra 2020/21 (CONAB, 2021).

O incremento na produtividade da soja é resultado da melhoria do ambiente e o ganho genético (XIAO; TAO, 2014; COOPER *et al.*, 2020). O ganho genético pode ser definido como a quantidade de aumento no desempenho que é alcançado anualmente através do melhoramento genético, excluindo o efeito ambiental (XU *et al.*, 2017). Essas estimativas permitem quantificar o progresso obtido em determinado período, e fornecem informações importantes, como por exemplo, a possibilidade de comparar os ganhos obtidos com diferentes estratégias de seleção e /ou em diferentes ambientes (SPECHT; WILLIAMS, 1984). Estas informações auxiliam os melhoristas na compreensão dos avanços obtidos, e permitem a elaboração de estratégias e adoção de novos métodos com o intuito de aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético (LANGE; FEDERIZZI, 2009; IBRAHIM BIO WERINA; ACHIGAN-DAKO, 2021).

Ganhos genéticos em soja vêm sendo observados em todo o mundo, demonstrando a eficiência dos programas de melhoramento ao longo dos anos. No Brasil, há relatos de ganhos genético que variam de 0 a $84,32 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ (TOLEDO *et al.*, 1990; ALLIPANDINI *et al.*, 1993; RUBIN; SANTOS, 1996; LANGE; FEDERIZZI, 2009; PAGLIOSA, 2016; MEZZALIRA, 2017; TODESCHINI *et al.*, 2019; MILIOLI, 2021). Em estudo conduzido por Pedroso Val. (2018), analisando dados de uma série histórica de 56 anos de produtividade nos Estados Unidos e no Brasil, relatou taxas de ganho de $1,25\% \text{ ano}^{-1}$ e $1,94\% \text{ ano}^{-1}$ para os EUA e Brasil, respectivamente.

As estimativas de ganho genético, podem variar dependendo do grupo de maturidade (GM), do ambiente, das estratégias de seleção, bem como, da biotecnologia envolvida (resistência a insetos, tolerância a herbicidas, etc) (FARIA *et al.*, 2007). Entretanto, está cada vez mais difícil constatar diferenças fenotípicas entre

genótipos, em função do efeito da interação genótipo x ambiente. Neste sentido, algumas metodologias de análise estatística têm sido utilizadas como ferramentas para minimizar a interferência dos efeitos ambientais sobre os resultados de seleção e de ganho genético (CANDIDO, 2009).

Alguns entraves na obtenção de ganhos genéticos mais expressivos no melhoramento de plantas é a baixa acurácia seletiva (PIMENTEL *et al.*, 2014). Assim o uso de BLUPs (melhor predição linear não viesada) é um procedimento preciso de predição de valores genéticos, com uso de componentes de variância estimados via REML (máxima verossimilhança restrita) (RESENDE, 2004; RESENDE, 2016). Além disso, essa metodologia permite corrigir problemas associados a condução experimental, como por exemplo, a presença de dados desbalanceados comuns em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), que são conduzidos em diferentes anos e locais e com um número elevado de genótipos (RESENDE; DUARTE, 2007; PIEPHO *et al.*, 2008; ALVARADO *et al.*, 2020).

Segundo projeções da FAO, a demanda por alimentos poderá dobrar até 2050, e para garantir a segurança alimentar, a produção agrícola mundial precisa ser potencializada. Neste sentido, deve-se buscar maiores ganhos genéticos, em especial na cultura da soja, para atender a demanda crescente por alimentos.

Neste contexto, os objetivos do presente estudo foram quantificar o ganho genético do programa de melhoramento de soja da GDM Genética do Brasil; mensurar o ganho genético das plataformas: convencional, Intacta, Enlist Conkesta E3™ e Intacta 2 Xtend, nas diferentes macrorregiões brasileiras; e estabelecer estratégias para o incremento e continuidade de obtenção de ganhos futuros no programa de melhoramento.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 O cultivo de soja no Brasil

A soja é a leguminosa de maior importância econômica do Brasil e no mundo. Na safra 2020/21 a cultura ocupou uma área de mais de 127 milhões de hectares a nível mundial, com produção de 362,9 milhões de toneladas (EMBRAPA, 2021). No Brasil, a área cultivada foi de 38,5 milhões de hectares, com produção de 135,8 milhões de toneladas (CONAB, 2021).

Atualmente, o Brasil ocupa a posição de maior produtor mundial de soja. Além da produção, a produtividade média tem aumentado com o passar dos anos, de 1748 kg ha⁻¹ na safra 1976/77 para 3528 kg ha⁻¹ na safra 2020/21, resultando em um incremento médio de 39,5 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (CONAB, 2021).

Os aumentos significativos de produtividade e produção de grãos obtidos ao longo dos anos estão intimamente ligados aos avanços científicos, à disponibilização de tecnologias ao setor produtivo e adoção das tecnologias pelos produtores (EMBRAPA, 2020). Neste sentido, a disponibilização de cultivares mais produtivas e adaptadas a cada ano tem favorecido os aumentos crescentes de produtividade, e os programas de melhoramento tem sido fundamentais para a expansão da cultura no Brasil, bem como, para os avanços genéticos obtidos.

2.2 Melhoramento Genético da Soja

O melhoramento genético da cultura da soja tem sido fundamental para os aumentos de produtividade e para a sua expansão no território brasileiro, contribuindo significativamente desde a sua introdução na década de 1960, até as atuais safras (VOLPATO, 2016). A disponibilização de cultivares com alto potencial produtivo, ampla adaptação e elevada aceitação pelo mercado consumidor, favorece o crescimento contínuo da soja no Brasil (RAMALHO *et al.*, 2010; SILVA, 2018).

Diversos programas de melhoramento têm contribuído para o desenvolvimento de cultivares produtivas e adaptadas às diferentes condições climáticas do país (PRIOLLI *et al.*, 2004). Apesar do rendimento de grãos ser o caractere alvo destes programas, este deve estar associado a características agrônomicas desejáveis, incluindo elevada qualidade de sementes, composição química (teor de óleo, proteína, composição dos ácidos graxos) tolerância a herbicidas, pragas e doenças, bem como, resistência ao acamamento, eficiência

fotossintética, entre outros (CARVALHO *et al.*, 2002; VOLPATO, 2016; SILVA *et al.*, 2018; CARNEIRO *et al.*, 2019).

Com a lei de proteção de cultivares, houve uma série de mudanças no mercado de sementes. Essas mudanças proporcionaram um ambiente mais favorável para a atuação de empresas privadas e multinacionais, motivando-as a investir na geração de inovações, por meio da pesquisa para o melhoramento de cultivares, contribuindo para o ganho genético da cultura (FUCK; BONACELLI, 2006; SANTOS *et al.*, 2014). Neste sentido, nos últimos anos, muitas empresas de melhoramento têm atuado no mercado brasileiro, gerando maior competitividade, através do constante lançamento de cultivares com alto potencial produtivo e adaptativo.

2.3 Transgenia no Melhoramento

A técnica da transgenia consiste em transferir genes de um organismo para outro, com a tecnologia de recombinação de DNA, transformando o organismo a fim de obter características específicas (ZHANG; WOHLHUETER; ZHANG, 2016), como por exemplo a resistência a herbicidas. Os estudos com transferências de genes de um indivíduo para outro surgiram com os primeiros camundongos transgênicos em 1980 (BARROS, 2004). Nas plantas, os primeiros testes a campo com organismos geneticamente modificados (OGM) foram realizados em 1986.

A transgenia contribuem para a evolução da agricultura e do melhoramento, visando reduzir fatores que limitam o desenvolvimento das culturas, como plantas daninhas, pragas, doenças e estresses ambientais. No Brasil, há 19 eventos aprovados para comercialização na cultura da soja, estes, conferem características de tolerância a herbicidas e a seca, resistência a insetos e nematóides (CTNBio, 2021; ISAAA, 2021).

De 1996 a 2012 houve um aumento de 370 milhões de toneladas de alimentos, e um sétimo desse aumento é atribuído as safras geneticamente modificadas (ZHANG; WOHLHUETER; ZHANG, 2016). De acordo com ISAAA, (2017) ao longo dos últimos 21 anos as safras GM atestam benefícios de aumento da produtividade (segurança global de alimentos, rações e fibras), conservação da biodiversidade, melhoria nos aspectos econômicos, de saúde e sociais. Brookes e Barfoot (2014) estimam que o aumento mundial na renda agrícola oriundo de alimentos transgênicos atingiu 116 bilhões de dólares, num período de 17 anos (1996-

2012). E disso, cerca de 42% foi com o incremento de produtividade devido à genética avançada, resistência a pragas e plantas daninhas.

A produção convencional não é capaz de preencher a lacuna de demanda por alimentos. É necessário um ganho em produtividade de 2,4% ano⁻¹, para garantir a segurança alimentar (OLIVER, 2014). Assim, a demanda por cultivares cada vez mais produtivas e resistentes desencadeou esforços de multinacionais em desenvolver eventos biotecnológicos como a RR2 Ipro, tolerância ao herbicida glifosato (gene cp4 epsps - aroA:CP4) e resistência a insetos do gênero das lepidópteras (cry1Ac) a Conkesta Enlist E3™, tolerância ao herbicida glifosato, glufosinato e 2,4-D, obtidos por meio da introdução dos genes (2mepsps, pat e aad-12, respectivamente) e ainda resistência a insetos (cry1Ac e cry1F) e a Intacta 2 Xtend, tolerância aos herbicidas glifosato e dicamba, resultado da introdução dos genes (cp4 epsps – aroA:CP4, dmo) e resistência a insetos (cry1A.105 e cry2Ab2) (ISAAA, 2021). De acordo com Kumar *et al.* (2020), o uso de transgênicos aumenta a produtividade agrícola e conseqüentemente o ganho genético, de programas de melhoramento.

2.4 Ganho Genético

Os aumentos de produtividade obtidos ao longo dos anos têm sido associados as melhorias genéticas e de ambiente. Alguns autores têm relatado que aproximadamente metade do ganho no rendimento de grãos é atribuído ao melhoramento genético, a partir do desenvolvimento de novas cultivares (RAMALHO; ARAÚJO, 2011; ROWNTREE *et al.*, 2013), sendo o restante resultado das melhorias nas práticas agrônômicas aprimoradas e a interação dos avanços agrônômicos com a genética (FERREIRA JÚNIOR *et al.*, 2015).

O ganho genético pode ser definido como as alterações em caracteres de interesse, baseadas na seleção, métodos e estratégias de melhoramento praticados nos programas (REIS *et al.*, 2004). As estimativas do ganho permitem quantificar o progresso obtido ao longo dos anos, bem como, o sucesso obtido pelo programa de melhoramento (BORGES *et al.*, 2009, LANGE; FEDERIZZI, 2009), além de fornecerem informações importantes, como comparação dos ganhos de diferentes tecnologias, regiões, grupos de maturidade e estratégias de seleção (FELIPE; GERDE; ROTUNDO, 2016).

O lançamento contínuo de cultivares de soja pelos programas de melhoramento tem sido um fator chave para o progresso do rendimento obtido em

diferentes países. No Brasil, estudo realizado no estado do Paraná no período de 1985/86 a 1989/90, Alliprandini *et al.* (1993), observaram ganhos médios de 0,89% e 0,38%, para os grupos, precoce e semi-precoce, respectivamente. Resultado semelhante foi relatado por Rubin e Santos (1996), avaliando um grupo de genótipos representativos oriundos de 40 anos de melhoramento (1950-1990), sendo observado ganho médio para o rendimento de grãos de 1,1% ano⁻¹. Na região Meridional do Brasil, entre os anos de 2001 e 2014, Pagliosa (2016), avaliou genótipos transgênicos e encontrou taxas de ganho que variaram de 44,50 a 64,34 kg ha⁻¹ ano⁻¹, em ambientes acima, de 700 metros de altitude, e de 45,99 a 84,32 kg ha⁻¹ ano⁻¹ em ambientes abaixo de 700 metros de altitude. Em estudo de rede de ensaios de VCU na região central do Brasil, Mezzalira (2017) observou ganhos de 18,3 kg ha⁻¹ ano⁻¹ para genótipos pertencentes ao GM 8 no período de 2006/07 a 2015/16. Todeschini *et al.* (2019) avaliaram o progresso genético em um conjunto histórico de cultivares lançadas para cultivo no sul do Brasil entre 1965 a 2011, observando ganho genético médio de 40,06 kg ha⁻¹ ano⁻¹.

Nos EUA, estudos relatam aumento linear no rendimento de 22,6 kg ha⁻¹ ano⁻¹ entre 1924 e 1998, com tendência de ganho (31,4 kg ha⁻¹ ano⁻¹ entre 1972 e 1997 (SPECHT; HUME; KUMUDINI, 1999). Wilson *et al.* (2014), observaram aumento no rendimento de 1376 kg ha⁻¹ das cultivares do GM 2 lançadas em 1928 em relação as lançadas em 2008 (2286 vs. 3662 kg ha⁻¹), o que representa aumento linear de 17,2 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Rincker *et al.* (2014) avaliando genótipos lançados entre 1923 a 2008 nos EUA e Canadá, observaram ganhos de 23 kg ha⁻¹ ano⁻¹ para os GMs 2 e 3, e de 20 kg ha⁻¹ ano⁻¹ para GM 4. No entanto, em estudo conduzido na Argentina por Felipe, Gerde e Rotundo (2016), avaliando GMs 3 a 5 em cultivares lançadas entre 1980 a 2015, observaram ganho médio de 43 kg ha⁻¹ ano⁻¹, não apresentando variação entre os GM. Em estudo mais recente, observaram ganho similar de 42 kg ha⁻¹ ano⁻¹ em cultivares lançadas de 1980 a 2014 (FELIPE *et al.*, 2020).

Na China, Wang *et al.* (2016) avaliando cultivares disponibilizadas para cultivo no período de 1929 a 2004, observaram ganho de 9,97 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Da mesma forma, Qin *et al.* (2017) observaram aumento linear no rendimento nos últimos 60 anos de estudo na China, embora com taxas diferentes nas três regiões. As taxas de ganho foram de 17, 19, 15 kg ha⁻¹ ano⁻¹, para a região norte da soja na primavera, região de soja de verão e na região sul, respectivamente. Ganhos similares foram relatados por

Wu *et al.* (2015), que observaram incrementos entre 6 e 16 kg ha⁻¹ ano⁻¹ no nordeste da China, entre 1923 e 2007.

Vale destacar, que em vários estudos citados, as taxas de ganho têm sido obtidas a partir de médias fenotípicas, que muitas vezes são influenciadas pelas diferentes condições ambientais e experimentais, que podem enviesar a verdadeira taxa de progresso genético (UATE *et al.*, 2019). Neste sentido, a abordagem de modelos mistos apresenta-se promissora para as análises do progresso em programas de melhoramento, e tornou-se amplamente utilizada (STEFANOVA; BUIRCHELL, 2010; DE FELIPE *et al.*, 2020) pelos bons resultados na quantificação do ganho genético real.

2.5 Uso de Modelos Mistos no Melhoramento de Plantas

Nas etapas iniciais dos programas de melhoramento, as populações segregantes são conduzidas em apenas um ambiente, até atingirem elevado grau de homozigose. A partir desta fase, os genótipos passam a ser avaliados em vários ambientes (locais e anos), visando identificar respostas às diferentes condições ambientais (UATE *et al.*, 2019; PRUS; PIEPHO, 2020). Esses ensaios são conhecidos como ensaios multi-ambientes (MET), e podem detectar e explicar mecanismos de interação genótipo x ambiente (GE), fator importante na predição de ganho genético (ALVARADO *et al.*, 2020).

As avaliações em vários ambientes geram uma grande quantidade de dados, fornecendo informações valiosas para o programa de melhoramento sobre o comportamento de seus genótipos e programas de teste (ALVARADO *et al.*, 2020). Entretanto, uma limitação no uso de dados de vários ambientes, é que estes geralmente são desequilibrados, devido as alterações nos genótipos e locais de teste ao longo dos anos (YAN, 2015). O uso de modelos mistos, por exemplo, tem contornado bem esse desequilíbrio, e têm sido comumente utilizados para analisar dados derivados de METs (SMITH *et al.*, 2005; RESENDE; DUARTE, 2007; CANDIDO, 2009; BURGUENÕ *et al.*, 2011; DE LA VEGA; DELACY; CHAPMAN, 2007; ALVARADO *et al.*, 2020), gerando estimativas mais confiáveis para a avaliação do ganho genético.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Origem dos dados: Linhagens

Foram utilizados dados de linhagens dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), do programa de melhoramento de soja, da GDM Genética do Brasil S.A. As linhagens testadas são pertencentes as plataformas: a) convencional, b) Intacta, que expressa a proteína Cry1Ac fornecendo proteção a lepidópteras, além de resistência ao herbicida Glifosato, c) Conkesta Enlist E3™: tolerante aos herbicidas 2,4-D, Glifosato e Glufosinato de amônio, mais expressão das proteínas Cry 1F e Cry1Ac, que conferem proteção contra lagartas, d) Intacta 2 Xtend, que confere amplo aspecto de proteção ao complexo de lagartas da soja, expressas pelas proteínas Cry1A.105 e Cry2AB2, junto com a Cry1Ac, além de resistência aos herbicidas Glifosato e Dicamba (ISAAA, 2021).

Ao todo foram analisadas 6073 linhagens, sendo 1230 linhagens em ensaios convencionais, 2685 em ensaios Intacta, 1436 em ensaios Conkesta Enlist E3™, e 722 em ensaios Intacta 2 Xtend.

3.1.1 Locais de estudo: Linhagens

Os ensaios foram conduzidos em 149 locais, distribuídos em diferentes estados do Brasil e macrorregiões sojícolas de cultivo, durante as safras 2011/12 e 2020/21 (Tabela 1, Figura 1). O número de locais e linhagens variaram de acordo com o ano/safra, macrorregiões sojícola e tecnologia empregada. A cada ano, linhagens novas foram incluídas, outras excluídas e algumas seguiram sendo testadas.

Tabela 1 Município, Unidade Federativa (UF), Latitude e Longitude dos locais de teste dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU)

(continua)				
Município	UF	Latitude	Longitude	Altitude
Barreiras	BA	12°36'	44°86'	441
Correntina	BA	9°07'	44°43'	575
Formosa do Rio Preto	BA	12°02'	45°81'	495
Luis Eduardo Magalhães	BA	12°23'	44°91'	768
São Desidério	BA	13°06'	44°69'	503
Bom Jesus de Goiás	GO	18°01'	49°48'	626
Catalão	GO	18°15'	48°56'	853
Diorama	GO	14°92'	51°40'	504
Jataí	GO	17°53'	52°55'	724
Joviânia	GO	17°73'	49°49'	847

Tabela 1 Município, Unidade Federativa (UF), Latitude e Longitude dos locais de teste dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU)

(continua)				
Município	UF	Latitude	Longitude	Altitude
Luziânia	GO	15°45'	48°16'	957
Maurilândia	GO	17°56'	50°60'	468
Mineiros	GO	17°35'	52°06'	789
Montividiu	GO	16°97'	51°53'	808
Morrinhos	GO	17°25'	49°02'	789
Paraúna	GO	16°39'	50°41'	700
Rio Verde*	GO	18°31'	53°21'	743
Santa Helena de Goiás	GO	18°22'	50°63'	575
São Miguel do Passa Quatro	GO	16°20'	48°61'	851
Serranópolis	GO	18°56'	50°94'	741
Silvânia	GO	14°99'	48°52'	920
Turvelândia	GO	19°70'	49°49'	485
Balsas	MA	6°56'	46°69'	255
Loreto	MA	7°02'	46°26'	211
São Domingos do Azeitão	MA	6°96'	44°81'	310
Tasso Fragoso	MA	6°83'	47°47'	239
Araguari	MG	19°04'	47°88'	925
Nova Ponte	MG	19°75'	47°46'	945
Patos de Minas	MG	19°00'	46°25'	836
Uberaba	MG	18°65'	48°31'	777
Uberlândia	MG	18°47'	47°40'	866
Batayporã	MS	22°25'	53°35'	329
Bela Vista	MS	21°46'	56°48'	198
Caarapó	MS	22°55'	54°60'	472
Dourados	MS	22°08'	54°51'	437
Maracaju	MS	22°54'	54°38'	378
Naviraí	MS	23°89'	53°86'	356
Ponta Porã	MS	22°41'	54°55'	628
Rio Brilhante	MS	22°11'	54°44'	318
São Gabriel do Oeste	MS	19°53'	54°55'	617
Sidrolândia	MS	20°45'	54°86'	489
Sonora	MS	18°10'	54°57'	442
Água Boa	MT	12°48'	52°17'	453
Alto Garças	MT	14°50'	53°28'	776
Barra do Garças	MT	10°15'	50°67'	309
Brasnorte	MT	9°95'	58°60'	310
Campo Novo do Parecis	MT	14°46'	59°15'	565
Campo Verde	MT	16°35'	54°35'	746
Campos de Júlio	MT	15°00'	59°79'	624
Canarana	MT	13°99'	53°02'	416
Diamantino	MT	11°13'	54°89'	293
Ipiranga do Norte	MT	13°84'	56°68'	383
Lucas do Rio Verde*	MT	13°81'	56°33'	396

Tabela 1 Município, Unidade Federativa (UF), Latitude e Longitude dos locais de teste dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU)

(continua)				
Município	UF	Latitude	Longitude	Altitude
Nova Mutum	MT	12°77'	55°26'	485
Nova Uiratã	MT	11°26'	55°27'	420
Novo São Joaquim	MT	14°67'	53°64'	368
Paranatinga	MT	12°39'	54°77'	465
Primavera do Leste	MT	15°84'	52°76'	662
Querência	MT	11°62'	51°80'	349
Rondonópolis	MT	15°71'	55°17'	232
Santa Carmem	MT	13°68'	55°50'	363
Santa Rita do Trivelato	MT	13°03'	55°71'	512
Santo Antonio do Leste	MT	15°89'	52°38'	647
São José do Rio Claro	MT	11°37'	56°62'	369
Sapezal	MT	9°91'	59°59'	569
Sinop	MT	13°90'	54°35'	377
Sorriso	MT	11°41'	56°55'	380
Tapurah	MT	11°54'	57°52'	375
Dom Eliseu	PA	4°45'	49°09'	261
Paragominas	PA	3°19'	48°07'	88
Ulianópolis	PA	4°08'	49°11'	123
Baixa Grande do Ribeiro	PI	7°12'	44°56'	347
Uruçuí	PI	6°97'	44°20'	175
Bom Jesus	PI	8°73'	44°41'	299
Brasilândia do Sul	PR	23°79'	53°51'	352
Cafelândia	PR	25°03'	52°99'	550
Cambé*	PR	23°31'	51°05'	670
Campo Mourão	PR	24°10'	52°12'	597
Cândido Mota	PR	22°90'	50°79'	483
Cascavel	PR	25°20'	53°16'	769
Castro	PR	25°43'	50°01'	978
Coronel Vivida	PR	25°97'	52°57'	731
Floresta	PR	23°66'	51°99'	368
Florestópolis	PR	22°76'	51°46'	532
Francisco Alves	PR	24°00'	53°61'	345
Guaíra	PR	24°43'	53°36'	258
Guarapuava	PR	25°57'	51°46'	1110
Iporã	PR	23°62'	53°37'	352
Itaipulândia	PR	25°24'	54°00'	263
Ivatuba	PR	23°55'	51°67'	345
Londrina	PR	23°31'	51°59'	604
Mamborê	PR	23°91'	52°34'	765
Marechal Cândido Rondon	PR	24°42'	53°83'	430
Mercedes	PR	24°47'	53°95'	416
Palmas	PR	25°08'	51°99'	1080
Palotina	PR	24°63'	54°23'	337

Tabela 1 Município, Unidade Federativa (UF), Latitude e Longitude dos locais de teste dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU)

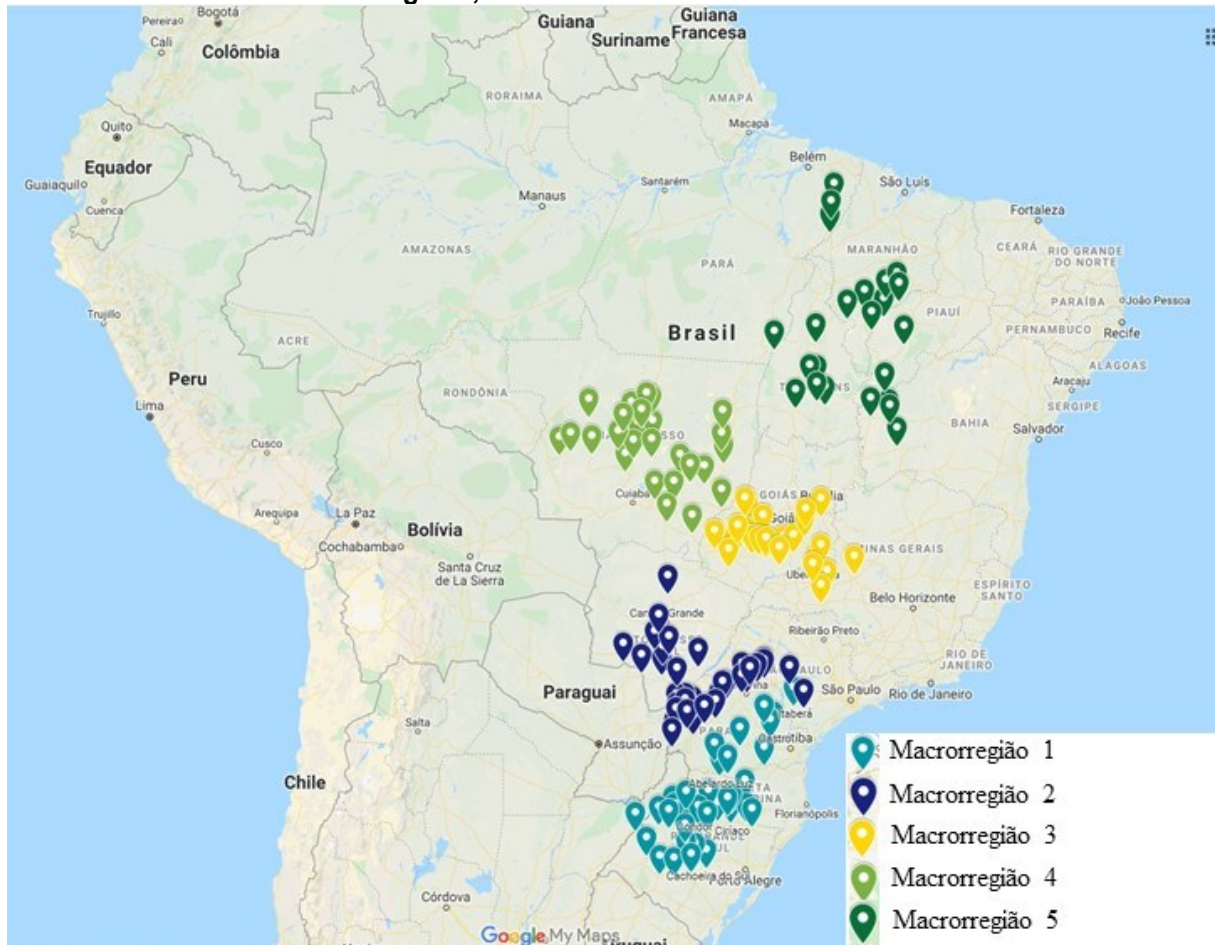
(continua)				
Município	UF	Latitude	Longitude	Altitude
Pato Bragado	PR	24°58'	53°98'	270
Ponta Grossa	PR	24°16'	50°16'	955
Rolândia	PR	22°78'	51°10'	750
Santa Terezinha de Itaipu	PR	25°35'	54°24'	283
Sertanópolis	PR	23°25'	50°84'	410
Tibagi	PR	24°25'	50°41'	728
Toledo	PR	24°59'	53°51'	564
Ubiratã	PR	23°93'	52°50'	517
Cachoeira do Sul	RS	29°65'	52°89'	74
Ciríaco	RS	28°13'	51°88'	788
Condor	RS	28°38'	53°49'	469
Coxilha	RS	28°39'	52°30'	710
Cruz Alta	RS	28°73'	53°61'	469
Giruá	RS	28°05'	54°35'	431
Ijuí	RS	27°88'	53°92'	311
Manoel Viana	RS	29°59'	55°48'	90
Muitos Capões	RS	27°87'	51°18'	933
Palmeira das Missões	RS	27°51'	53°31'	623
Passo Fundo*	RS	28°06'	52°41'	690
Restinga Seca	RS	29°61'	53°38'	59
Ronda Alta	RS	28°16'	52°80'	638
Rosário do Sul	RS	30°26'	54°91'	150
Sananduva	RS	27°91'	51°81'	662
Santa Bárbara do Sul	RS	28°24'	53°25'	519
Santa Maria	RS	29°41'	53°48'	155
Santo Ângelo	RS	28°51'	54°26'	285
Santo Augusto	RS	27°79'	53°78'	532
São Borja	RS	28°66'	56°00'	94
São Gabriel	RS	30°34'	54°32'	120
São Luiz Gonzaga	RS	28°56'	54°96'	259
São Miguel das Missões	RS	28°18'	54°55'	283
São Sepé	RS	29°69'	53°57'	119
Tapejara	RS	28°48'	52°01'	710
Tapera	RS	28°58'	52°87'	413
Tupanciretã	RS	29°05'	53°84'	464
Vacaria	RS	27°80'	50°93'	965
Abelardo Luz	SC	26°73'	52°33'	724
Campos Novos	SC	27°49'	51°23'	938
Canoinhas	SC	26°24'	50°39'	776
Assis	SP	22°60'	50°53'	562
Florínia	SP	22°66'	50°07'	389
Itaberá	SP	23°98'	49°14'	606
Manduri	SP	23°19'	49°34'	707

Tabela 1 Município, Unidade Federativa (UF), Latitude e Longitude dos locais de teste dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU)

Município	UF	Latitude	Longitude	Altitude	(conclusão)
Planalto	SP	21°05'	49°72'	392	
Taquarivaí	SP	24°01'	48°69'	684	
Campos Lindos	TO	10°55'	47°34'	297	
Caseara	TO	8°83'	49°24'	175	
Chapada da Natividade	TO	11°82'	46°53'	354	
Gurupi	TO	12°80'	48°59'	300	
Monte do Carmo	TO	7°99'	48°18'	305	
Pedro Afonso	TO	8°95'	48°42'	181	
Porto Nacional*	TO	7°71'	47°80'	234	
Santa Rosa do Tocantins	TO	12°31'	48°23'	291	

*: Localização das unidades da GDM Genética do Brasil
 Fonte: Aatoria Própria (2022)

Figura 1 Distribuição geográfica dos locais de ensaio de campo no Brasil, de Valor de Cultivo e Uso (VCU) do programa de melhoramento da GDM Genética do Brasil S.A, em suas respectivas macrorregiões, durante as safras 2011/12 a 2020/21



Fonte: Aatoria Própria (2022)

Os ensaios foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Cada parcela foi constituída por quatro linhas de 5 metros de comprimento, com espaçamento de 0,5 m entrelinhas e entre parcelas. O caractere avaliado foi rendimento de grãos (RG). No estágio de maturação completa (R8), as duas linhas centrais de cada parcela foram colhidas, totalizando uma área útil de 5 m². A umidade foi corrigida para 13% e o RG calculado em kg ha⁻¹. O manejo seguiu as recomendações técnicas para a cultura da soja.

3.1.2 Análises estatísticas: Linhagens

Os dados obtidos em programas de melhoramento, especialmente quando conduzidos em ensaios multiambientais, são desequilibrados, devido a perda de ensaios, parcelas ou repetições. Portanto, buscando contornar esse desequilíbrio, foi realizado mineração dos dados identificando e removendo outliers, dados ausentes e desbalanceados. Para essa etapa, os locais que compõem as regiões edafoclimáticas de cultivo (RECs), de cada macrorregião foram agrupadas (Tabela 2) (KASTER; FARIAS, 2012). Cada safra (ano de teste), tecnologia e macrorregião foram mineradas de forma individual.

Tabela 2 - Macrorregião, Região Edafoclimática de Cultivo e Unidade Federativa, das regiões sojícolas brasileiras

Macrorregião	Região Edafoclimática de Cultivo (REC)	Unidade Federativa
1	101, 102, 103 e 104	RS, SC, PR e SP
2	201, 202, 203 e 204	PR, SP e MS
3	301, 302, 303 e 304	SP, MS, MG, GO e DF
4	401, 402, 403, 404 e 405	GO, MT, RO, TO e BA
5	501, 502 e 503	TO, PI, MA, PR e RR

Fonte: Adaptado Kaster e Farias (2012)

Após, os dados foram analisados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP). A análise estatística foi realizada com o auxílio do pacote lmerTest (Kuznetsova *et al.*, 2017) e lme4 (Bates *et al.*, 2015), utilizando a função “lmer”. Todas as análises foram realizadas no software R (R CORE TEAM, 2020). O melhor preditor linear não viesado de cada linhagem foi obtido usando um modelo que inclui local, linhagens e a interação linhagens x local, como de efeitos aleatórios. O seguinte modelo foi utilizado nesta análise:

$$Y_{ijr} = \mu + e_j + g_i + (ge)_{ij} + r + \varepsilon_{ijr}$$

onde Y_{ijr} é o valor fenotípico para a replicação r do genótipo i no ambiente j , μ é a média fenotípica geral, e_j é o efeito do ambiente j , g_i é o valor do genótipo i , $(ge)_{ij}$ é o efeito da interação entre o genótipo i e ambiente j , r é a replicação e o ε_{ijr} é o resíduo.

As estimativas dos componentes da variância foram obtidas pela máxima verossimilhança restrita. Com as estimativas da variância, foi realizado a decomposição dos efeitos em fração, interação genótipo x local, genótipo e local de teste (G x L + G + L), para rendimento de grãos. As frações foram obtidas somando as estimativas da variância (G x L + G + L) e dividindo cada uma pelo total (COSTA NETO *et al.*, 2020).

As estimativas anuais de ganho foram calculadas a partir de análises de regressão, utilizando os valores de BLUP de cada linhagem, em cada ano de teste. Foram apresentadas as taxas de ganho absolutas e relativas para cada tecnologia, e macrorregião. As taxas relativas de ganho foram calculadas a partir da divisão do ganho genético absoluto, pelos valores preditos, do rendimento de grãos no início da série histórica, sendo estes expressos em porcentagem (FELIPE; GERDE; ROTUNDO, 2016).

A acurácia seletiva, foi calculada por meio da seguinte equação:

$$AS = \sqrt{h^2}gm$$

Para todas as análises de regressão optou-se por utilizar o modelo linear: $y = a + bx$, onde y é a variável dependente (rendimento de grãos); x é a variável independente (ano de teste); a é o intercepto; b é o coeficiente de regressão (inclinação) em diferentes fases da variável independente. As figuras foram construídas por meio do software SigmaPlot v.11.

3.2 Região de Estudo: testemunhas

Os ensaios foram conduzidos nas cinco macrorregiões sojícolas brasileiras, entre as safras 2011/12 e 2020/21. A empresa GDM Genética do Brasil é a detentora dos dados, que foram cedidos para uso neste estudo. Foram utilizados 136 locais de avaliação, distribuídos entre os estados da: Bahia, Goiás, Maranhão, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Pará, Piauí, Paraná, Rio Grande do Sul, Santa Catarina, São Paulo e Tocantins (Tabela 3), nas macrorregiões MR1, MR2, MR3, MR4 e MR5. Os locais, as coordenadas geográficas e o número de ensaios são apresentados na tabela 3.

Em alguns locais foram conduzidos mais de um ensaio por safra. Ao todo foram conduzidos 741 ensaios.

Tabela 3 - Locais utilizados nos ensaios de avaliação de cultivares entre as safras 2011/12 e 2020/21, coordenadas geográficas (latitude, longitude e altitude) e número total de ensaios por local

						(continua)
Município	UF	Lat	Long	Alt	Nº ensaios	
Barreiras	BA	12°36'	44°86'	441	4	
Correntina	BA	9°07'	44°43'	575	5	
Formosa do Rio Preto	BA	12°02'	45°81'	495	1	
Luis Eduardo Magalhães	BA	12°23'	44°91'	768	2	
São Desidério	BA	13°06'	44°69'	503	2	
Bom Jesus de Goiás	GO	18°01'	49°48'	626	5	
Catalão	GO	18°15'	48°56'	853	1	
Diorama	GO	14°92'	51°40'	504	3	
Jataí	GO	17°53'	52°55'	724	16	
Joviânia	GO	17°73'	49°49'	847	1	
Luziânia	GO	15°45'	48°16'	957	9	
Maurilândia	GO	17°56'	50°60'	468	5	
Mineiros	GO	17°35'	52°06'	789	8	
Montividiu	GO	16°97'	51°53'	808	17	
Morrinhos	GO	17°25'	49°02'	789	6	
Paraúna	GO	16°39'	50°41'	700	5	
Rio Verde	GO	18°31'	53°21'	743	24	
Santa Helena de Goiás	GO	18°22'	50°63'	575	12	
Serranópolis	GO	18°56'	50°94'	741	3	
Silvânia	GO	14°99'	48°52'	920	3	
Turvelândia	GO	19°70'	49°49'	485	5	
Balsas	MA	6°56'	46°69'	255	5	
Loreto	MA	7°02'	46°26'	211	1	
São Domingos do Azeitão	MA	6°96'	44°81'	310	2	
Tasso Fragoso	MA	6°83'	47°47'	239	2	
Araguari	MG	19°04'	47°88'	925	2	
Nova Ponte	MG	19°75'	47°46'	945	2	
Uberaba	MG	18°65'	48°31'	777	2	
Uberlândia	MG	18°47'	47°40'	866	11	
Batayporã	MS	22°25'	53°35'	329	2	
Bela Vista	MS	21°46'	56°48'	198	9	
Caarapó	MS	22°55'	54°60'	472	3	
Dourados	MS	22°08'	54°51'	437	11	
Maracaju	MS	22°54'	54°38'	378	13	
Naviraí	MS	23°89'	53°86'	356	10	
Ponta Porã	MS	22°41'	54°55'	628	8	
Rio Brilhante	MS	22°11'	54°44'	318	3	

Tabela 3 - Locais utilizados nos ensaios de avaliação de cultivares entre as safras 2011/12 e 2020/21, coordenadas geográficas (latitude, longitude e altitude) e número total de ensaios por local

						(continua)
Município	UF	Lat	Long	Alt	Nº ensaios	
São Gabriel do Oeste	MS	19°53'	54°55'	617	4	
Sidrolândia	MS	20°45'	54°86'	489	5	
Água Boa	MT	12°48'	52°17'	453	3	
Brasnorte	MT	9°95'	58°60'	310	5	
Campo Novo do Parecis	MT	14°46'	59°15'	565	18	
Campo Verde	MT	16°35'	54°35'	746	14	
Campos de Júlio	MT	15°00'	59°79'	624	5	
Canarana	MT	13°99'	53°02'	416	3	
Diamantino	MT	11°13'	54°89'	293	10	
Ipiranga do Norte	MT	13°84'	56°68'	383	12	
Lucas do Rio Verde*	MT	13°81'	56°33'	396	26	
Nova Mutum	MT	12°77'	55°26'	485	12	
Nova Ubiratã	MT	11°26'	55°27'	420	4	
Novo São Joaquim	MT	14°67'	53°64'	368	4	
Paranatinga	MT	12°39'	54°77'	465	1	
Primavera do Leste	MT	15°84'	52°76'	662	13	
Querência	MT	11°62'	51°80'	349	3	
Rondonópolis	MT	15°71'	55°17'	232	3	
Santa Rita do Trivelato	MT	13°03'	55°71'	512	3	
Santo Antônio do Leste	MT	15°89'	52°38'	647	8	
Sapezal	MT	9°91'	59°59'	569	10	
Sinop	MT	13°90'	54°35'	377	11	
Sorriso	MT	11°41'	56°55'	380	13	
Tapurah	MT	11°54'	57°52'	375	7	
Dom Eliseu	PA	4°45'	49°09'	261	1	
Baixa Grande do Ribeiro	PI	7°12'	44°56'	347	6	
Bom Jesus	PI	8°73'	44°41'	299	2	
Uruçuí	PI	6°97'	44°20'	175	1	
Brasilândia do Sul	PR	23°79'	53°51'	352	5	
Cafelândia	PR	25°03'	52°99'	550	12	
Cambé*	PR	23°31'	51°05'	670	1	
Campo Mourão	PR	24°10'	52°12'	597	5	
Cândido Mota	PR	22°90'	50°79'	483	1	
Cascavel	PR	25°20'	53°16'	769	6	
Castro	PR	25°43'	50°01'	978	4	
Coronel Vivida	PR	25°97'	52°57'	731	1	
Floresta	PR	23°66'	51°99'	368	8	
Francisco Alves	PR	24°00'	53°61'	345	5	
Guarapuava	PR	25°57'	51°46'	1110	7	
Iporã	PR	23°62'	53°37'	352	3	
Itaipulândia	PR	25°24'	54°00'	263	1	
Ivatuba	PR	23°55'	51°67'	345	1	

Tabela 3 - Locais utilizados nos ensaios de avaliação de cultivares entre as safras 2011/12 e 2020/21, coordenadas geográficas (latitude, longitude e altitude) e número total de ensaios por local

						(continua)
Município	UF	Lat	Long	Alt	Nº ensaios	
Londrina	PR	23°31'	51°59'	604	11	
Mamborê	PR	23°91'	52°34'	765	7	
Marechal Cândido Rondon	PR	24°42'	53°83'	430	9	
Mercedes	PR	24°47'	53°95'	416	1	
Palotina	PR	24°63'	54°23'	1080	11	
Pato Bragado	PR	24°58'	53°98'	270	1	
Ponta Grossa	PR	24°16'	50°16'	955	2	
Rolândia	PR	22°78'	51°10'	750	8	
Santa Terezinha de Itaipu	PR	25°35'	54°24'	283	6	
Sertanópolis	PR	23°25'	50°84'	410	8	
Tibagi	PR	24°25'	50°41'	728	1	
Toledo	PR	24°59'	53°51'	564	8	
Ubiratã	PR	23°93'	52°50'	517	3	
Cachoeira do Sul	RS	29°65'	52°89'	74	12	
Ciríaco	RS	28°13'	51°88'	788	4	
Condor	RS	28°38'	53°49'	469	1	
Coxilha	RS	28°39'	52°30'	710	5	
Cruz Alta	RS	28°73'	53°61'	469	1	
Giruá	RS	28°05'	54°35'	431	3	
Ijuí	RS	27°88'	53°92'	311	3	
Manoel Viana	RS	29°59'	55°48'	90	3	
Muitos Capões	RS	27°87'	51°18'	933	2	
Palmeira das Missões	RS	27°51'	53°31'	623	9	
Passo Fundo*	RS	28°06'	52°41'	690	14	
Restinga Seca	RS	29°61'	53°38'	626	1	
Ronda Alta	RS	28°16'	52°80'	132	5	
Rosário do Sul	RS	30°26'	54°91'	648	1	
Sananduva	RS	27°91'	51°81'	511	2	
Santa Bárbara do Sul	RS	28°24'	53°25'	113	15	
Santa Maria	RS	29°41'	53°48'	286	1	
Santo Ângelo	RS	28°51'	54°26'	528	1	
Santo Augusto	RS	27°79'	53°78'	123	1	
São Borja	RS	28°66'	56°00'	114	5	
São Gabriel	RS	30°34'	54°32'	260	1	
São Luiz Gonzaga	RS	28°56'	54°96'	305	11	
São Miguel das Missões	RS	28°18'	54°55'	85	9	
São Sepé	RS	29°69'	53°57'	656	1	
Tapejara	RS	28°48'	52°01'	455	4	
Tapera	RS	28°58'	52°87'	466	2	
Tupanciretã	RS	29°05'	53°84'	960	1	
Vacaria	RS	27°80'	50°93'	771	7	
Abelardo Luz	SC	26°73'	52°33'	947	4	

Tabela 3 - Locais utilizados nos ensaios de avaliação de cultivares entre as safras 2011/12 e 2020/21, coordenadas geográficas (latitude, longitude e altitude) e número total de ensaios por local

Município	UF	Lat	Long	Alt	(conclusão)
					Nº ensaios
Campos Novos	SC	27°49'	51°23'	765	6
Canoinhas	SC	26°24'	50°39'	546	1
Assis	SP	22°60'	50°53'	360	5
Florínia	SP	22°66'	50°07'	651	1
Itaberá	SP	23°98'	49°14'	710	1
Manduri	SP	23°19'	49°34'	450	1
Planalto	SP	21°05'	49°72'	555	4
Campos Lindos	TO	10°55'	47°34'	169	4
Caseara	TO	8°83'	49°24'	350	2
Chapada da Natividade	TO	11°82'	46°53'	287	3
Gurupi	TO	12°80'	48°59'	229	2
Monte do Carmo	TO	7°99'	48°18'	295	2
Pedro Afonso	TO	8°95'	48°42'	201	1
Porto Nacional*	TO	7°71'	47°80'	234	11
Santa Rosa do Tocantins	TO	12°31'	48°23'	310	2

*: Unidades de Pesquisa, GDM Genética do Brasil

Fonte: Autoria Própria (2022)

3.2.1 Conjunto de dados: testemunhas

Como testemunhas foram utilizadas 170 cultivares, de diferentes obtentores. (Tabela 3). A cultivar mais antiga é do ano de 2004 e a mais recente foi registrada em 2020.

Tabela 4 - Descrição de cultivares de soja avaliadas em ensaios multi-ambientes entre as safras 2011/12 e 2020/21, no Brasil, quanto ano de registro, mantenedor

Cultivar	Ano de registro	Mantenedor	Cultivar	Ano de registro	Mantenedor
50I52RSF IPRO	2016	GDM	CZ58B28 IPRO	2018	GDM
51IX51RSF I2X	2020	GDM	DM46i20 IPRO STS	2019	GDM
53I54RSF IPRO	2016	GDM	DM49E21STS	2019	GDM
54I52RSF IPRO	2015	GDM	DM5.8i RR	2007	GDM
55I57RSF IPRO	2016	GDM	DM5.9i RR	2011	GDM
57I52RSF IPRO	2018	GDM	DM52E21STS	2019	GDM
57I59RSF IPRO	2020	GDM	DM53i53 RR	2010	GDM
57IX60RSF I2X	2020	GDM	DM55R20 STS	2019	GDM
5855RSF IPRO	2014	GDM	DM5958 IPRO	2012	GDM
58I60RSF IPRO	2015	GDM	DM6.2i RR	2007	GDM
5953RSF RR	2011	GDM	DM66R69STS	2017	GDM
59I60RSF IPRO	2017	GDM	DM7.0i RR	2007	GDM
60I63RSF IPRO	2020	GDM	DM80K80 STS	2021	GDM

(continua)

Tabela 4 - Descrição de cultivares de soja avaliadas em ensaios multi-ambientes entre as safras 2011/12 e 2020/21, no Brasil, quanto ano de registro, mantenedor

(continua)

Cultivar	Ano de registro	Mantenedor	Cultivar	Ano de registro	Mantenedor
6160RSF IPRO	2012	GDM	DS7417 IPRO	2017	GDM
61159RSF IPRO	2015	GDM	FPS Urano RR	2008	GDM
61163RSF IPRO	2020	GDM	FTR 4280 IPRO	2017	FTS
6266RSF IPRO	2013	GDM	FTR 4288 IPRO	2016	FTS
63164RSF IPRO	2015	GDM	K5616	2009	GDM
6458RSF IPRO	2012	GDM	K6116	2009	GDM
64161RSF IPRO	2018	GDM	K6221	2009	GDM
64163RSF IPRO	2020	GDM	L60177 IPRO	2014	GDM
64IX66RSF I2X	2020	GDM	M5838 IPRO	2016	D&PL
6563RSF IPRO	2012	GDM	M5917 IPRO	2012	D&PL
65165RSF IPRO	2017	GDM	M5947 IPRO	2013	D&PL
6663RSF RR	2013	GDM	M6210 IPRO	2011	D&PL
66168RSF IPRO	2017	GDM	M6410 IPRO	2011	D&PL
67HO107 IPRO	2017	GDM	M6972 IPRO	2013	D&PL
6863RSF RR	2011	GDM	M7739 IPRO	2012	D&PL
68168RSF IPRO	2015	GDM	M8210 IPRO	2011	D&PL
68169RSF IPRO	2017	GDM	M8349 IPRO	2012	D&PL
68170RSF IPRO	2015	GDM	M8372 IPRO	2013	D&PL
68IX67RSF I2X	2020	GDM	M8644 IPRO	2013	D&PL
6968RSF RR	2013	GDM	M7110 IPRO	2011	D&PL
7166RSF IPRO	2013	GDM	M7639 RR	2008	D&PL
73170RSF IPRO	2015	GDM	M8808 IPRO	2004	D&PL
73175RSF IPRO	2019	GDM	M9144 RR	2004	D&PL
74177RSF IPRO	2016	GDM	NS 7000 IPRO	2012	Syngenta
74178RSF IPRO	2015	GDM	NEO610 IPRO	2017	GDM
74IX75RSF I2X	2020	GDM	NEO660 IPRO	2017	GDM
74K76RSF CE	2020	GDM	NEO680 IPRO	2017	GDM
75174RSF IPRO	2019	GDM	NEO740 IPRO	2018	GDM
75176RSF IPRO	2016	GDM	NA7337 RR	2008	Syngenta
75177RSF IPRO	2015	GDM	NK7059 RR	2007	Syngenta
75179RSF IPRO	2016	GDM	NS6262RSF IPRO	2010	Syngenta
77179RSF IPRO	2019	GDM	NS4823 RR	2008	Syngenta
7869RSF RR	2011	GDM	NS5000 IPRO	2012	Syngenta
7874RSF RR	2011	GDM	NS5445 IPRO	2012	Syngenta
79181RSF IPRO	2020	GDM	NS5959 IPRO	2012	Syngenta
8075RSF IPRO	2013	GDM	NS6211 RR	2011	Syngenta
8077RSF RR	2013	GDM	NS6700 IPRO	2013	Syngenta
80E87RSF E	2020	GDM	NS6906 IPRO	2013	Syngenta
80HO109 IPRO	2019	GDM	NS6909 IPRO	2012	Syngenta
80I79RSF IPRO	2018	GDM	NS7338 IPRO	2012	Syngenta

Tabela 4 - Descrição de cultivares de soja avaliadas em ensaios multi-ambientes entre as safras 2011/12 e 2020/21, no Brasil, quanto ano de registro, mantenedor

(conclusão)					
Cultivar	Ano de registro	Mantenedor	Cultivar	Ano de registro	Mantenedor
80I82RSF IPRO	2020	GDM	NS7901 RR	2011	Syngenta
80I84RSF IPRO	2016	GDM	NS8383 RR	2015	Syngenta
80IX83RSF I2X	2020	GDM	NS8399 IPRO	2018	Syngenta
81I81RSF IPRO	2018	GDM	NS8400 IPRO	2018	Syngenta
81I84RSF IPRO	2017	GDM	O580 IPRO	2020	GDM
81K83RSF CE	2020	GDM	O590 I2X	2020	GDM
8277RSF IPRO	2011	GDM	O720 I2X	2020	GDM
82I78RSF IPRO	2018	GDM	O760 CE	2020	GDM
82K84RSF CE	2020	GDM	O790 IPRO	2020	GDM
83HO113 TP IPRO	2016	GDM	O850 CE	2020	GDM
83I85RSF IPRO	2020	GDM	95R51 RR	2012	DU PONT
8473RSF RR	2011	GDM	95Y02 IPRO	2018	DU PONT
84I85RSF IPRO	2015	GDM	95Y52 RR	2015	DU PONT
84I86RSF IPRO	2019	GDM	98Y12 RR	2010	DU PONT
8576RSF RR	2011	GDM	98Y30 RR	2009	DU PONT
8579RSF IPRO	2013	GDM	98Y70 RR	2007	DU PONT
9086RSF IPRO	2012	GDM	98Y11 RR	2006	DU PONT
NA5909 RG	2008	Syngenta	98Y51 RR	2006	DU PONT
A6411 RG	2008	Syngenta	SYN1059 RR	2010	Syngenta
ANTA82 RR	2008	TMG	SYN16861 IPRO	2016	Syngenta
AS3610 IPRO	2010	D&PL	SYN1687 IPRO	2016	Syngenta
AS3680 IPRO	2014	D&PL	TEC7022 IPRO	2013	BASF
AS3730 IPRO	2011	D&PL	TMG1176 RR	2009	TMG
AS3810 IPRO	2012	D&PL	TMG1179 RR	2009	TMG
BMX Ativa RR	2008	GDM	TMG132 RR	2008	TMG
BMX Potência RR	2007	GDM	TMG2181 IPRO	2013	D&PL
BMX Titan RR	2007	GDM	TMG2286 IPRO	2017	TMG
BRS6105 RR	2020	EMBRAPA	TMG2383 IPRO	2018	TMG
BS2606 IPRO	2013	D&PL	TMG7062 IPRO	2013	TMG
CD2728 IPRO	2011	D&PL	TMG7063 IPRO	2016	TMG
CZ37B43 IPRO	2018	GDM	W712 RR	2009	BASF
CZ48B32 IPRO	2018	BASF	W791 RR	2009	BASF

GDM: GDM Genética do Brasil S.A; TMG: TMG Tropical Melhoramento e Genética; D&PL: D&PL Brasil Ltda; Syngenta: Syngenta Seeds Ltda; FTS: FTS Sementes S.A; DU PONT: Du Pont do Brasil S.A; EMBRAPA: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. RR: Roundup Ready; IPRO: Roundup Ready + Bt; I2X: Intacta 2 Xtend; CE: Conksta Enlist™

Fonte: Autoria Própria (2022)

3.2.2 Análises estatísticas: testemunhas

A análise estatística foi realizada com o auxílio do pacote lmerTest (Kuznetsova *et al.*, 2017) e lme4 (Bates *et al.*, 2015), utilizando a função “lmer”. Todas as análises foram realizadas no software R (R CORE TEAM, 2020). O melhor preditor linear não viesado de cada testemunha foi obtido usando um modelo que inclui ano (safra testada), como de efeito fixo, local, cultivares, interação ano x local, interação cultivar x local, interação cultivar x ano, e interação ano x local x cultivar, como de efeitos aleatórios.

O seguinte modelo foi utilizado nesta análise:

$$Y_{ijrk} = \mu + k + e_j + g_i + (ge)_{ij} + (gk)_{ij} + (ke)_{ij} + (keg)_{ij} + r + \varepsilon_{ijrk}$$

onde Y_{ijrk} é o valor fenotípico para a replicação r do genótipo i no ambiente j , no ano k , μ é a média fenotípica geral, e_j é o efeito do ambiente j , g_i é o valor do genótipo i , $(ge)_{ij}$ é o efeito da interação entre o genótipo i e ambiente j , $(gk)_{ij}$ é a interação entre o genótipo e ano, $(ke)_{ij}$ é a interação entre o ano e o genótipo, $(keg)_{ij}$ é a interação tripla entre o ano, local e o genótipo, r é a replicação e o ε_{ijrk} é o resíduo.

As estimativas dos componentes da variância foram obtidas pela máxima verossimilhança restrita. Foi realizado a decomposição dos efeitos em fração, interação local x ano x genótipo, interação genótipo x local, genótipo x ano, ano x local, genótipo e local (L x A x G + G x L + G x A + A x L + G + L), para rendimento de grãos. As frações foram obtidas somando as estimativas da variância, e dividindo cada uma pelo total (COSTA NETO *et al.*, 2020).

As estimativas anuais de ganho foram calculadas a partir de análises de regressão, utilizando os valores de BLUP, de cada cultivar. Para todas as análises de regressão optou-se por utilizar o modelo linear, para que fosse possível quantificar o ganho ao longo dos anos.

$$\text{Modelo Linear: } y = a + bx$$

onde y é a variável dependente (rendimento de grãos); x é a variável independente (ano de registro); a é o intercepto; b é o coeficiente de regressão (inclinação) em diferentes fases da variável independente. As figuras foram construídas por meio do software SigmaPlot v.11.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Ganho Genético Plataforma Convencional

O número de genótipos (NG) e número de locais (NL) de teste variou durante safras e macrorregiões, decorrente de fatores como disponibilidade de sementes, e recursos para condução dos campos (financeiro, mão-de-obra), além de perdas de ensaios, por fatores bióticos e abióticos. Na macrorregião 1 (MR1), o número de genótipos variou de 30 a 155, e de locais 1 a 19. Para macrorregião 2 (MR2), 31 a 152 e 4 a 25, para (NG) e (NL), respectivamente. Já para macrorregião 3 (MR3), onde os testes deram início na safra 2015/16, o NG variou de 36 a 156 e NL 7 a 24. Para macrorregião 4 e 5 (MR4; MR5), o NG foi de (46 a 120; 18 a 99) e NL (8 a 25; 1 a 14), respectivamente (Tabela 5).

Os fatores principais de genótipo (G), Local (L) e a interação G x L foi significativa para todos os locais, com exceção do efeito de G para a macrorregião 1, na safra 2012/2013, e do efeito de L na macrorregião 5, na safra 2017/18. Em geral, o efeito de L representou a maior porcentagem da fração da variação, indicando que o rendimento das linhagens foi influenciado pelas mudanças de local. A acurácia seletiva dos ensaios convencionais variou de 0,26 a 0,97 (baixa a muito alta, precisão), entre safras e macrorregiões (Tabela S1).

A soja convencional foi predominante no mercado de cultivares, todavia, com o advento da soja RR1 (2005/06), depois RR2 IPRO (2013/14), a falta de lançamento de cultivares, devido ao baixo incentivo (renda extra), e problemas com o manejo de plantas daninhas e insetos, fez com que a demanda por parte dos agricultores, reduzisse. Contudo, pensando na necessidade de genitores para utilização em blocos de cruzamento, internamente, as empresas trabalham no desenvolvimento de linhagens convencionais.

O maior rendimento médio de grão foi de 4939 kg ha⁻¹ (MR1 safra 2016/17) e o menor rendimento foi de 3062 kg ha⁻¹ (MR1 safra 2012/13) (Tabela 5). A média do programa convencional, é de 3975,9 kg ha⁻¹.

Tabela 5 - Análise conjunta de variância da plataforma Convencional, envolvendo conjuntos de dados das safras 2011/12 a 2020/21 das diferentes regiões sojícolas brasileiras, com decomposição dos efeitos em fração interação genótipo x local, genótipo e local de teste (G x L + G + L), para rendimento de grãos. E número de genótipos (NG) e número de locais (NL) de teste por safra

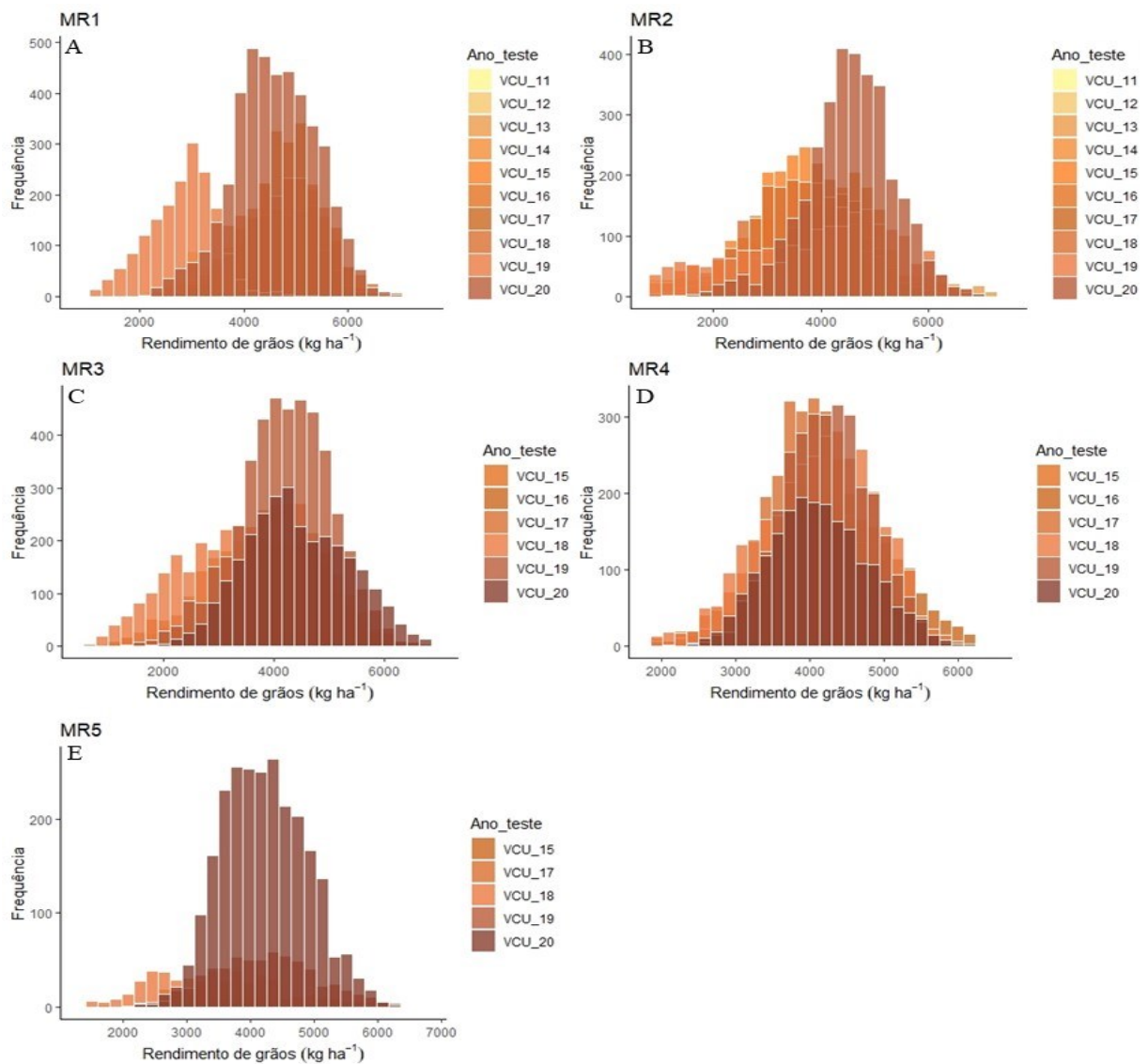
Fonte de Variação	Fração (G x L + G + L)										
	Rendimento de grãos (kg ha ⁻¹)										
Safra de teste	2011/12	2012/13	2013/14	2014/15	2015/16	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21	
Macrorregião 1	Gen x Loc	-	0,915**	0,186**	0,134**	0,154**	0,098**	0,123**	0,184**	0,106**	0,160**
	Gen	1**	0,000 ^{ns}	0,014**	0,008*	0,121**	0,117**	0,105**	0,090**	0,035**	0,031**
	Loc	-	0,085**	0,801**	0,858**	0,725**	0,785**	0,772**	0,726**	0,859**	0,809**
	Média	4440	3062	4015	4591	4391	4939	4697	4827	4578	4527
	N° de Gen	30	44	31	78	47	90	67	87	72	155
	N° de Loc	1	2	10	10	12	11	9	12	12	19
Macrorregião 2	Gen x Loc	0,043**	0,083**	0,063**	0,146**	0,266**	0,072**	0,074**	0,099**	0,045**	0,132**
	Gen	0,001*	0,058**	0,016**	0,014**	0,270**	0,044**	0,040**	0,024**	0,042**	0,034**
	Loc	0,956**	0,859**	0,922**	0,840**	0,464**	0,884**	0,886**	0,877**	0,914**	0,833**
	Média	3634	3218	3763	3413	3146	3990	4008	3442	3575	4355
	N° de Gen	43	44	31	39	72	90	67	97	85	152
	N° de Loc	4	6	11	10	9	12	13	16	17	25
Macrorregião 3	Gen x Loc	-	-	-	-	0,052**	0,076**	0,034**	0,049**	0,133**	0,160**
	Gen	-	-	-	-	0,025**	0,109**	0,199**	0,171**	0,051**	0,140**
	Loc	-	-	-	-	0,923**	0,815**	0,767**	0,780**	0,816**	0,700**
	Média	-	-	-	-	3276	3576	3755	3293	4183	4407
	N° de Gen	-	-	-	-	36	74	156	99	78	64
	N° de Loc	-	-	-	-	7	15	12	21	22	24
Macrorregião 4	Gen x Loc	-	-	-	-	0,097**	0,110**	0,082**	0,221**	0,176**	0,211**
	Gen	-	-	-	-	0,050**	0,062**	0,175**	0,088**	0,087**	0,053**
	Loc	-	-	-	-	0,853**	0,828**	0,743**	0,692**	0,737**	0,737**
	Média	-	-	-	-	3751	4239	3850	4013	4226	4131
	N° de Gen	-	-	-	-	46	86	103	99	47	120
	N° de Loc	-	-	-	-	8	19	20	24	25	18
Macrorregião 5	Gen x Loc	-	-	-	-	-	-	0,272**	0,141**	0,280**	0,061**
	Gen	-	-	-	-	1**	-	0,728**	0,005**	0,034**	0,045**
	Loc	-	-	-	-	-	-	0,000 ^{ns}	0,854**	0,686**	0,894**
	Média	-	-	-	-	3138	-	3642	3551	4227	4176
	N° de Gen	-	-	-	-	36	-	18	64	19	99
	N° de Loc	-	-	-	-	1	-	2	6	12	14

Gen: Genótipo; Loc: Local; Gen x Loc: Interação Genótipo x Local; N° de Gen: Número de genótipos testados (NG); N° de Loc: Número de locais de teste (NL). -: Safras sem teste de genótipos e locais. * e **: Valores significativos a 5% ($p < 0,05$) e 1% ($p < 0,01$) de probabilidade de erro, respectivamente; ^{ns}: Não significativo

Fonte: Autoria Própria (2022)

A frequência de seleção varia de safra para safra, e de acordo com a qualidade experimental. A amplitude de variação dos dados foi semelhante entre as macrorregiões. A distribuição de frequência e amplitude do rendimento de grãos, apresentado nos histogramas sobrepostos, não mostrou tendência de estagnação ao longo da série histórica estudada (Figura 2).

Figura 2 - Distribuição de frequência e amplitude do rendimento de grãos (kg ha^{-1}) da plataforma convencional, para a macrorregião 1 A), 2 B), 3 C), 4 D) e E) 5 para as safras de teste 2011/12 a 2020/21



Fonte: Autoria Própria (2022)

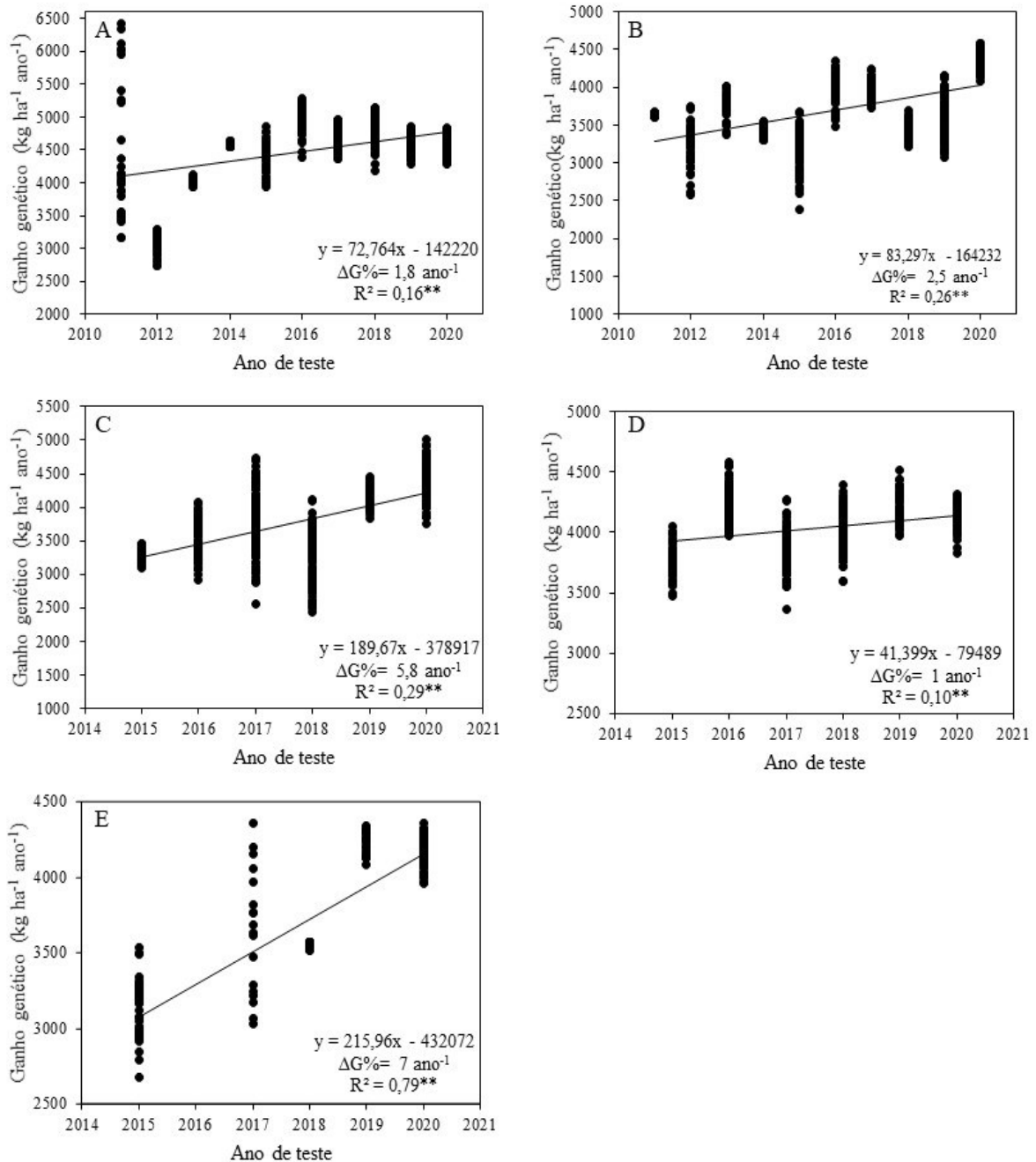
A análise de regressão identificou ganhos genéticos significativos e positivos, para a plataforma convencional, em todas as macrorregiões brasileiras. Na macrorregião 1 (MR1) e macrorregião 2 (MR2) os ganhos relativos foram de 1,8% ano⁻¹

¹ a 2,5% ano⁻¹, equivalendo a 72,76 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ($R^2= 0,16^{**}$) e 83,30 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ($R^2= 0,26^{**}$), respectivamente (Figura 3A e 3B). No estado do Paraná, Toledo *et al.* (1990) analisou dados derivados de estudo de linhagens de 1981 a 1986, encontrando progresso genético de 45,1 kg ha⁻¹ ano⁻¹ para grupo precoce e 36,8 kg ha⁻¹ ano⁻¹ para linhagens do grupo semiprecoce. No Rio Grande do Sul, Lange e Federizzi (2009), observaram taxas de ganho significativo em diferentes grupos de maturação, com ganhos de 18,5 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (0,87%) a 71,5 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (3,49%), dependendo da região e do grupo de maturidade.

Para MR3, MR4 e MR5, os ganhos relativos foram de 5,8% ano⁻¹, 1% ano⁻¹ e 7% ano⁻¹, respectivamente, o que representa, 189,67 ($R^2= 0,29^{**}$), 41,4 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ($R^2= 0,10^{**}$) e 215,96 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ($R^2= 0,79^{**}$) (Figura 3C, 3D e 3E). Segundo Nizio Giasson (conversa informal, 2021), especialmente para MR5, muitos genótipos já bem adaptados em MR4 foram levadas para teste, e os mais adaptados, estendido a área de recomendação, além também, da maturidade do programa em relação aos demais, fato que pode ter contribuído para ganhos relativos de 7% ano⁻¹, considerados elevados.

No Canadá, Morrison *et al.* (2000), cultivares lançadas entre 1934 até 1992, observaram taxas de ganho de 0,5% ano⁻¹. Nos Estados Unidos da América (EUA), Specht, Hume e Kumudini (1999), observou progresso para rendimento de grãos de 22,6 kg ha⁻¹ ano⁻¹, entre os anos 1924 a 1997, já para o intervalo de 1972 a 1997, taxa de 31,4 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Em outro estudo realizado no mesmo país, os autores encontraram ganhos de 14 kg ha⁻¹ ano⁻¹, em genótipos lançados entre 1940, 1950, 1970 e 1980 (USTUN; ALLEN; ENGLISH, 2001). Mezzalira (2017), empregando a metodologia de modelos mistos, estudou o progresso genético de genótipos de grupo de maturidade 8, nas MRs 3 e 4, e observou taxas de ganho de 18,3 kg ha⁻¹ ano⁻¹.

Figura 3 - Ganho genético ($\text{kg ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) para a plataforma convencional para as macrorregiões 1 A), macrorregião 2 B), macrorregião 3 C), macrorregião 4 D) e macrorregião 5 E), para as safras de teste 2011/12 a 2020/21



Os pontos no gráfico referem-se ao BLUP – melhor preditor linear não viesado, de cada linhagem, gerado para o caractere rendimento de grãos para o conjunto de locais de cada macrorregião avaliada. *, ** e ***: Coeficientes de regressão significativos a 5% ($p < 0,05$), 1% ($p < 0,01$) e 0,1% ($p < 0,001$) de probabilidade de erro, respectivamente; ns: Não significativo

Fonte: Autoria Própria (2022)

4.2 Ganho Genético Plataforma Intacta

Na plataforma Intacta, os dados de rendimento de grãos, a sua distribuição e amplitude, nas diferentes macrorregiões e safras estudadas, não se observou estagnação de ganhos (deslocamento dos histogramas para a direita), (Figura 4). A acurácia seletiva variou de 0,53 a 0,96, entre macrorregiões, demonstrando precisão experimental moderada a muito alta (Tabela S1), garantindo êxito no uso da metodologia para seleção.

Os componentes de variância, para rendimento de grãos, mostraram que a maior fonte de variação é representada pelo ambiente (local), em todas as safras e macrorregiões para a plataforma Intacta. As macrorregiões MR1 e MR2 apresentam maior variância ambiental. De acordo com Lima *et al.* (2008), essas regiões apresentam forte heterogeneidade ambiental, por isso necessitam de maior número de locais de teste.

Em geral, a maior fração da variância ambiental pode ser explicada pela diversidade dos locais de teste, longitude (44,20 a 59,79 O), latitude (4,08 a 30,34 S), altitude (59 m a 1110 m), temperaturas, distribuição de chuvas, tipos de solo, etc., A interação G x L, em geral, compõe a segunda maior porcentagem de variação. É importante ressaltar, que se deve controlar ou reduzir a interação, uma vez que dependendo da sua magnitude, a complexidade em selecionar um genótipo é aumentada. O maior rendimento médio de grão foi de 4779 kg ha⁻¹ (MR1 safra 2017/18) e o menor rendimento foi de 2143 kg ha⁻¹ (MR5 safra 2012/13) (Tabela 5). A média do programa Intacta é de 3569 kg ha⁻¹. (Tabela 6).

Tabela 6 - Análise conjunta de variância da plataforma Intacta, envolvendo conjuntos de dados das safras 2011/12 a 2020/21 das diferentes regiões sojícolas brasileiras, com decomposição dos efeitos em fração interação genótipo x local, genótipo e local de teste (G x L + G + L), para rendimento de grãos. E número de genótipos (NG) e número de locais (NL) de teste por safra (continua)

Fonte de Variação	Fração (G x L + G + L)										
	Rendimento de grãos										
Safra de teste	2011/12	2012/13	2013/14	2014/15	2015/16	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21	
Macrorregião I	Gen x Loc	0,371**	0,156**	0,040**	0,107**	0,142**	0,157**	0,204**	0,179**	0,141**	0,232**
	Gen	0,206**	0,086**	0,015**	0,041**	0,092**	0,212**	0,103**	0,094**	0,063**	0,049**
	Loc	0,423**	0,758**	0,945**	0,852**	0,767**	0,631**	0,693**	0,727**	0,796**	0,719**
	Média	2997	3447	3587	4292	4646	4699	4779	4358	4508	4598
	Nº de Gen	168	251	254	131	71	97	69	87	51	126
	Nº de Loc	6	15	16	16	16	13	12	14	12	19

Tabela 6 - Análise conjunta de variância da plataforma Intacta, envolvendo conjuntos de dados das safras 2011/12 a 2020/21 das diferentes regiões sojícolas brasileiras, com decomposição dos efeitos em fração interação genótipo x local, genótipo e local de teste (G x L + G + L), para rendimento de grãos. E número de genótipos (NG) e número de locais (NL) de teste por safra

(conclusão)											
Safra de teste	2011/12	2012/13	2013/14	2014/15	2015/16	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21	
Macrorregião 2	Gen x Loc	0,141**	0,132**	0,043**	0,193**	0,304**	0,144**	0,109**	0,111**	0,060**	0,245**
	Gen	0,047**	0,085**	0,020**	0,050**	0,069**	0,129**	0,084**	0,015**	0,027**	0,076**
	Loc	0,812**	0,783**	0,937**	0,757**	0,627**	0,727**	0,807**	0,874**	0,913**	0,679**
	Média	2721	3638	4333	3516	3300	4303	4226	3388	3872	4308
	Nº de Gen	168	250	235	215	170	175	117	96	51	129
	Nº de Loc	13	16	19	19	27	23	28	18	18	23
	Safra de teste	2011/12	2012/13	2013/14	2014/15	2015/16	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21
Macrorregião 3	Gen x Loc	0,283**	0,272**	0,195**	0,154**	0,133**	0,172**	0,091**	0,057**	0,259**	0,241**
	Gen	0,071**	0,186**	0,109**	0,186**	0,226**	0,091**	0,128**	0,103**	0,086**	0,108**
	Loc	0,645**	0,542**	0,696**	0,661**	0,641**	0,737**	0,780**	0,840**	0,655**	0,650**
	Média	3863	3350	3269	2651	3240	3986	3998	3594	4592	4531
	Nº de Gen	188	418	342	244	180	159	209	149	23	33
	Nº de Loc	7	11	10	11	12	15	17	22	5	27
	Safra de teste	2011/12	2012/13	2013/14	2014/15	2015/16	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21
Macrorregião 4	Gen x Loc	0,013**	0,278**	0,241**	0,243**	0,317**	0,181**	0,227**	0,273**	0,212**	0,263**
	Gen	0,020**	0,292**	0,179**	0,216**	0,143**	0,076**	0,211**	0,096**	0,120**	0,087**
	Loc	0,967**	0,430**	0,580**	0,541**	0,540**	0,743**	0,561**	0,631**	0,668**	0,649**
	Média	3404	3450	3393	3495	3745	4415	3877	4050	4347	4504
	Nº de Gen	46	376	335	281	187	190	227	168	46	92
	Nº de Loc	4	15	16	23	24	32	25	27	23	21
	Safra de teste	2011/12	2012/13	2013/14	2014/15	2015/16	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21
Macrorregião 5	Gen x Loc	-	0,371**	0,343**	0,256**	0,280**	0,174**	0,154**	0,164**	0,142**	0,276**
	Gen	-	0,044**	0,056**	0,209**	0,035**	0,093**	0,059**	0,178**	0,101**	0,164**
	Loc	-	0,584**	0,601**	0,535**	0,685**	0,732**	0,786**	0,658**	0,757**	0,561**
	Média	-	2143	2729	2949	3018	3859	3883	3741	4251	4276
	Nº de Gen	-	218	158	257	222	115	168	105	52	46
	Nº de Loc	-	5	5	7	5	9	9	10	15	14

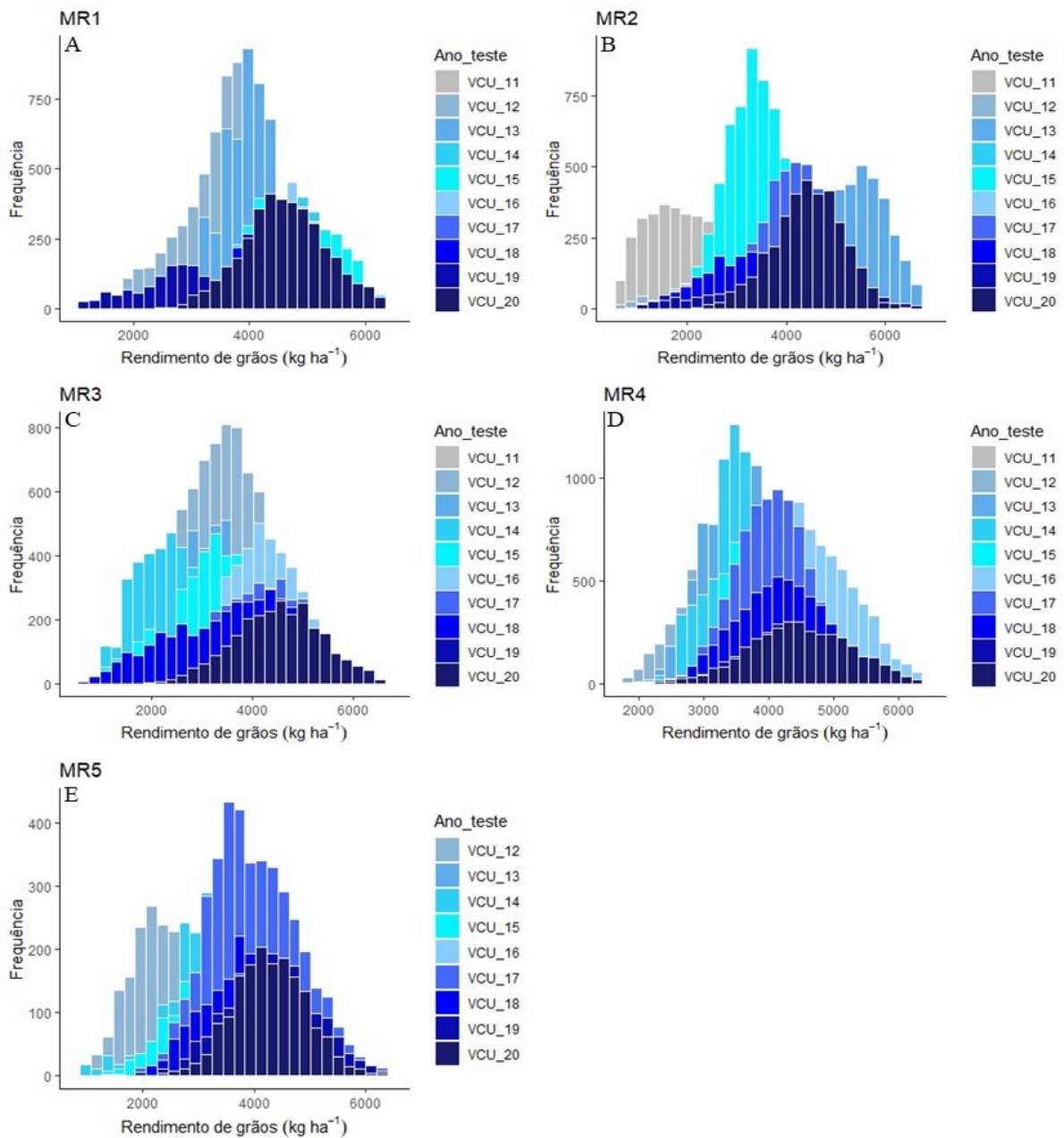
Gen: Genótipo; Loc: Local; Gen x Loc: Interação Genótipo x Local; Nº de Gen: Número de genótipos testados (NG); Nº de Loc: Número de locais de teste (NL). - : Safras sem teste de genótipos e locais. * e **: Valores significativos a 5% ($p < 0,05$) e 1% ($p < 0,01$) de probabilidade de erro, respectivamente; ns: Não significativo

Fonte: Autoria Própria (2022)

De acordo com Seo et al. (2022), a abertura de vagens é um processo essencial na dispersão de sementes em espécies selvagens, contudo, na soja retornam em perdas significativas de rendimento e esse problema precisa ser descartado por meio de seleção de materiais tolerantes versus os suscetíveis. Ainda na safra 2018/19, a região foi acometida por déficit hídrico (Figura 5B), (Rafael Felix

Costa, 2021, comunicação informal). Segundo uma análise realizada por Pinto et al. (2019) o balanço hídrico do período de dezembro a março da safra de 2018/2019 apresentou déficits hídricos expressivos que podem ter influenciado na produtividade final da soja, e a maior severidade ocorreu em janeiro/fevereiro, período mais crítico para a cultura (enchimento de grãos).

Figura 4 - Distribuição de frequência e amplitude do rendimento de grãos (kg ha^{-1}) da plataforma Intacta, para a macrorregião 1 A), 2 B), 3 C), 4 D) e E) 5 para as safras de teste 2011/12 a 2020/21



Fonte: Autoria Própria (2022)

Em MR3 e MR4, o ganho acumulado foi de 77,67 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ($R^2= 0,12^{**}$; 2,4% ano⁻¹) e 133,08 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ($R^2 = 0,58^{**}$; 4,1% ano⁻¹) (Figura 5C e 5D). Já para MR5, a série histórica de safras compreende um período de 2012/13 a 2020/21. Os valores de BLUP baixos nas safras de teste inicial, podem ser explicados pelas áreas ainda pouco exploráveis pela cultura, principalmente devido à baixa latitude, fator que interfere no fotoperíodo da cultura e conseqüentemente no rendimento, além da fonte de germoplasma de grupo de maturidade 8.2 ser única da região, não sendo explorada em mais nenhum lugar do mundo.

Todavia, com os esforços do melhoramento, ao longo dos anos, foi observado um ganho de 281,15 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (12,1 % ano⁻¹) (Figura 5E). Além disso, segundo Anderson Dallastra, (comunicação informal, 2021), muitas linhagens oriundas da MR4, programa mais bem estabelecido, foram levadas para MR5, aumentou-se o número de locais e a variabilidade genética explorada, favorecendo taxas elevadas de progresso.

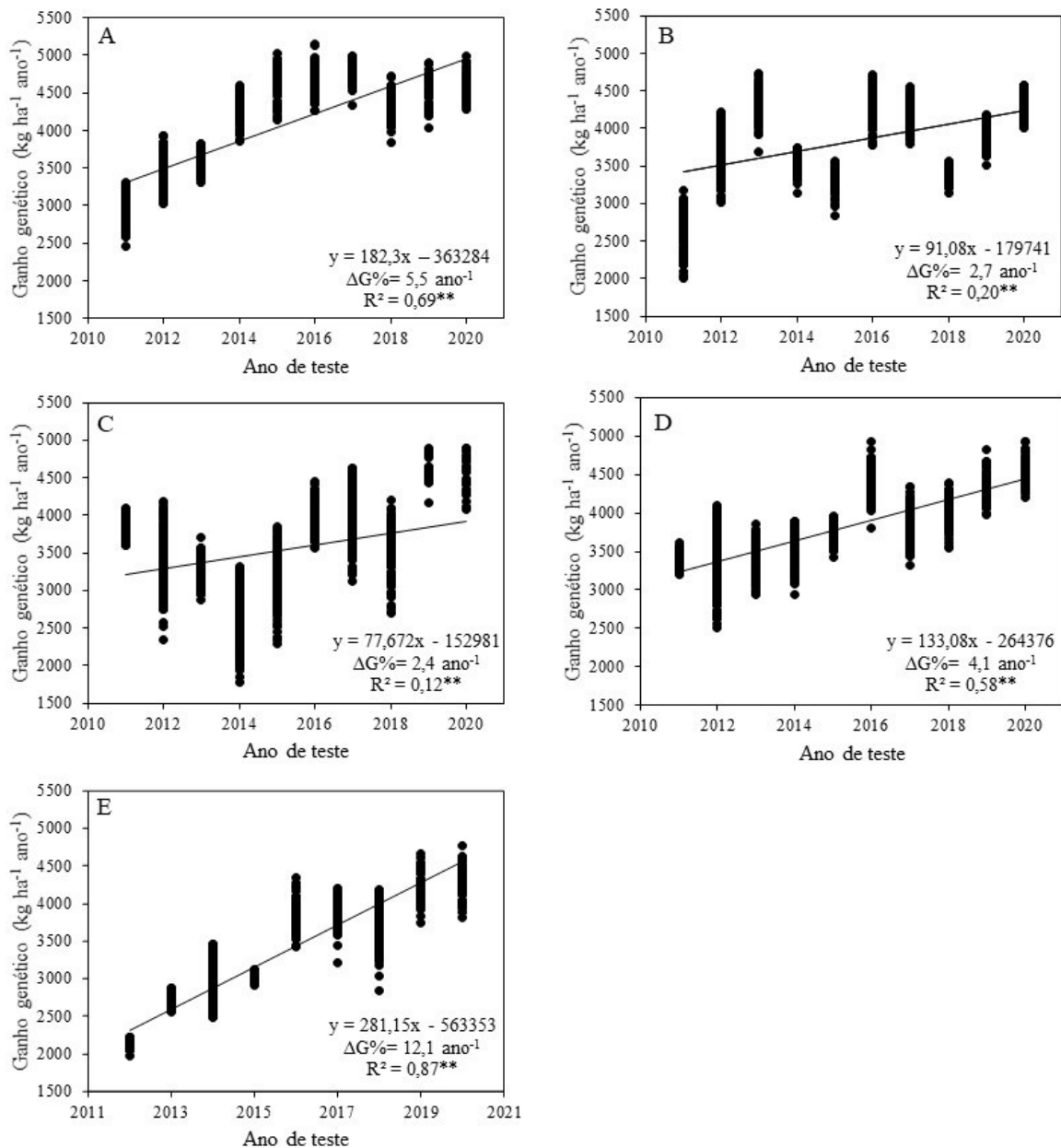
Estudando o progresso genético na Argentina, de cultivares (convencionais, RR1 e RR2) lançadas entre 1980 e 2014, De Felipe, Gerde e Rotundo (2016), observaram ganho genético para RG de 44,3 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (1,1% ano⁻¹). Nos EUA, foi observado um ganho em rendimento de 23 kg ha⁻¹ ano⁻¹ para GM II e III e 20 kg ha⁻¹ ano⁻¹ para GM IV, com cultivares lançadas durante 80 anos de esforços de melhoramento genético (ROWNTREE *et al.*, 2013). O estudo envolvia Planta introduction (Pis) e cultivares de diferentes empresas obtentoras. Specht e Williams (1984), também nos EUA observaram progresso de 29, 17 e 22 kg ha⁻¹ ano⁻¹ para os grupos de maturidade II, III e IV, respectivamente.

Em estudo onde foram avaliadas 93 cultivares de soja no EUA, de diferentes grupos de maturidade, lançadas entre 1928 e 2008, constatou-se ganhos de 17,6 kg ha⁻¹ ano⁻¹ para GM V, 13,5 kg ha⁻¹ ano⁻¹, para GM VI e 10,3 kg ha⁻¹ ano⁻¹, para GM VII (BOEHM *et al.*, 2019). Na china, Wang *et al.* (2016), avaliando cultivares lançadas entre 1929 e 2004 observaram ganho em produtividade de 9,97 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Segundo os autores, o aumento de produtividade está ligado ao aumento no número de sementes por vagem e peso de sementes.

No Brasil, foi realizado estudo do progresso genético para a região sul, centro-oeste e norte/nordeste. O estudo compreende cultivares convencionais e RR1, de diferentes empresas de melhoramento, disponibilizadas para cultivo entre os anos de 1966 e 2011. As taxas de ganho para a região sul foram de 15,31 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (0,42%

ano⁻¹). As MR1 e MR2 apresentaram ganhos de 14,89 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (0,39% ano⁻¹) e 14,47 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (0,42% ano⁻¹), respectivamente. Para a região centro-oeste, mais especificamente, a MR4, a estimativa de ganho foi de 17,55 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Já para a região norte/nordeste o autor não observou ganho significativo ao longo dos anos (MILIOLI, 2021).

Figura 5 - Ganho genético (kg ha⁻¹ ano⁻¹) para a plataforma Intacta para as macrorregiões 1 A), macrorregião 2 B), macrorregião 3 C), macrorregião 4 D) e macrorregião 5 E), para as safras de teste 2010/11 a 2020/21



Os pontos no gráfico referem-se ao BLUP – melhor preditor linear não viesado, de cada linhagem, gerado para o caractere rendimento de grãos para o conjunto de locais de cada macrorregião avaliada. *, ** e ***: Coeficientes de regressão significativos a 5% ($p < 0,05$), 1% ($p < 0,01$) e 0,1% ($p < 0,001$) de probabilidade de erro, respectivamente; ns: Não significativo

Fonte: Autoria Própria (2022)

4.3 Ganho Genético Plataforma Conkesta Enlist E3™

A tecnologia Conkesta Enlist E3™, desenvolvida pela Corteva Agriscience oferece segurança para o controle de plantas daninhas e lagartas da soja. O sistema conta com tolerância das plantas ao herbicida glifosato, 2,4-D e glufosinato de amônio, além de duas proteínas Bts (Cry 1F e Cry1AC) (CORTEVA, 2021). Culturas geneticamente modificadas tem por objetivo melhorar os rendimentos, através de características, como tolerância aos herbicidas e aos estresses abióticos, resistência a insetos e doenças etc. (KUMAR *et al.*, 2020).

A série histórica da plataforma Conkesta Enlist E3™ compreendem sete safras (2014/15 a 2020/21). A acurácia seletiva entre safras e macrorregiões variaram entre 0,68 e 0,94 indicando alta precisão experimental (Tabela S1). Os efeitos do genótipo, local e interação G x L foram significativos para todas as safras e macrorregiões. A maior proporção da variação foi explicada pelo fator principal de local.

Vale destacar, ainda, a macrorregião 3, que em relação as demais regiões, apresenta maior variabilidade genética, explicado por ser uma região que recebe materiais de transição de diferentes macrorregiões do Brasil e também germoplasma argentino. Isso ocorre devido ao amplo número de grupos de maturação adaptados as diferentes microrregiões que se estendem por todo o território dos estados de Goiás, Mato Grosso e Minas Gerais (Tabela 7), observado isso também na dispersão dos valores de BLUP (Figura 7C) (Franco Zanotti, 2021, comunicação informal).

O número de genótipos (NG), variou de 106 a 49 e número de locais (NL) 5 a 19, em MR1. Para MR2, 331 a 49 e 4 a 23, NG e NL, respectivamente. Em MR3, variou de 22 a 124 NG e 3 a 27 NL. Em MR4 os testes iniciaram na safra 2016/17, e nesta foram testados 124 genótipos em 4 locais. Em MR5, os dados compreendem as safras 2018/19 a 2020/21. O maior rendimento médio de grão foi de 4884 kg ha⁻¹ (MR1 safra 2019/20) e o menor rendimento foi de 2807 kg ha⁻¹ (MR3 safra 2015/16) (Tabela 5). A média do programa Conkesta Enlist E3™ no Brasil, foi de 3871 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (Tabela 7).

Tabela 7 - Análise conjunta de variância da plataforma Conkesta Enlist E3™ envolvendo conjuntos de dados das safras 2014/15 a 2020/21 das diferentes regiões sojícolas brasileiras, com decomposição dos efeitos em fração interação genótipo x local, genótipo e local de teste (G x L + G + L), para rendimento de grãos. E número de genótipos (NG) e número de locais (NL) de teste por safra

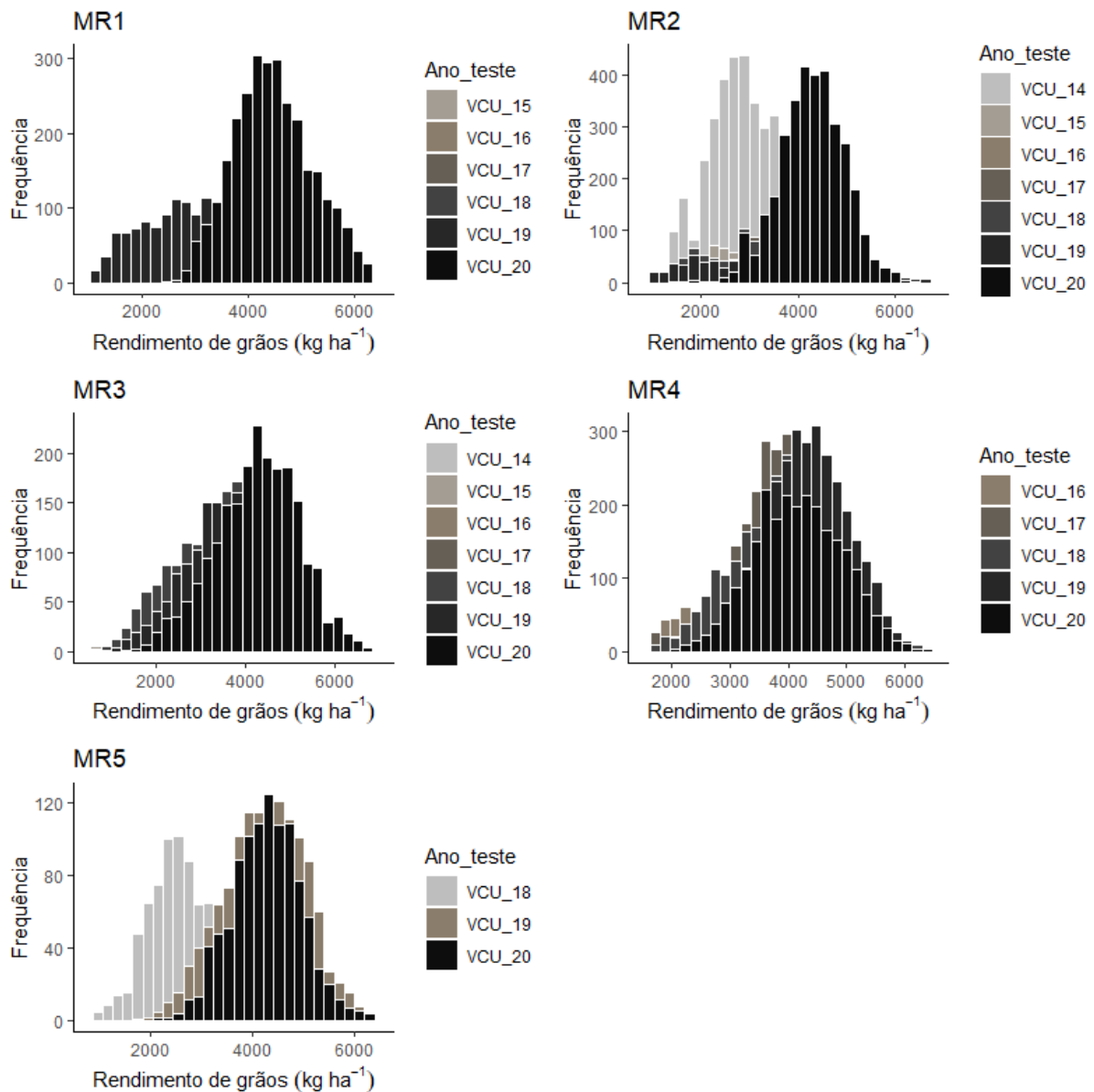
Fonte de Variação	Fração (G x L + G + L)						
	Rendimento de grãos (kg ha ⁻¹)						
	2014/15	2015/16	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21
Macrorregião 1							
Safra de teste							
Gen x Loc	-	0,144**	0,205**	0,070**	0,224**	0,097**	0,156**
Gen	-	0,132**	0,168**	0,059**	0,054**	0,037**	0,054**
Loc	-	0,724**	0,627**	0,871**	0,723**	0,865**	0,790**
Média	-	4308	4247	4476	4230	4884	4457
N° de Gen	-	72	106	65	64	49	106
N° de Loc	-	5	5	9	14	12	19
Macrorregião 2							
Safra de teste							
Gen x Loc	0,203**	0,219**	0,302**	0,175**	0,071**	0,073**	0,261**
Gen	0,343**	0,071**	0,066**	0,090**	0,031**	0,023**	0,097**
Loc	0,454**	0,710**	0,632**	0,735**	0,898**	0,904**	0,642**
Média	2822	2951	3709	4093	3393	3693	4206
N° de Gen	331	68	94	65	72	49	110
N° de Loc	7	5	4	11	18	17	23
Macrorregião 3							
Safra de teste							
Gen x Loc	0,073**	0,187**	0,519**	0,057**	0,030**	0,143**	0,189**
Gen	0,023**	0,415**	0,331**	0,185**	0,246**	0,203**	0,173**
Loc	0,904**	0,398**	0,151**	0,758**	0,724**	0,654**	0,638**
Média	2839	2807	3485	3320	3208	3701	4275
N° de Gen	49	46	124	22	51	37	28
N° de Loc	17	3	3	13	19	19	27
Macrorregião 4							
Safra de teste							
Gen x Loc	-	-	0,155**	0,110**	0,152**	0,199**	0,216**
Gen	-	-	0,207**	0,092**	0,103**	0,156**	0,359**
Loc	-	-	0,638**	0,798**	0,745**	0,644**	0,425**
Média	-	-	3110	3462	3854	4349	4111
N° de Gen	-	-	124	57	76	48	69
N° de Loc	-	-	4	13	23	25	21
Macrorregião 5							
Safra de teste							
Gen x Loc	-	-	-	-	0,151**	0,187**	0,238**
Gen	-	-	-	-	0,123**	0,116**	0,237**
Loc	-	-	-	-	0,726**	0,697**	0,525**
Média	-	-	-	-	4065	4216	4270
N° de Gen	-	-	-	-	68	30	31
N° de Loc	-	-	-	-	5	16	14

Gen: Genótipo; Loc: Local; Gen x Loc: Interação Genótipo x Local; N° de Gen: Número de genótipos testados (NG); N° de Loc: Número de locais de teste (NL). - : Safras sem teste de genótipos e locais. * e **: Valores significativos a 5% ($p < 0,05$) e 1% ($p < 0,01$) de probabilidade de erro, respectivamente; ns: Não significativo

Fonte: Autoria Própria (2022)

A variação e amplitude nos ganhos e RG na plataforma Conkesta Enlist E3™, ao longo das safras, é reflexo do número de linhagens testadas, a eficiência de seleção, as interações genótipo por ambiente e a biotecnologia envolvida (Figura 6).

Figura 6 - Distribuição de frequência e amplitude do rendimento de grãos (kg ha⁻¹) da plataforma Conkesta Enlist E3™, para a macrorregião 1 A), 2 B), 3 C), 4 D) e E) 5 para as safras de teste 2014/15 a 2020/21



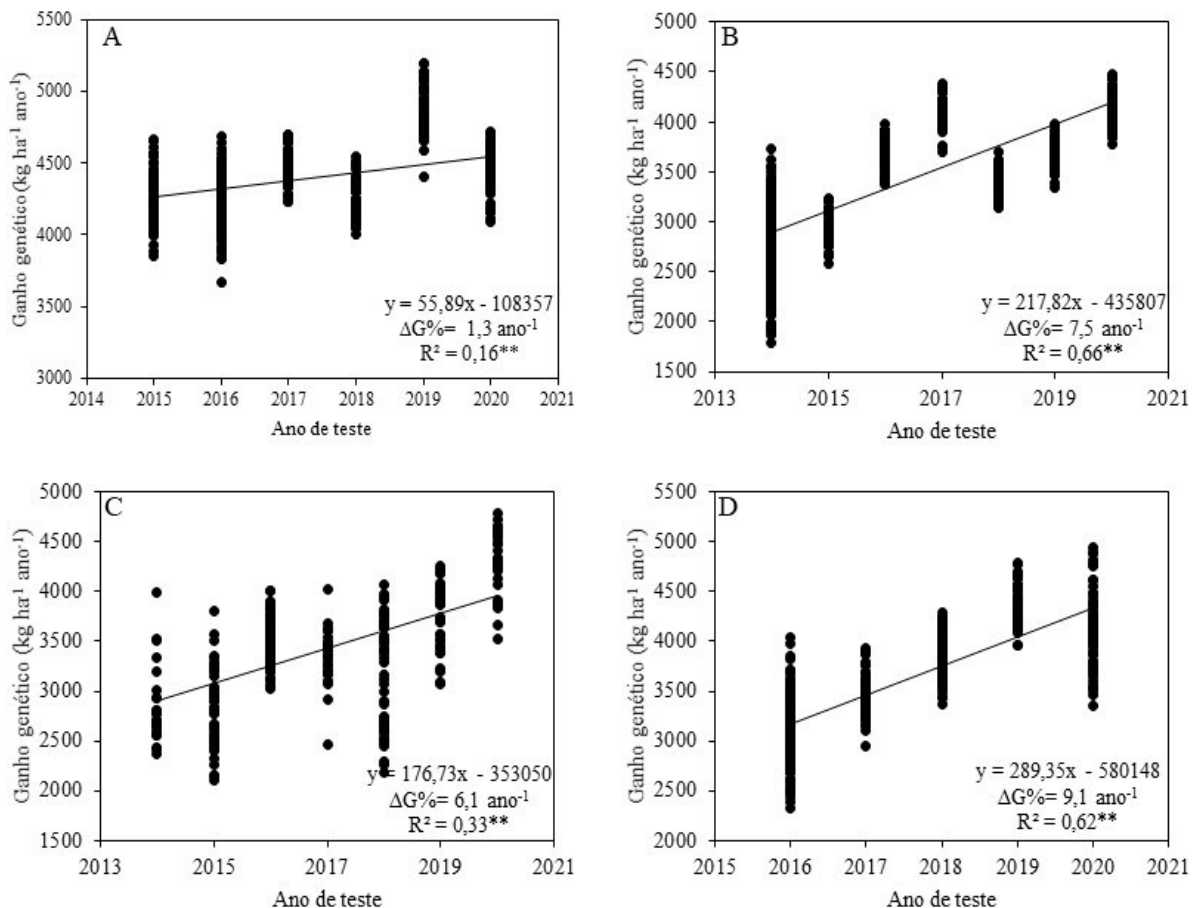
Fonte: Autoria Própria (2022)

Para MR1, foi observado progresso significativo nas estimativas de rendimento e ganho 55 kg ha⁻¹ ano⁻¹, 1,3 % ano⁻¹, ($R^2 = 0,16^{**}$) (Figura 7A). Para macrorregião 2, o ganho obtido foi de 217,82 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ($R^2 = 0,66^{**}$; 7,5 % ano⁻¹) (Figura 7B). Já para as linhagens dos ensaios de VCU, testadas em MR3, durante as

safras 2014/15 a 2020/21, o progresso genético foi de 176,73 kg ha⁻¹ ano⁻¹, 6,1% ano⁻¹ (Figura 7C).

Em MR4, para essa plataforma, observou-se o maior ganho, 289,35 kg ha⁻¹ ano⁻¹ o que representa 9,1 % ano⁻¹ (Figura 7D). Em MR5, o ganho reportado nos três anos de teste foi de 204,85 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (dados não apresentados). Em geral, para todas as macrorregiões, a plataforma apresentou uma troca de patamar da safra 2017/18 para 2018/19, possivelmente devido a saída dos ensaios regulados, aumentando assim o número de ambientes testados e a assertividade de seleção (Tabela 7).

Figura 7 - Ganho genético (kg ha⁻¹ ano⁻¹) da plataforma Conkesta Enlist E3TM, para a macrorregião 1 A), macrorregião 2 B) macrorregião 3 C) e macrorregião 4 D) para as safras de teste 2014/15 a 2020/21



Os pontos no gráfico referem-se ao BLUP – melhor preditor linear não viesado, de cada linhagem, gerado para o caractere rendimento de grãos para o conjunto de locais de cada macrorregião avaliada. *, ** e ***: Coeficientes de regressão significativos a 5% ($p < 0,05$), 1% ($p < 0,01$) e 0,1% ($p < 0,001$) de probabilidade de erro, respectivamente; ns: Não significativo
Fonte: Autoria Própria (2022)

O cultivo de safras transgênicas aumenta a produtividade agrícola mundial (KUMAR *et al.*, 2020). A área mundial de culturas transgênicas aumentou de 1,7

milhões de hectares em 1996, para 191,7 milhões em 2018 (ISAAA, 2018). Desses, 95,9 milhões de hectares (50%) eram de soja transgênica (ISAAA, 2018). O aumento da produtividade está atrelado ao menor dano por plantas daninhas, pragas e doenças. Em geral as culturas geneticamente modificadas reduzem a lacuna entre o rendimento potencial e o rendimento da fazenda, uma vez que o manejo para os agricultores fica mais simplificado, além de garantir mais sustentabilidade e lucratividade. A tecnologia Conkesta Enlist E3™ vem agregar neste sentido.

Assim, esforços dos programas de melhoramento obtidos ao longo dos anos, demonstram progresso positivo no rendimento de grãos, ao redor do mundo. Contudo, não existe nenhum estudo que tenha quantificado o ganho genético para essa tecnologia, portanto esse trabalho é inédito, e demonstra o potencial dos programas de melhoramento, em desenvolver cultivares transgênicas com elevado potencial produtivo.

4.4 Ganho Genético Plataforma Intacta 2 Xtend

A plataforma Intacta 2 Xtend compreende um menor número de safras testadas 2016/17 a 2020/21. Essa biotecnologia proporciona resistência aos herbicidas glifosato e Dicamba, além de ampliação de controle ao complexo de lagartas da soja.

Para os cinco anos de ensaios de VCU, além das cinco macrorregiões de cultivo, observou-se variância significativa para os efeitos de genótipo, local e interação (G x L). Como nas demais plataformas, a maior proporção da variação foi explicada pelo fator principal de local (Tabela 8). Em geral, todos os ensaios apresentaram alta precisão experimental (Tabela S1). O número de genótipos (NG) variou de 20 a 150 na macrorregião 1, e o número de locais (NL) de 5 a 19. Já em MR2, MR3, MR4 e MR5 as amplitudes foram de (20 a 150; 5 a 18), (21 a 96; 3 a 27), (20 a 98; 4 a 25) e (16 a 62; 9 a 14), para número de genótipos e local, respectivamente (Tabela 8).

O maior rendimento médio de grão foi de 5068 kg ha⁻¹ (MR1 safra 2017/18) e o menor rendimento foi de 3476 kg ha⁻¹ (MR3 safra 2018/19) (Tabela 8). A média, de rendimento, para essa plataforma no Brasil, é de 4343,3 kg ha⁻¹. A base para esta plataforma, é de origem Intacta, programa mais maduro e com elevado teto produtivo, logo era esperado que o programa ficasse estagnado ou não apresentasse progresso.

Tabela 8 - Análise conjunta de variância da plataforma Intacta 2 Xtend envolvendo conjuntos de dados das safras 2016/17 a 2020/21 das diferentes regiões sojícolas brasileiras, com decomposição dos efeitos em fração interação genótipo x local, genótipo e local de teste (G x L + G + L), para rendimento de grãos. E número de genótipos (NG) e número de locais (NL) de teste por safra

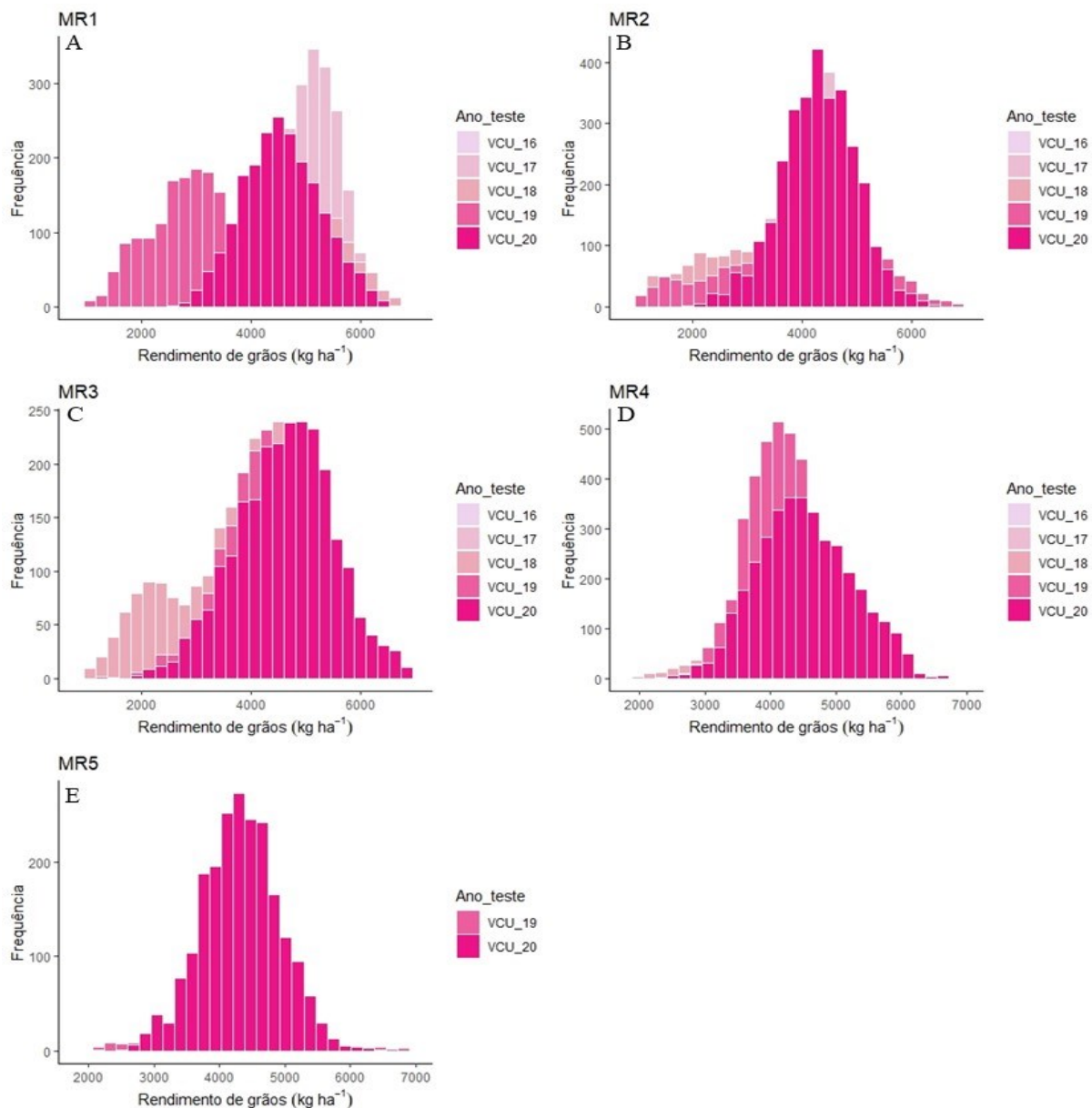
Fonte de Variação	Fração (G x L + G + L)				
	Rendimento de grãos (kg ha ⁻¹)				
	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21
Macrorregião 1					
Safra de teste	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21
Gen x Loc	0,038**	0,131**	0,146**	0,120**	0,320**
Gen	0,076**	0,036**	0,005**	0,031**	0,037**
Loc	0,886**	0,833**	0,850**	0,848**	0,643**
Média	4889	5068	4606	4731	4483
N° de Gen	20	150	60	60	88
N° de Loc	5	5	14	12	19
Macrorregião 2					
Safra de teste	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21
Gen x Loc	0,052**	0,161**	0,106**	0,061**	0,191**
Gen	0,030**	0,026**	0,061**	0,042**	0,066**
Loc	0,918**	0,813**	0,834**	0,897**	0,743**
Média	3553	4193	3850	3654	4222
N° de Gen	20	150	67	60	90
N° de Loc	5	5	18	17	23
Macrorregião 3					
Safra de teste	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21
Gen x Loc	0,112**	0,245**	0,022**	0,126**	0,209**
Gen	0,114**	0,207**	0,152**	0,130**	0,086**
Loc	0,775**	0,548**	0,826**	0,744**	0,705**
Média	4018	4834	3476	4099	4599
N° de Gen	21	96	63	36	33
N° de Loc	3	4	20	20	27
Macrorregião 4					
Safra de teste	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21
Gen x Loc	0,037**	0,528**	0,074**	0,201**	0,235**
Gen	0,133**	0,312**	0,035**	0,083**	0,035**
Loc	0,830**	0,160**	0,890**	0,716**	0,730**
Média	3728	4650	3986	4192	4567
N° de Gen	20	24	70	62	98
N° de Loc	4	3	16	25	21
Macrorregião 5					
Safra de teste	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21
Gen x Loc	-	-	-	0,059**	0,279**
Gen	-	-	-	0,001**	0,136**
Loc	-	-	-	0,940**	0,585**
Média	-	-	-	4293	4339
N° de Gen	-	-	-	16	62
N° de Loc	-	-	-	9	14

Gen: Genótipo; Loc: Local; Gen x Loc: Interação Genótipo x Local; N° de Gen: Número de genótipos testados (NG); N° de Loc: Número de locais de teste (NL). - : Safras sem teste de genótipos e locais. * e **: Valores significativos a 5% ($p < 0,05$) e 1% ($p < 0,01$) de probabilidade de erro, respectivamente; ns: Não significativo

Fonte: Autoria Própria (2022)

Na macrorregião 1 e 3 não foi observado progresso genético. A taxa foi de $-162,5 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ ($R^2= 0,70^{***}$) e $-80,38 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ ($R^2= 0,02^*$), respectivamente (Figura 9A). Segundo (Franco Zanotti e Welton Zaluski, 2021, comunicação informal), o programa de melhoramento da macrorregião 3, recebe muitos materiais de origem Argentina, descaracterizados, desencadeando descartes por fenótipo, grupo de maturidade e adaptação ao germoplasma. Além disso, o número reduzido de linhagens testadas em ensaios CQB (Certificado de Qualidade em Biossegurança), restringem aumentar a média e ter indivíduos mais adaptados.

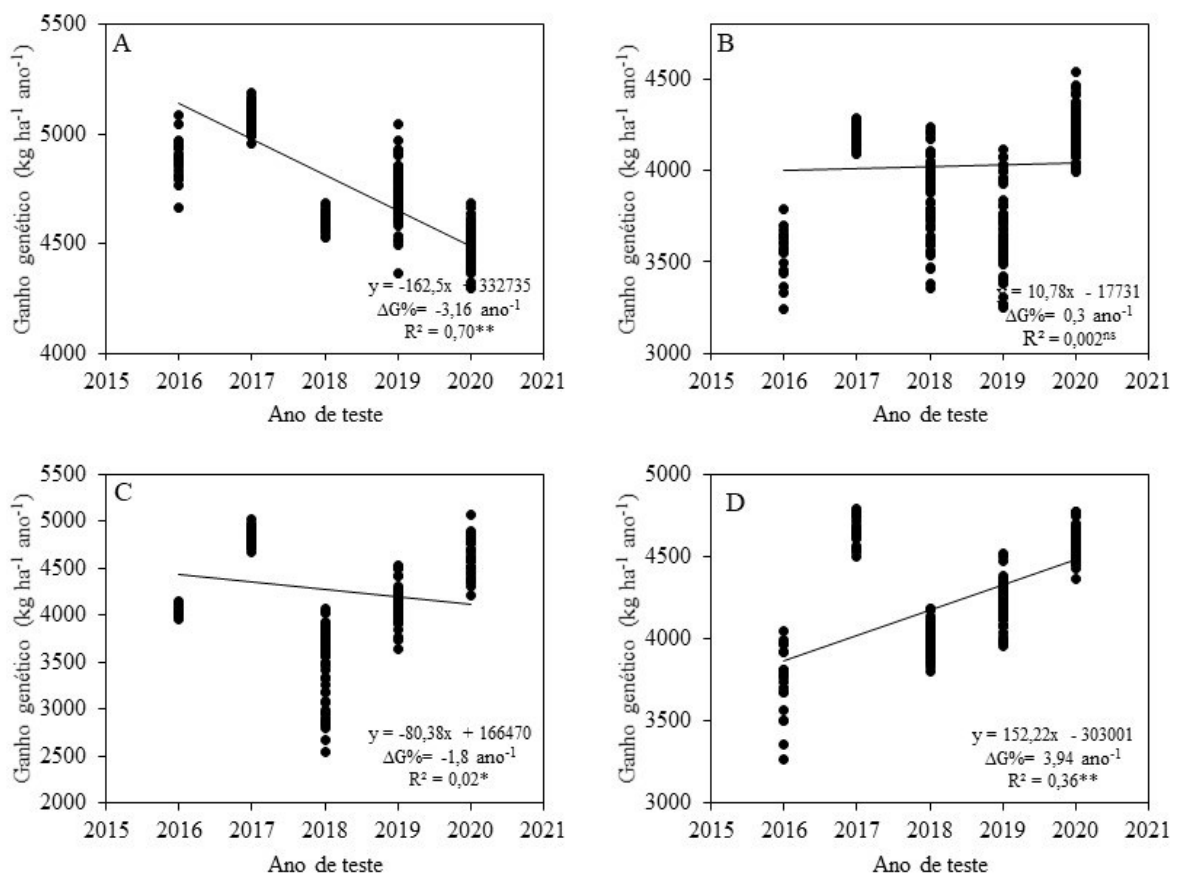
Figura 8 - Distribuição de frequência e amplitude do rendimento de grãos (kg ha^{-1}) da plataforma Intacta 2 Xtend, para a macrorregião 1 A), 2 B), 3 C), 4 D) e E) 5 para as safras de teste 2016/17 a 2020/21



Fonte: Autoria Própria (2022)

Para MR2, os resultados mostraram tendência de ganho, porém não foi significativo (Figura 9B). De acordo com (Nizio Giasson, 2021, comunicação informal), o primeiro ano da série histórica (média baixa), está atrelado a materiais descaracterizados, vindos direto da Argentina, não adaptados, conduzidos em ensaios CQB com número de locais reduzidos, impactando assim no rendimento inferior (Tabela 8; Figura 9B).

Figura 9 - Ganho genético ($\text{kg ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) da plataforma Intacta 2 Xtend, para a macrorregião 1 A), macrorregião 2 B) macrorregião 3 C) e macrorregião 4 D) para as safras de teste 2016/17 a 2020/21



Os pontos no gráfico referem-se ao BLUP – melhor preditor linear não viesado, de cada linhagem, gerado para o caractere rendimento de grãos para o conjunto de locais de cada macrorregião avaliada. *, ** e ***: Coeficientes de regressão significativos a 5% ($p < 0,05$), 1% ($p < 0,01$) e 0,1% ($p < 0,001$) de probabilidade de erro, respectivamente; ns: Não significativo
Fonte: Autoria Própria (2022)

O rendimento médio das linhagens da região centro-oeste, mais especificamente na MR4, aumentou constantemente ao longo dos anos de teste e seleção, favorecendo o progresso positivo (Figura 8D). A taxa de aumento, foi de $152,22 \text{ kg ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$ ($R^2 = 0,36$; $p < 0,001$) (Figura 9D). Os valores baixos de BLUP, do primeiro ano, se referem ao número limitado de materiais testados, e muitos destes

materiais de ciclo curto, oriundos de transição da MR3, contudo, à medida que materiais derivados de cruzas de materiais adaptados a MR4, chegaram aos ensaios, o rendimento conseqüentemente, aumentou (Marcelo Luiz Dalla Vale, 2021, comunicação informal). Em MR5, o ganho do biênio estudado foi de 46,28 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (dados não apresentados).

O uso de culturas OGM representa um avanço na agricultura, possibilitando aumentos de lucratividade do produtor. Esse aumento, está atrelado ao ganho de produtividade por área, além da redução nos custos de produção, especialmente pelo menor uso de herbicidas e inseticidas, para controle de plantas daninhas e insetos.

Brookes e Barfoot, (2020), resumiram os impactos na renda bruta da fazenda, relacionado ao uso de soja geneticamente modificada. No Brasil, o custo da tecnologia era de 7-25 dólares/hectare⁻¹, porém, beneficiava o agricultor com renda média bruta de 32,5 dólares/hectare⁻¹. Além de garantir maior lucratividade, essas culturas impactam de forma positiva a sustentabilidade ambiental. A mudança de manejo da cultura (menor uso de pesticidas, mínimo revolvimento do solo), resultou em redução do impacto ambiental, medido pelo indicador, Quociente de Impacto Ambiental (EIQ), em 18,6%, além de redução de emissões de gases de efeito estufa (BROOKES; BARFOOT, 2017).

Este é o primeiro estudo brasileiro quantificando o ganho genético com genótipos Intacta 2 Xtend. Os resultados demonstram significativo progresso genético, mesmo com poucos anos de melhoramento.

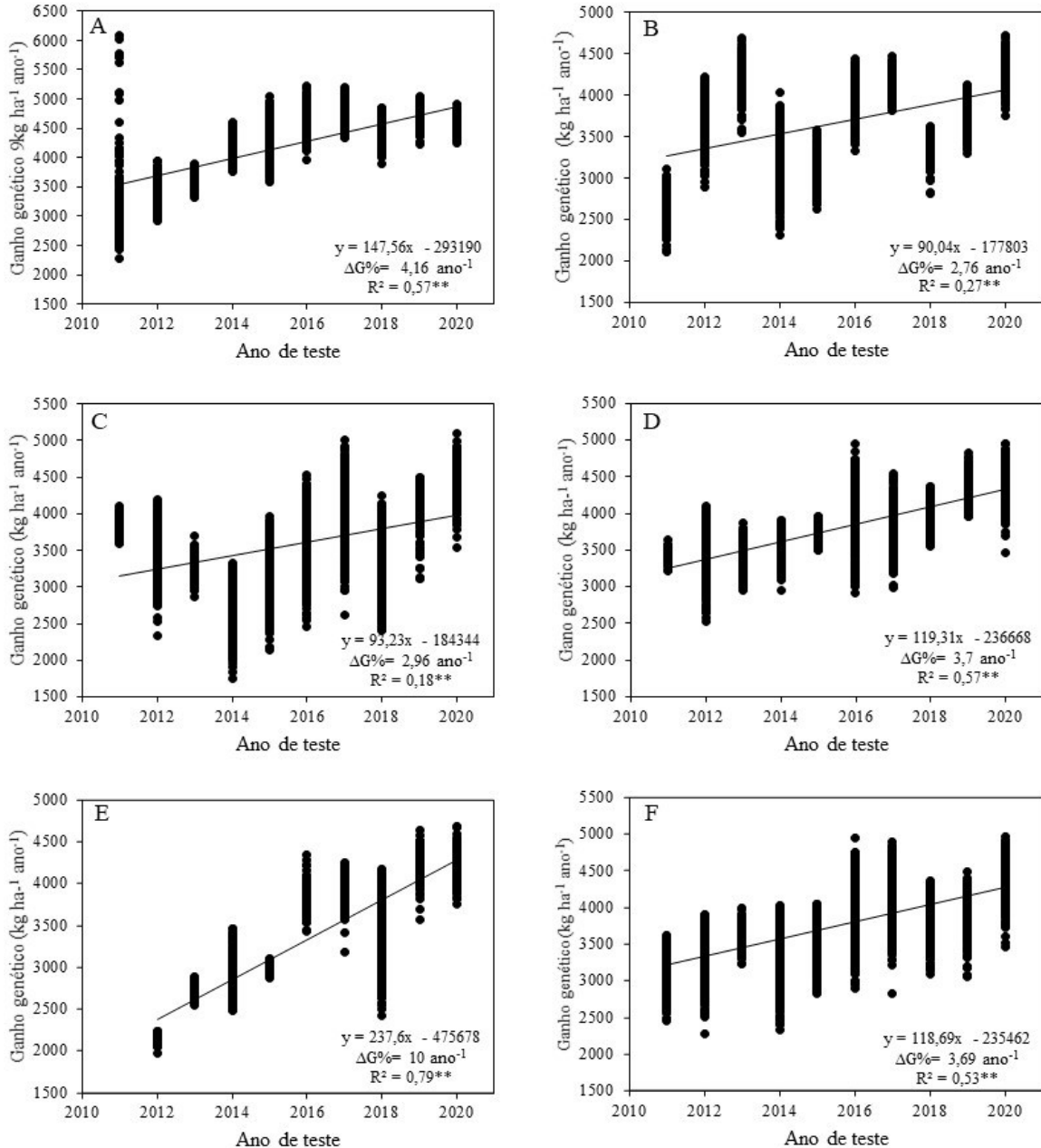
4.5 Ganho Genético a Nível Brasil

Os resultados dessas análises são apresentados na figura 10. Para este estudo, foram utilizadas todas as linhagens do programa, de acordo com cada macrorregião de estudo, sem levar em consideração a tecnologia. Todas as macrorregiões e o programa GDM Brasil apresentaram ganhos positivos e significativos. A MR1 apresentou ganho de 147,56 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (4,16% ano⁻¹) (Figura 10A). Em MR2, foram obtidos ganhos relativos de 2,76% ano⁻¹ e absoluto de 90 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (Figura 10B) Para a macrorregião 3, foi quantificado ganho de 93,2 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (Figura 10C).

Nas macrorregiões que compreendem a região norte/nordeste do Brasil, MR4 e MR5, foram observados ganhos de 119 e 237 kg ha⁻¹ ano⁻¹, respectivamente (Figura 10D e 10E). Para o programa da GDM Genética do Brasil, o ganho encontrado entre

as safras 2010/11 a 2020/21 foi de 118,7 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ($R^2 = 0,55^{**}$). O ganho relativo representa, 3,7% ano⁻¹ (Figura 10F).

Figura 10 - Ganho genético (kg ha⁻¹ ano⁻¹) para a macrorregião 1 A), macrorregião 2 B) macrorregião 3 C), macrorregião 4 D) e macrorregião 5 E) para as safras de teste 2011/12 a 2020/21 e o ganho geral do programa de melhoramento da GDM Genética do Brasil S.A F)



Os pontos no gráfico referem-se ao BLUP – melhor predictor linear não viesado, de cada linhagem, gerado para o caractere rendimento de grãos para o conjunto de locais de cada macrorregião avaliada. *, ** e ***: Coeficientes de regressão significativos a 5% ($p < 0,05$), 1% ($p < 0,01$) e 0,1% ($p < 0,001$) de probabilidade de erro, respectivamente; ns: Não significativo
Fonte: Autoria Própria (2022)

Esse estudo demonstra que, ainda não existem evidências de estagnação dos ganhos no Brasil, os programas têm sido eficientes em lançar constantemente novas

cultivares, com elevado potencial produtivo, para as diferentes regiões brasileiras. Resumidamente, o elevado progresso da GDM é esperado, por três motivos: na safra 2020/21, detinha, 54% do mercado brasileiro de sementes; 1/3 do germoplasma global de soja; variabilidade e genótipos com elevada média produtiva, favorecendo a seleção e obtenção de cultivares com máxima produtividade (GDM, 2021).

As melhorias genéticas na produção mundial permanecem, mas para atingir o potencial máximo produtivo e atender a demanda global por alimentos, os agricultores precisam aprimorar as técnicas de manejo (FISCHER; CONNOR, 2018; BERES *et al.*, 2020). No último desafio do Comitê Estratégico Soja Brasil (CESB), o campeão nacional, de máxima produtividade de soja, atingiu a marca de 129,16 sacas por hectare⁻¹, o que representa 7749,6 kg ha⁻¹ (CESB, 2021), os participantes desse desafio, exploram o máximo potencial das cultivares, nesse sentido, em geral, o potencial da cultura, ainda é pouco explorado (Figura 10). Pensando em reduzir essa lacuna, é necessário atrelar genética, manejo e otimizar o ambiente de produção, explorando a interação genótipo, por manejo, por ambiente (G x M x A) (COOPER *et al.*, 2021).

Em síntese, o lançamento das novas cultivares, tendem a aumentar as taxas de ganho genético. Esses resultados, confirmam que o potencial genético dos programas de melhoramento, tem contribuído de forma expressiva e significativa o aumento de rendimento nas fazendas. Além disso, tem se esforçado para garantir a segurança alimentar e as necessidades globais futuras, de forma responsável.

4.6 Ganho Genético Testemunhas

Para esse estudo foram avaliadas 170 cultivares convencionais, RR, Intacta, Conkesta Enlist E3TM e Intacta 2 Xtend (Tabela 4), em 135 locais (Tabela 3), das macrorregiões sojícolas brasileiras, durante 10 safras (2011/12 a 2020/21). Para todos os efeitos estimados, as fontes de variação foram significativas ao nível de probabilidade de erro ($p < 0,01$) (Tabela 9).

A maior fonte de variação das diferentes macrorregiões é representada pela interação Ano x Local, exceto para macrorregião 1 e 5 onde a fonte de variação é representada pelo local. A maior participação do efeito do local, presumisse a variabilidade ambiental existente, latitude, altitude, tipo de solo, condições climáticas (temperatura, precipitação, radiação), de cada macrorregião. Para todas as

macrorregiões, a acurácia seletiva foi muito alta (>90), demonstrando elevada precisão experimental (Tabela S1).

Tabela 9 - Análise conjunta de variância das cultivares testemunhas envolvendo conjuntos de dados das safras 2011/12 a 2020/21 das diferentes regiões sojícolas brasileiras, para rendimento de grãos

Região	Fonte de variação					
	Rendimento de grãos					
	Loc x Ano x Gen	Gen x Loc	Gen x Ano	Ano x Loc	Gen	Loc
Macrorregião 1	0,019***	0,002***	0,002***	0,062***	0,008***	0,906***
Macrorregião 2	0,079***	0,022***	0,009***	0,606***	0,074***	0,211***
Macrorregião 3	0,114***	0,007***	0,048***	0,563***	0,112***	0,157***
Macrorregião 4	0,172***	0,010***	0,037***	0,377***	0,125***	0,278***
Macrorregião 5	0,164***	0,038***	0,057***	0,088***	0,333***	0,319***

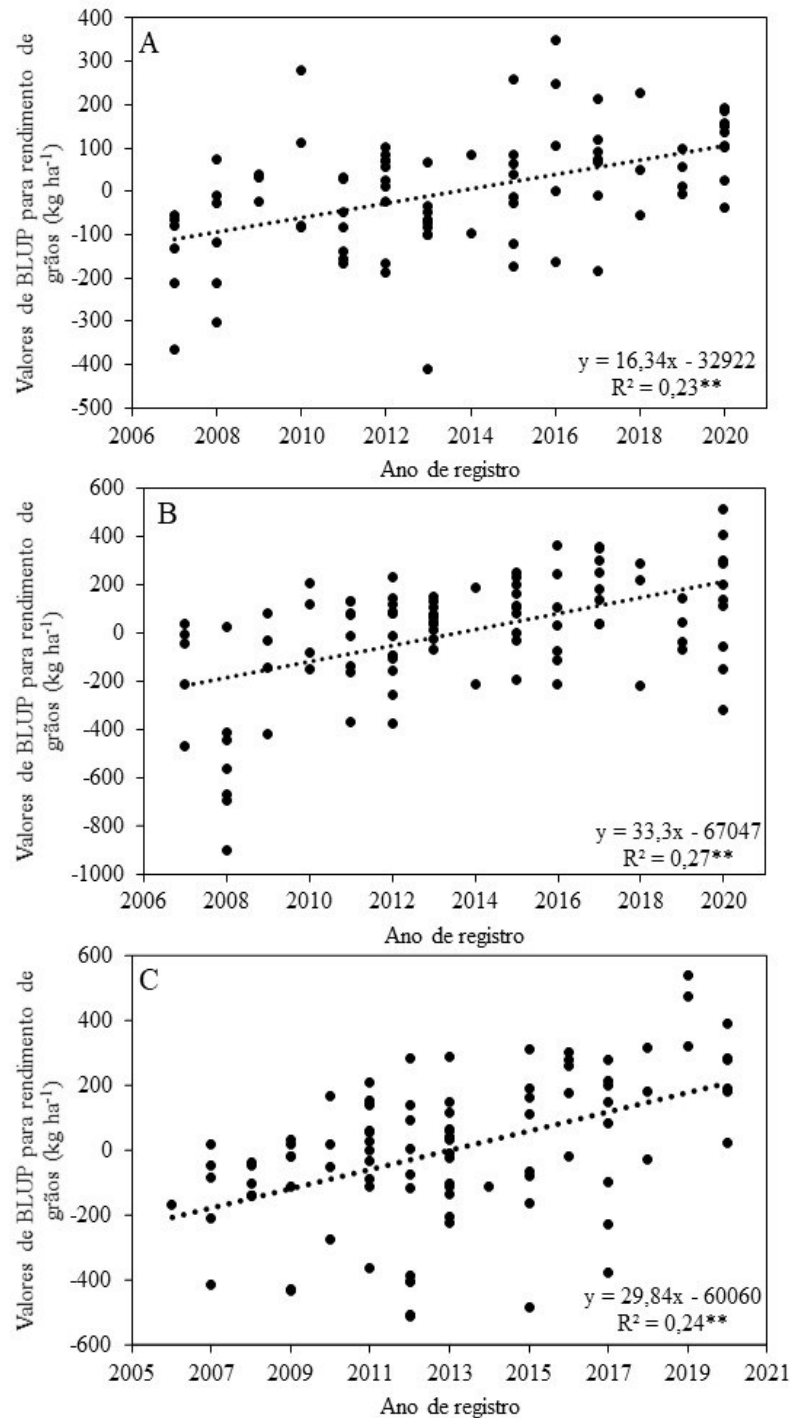
Gen x Loc: Interação Genótipo x Local; Gen x Ano: Interação Genótipo x Ano; Ano x Loc: Interação Genótipo x Ano; Gen: Genótipo; Loc: Local. *, ** e *: Valores significativos a 5% ($p < 0,05$), 1% ($p < 0,01$) e 0,1% ($p < 0,001$) de probabilidade de erro, respectivamente; ns: Não significativo**

Fonte: Autoria Própria (2022)

O ganho genético das cultivares da macrorregião 1, 2 e 3 são apresentados na (Figura 11). A avaliação das cultivares de soja lançadas entre os anos 2007 e 2020, para as MRs 1 e 2, apresentaram ganhos significativos para rendimento de grãos, de 16,34 e 33,3 kg ha⁻¹, respectivamente (Figura 11A, 11B). No Brasil, mais específico na região sul, Lange e Federizzi (2009), estimaram taxas de ganho em 71,5 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Todeschini *et al.* (2019), estudaram 29 cultivares, disponibilizadas para cultivo entre 1965 e 2011, e obtiveram taxas de ganho absoluto de 40,06 kg ha⁻¹ ano⁻¹, equivalente a 2,4% ano⁻¹.

Milioli (2021), também na região sul, observou ganhos inferiores ao do presente estudo, as estimativas de ganho foram de 13,83 kg ha⁻¹ ano⁻¹, para o grupo de cultivares precoces, 14,13 kg ha⁻¹ ano⁻¹, para cultivares de ciclo médio e para o conjunto completo 15,31 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Em estudo mais recente, Umburanas *et al.* (2022), avaliaram 26 cultivares lançadas nos últimos 50 anos, no sul do Brasil, e encontraram taxas de progresso de, 45,9 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (2,1% ha⁻¹ ano⁻¹). De acordo com os autores, esse progresso está atrelado principalmente ao aumento no número de sementes por área e índice de colheita.

Figura 11 - Valores preditos por BLUP para o ganho genético para rendimento de grãos de cultivares brasileiras de soja de diferentes empresas obtentoras, lançadas entre 2006 e 2020, para a macrorregião 1 A), macrorregião 2 B) e macrorregião 3 C)



Os pontos no gráfico referem-se aos valores de BLUP - melhor preditor linear não viesado, de cada cultivar, gerado para o caractere rendimento de grãos para o conjunto de locais e anos de cada macrorregião avaliada. *, ** e ***: Coeficientes de regressão significativos a 5% ($p < 0,05$), 1% ($p < 0,01$) e 0,1% ($p < 0,001$) de probabilidade de erro, respectivamente

Fonte: Autoria Própria (2022)

Para macrorregião 3, região centro oeste do Brasil, as cultivares estudadas foram registradas entre os anos de 2006 e 2020, e apresentaram taxa de ganho de

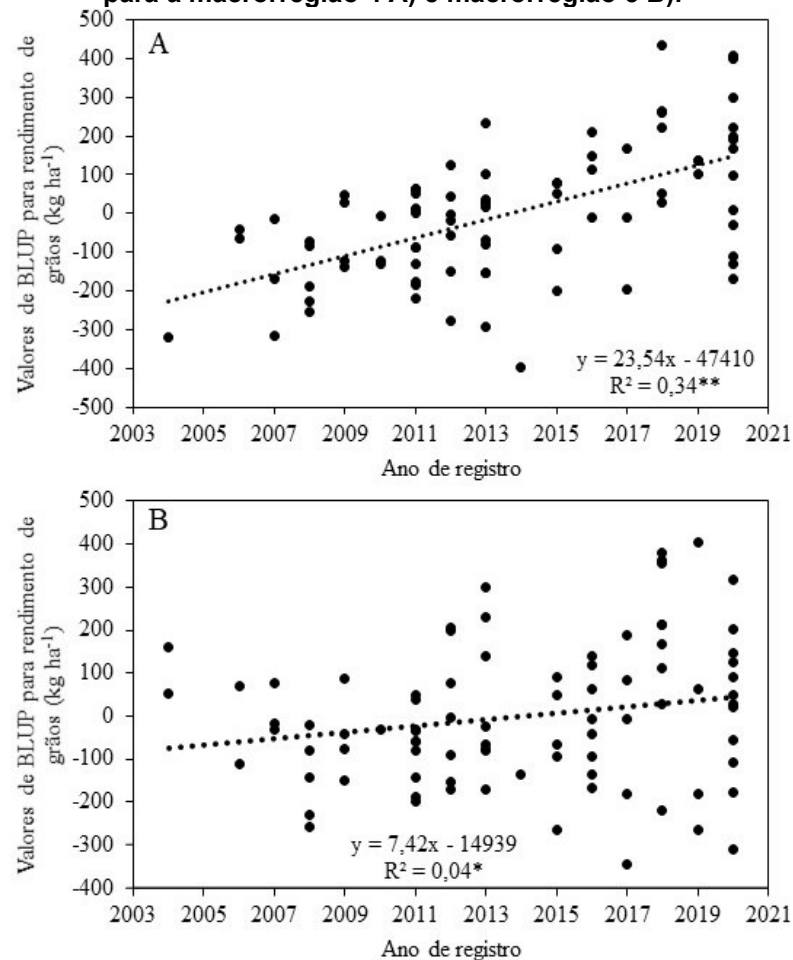
29,84 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ($R^2 = 0,24$, $p < 0,01$). As taxas de ganho nas MRs 4 e 5 foram significativas. Em MR4 os ganhos obtidos das cultivares avaliadas foram de 23,54 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (Figura 12A), e para MR5, 7,42 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (Figura 12B). Possivelmente, os ganhos, pouco expressivos na região norte/nordeste, pode ser devido a adaptação das cultivares, que inicialmente foram registradas para outras regiões e depois sua recomendação foi estendida, além da recente exploração de algumas áreas de cultivo, ainda não bem consolidadas quanto ao manejo. Contudo, não se observou estagnação dos ganhos em nenhuma região.

Milioli (2021), também estudou o progresso genético na região centro-oeste e norte/nordeste do Brasil. O autor, reportou taxas de ganho para as cultivares precoces de 13,58 kg ha⁻¹ ano⁻¹, ciclo médio 21,84 kg ha⁻¹ ano⁻¹ e tardias 20,83 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Já para a região norte/nordeste o autor não identificou progresso genético, e destaca que a ausência de ganho, pode estar atrelado ao lançamento das cultivares para a região centro-oeste que tiveram a sua recomendação estendida. Mezzalira (2017), avaliou linhagens de ensaios de valor de cultivo e uso, nas MRs 3 e 4, durante 10 safras e estimou taxas de progresso de 18,3 kg ha⁻¹ ano⁻¹, semelhantes ao encontrado nesse estudo.

As taxas de ganho obtidas nesse estudo, também são similares às encontradas em estudos na América do Norte e no mundo. Rincker *et al.* (2014), estudou um conjunto de cultivares lançadas de 1923 a 2008, e estimou taxas de ganho de 23 kg ha⁻¹ ano⁻¹, para GM II e III e 20 kg ha⁻¹ ano⁻¹, para GM IV, contudo, a taxa média anual dos GMs foi de, 29 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Os autores, destacam ainda que a liberação contínua de cultivares com elevado potencial, tem sido fundamentais no aumento do rendimento das fazendas.

Utilizando a metodologia de modelos mistos, estimaram o ganho genético de 93 cultivares de soja, de diferentes grupos de maturidade, liberadas de 1928 a 2008. A taxa anual de ganho médio, foi estimada em 13,7 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (BOEHM *et al.*, 2019). No Canadá, Morrison *et al.* (2000), encontraram taxa de 0,5% ano⁻¹. Na Índia, Ramteke *et al.* (2011), revelaram 23 kg ha⁻¹ ano⁻¹, uma taxa relativa de 2,6% ano⁻¹.

Figura 12 - Valores preditos por BLUP para o ganho genético para rendimento de grãos de cultivares brasileiras de soja de diferentes empresas obtentoras, lançadas entre 2004 e 2020, para a macrorregião 4 A) e macrorregião 5 B).

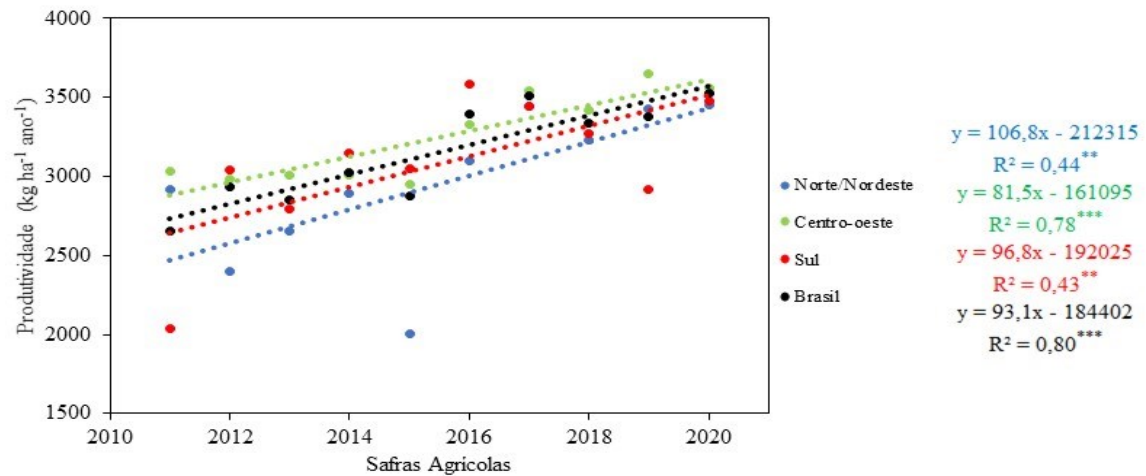


Os pontos no gráfico referem-se aos valores de BLUP - melhor preditor linear não viesado, de cada cultivar, gerado para o caractere rendimento de grãos para o conjunto de locais e anos de cada macrorregião avaliada. *, ** e ***: Coeficientes de regressão significativos a 5% ($p < 0,05$), 1% ($p < 0,01$) e 0,1% ($p < 0,001$) de probabilidade de erro, respectivamente

Fonte: Autoria Própria (2022)

Na Argentina, De Felipe, Gerde e Rotundo (2016), avaliaram 181 cultivares, pertencentes aos grupos de maturidade III, IV e V, e obtiveram ganhos de 43 kg ha⁻¹ ano⁻¹, sendo que o ganho entre GM não diferiu. Em estudo mais recente, De Felipe *et al.* (2020), observaram ganho de 42 kg ha⁻¹ ano⁻¹, e destacaram que o aumento pode ser explicado pelo acúmulo de biomassa, que podem estar intimamente associados a maior eficiência no uso da radiação e de N total.

Figura 13 - Produtividade ($\text{kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$) para as regiões brasileiras Norte/Nordeste, Centro-oeste, Sul e para o Brasil, para as safras 2011/12 a 2020/21



Os pontos no gráfico referem-se a produtividade média de safra agrícola para as diferentes regiões brasileiras. *, ** e ***: Coeficientes de regressão significativos a 5% ($p < 0,05$), 1% ($p < 0,01$) e 0,1% ($p < 0,001$) de probabilidade de erro, respectivamente; ns: Não significativo
Fonte: Autoria Própria (2022)

Comparando essa mesma série histórica de dados das testemunhas dos ensaios x a produtividade média da CONAB, não se observou estagnação dos ganhos em nenhuma região brasileira. Contudo, vale ressaltar que o progresso superior dos resultados da CONAB, em relação as testemunhas, pode estar atrelado ao uso das médias fenotípicas, sem penalizar os efeitos ambientais. Para a região Norte/Nordeste o ganho absoluto foi de $106,8 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ ($R^2 = 0,44^{**}$). Para a região Centro-oeste, os ganhos encontrados foram de $81,5 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ ($R^2 = 0,78^{***}$).

Para a região Sul e o Brasil as taxas de ganho são de $96,8 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ e $93,1 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ ($R^2 = 0,43^{**}$; $R^2 = 0,80^{***}$), respectivamente (Figura 13). De acordo com os resultados da CONAB, a produtividade das fazendas na safra 2020/21 teve um incremento de 4,5% (3529 kg ha^{-1}), em relação a passada (3379 kg ha^{-1}) (CONAB, 2021).

Nos EUA, Egli (2008), também estimou os ganhos de produtividade, atrelados aos dados de rendimento das safras, obtidos do National Agricultural Statistical Service (NASS), e relatou aumento linear de produtividade. As taxas médias absolutas significativas variaram de $15,1$ a $38,3 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. Todas as empresas de melhoramento genético têm apresentado taxas de progresso positivo e estão contribuindo de forma expressiva no ganho genético da cultura no Brasil.

E ainda existe pontos a serem explorados na produtividade da soja? Os resultados obtidos no presente estudo, demonstram que sim. Não existem tendências de estagnação dos ganhos e até agora não se atingiu um platô para a cultura no Brasil.

Em suma os programas de melhoramento são diariamente desafiados com instabilidades climáticas, pragas, doenças etc. Essas ameaças desencadeiam alertas de melhoria das culturas, e estrategicamente para acelerar esse processo técnicas de genômica, fenotipagem de alto rendimento, uso da diversidade genética, identificação de funções de genes, metodologias de melhoramento e edição gênica devem ser exploradas, buscando aumentar o rendimento da cultura e conseqüentemente o progresso genético.

5 CONCLUSÃO

O programa de melhoramento de soja tem apresentado progresso positivo em todas as macrorregiões sojícolas e plataformas;

A nível Brasil, o programa apresentou taxa de progresso de 118,69 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (3,69 % ao ano⁻¹).

As técnicas de melhoramento utilizadas têm sido eficientes na seleção de linhagens produtivas.

REFERÊNCIA

- ALLIPRANDINI, L. F. et al. Genetic gain of soybean in the Paraná State, Brazil, in the period of 1985/86 through 1989/90, obtained by breeding. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.28, p.489–497, 1993.
- ALVARADO, G. et al. META-R: A software to analyze data from multi-environment plant breeding trials. **The Crop Journal**, 2020.
- BARROS, W. P. Organismos geneticamente modificados. Porto Alegre: Departamento de Artes Gráficas do Tribunal de Justiça do Rio Grande do Sul, 2044. 288 p.
- BATES, D. et al. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. **Journal of Statistical Software**, v.67, n.1, p.1-48, 2015
- BERES, B. L. et al. Toward a better understanding of genotype× environment× management interactions—A global wheat initiative agronomic research strategy. **Frontiers in Plant Science**, v.11, n.828, 2020.
- BOEHM Jr, J. D. et al. Genetic improvement of us soybean in maturity groups V, VI, and VII. **Crop Science**, v.59, n.5, p.1838-1852, 2019.
- BORGES, V. et al. Progresso Genético Do Programa De Melhoramento De Arroz De Terras Altas De Minas Gerais Utilizando Modelos Mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 27, n. 3, p. 478–490, 2009.
- BROOKES, G.; BARFOOT, P. Economic impact of GM crops: the global income and production effects 1996–2012. **GM crops & Food**, 5(1), 65-75, 2014.
- BROOKES, G.; BARFOOT, P. Environmental impacts of genetically modified (GM) crop use 1996–2015: impacts on pesticide use and carbon emissions. **GM crops & Food**, v.8, n.2, p.117-147, 2017.
- BROOKES, G.; BARFOOT, P. GM crop technology use 1996-2018: farm income and production impacts. **GM Crops & Food**, v.11, n.4, p.242-261, 2020.
- BURGUEÑO, J. et al. Prediction assessment of linear mixed models for multienvironment trials. **Crop Science**, v. 51, n. 3, p. 944–954, 2011.
- CANDIDO, L. **Modelos mistos na avaliação e ordenação de genótipos de cana-de-açúcar, com e sem efeitos de competição com parcelas vizinhas**. Tese, 93p, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, São Paulo, 2009.

CARNEIRO, A. K. et al. Stability analysis of pure lines and a multiline of soybean in different locations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.19, n.4, p.395–401, 2019.

CARVALHO, C. G. P. et al. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.37, n.7, p. 989-1000, 2002.

CONAB. **Boletim da safra de grãos**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em: 30 jul. 2020.

COOPER, M. et al. Integrating genetic gain and gap analysis to predict improvements in crop productivity. **Crop Science**, v.60, n.2, p.582-604, 2020.

COOPER, M. et al. Tackling G× E× M interactions to close on-farm yield-gaps: creating novel pathways for crop improvement by predicting contributions of genetics and management to crop productivity. **Theoretical and Applied Genetics**, p.1-20, 2021.

Corteva (2021). Sistema Enlist. Disponível em: <https://www.corteva.com.br/produtos-e-servicos/tecnologias/sistema-enlist.html> Acesso em 02 ago 2021.

COSTA-NETO, G. M. F. et al. A novel GIS-based tool to reveal spatial trends in reaction norm: upland rice case study. **Euphytica**, v.216, n.3, p.1-16, 2020.

CTNBio – Comissão técnica nacional de biossegurança. Liberações comerciais. Disponível

em:<http://ctnbio.mctic.gov.br/documents/566529/1684467/Tabela+de+Plantas+Aprovadas+para+Comercializa%C3%A7%C3%A3o/e3087f9c-c719-476e-a9bd-bfe75def842f?version=1.11>. Acesso em 29 set 2021.

De FELIPE, M. et al. Physiological processes associated with soybean genetic progress in Argentina. **Agrosystems, Geosciences & Environment**, v.3, n.1, e20041, 2020.

DE LA VEGA, A. J.; DELACY, I. H.; CHAPMAN, S. C. Changes in agronomic traits of sunflower hybrids over 20 years of breeding in central Argentina. **Field Crops Research**, v.100, n.1, p.73–81, 2007.

EGLI, D. B. Soybean yield trends from 1972 to 2003 in mid-western USA. **Field Crops Research**, v.106, n.1, p.53-59, 2008.

EMBRAPA. **Soja em números - Safra 2020/21**. Disponível em: <https://www.embrapa.br/soja/cultivos/soja1/dados-economicos> Acesso em: 21 Jul. 2021.

FAO, Food and Agriculture Organization of the United Nations. Codex Alimentarius: como surgiu. Acesso em 13 Jul 2021. Disponível em: <http://www.fao.org/3/t3530e/t3530e02.htm>

FARIA, A. P. et al. Ganho Genético na Cultura da Soja. **Semina: Ciências Agrárias**, v.28, n.1, p.71, 2007.

FELIPE, M. et al. Physiological processes associated with soybean genetic progress in Argentina. **Agrosystems, Geosciences & Environment**, v.3, n.1, p.1–15, 2020.

FERREIRA JÚNIOR, J. A. et al. Genetic diversity in advanced soybean strains derived from biparental, four-way and eight-way crosses. **Revista Ciência Agronômica**, v.46, n.2, p.339–351, 2015.

FISCHER, R. A.; CONNOR, D. J. Issues for cropping and agricultural science in the next 20 years. **Field Crops Research**, v.222, p.121-142, 2018.

FUCK, M. P.; BONACELLI, M. B. M. As interações entre os setores público e privado no lançamento de novas cultivares de soja, milho e trigo no Brasil. *In*: XXIV Simpósio de Gestão da Inovação Tecnológica, Gramado – RS, out, 2006.

GDM, Grupo Don Mario. (2021). Especial: com expansão no centro-oeste, GDM busca atingir 60% de participação no mercado brasileiro. Disponível em: <https://www.gdmseeds.com/wp-content/uploads/2021/07/GDM-Especial-60-PT.pdf>. Acesso em: 13 agosto 2021.

IBRAHIM BIO YERIMA, A. R.; ACHIGAN-DAKO, E. G. A review of the orphan small grain cereals improvement with a comprehensive plan for genomics-assisted breeding of fonio millet in West Africa. **Plant Breeding**, v.140, n.4, p.561-574, 2021.

ISAAA, International service for the acquisition of agri-biotech applications. GM approval Database. Disponível em: <https://www.isaaa.org/gmapprovaldatabase/default.asp>. Acesso em 09 ago 2021.

ISAAA. (2017). Global status of commercialized biotech/GM crops in 2017: Biotech crop adoption surges as economic benefits accumulate in 22 years. ISAAA brief, 53, 25-26. Disponível em: https://www.agi.gov.vn/files/files/ISAAA/ISAAA%20Brief%20No_%2053%20-%202017_compressed.pdf. Acesso em 21 jul 2021.

ISAAA. GM Crop events approved in Brazil. Disponível em: <https://www.isaaa.org/gmapprovaldatabase/approvevents/default.asp?CountryID=BR&Country=Brazil>. Acesso em 29 set 2021. Essa citação está na revisão... no fim nomear como ISAAA a, b e afins

KASTER, M.; FARIAS, J. R. B. Regionalização dos testes de valor de cultivo e uso e da indicação de cultivares de soja – Terceira aproximação. **Embrapa Soja**, Londrina, PR. 2012.

KUMAR, K. et al. Genetically modified crops: current status and future prospects. **Planta**, v.251, n.4, p.1-27, 2020.

KUZNETSOVA, A.; BROCKHOFF, P. B.; CHRISTENSEN, R. H .B. “lmerTest Package: Tests in Linear Mixed Effects Models.” **Journal of Statistical Software**, v.82, n.13, p.1-26, 2017.

LANGE, C. E.; FEDERIZZI, L. C. Estimation of soybean genetic progress in the South of Brazil using multi-environmental yield trials. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 3, p. 309–316, 2009.

LIMA, W. F. et al. Interação genótipo-ambiente de soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.729-736, 2008.

MEZZALIRA, I. **Ganho genético para produtividade de grãos de soja na região central do Brasil**. Dissertação, p.45, Universidade Federal de Lavras – UFLA, Lavras, MG. 2017.

MILIOILI, A. S. Ganho genético em caracteres agrônômicos, fenológicos e bioquímicos de soja no Brasil. Universidade tecnológica federal do Paraná – UTFPR, Pato Branco, PR, 2021 (Tese).

MORRISON, J. et al. Agronomic changes from 58 years of genetic improvement of short-season soybean cultivars in Canada. **Agronomy Journal**, v.92, 2000.

OLIVER, M. J. Why we need GMO crops in agriculture. **Missouri medicine**, v.111, n.6, p.492, 2014.

PAGLIOSA, E.S. Ganho genético em soja na região meridional do Brasil. Universidade Estadual de Londrina – UEL, Londrina, PR, 2016 (Tese).

PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v.61, n.1, p.209-228, 2008.

PIMENTEL, A. J. B. et al. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.49, n.11, p.882–890, 2014.

PINTO, L.F.D et al. Disponibilidade hídrica para a cultura da soja na safra 2018/19 no município de Londrina, PR. **XIV Jornada Acadêmica da Embrapa Soja**, 2019. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/204629/1/p-65.pdf> . Acesso em: 30 out 2021.

PRIOLLI, R. H. G et al. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 10, p.967-975, 2004.

PRUS, M.; PIEPHO, H.-P. Optimizing the allocation of trials to sub-regions in multi-environment crop variety testing. v. 1, p. 1–12, 2020.

QIN, X. et al. Changes in yield and agronomic traits of soybean cultivars released in China in the last 60 years. **Crop and Pasture Science**, v. 68, n. 10–11, p. 973–984, 2017.

R Core Team (2020). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. [URL https://www.R-project.org/](https://www.R-project.org/).

RAMALHO, M. A. P. et al. Competências em melhoramento genético de plantas no Brasil. **Arka**, Viçosa, MG, p.108, 2010.

RAMALHO, M. A. P.; ARAÚJO, L. C. A. Breeding self-pollinated plants. **Crop Breeding and applied biotechnonology**, p.1-7, 2011.

RAMTEKE, R. et al. Genetic progress of soybean varieties released during 1969 to 2008 in India. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 71, n. 4, p. 333–340, 2011.

REIS, E. F. DOS et al. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, v. 34, n. 3, p. 685–692, 2004.

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

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

RESENDE, M. D. V. DE.; DUARTE, J. B. Precisão E Controle De Qualidade Em Experimentos De Avaliação De Cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, n.3, p.182–194, 2007.

RINCKER, K. et al. Genetic Improvement of U.S. Soybean in Maturity Groups II, III, and IV. **Crop Science**, v.54, n.4, p.1419–1432, 2014.

ROWNTREE, S. C. et al. Genetic gain× management interactions in soybean: I. Planting date. **Crop Science**, v.53, n.3, p.1128-1138, 2013.

RUBIN, S. A. L.; SANTOS, O. S. Progresso do melhoramento genético da soja no estado do Rio Grande do Sul. **Pesquisa agropecuária gaúcha**, v.2, n.2, p.139-147, 1996.

SANTOS, P. E. C et al. **Semente é tecnologia**. ABRASEM, mar. 2014. Disponível em:
<http://bibliotecadigital.fgv.br/ojs/index.php/agroanalysis/article/viewFile/32933/31751>.
Acesso em 20 jul, 2020.

SEO, J.H et al. Development and validation of SNP and indel markers for pod-shattering tolerance in soybean. **International Journal of Molecular Sciences**, v.23, 2382, 2022.

SILVA, C. M. Da. Between fenix and ceres: The great acceleration and the agricultural frontier in the brazilian cerrado. **Varia Historia**, v. 34, n. 65, p. 409–444, 2018.

SILVA, F. M. Da. et al. Strategies to select soybean segregating populations with the goal of improving agronomic traits. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 40, n. 1, p. e39324, 2018.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, v. 143, n. 6, p. 449–462, 2005.

SPECHT, J. E.; HUME, D. J.; KUMUDINI, S. V. Soybean Yield Potential-A Genetic and Physiological Perspective. **Crop Science**, v. 39, n. 6, p. 1560–1570, 1999.

SPECHT, J. E.; WILLIAMS, J. H. Contribution of Genetic Technology to Soybean Productivity - Retrospect and Prospect, p. 49–74, 1984.

STEFANOVA, K. T.; BUIRCHELL, B. Multiplicative mixed models for genetic gain assessment in lupin breeding. **Crop Science**, v. 50, n. 3, p. 880–891, 2010.

TODESCHINI, M. H. et al. Soybean genetic progress in South Brazil: physiological, phenological and agronomic traits. **Euphytica**, v. 215, n. 7, 2019.

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

UATE, J. V. et al. Genetic progress, adaptability and stability of maize cultivars for value of cultivation and use trials. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 41, n. 1, p. 1–11, 2019.

UMBURANAS, R.C. et al. Changes in soybean cultivars released over the past 50 years in southern Brazil. **Scientific reports**, v.12. n.508, 2022.

USTUN, A.; ALLEN, F. L.; ENGLISH, B. C. Genetic progress in Soybean of the U.S. Midsouth. **Crop Science**, v.41, p.993-998, 2001.

VOLPATO, L. **Seleção de progênies de soja para produção de grãos com uso de modelos mistos**. Dissertação, p.78, Universidade Federal de Viçosa – UFV, Viçosa, MG. 2016.

WANG, C. et al. Seventy-five years of improvement of yield and agronomic traits of soybean cultivars released in the Yellow-Huai-Hai river valley. **Crop Science**, v.56, n.5, p.2354-2364, 2016.

WILSON, E. W. et al. Genetic gain × management interactions in soybean: II. nitrogen utilization. **Crop Science**, v. 54, n. 1, p. 340–348, 2014.

WU, T. et al. Characterizing Changes from a Century of Genetic Improvement of Soybean Cultivars in Northeast China. **Crop Science**, v.55, p.2056-2067, 2015.

XIAO, D.; TAO, F. Contributions of cultivars, management and climate change to winter wheat yield in the North China Plain in the past three decades. **European Journal of Agronomy**, v. 52, p. 112–122, 2014.

XU, Y. et al. Enhancing genetic gain in the era of molecular breeding. **Journal of Experimental Botany**, v. 68, n. 11, p. 2641–2666, 17 maio 2017.

YAN, W. Mega-environment Analysis and Test Location Evaluation Based on Unbalanced Multiyear Data. **Crop Science**, v. 55, n. 1, p. 113–122, 2015.

ZHANG, C.; WOHLHUETER, R.; ZHANG, H. Genetically modified foods: A critical review of their promise and problems. *Food Science and Human Wellness*, v.5, n.3, p.116-123, 2016.

APÊNDICE A - Tabela de Acurácia Seletiva

Tabela Acurácia Seletiva

Tabela S 1 Acurácia seletiva, para as plataformas Convencional, Intacta, Enlist Conkesta E3™ e Intacta 2 Xtend, e testemunhas para as macrorregiões 1, 2, 3, 4 e 5, entre as safras 2011/12 e 2020/21

		Acurácia Seletiva									
Plataforma	MR	Safrá de teste									
		2011/12	2012/13	2013/14	2014/15	2015/16	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21
Convencional	1	-	-	0,57	0,49	0,93	0,91	0,86	0,89	0,87	0,85
	2	0,26	0,86	0,81	0,64	0,93	0,90	0,86	0,85	0,96	0,89
	3	-	-	-	-	0,74	0,94	0,97	0,98	0,89	0,96
	4	-	-	-	-	0,83	0,92	0,96	0,92	0,92	0,84
	5	-	-	-	-	-	-	0,85	0,30	0,66	0,82
Intacta	1	0,85	0,93	0,88	0,89	0,94	0,93	0,87	0,91	0,91	0,87
	2	0,88	0,94	0,91	0,87	0,90	0,96	0,95	0,79	0,90	0,90
	3	0,73	0,92	0,86	0,95	0,96	0,89	0,96	0,96	0,71	0,94
	4	0,80	0,96	0,93	0,96	0,93	0,95	0,96	0,93	0,94	0,90
	5	-	0,55	0,61	0,89	0,53	0,86	0,81	0,93	0,92	0,91
Enlist Conkesta E3™	1	-	-	-	0,77	0,84	0,83	0,85	0,84	0,89	0,75
	2	-	-	-	0,94	0,71	0,63	0,87	0,91	0,88	0,91
	3	-	-	-	0,88	0,88	0,74	0,95	0,99	0,96	0,97
	4	-	-	-	-	-	0,89	0,94	0,95	0,95	0,98
Intacta 2 Xtend	1	-	-	-	-	-	0,81	0,53	0,51	0,85	0,79
	2	-	-	-	-	-	0,77	0,54	0,94	0,94	0,89
	3	-	-	-	-	-	0,53	0,60	0,98	0,94	0,93
	4	-	-	-	-	-	0,89	0,68	0,85	0,92	0,80
Testemunhas	1	0,97									
	2	0,99									
	3	0,98									
	4	0,98									
	5	0,99									

Fonte: Autoria Própria (2022)