



MATEUS RIBEIRO PIZA

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E ANÁLISE DE GERAÇÕES EM
PROGÊNIES DE CAFEIEIRO**

**LAVRAS-MG
2022**

MATEUS RIBEIRO PIZA

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E ANÁLISE DE GERAÇÕES EM PROGÊNIES DE
CAFEIEIRO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Mestre.

Dr. Cesar Elias Botelho
Orientador

Dra. Juliana Costa de Rezende Abrahão
Coorientadora

Dra. Vanessa Castro Figueiredo
Coorientadora

**LAVRAS-MG
2022**

**Ficha catalográfica elaborada pelo Setor de Repositório
Insitucional da Biblioteca Universitária da UFLA**

Piza, Mateus Ribeiro.

Estratégias de seleção e análise de gerações em progênies de
cafeeiro / Mateus Ribeiro Piza. - 2022.

80 p. : il.

Orientador(a): Cesar Elias Botelho.

Coorientador(a): Juliana Costa de Rezende Abrahão, Vanessa
Castro Figueiredo.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de
Lavras, 2022.

Bibliografia.

1. Café. 2. Herdabilidade realizada. 3. Melhoramento genético. I.
Botelho, Cesar Elias. II. Abrahão, Juliana Costa de Rezende. III.
Figueiredo, Vanessa Castro. IV. Título.

MATEUS RIBEIRO PIZA

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E ANÁLISE DE GERAÇÕES EM PROGÊNIES DE
CAFEIRO**

**SELECTION STRATEGIES AND ANALYSIS OF GENERATIONS IN COFFEE
PROGENES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 11 de fevereiro de 2022.

Dr. Cesar Elias Botelho	EPAMIG
Dra. Vanessa Castro Figueiredo	EPAMIG
Dr. Francislei Vitti Raposo	UFLA
Dr. Antonio Carlos Baiao de Oliveira	EMBRAPA
Dr. André Domingueti Ferreira	EMBRAPA
Dra. Dalysse Toledo Castanheira	UFLA

Dr. Cesar Elias Botelho
Orientador

Dra. Juliana Costa de Rezende Abrahão
Coorientadora

Dra. Vanessa Castro Figueiredo
Coorientadora

**LAVRAS-MG
2022**

Aos meus pais, Marizete da Trindade Piza e Valdecir Ribeiro Piza, meus maiores exemplos.

*Ao meu irmão, Maikson Ribeiro Piza e ao meu amigo Peterson Rocha da Silva,
pela amizade e incentivo.*

*Ao meu avô, José Cecílio da Trindade, que além da confiança e incentivo
sempre esteve ao meu lado.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela proteção e por me guiar em todos os momentos da minha vida.

Aos meus pais e aos meus irmãos, pelo exemplo de vida, fé e coragem, e que mesmo longe, estavam sempre comigo.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA), à Pró-Reitoria de Pós-Graduação e ao Departamento de Agricultura, que por meio de seus professores e funcionários, oportunizaram a realização do curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio no desenvolvimento do presente trabalho.

Ao Consórcio Pesquisa e Café, EPAMIG, FAPEMIG, CAPES e INCT-Café, pelo apoio para a execução do projeto.

Ao orientador Dr. Cesar Elias Botelho, pela oportunidade, amizade, paciência, disposição e excelente orientação.

Às coorientadoras Dra. Juliana Costa de Rezende Abrahão e Dra. Vanessa Castro Figueiredo e à professora Dra. Flavia Maria Avelar Goncalves, pela amizade, conselhos, orientações e valiosas contribuições.

À secretária da secretaria integrada – Setor de Pós-Graduação, Escola de Ciências Agrárias de Lavras, Marli dos Santos Túlio, pela paciência e auxílio.

Ao Dr. André Dominghetti Ferreira, pelo convívio, amizade, incentivo, conselhos e por todas as contribuições.

Ao Dr. Vinícius Teixeira Andrade, pela grande ajuda nas análises estatísticas, interpretação dos resultados e valiosas contribuições.

À Dra. Ana Flávia de Freiras e ao Dr. Denis Henrique Silva Nadaleti, pela amizade, conhecimentos transmitidos e por toda a ajuda nas atividades da pesquisa.

À Letícia Cássia da Silva, Lara de Souza Oliveira, Gabriela Maciel Terra, Althieres José Furtado, Gabriel Ferreira Rodrigues e Luiz Gustavo Rosa Freire, que desde 2012, caminhamos juntos.

À Silvana Ramlow Otto Teixeira da Luz, pela parceria durante o desenvolvimento das atividades, companheirismo, conselhos e amizade.

Ao grupo de pesquisa da EPAMIG, pela recepção, amizade e auxílio nas avaliações.

A todos os meus amigos e familiares que me incentivaram, fortaleceram e tornaram esta caminhada mais leve; e a todos que, direta ou indiretamente, fizeram parte da minha caminhada.

Muito obrigado!

“Se cheguei até aqui foi porque me apoiei no ombro dos gigantes.” (Isaac Newton)

RESUMO

A cafeicultura é considerada uma das principais atividades agrícolas do Brasil e diversos fatores podem influenciar a produção e, conseqüentemente, a produtividade da cultura, impactando diretamente na qualidade dos frutos. Dentre estes fatores, as doenças são responsáveis por grandes perdas e a busca por novas cultivares mais adaptadas, produtivas e com características de resistência é uma alternativa fundamental para uma produção mais sustentável. Assim, os programas de melhoramento genético são de suma importância para o acúmulo contínuo de alelos favoráveis na população, de modo a obter progresso genético. Diante disso, o presente trabalho tem como objetivo avaliar diferentes estratégias de seleção de progênies de cafeeiro arábica, com alto potencial produtivo e potencial de resistência a cercosporiose, com base no valor fenotípico e herdabilidade individual de caracteres agrônômicos, além de analisar caracteres genéticos em diferentes ciclos de seleção. O experimento foi implantado em 2018, sendo adotado um espaçamento de 3,6 x 0,70 metros. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com três repetições e 30 tratamentos, sendo 28 progênies em geração F_{4:5} obtidas pelo programa de melhoramento genético da EPAMIG, resultantes dos cruzamentos Icatu Amarelo IAC 2944 x Catuaí Amarelo IAC 62 e Icatu Amarelo IAC 2944 x IAC 5002 (retrocruzamento realizado pelo IAC entre Catuaí Amarelo IAC H2077-2-12-70 e Mundo Novo IAC 515-20) e as cultivares MGS Aranãs e Catuaí vermelho IAC 144 adotadas como testemunhas. As variáveis analisadas por ocasião da colheita foram vigor vegetativo, diâmetro de caule (cm) e número de ramos plagiotrópicos na haste principal, porcentagem de frutos chochos, produtividade (sacas ha⁻¹), rendimento (litros de café recém-colhido), porcentagem de peneira 17 e acima e porcentagem de peneira 16 e acima de grãos chatos para as colheitas 2019/2020 e 2020/2021 e a severidade a cercosporiose avaliada entre os meses de janeiro e maio de 2021. Os dados foram analisados por modelos mistos a nível de média por parcela para predição dos valores genéticos, seguindo o procedimento REML/BLUP com auxílio dos softwares SELEGEN – REML/BLUP. As variáveis foram submetidas ao teste de razão de verossimilhança e as análises realizadas após verificação da normalidade dos resíduos e a detecção da homogeneidade da variância entre colheitas. Em seguida foram aplicadas as estratégias de seleção de forma direta, resposta correlacionada, índice soma de postos Mulamba e Mock com pesos econômicos pré-fixados e peso econômico baseado no coeficiente de variação genético, índice FAI-BLUP, índice da soma das variáveis padronizadas e análise gráfica com base na herdabilidade individual de progênie. Utilizou-se para a comparação das estratégias os ganhos com a seleção simultânea de múltiplos caracteres e por meio da porcentagem de coincidência e correlação de Spearman. Para a análise entre gerações foi estimada a herdabilidade realizada entre famílias e calculada a magnitude de variação e o progresso genético entre progênies superiores. Conclui-se que, o ganho com a resposta correlacionada a seleção não foi significativo para as variáveis estudadas. A seleção de múltiplos caracteres foi maximizada com a adoção do Índice de Mulamba e Mock associando pesos econômicos pré-fixados (MM_(PE)), com a seleção das progênies potenciais 1 (2 CV-2 BL II), 3 (2 CV 8 BL I), 16 (15 CV 6 BL IV), 19 (28 CV 1 BL II), 20 (28 CV 10 BL I) e 21 (28 CV 6 BL II). A análise gráfica é promissora para a seleção em função de resistência a cercosporiose e produtividade, sendo interessantes para explorar essas duas variáveis. As progênies estudadas apresentam variabilidade genética para a seleção e seu desempenho é superior ao da geração anterior para as características analisadas, com progresso genético de 7,46% para produtividade e -1.633,69% para severidade a cercosporiose, em função do ideótipo, mostrando que as estratégias de seleção empregadas são eficientes para o acúmulo de alelos favoráveis com incrementos na média fenotípica.

Palavras-chave: Café. Cercosporiose. Herdabilidade realizada. Melhoramento genético.

ABSTRATC

Coffee production is considered one of the main agricultural activities in Brazil and several factors can influence the crop production and yield which will directly impact fruit quality. Among these factors, diseases are responsible for significant losses and the search for new cultivars that are more adapted, productive and resistant is a fundamental tool for a more sustainable production. Therefore, genetic improvement programs are of paramount importance for maintaining the continuous enhancement of favorable alleles in the population in order to obtain genetic progress. Given this, the present work aims to 1) evaluate different selection strategies of Arabica coffee progenies, with high productive potential and resistance to brown eye spot, based on the phenotypic value and individual heritability of agronomic traits, 2) as well as to analyze genetic traits in different cycles of selection. The experiment was implemented in 2018, adopting a 3.6 x 0.70 meters spacing. The experimental design used was in randomized blocks with three replications and 30 treatments, being 28 progenies in F_{4:5} generation obtained by the genetic improvement program of EPAMIG, resulting from the crossings Icatu Amarelo IAC 2944 x Catuaí Amarelo IAC 62 and Icatu Amarelo IAC 2944 x IAC 5002 (backcross performed by IAC between Catuaí Amarelo IAC H2077-2-12-70 and Mundo Novo IAC 515-20) and the cultivars MGS Aranãs and Catuaí Vermelho IAC 144 adopted as controls. The variables sampled at the time of harvest were vegetative, stem diameter (cm) and the number of plagiotropic branches in the main rush, percentage of empty fruits, yield (bags ha⁻¹), beverage yield (liters of freshly harvested coffee), sieve percentage 17 and above, sieve percentage of 16 and above of flat grains for 2019/2020 and 2020/2021 harvests and the severity of brown eye spot evaluated between January and May 2021. Data were analyzed using mixed models to predict the breeding values following the REML/BLUP procedure with using SELEGEN – REML/BLUP software. The variations were evaluated through the likelihood ratio test after verifying the normality of the residuals and detecting the homogeneity of the variance. Then, the selection strategies were applied: direct way, correlated response, the sum of Mulamba and Mock ranks with pre-fixed economic weights and economic weight based on the coefficient of genetic variation, FAI-BLUP index, index of the sum of standardized variables and graphical analysis based on individual progeny heritability. We used the percentage of coincidence and Spearman's correlation to compare strategies and gains obtained with the simultaneous selection of multiple characters. For the intergenerational analysis, the heritability between families was estimated and the magnitude of variation and genetic progress between superior progenies was calculated. It was concluded that the gain with the correlated response to selection was not significant for the variables considered. The selection of multiple characters was maximized with the adoption of the Mulamba and Mock Index associating pre-fixed weights (MM(PE)), with the selection of potential progenies 1 (2 CV-2 BL II), 3 (2 CV 8 BL I), 16 (15 CV 6 BL IV), 19 (28 CV 1 BL II), 20 (28 CV 10 BL I) and 21 (28 CV 6 BL II). The graphical analysis is promising for selection for the resistance to brown cercosporiose and productivity, being interesting to explore these two variables. The studied progenies presented genetic variability for breeding and their performance is superior to the previous generation with genetic gains of 7.46% and -1.633,69% for harm from cercosporiose, as a function of the ideotype. Therefore, the employed strategies are efficient for the enhancement of favorable allele with increments in the phenotypic means.

Keywords: *Coffee*. Cercosporiose. Realized heritability. Genetic improvement.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Localização do ensaio no Campo Experimental de Três Pontas (CETP) da EPAMIG em Três Pontas, Minas Gerais. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.....25
- Figura 2 - Análise gráfica da herdabilidade individual de 28 progênies e duas testemunhas de cafeeiro, a partir dos escores obtidos na análise de fatores, com critério de redução de dimensionalidade baseado ne autovalores superiores a um, sendo adotado dois fatores (F1 e F2) explicativos. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.....51
- Figura 3 - Porcentagem de coincidência entre a seleção direta para cada característica adotada e as estratégias de seleção (a) e coincidência entre os índices de seleção (b). Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022..... 54
- Figura 4 - Correlação de Spearman, significativas com base no teste t ao nível de 0,05 de significância, entre as diferentes estratégias de seleção para as fontes de variação adotadas. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022..... 55

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -	Relação e caracterização das progênes utilizadas no ensaio realizado no Campo Experimental de Três Pontas (CETP) da EPAMIG em Três Pontas, Minas Gerais. Universidade Federal de Lavras, Lavras – Minas Gerais, 2022.....	27
Tabela 2 -	Estimativa de parâmetros para a seleção de progênes de cafeeiro em geração F _{4:5} . Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.	39
Tabela 3 -	Matriz de correlações genotípicas (acima da diagonal principal) e fenotípicas (abaixo da diagonal principal) para a seleção de indivíduos superiores. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.	41
Tabela 4 -	Ganhos com a seleção direta para a seleção de indivíduos superiores a uma intensidade de 20%. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.....	43
Tabela 5 -	Resposta correlacionada e razão genética para os parâmetros avaliados em progênes de cafeeiro em geração F _{4:5} , sobre uma intensidade de seleção de 20%. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.	45
Tabela 6 -	Ranqueamento de progênes de cafeeiro em geração F _{4:5} , na média de duas colheitas, sob diferentes estratégias de seleção, com uma intensidade de seleção de 20%. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.	47
Tabela 7 -	Matriz de correlações entre as herdabilidades individuais para a seleção de indivíduos superiores. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.....	49
Tabela 8 -	Análise de fatores para a herdabilidade individual para a seleção de indivíduos superiores. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.....	49
Tabela 9 -	Ganhos com a seleção sobre a média das progênes, para a seleção de indivíduos superiores para análise gráfica e diferentes índices de seleção. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.....	53
Tabela 10 -	Estimativa da herdabilidade realizada entre as gerações F ₄ e F _{4:5} . Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.....	57
Tabela 11 -	Análise do comportamento dos parâmetros com o avanço da geração F ₄ para a geração F _{4:5} e ganhos genéticos com a aplicação de uma intensidade de seleção de 13,88% para F ₄ e 20% para F _{4:5} . Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.	59

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	REFERENCIAL TEÓRICO	15
2.1	Importância econômica da cafeicultura brasileira.....	15
2.2	Melhoramento genético do cafeeiro	16
2.2.1	Herdabilidade de características métricas	20
2.3	Cercosporiose (<i>Cercospora coffeicola</i> BerK. & Cooke)	22
3	MATERIAL E MÉTODOS	25
3.1	Local do experimento	25
3.2	Delineamento e parcela experimental.....	26
3.3	Progênes avaliadas	26
3.4	Condução do experimento	27
3.5	Variáveis analisadas	28
3.5.1	Avaliações fitométricas	28
3.5.2	Avaliação fitossanitária.....	29
3.5.3	Avaliações físicas	30
3.6	Análises estatísticas	30
3.6.1	Análise dos dados.....	30
3.6.2	Estratégias de seleção	32
3.6.2.1	Análise gráfica com base na herdabilidade individual de progênie	35
3.6.3	Comparação entre as estratégias adotadas	37
3.6.4	Herdabilidade realizada.....	37
3.6.5	Análise do progresso entre gerações para parâmetros genéticos.....	38
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	39
4.1	Seleção direta e respostas correlacionadas	39
4.2	Índices de seleção.....	46
4.2.1	Análise gráfica	48
4.3	Comparação entre estratégias de seleção	51
4.4	Análise entre gerações e progresso genético	57
4.4.1	Herdabilidade realizada.....	57
4.4.2	Progresso genético	59
5	CONCLUSÃO.....	62

REFERÊNCIAS	63
ANEXOS	76

1 INTRODUÇÃO

A cafeicultura é considerada uma das principais atividades agrícolas do Brasil. No ano de 2021, a cultura foi responsável por uma receita bruta de 38,6 bilhões de reais, demonstrando uma contribuição significativa a economia do país (SANTOS; FERREIRA, 2021). O consumo de café tem sido cada vez mais expressivo no Brasil e no mundo, principalmente com a crescente diversidade com relação às formas de consumo e as exigências quanto a qualidade (CECAFE, 2021; BRESSANI, 2017).

Diversos fatores influenciam a produção e, conseqüentemente, a produtividade da cultura, e impactam na qualidade dos frutos. Dentre estes fatores, as doenças são responsáveis por grandes perdas na cafeicultura, principalmente quando não ocorre uma adequada identificação e o controle não é realizado de forma eficaz (ZAMBOLIM; CAIXETA, 2021).

A busca por cultivares mais adaptadas, produtivas e com características de resistência a doenças e nematoides tem se tornado uma alternativa fundamental para uma produção mais sustentável. Entretanto, é um desafio conseguir proporcionar todas essas características a uma cultivar, desafiando os programas de melhoramento genético constantemente. Cultivares melhoradas advindas dos programas de melhoramento são fundamentais para a formação de sistemas produtivos mais estáveis e contribuem para a redução de aplicações de agroquímicos nas lavouras.

Diversas barreiras são enfrentadas pelos melhoristas, como a quebra da resistência pela constante evolução dos patógenos, advindas de mutações e pressão de seleção por genes dominantes de virulência (ZAMBOLIN, 2016).

A cultivar Icatu, da espécie *Coffea* é de suma importância na história do melhoramento genético do cafeeiro, sendo caracterizada pelo sucesso da hibridação interespecífica entre *C. arabica* L. e *C. canephora* Pierre no IAC (Instituto Agrônomo de Campinas) em 1970, apresentando resistência a ferrugem alaranjada de *C. canephora* Pierre, além de variabilidade promissora para resistência a outras doenças, como a cercosporiose, se tornando fonte de resistência para outros cruzamentos (GUZZO; TSAI, 2009; CORRÊA, 2004; POZZA *et al*, 2004).

Dentre as doenças que causam severos danos à cafeicultura brasileira, a cercosporiose é uma das principais. O agente etiológico é a *Cercospora coffeicola* Berk. & Cooke. A expansão da área cultivada no país, variabilidade genética do patógeno, mudanças climáticas e desequilíbrio nutricional podem estar relacionados ao avanço cada vez mais expressivo da

doença, sendo a busca por cultivares resistentes, importante alternativa no manejo da doença (BOTELHO *et al.*, 2017).

Para desenvolver plantas com características de resistência, o sucesso da seleção de uma cultivar depende da identificação e disponibilidade de fonte de resistência, sendo fundamental a avaliação do potencial de expressão destas características nos bancos de germoplasma e coleções de trabalhos, principalmente com relação a patógenos de importância significativa para a cafeicultura (MARTINS *et al.*, 2021; BOTELHO *et al.*, 2017).

Sobre sucessivos ciclos seletivos, ocorre o acúmulo contínuo de alelos favoráveis na população, caracterizando o progresso genético onde a média genotípica e a expressão do caráter evoluem na direção de interesse (BORGES *et al.*, 2009). O cafeeiro, em detrimento de sua estreita diversidade genética, depende de estratégias eficientes para o sucesso da metodologia empregada e escolha de genitores elite (MEDEIROS *et al.*, 2021).

A predição do ganho genético, assim como a avaliação da efetiva concretização do efeito de seleção no avanço de gerações, via herdabilidade realizada, consiste em importante estratégia para analisar a eficiência dos procedimentos adotados, visando propor ações corretivas e facilitar a tomada de decisões (FALCONER; MACKAY, 1996; RANGEL *et al.*, 2002).

Diante do exposto, o presente trabalho tem como objetivo avaliar diferentes estratégias de seleção de progênies de cafeeiro arábica, com alto potencial produtivo e potencial de resistência a cercosporiose, com base no valor fenotípico e herdabilidade individual de caracteres agrônômicos, além de analisar caracteres genéticos em diferentes ciclos de seleção.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância econômica da cafeicultura brasileira

O cultivo de café no Brasil iniciou no século XVIII e é uma das principais atividades agrícolas do país sendo responsável pela geração de empregos e renda, além de estar fortemente ligada a agricultura familiar. Na safra 2021, estima-se uma produção total de 47,7 milhões de sacas beneficiadas de 60 quilos, em uma área aproximada de 2,2 milhões de hectares cultivados (CONAB, 2021).

Dentre os estados produtores de café no Brasil, Minas Gerais apresenta-se como o maior produtor com uma produção estimada de aproximadamente 22,1 milhões de sacas, que correspondem a 46,4% da produção nacional, em uma área plantada de 979.449,0 hectares. Espírito Santo, São Paulo, Paraná, Bahia, Goiás e Rondônia são responsáveis pelo restante da produção nacional, em um contexto geral (CONAB, 2021).

O Brasil é o segundo maior consumidor de café, permanecendo atrás somente dos Estados Unidos. O consumo per capita vem crescendo no Brasil, apresentando em 2018 um consumo de 6,02 kg de café verde em grão cru ou 4,26 kg por habitante de café torrado e moído. Atualmente, apenas 34% do total de café consumido no país ocorre fora do lar, sendo este, um mercado que apresenta contínuo potencial de crescimento (ABIC, 2019).

A crescente demanda por cafés de qualidade superior, tem mudado as expectativas de mercado. A qualidade do café é proveniente da interação de fatores como a composição química, o material genético, manejo, condições do ambiente, microbiota presente, processamento e armazenamento. A qualidade é atingida em frutos cereja, devido a fase de maturação fisiológica do fruto, onde a composição química se encontra em seu máximo quantitativo e se consolida na xícara, com a sensação de prazer a qual a bebida é capaz de propiciar por meio do consumo (LOPES, 2000; BORÉM, 2008; ISQUIERDO, 2011).

Para atingir mercados de café com melhor remuneração, a qualidade de bebida é fundamental, agregando valor ao produto. Entretanto, o mercado consumidor tem buscado, não somente a qualidade da bebida, mas também a origem do produto por meio da rastreabilidade, histórico, responsabilidade social e ambiental durante a produção. Neste quesito, o melhoramento genético, na busca por novas cultivares com características de resistência e eficiência no uso de recursos produtivos tem seu destaque.

2.2 Melhoramento genético do cafeeiro

O cafeeiro pertence à divisão das Fanerógamas, classe Angiosperma, subclasse Eudicotiledônea, ordem *Rubiales*, família das *Rubiaceae*, tribo *Coffeae*, e subtribo *Coffeinae* (CARVALHO, 2007). São conhecidas atualmente 130 espécies de cafeeiro pertencentes ao gênero *Coffea*, número este, resultante da junção dos gêneros *Coffea* e *Psilanthus* conforme Davis e Rakotonasolo (2021), com base principalmente em critérios morfológicos. Deste grupo, as espécies *C. arabica* L. e *C. canephora* Pierre são as mais estudadas do ponto de vista comercial. As demais espécies podem apresentar características de interesse pelos programas de melhoramento genético, podendo ser doadoras de genes para as espécies durante a etapa de pré melhoramento (MEENA; GURJAR; KUMHAR, 2017).

A espécie *C. arabica* L. é a única alotetraplóide autógama do gênero, com $2n = 44$ cromossomos, originada a partir de uma hibridação interespecífica entre duas espécies diplóides ($2n = 22$), sendo elas *Coffea eugenioides* e *C. canephora* (CENCI; COMBES; LASHERMES, 2012) a qual multiplica-se predominantemente por autofecundação, apresentando uma taxa de fecundação cruzada em torno de 10% (CARVALHO, 2007), e tem sido constantemente trabalhada nos programas de melhoramento.

Melhoramento genético, segundo Caixeta, Pestana e Pestana (2015) é a ciência e a arte de criação e seleção de plantas com fenótipos superiores para benefício da sociedade. Os primeiros estudos referentes ao melhoramento genético do cafeeiro ocorreram em 1.932 no Brasil, com a criação da Seção de Genética do IAC com o objetivo de melhorar a produtividade, vigor, longevidade e adaptação das cultivares para as diferentes regiões produtoras (CARVALHO, 1986). Com a chegada da ferrugem alaranjada (*Hemileia vastatrix* Berk. et Br.) ao Brasil em 1970, o melhoramento genético se voltou para a busca por plantas resistentes ou tolerantes a pragas e doença além de foco em outras doenças com alto potencial de dano (GUERREIRO FILHO *et al.*, 1990; PETEK *et al.*, 2006; PETEK *et al.*, 2007; SERA *et al.*, 2007; CAIXETA; PESTANA; PESTANA, 2015).

A partir de então, outras instituições de pesquisa iniciaram seus trabalhos no melhoramento genético da cultura, como a EPAMIG (Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais) em parceria com a UFLA (Universidade Federal de Lavras) e UFV (Universidade Federal de Viçosa), PROCAFÉ (Fundação Procafé), INCAPER (Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural), IDR (Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR-EMATER) e a EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária).

O melhoramento genético da espécie *C. arabica* é realizado principalmente pelo método convencional, selecionando genitores de elite geneticamente diversos para a realização de cruzamentos e formação das gerações segregantes, porém, existe uma dificuldade devido a uma estreita base genética associada a autofecundação natural da espécie arábica (JINGADE *et al.*, 2019).

De modo geral, a condução de populações segregantes para a seleção pode ser distribuída em duas categorias, sendo por métodos que não separam as fases de endogamia e seleção, onde se destacam a seleção massal e o método genealógico (*pedigree*) e os métodos que separam estas fases, sendo o método populacional (*bulk*), método do descende de uma semente (SSD) e método de Bulk dentro de gerações F₂ ou F₃ as principais metodologias para seleção em gerações avançadas de endogamia (RAMALHO *et al.*, 2012).

Para o cafeeiro, a condução das populações segregantes normalmente ocorre por seleção contínua, ou alternadas por novas hibridações das gerações subsequentes pelo método genealógico. Verifica-se também grande utilização do retrocruzamento, onde se promove sucessivas gerações de fecundação direcionada com um dos genitores, entretanto, o método mais adequado para adoção é aquele que se adequa ao tipo e fonte da variabilidade de interesse e o objetivo do programa de melhoramento (MEDINA FILHO; BORDIGNON, 2007).

Para se iniciar um programa de melhoramento para lançar uma nova cultivar, é necessário compreender a dinâmica da espécie e quais características necessitam ser melhoradas, como a resistência ou tolerância a patógenos (CAIXETA; PESTANA; PESTANA, 2015).

A resistência genética consiste na capacidade das plantas em inibir o crescimento de patógenos após o contato, sendo identificada comparativamente a cultivares suscetíveis. A tolerância consiste na capacidade das plantas em lidar com a infecção de patógenos sem perdas significativas de produtividade. A tolerância é uma característica pouco conhecida e de difícil mensuração e pode ser confundida com a resistência de caráter quantitativo (CALDWELL *et al.*, 1958; VALE; PARLAVLIET; ZAMBOLIM, 2001).

As plantas podem apresentar diferentes formas de resistência a doenças, sendo Vertical (qualitativa), em que a resistência é gerada pela manifestação de um (monogênica) ou poucos (oligogênica) genes específicos de efeito maior a certas raças do patógeno, seguindo a teoria gene-a-gene postulada por Flor (1956) em uma interação patógeno hospedeiro, em que não ocorre graus de resistência, sendo a planta suscetível ou resistente a raças específicas do patógeno. Por ser efetiva apenas contra algumas raças do patógeno, apresenta pouca

estabilidade e atua principalmente no retardamento da infecção, diminuindo o inóculo inicial (VAN DER PLANK, 1963; DALLAGNOL, 2018; MATIELLO *et al.*, 1997).

Outra forma é a resistência Horizontal (quantitativa) em que não ocorre a interação gene a gene entre as raças do patógeno e o hospedeiro, sendo governada por vários genes com efeito menor que apresentam funções normais na planta. Este tipo de resistência apresenta caráter durável e não específico às espécies do patógeno, todavia, devido as diferenças de agressividade, a manifestação pode ocorrer em diferentes níveis, de mínima a máxima resistência, promovendo a redução no progresso da doença, retardando e diminuindo a manifestação de sintomas (VAN DER PLANK, 1975; DALLAGNOL, 2018).

Para os programas de melhoramento, a resistência vertical conferida por uma pequena quantidade de genes específicos, é uma característica facilmente transmitida entre os cruzamentos. Porém, pela facilidade de os patógenos quebrarem está resistência, alternativas devem ser adotadas para manutenção da mesma (MATIELLO *et al.*, 1997).

A expressão de resistência em plantas de cafeeiro é possibilitada por características genéticas ou oriundas da interação genótipo por ambiente. A resistência a doenças é uma característica desejável devido a redução da necessidade de utilização de controle químico durante o manejo da cultura, entretanto, dificilmente se consegue selecionar uma cultivar com várias características de interesse agrônômico (CARVALHO *et al.*, 2012; LIMA, 2015).

A avaliação simultânea de vários caracteres deve ser considerada durante o processo de seleção de progênies (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009), porém, um grande desafio se forma quando várias variáveis são analisadas em um programa de melhoramento. Existe a possibilidade de as características serem correlacionadas em direções opostas, o que dificulta a seleção e a escolha dos genótipos com a maior expressão das características de interesse.

Apesar da mencionada dificuldade em se desenvolver uma cultivar perfeita globalmente, é necessário que alguns caracteres sejam usados como critérios de seleção. A análise conjunta de múltiplos caracteres possibilita a identificação mais assertiva entre a divergência genética das progênies avaliadas para formação de uma cultivar com vários fenótipos de interesse (FONSECA *et al.*, 2006; RAMALHO *et al.*, 2012). Índices de seleção podem ser empregados a fim de aumentar o êxito durante a seleção de progênies superiores, em que se calcula um valor numérico em função da combinação de caracteres mensurados pelo pesquisador, que apresentem herdabilidade e importância significativa, para ranqueamento e seleção simultânea de caracteres (SANTOS, 2016).

A seleção de uma dada característica pode resultar em alterações em outras, a depender da magnitude das correlações genotípicas. Entender este processo cria um caminho para

aumentar a eficiência da seleção de características de baixa herdabilidade, com base na seleção indireta, realizada a partir de um caráter de alta herdabilidade e alta correlação genética com a característica principal, maximizando ganhos durante o processo de criação (NOGUEIRA *et al.*, 2012; ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010).

O prazo para o lançamento de uma nova cultivar de cafeeiro é longo, chegando próximo a 30 anos devido a necessidade de avaliações da expressão fenotípica pelos genótipos ao longo do tempo, analisada principalmente na fase juvenil do cafeeiro, que é longa (RAMALHO; CARVALHO; NUNES, 2013). Desta forma, é necessário a adoção de metodologias eficazes e assertivas na escolha de materiais genéticos superiores, a fim de se atender a expectativa de exploração da cultura a campo (SERA, 2001; PEREIRA *et al.*, 2013).

Com as aplicações do melhoramento genético na cafeicultura, a predição genética toma significativa importância para a seleção de progênies com base na herdabilidade e potencial de estimativa individualizada de caracteres de interesse agrônômico (RESENDE *et al.*, 2001).

Ganhos significativos são observados em gerações subsequentes de melhoramento genético, sendo que para culturas perenes a utilização de modelos mistos (BLUP – melhor predição linear não viciada) que utilizam estimativas de variância obtidas pelo método REML de máxima verossimilhança restrita, permite que sejam obtidos componentes de variância genéticos e valores genéticos das plantas fidedignos para uma seleção precisa (PEREIRA *et al.*, 2013; RESENDE, 2004).

Para identificar a confiabilidade do valor fenotípico do indivíduo, busca-se estimar a herdabilidade da variância fenotípica total. Com esses valores calcula-se os ganhos gerados pelo método de melhoramento adotado, aumentando a eficiência na escolha das melhores progênies. Neste aspecto, a herdabilidade no sentido amplo é importante para caracterizar a interação do ambiente com a herança genética na expressão do caráter, enquanto a herdabilidade no sentido restrito caracteriza a fração herdável desta variância (RAMALHO *et al.*, 2012; REZENDE *et al.*, 2015).

Para se ter uma seleção genética eficiente, é necessária a comprovação a partir de avaliações de quatro colheitas, para verificação do real desempenho das progênies estudadas (CARVALHO *et al.*, 2006; CARVALHO, 1989). Várias pesquisas estão sendo realizadas por melhoristas visando a otimização do tempo necessário para o lançamento de novos materiais genéticos promissores, com ênfase principalmente nas técnicas biotecnológicas (CAMPOS; PANIS; CARPENTIER, 2017).

2.2.1 Herdabilidade de características métricas

O fato do cafeeiro ser uma cultura perene e que apresenta período juvenil longo e bienalidade na produção, ocasiona aspectos peculiares à cultura, ocasionando limitações com relação à aplicação dos programas de melhoramento, principalmente com relação ao fator tempo, levando a necessidade de adoção de metodologias eficazes e assertivas na escolha de materiais genéticos superiores, a fim de se atender a expectativa de exploração da cultura a campo (SERA, 2001; PEREIRA *et al.*, 2013).

Com as aplicações do melhoramento genético na cafeicultura, a predição genética tem tomado significativa importância para a seleção de progênies com base na herdabilidade e potencial de expressão individualizada de caracteres de interesse agrônômico (SOUZA *et al.* (2019), uma vez que a seleção de caracteres de baixa herdabilidade em condições de endogamia, permitem maior variância genética entre as progênies, possibilitando acentuar o progresso genético desejado (STEOLA; VON PINHO; PEREIRA, 2006).

A avaliação dos valores fenotípicos permite a estimação do valor genotípico, que é responsável pela inferência da seleção para a geração seguinte. A herdabilidade tem a função de expressar a confiabilidade do valor fenotípico sobre a predição do valor genotípico, descrevendo a proporção da variação total atribuída aos valores genéticos, determinado assim, o grau de semelhança entre parentes (FALCONER; MACKAY, 1996).

É fundamental que a estimativa da herdabilidade seja o mais próximo do real, a fim de prever com sucesso a seleção dos cafeeiros mais promissores, dependendo do controle experimental adotado, número de colheitas em avaliação, qual característica está sendo quantificada, além do método de estimação e a natureza da unidade de seleção (FERRÃO *et al.*, 2008; RAMALHO *et al.*, 2008).

A herdabilidade pode ser mensurada no sentido amplo, sendo estimada usando a variância genética total, ou seja, variância genética aditiva somada à variância genética dominante e epistática, sobre a variância fenotípica (genética mais a ambiental), correspondendo a um coeficiente de regressão linear do desempenho entre a ascendência e descendência. No sentido restrito, a relação se baseia apenas no efeito aditivo dos genes e a variância fenotípica total, sendo de extrema importância pelo fato de representar efetivamente a fração genética que será transmitida por propagação sexual a seleção (ACQUAAH, 2012; FALCONER; MACKAY, 1996). Entretanto, a estimativa da variância genética aditiva ou variância total depende do tipo de progênie e método de propagação utilizado.

Por ser um parâmetro não permanente, a estimativa da herdabilidade apresenta erro

padrão associado, sendo dependente da característica, da população, e do ambiente do experimento. Sua estimação sofre influência do efeito ambiental, forma de propagação da espécie, grau de endogamia, diversidade da população, unidade seletiva, tamanho da amostra analisada, unidade experimental, precisão na condução experimental e coleta de dados (ACQUAAH, 2012; BORÉM; MIRANDA, 2013).

A informação a respeito da herdabilidade pode ser utilizada para avaliar se um certo caractere foi beneficiado com a reprodução, de modo a permitir a aplicação de métodos de melhoramento específicos mais eficazes para maximização de ganhos, prever o ganho com a seleção, sendo que quanto maior a herdabilidade da característica maior é o ganho com o avanço de gerações, e também avaliar o germoplasma parental, a fim de identificar a variabilidade genética existente para iniciar um programa de melhoramento (ACQUAAH, 2012).

O ganho com a seleção descreve o sucesso de uma seleção, sem levar em consideração os sucessivos ciclos seletivos de um programa de melhoramento, sendo possível realizar esta averiguação estimando a relação entre o ganho de seleção e o diferencial de seleção, devidamente ponderado pela média. Assim, o ganho com a seleção pode ser adotado para estimar a herdabilidade na população base, sendo caracterizada como a herdabilidade realizada, que corresponde a uma descrição dos ganhos da resposta ao longo dos ciclos seletivos (FALCONER; MACKAY, 1996).

Segundo Fehr (1999), a herdabilidade realizada pode ser calculada a nível de plantas individuais, grupos de plantas ou média de uma amostragem. É dependente da unidade usada para a seleção para a eficiência da estimativa, desde que se tenha a informação contínua das progênes ao longo das sucessivas gerações. A herdabilidade realizada pode não fornecer uma estimativa válida da herdabilidade de uma população base, pois variações não controláveis e isoláveis podem enviesar as estimativas, como fatores ambientais, depressão por endogamia e deriva aleatória.

Ijaz e Shad (2021), presumem que baixos valores de herdabilidade realizada correspondem a baixa variação genética aditiva e maiores diferenças fenotípicas, uma vez que está representa a fração da variação fenotípica, que combina a variação genética e ambiental, ocasionada pela dissimilaridade genética.

A metodologia REML, conforme Meyer e Hill (1991) é a mais adequada para a estimativa da herdabilidade realizada ao longo de sucessivas gerações, por levar em consideração a resposta a seleção bem como as relações, correlações e covariâncias genéticas entre os indivíduos avaliados em uma mesma geração e entre gerações.

2.3 Cercosporiose (*Cercospora coffeicola* Berk. & Cooke)

A cercosporiose é uma doença relevante para a produção de café no Brasil, pelo fato de seus danos afetarem diretamente e indiretamente a produção da cultura, podendo levar a perdas significativas de produção. A doença causada pelo fungo *Cercospora coffeicola* foi identificada pela primeira vez na Jamaica por volta de 1881 (COOKE, 1881) e no Brasil por volta de 1901, em lavouras localizadas no estado de São Paulo, nas proximidades de Campinas e Araraquara. É uma das doenças mais antigas identificadas na cultura (NOACK, 1901).

Seus sintomas se manifestam em folhas como manchas necróticas circundada por um anel com aspecto marrom arroxeadado com bordas amarelas e o centro da lesão apresenta coloração clara. Nos frutos, onde aparecem manchas escuras e aparência seca, a maturação é acelerada e a casca fica aderida, podendo reduzir a concentração de açúcares e gerar fermentações indesejadas, reduzir o peso dos grãos, ocasionar chochamento, além de queda de folhas e frutos (SOUZA *et al.*, 2014; POZZA; CARVALHO; CHALFOUN, 2010).

Os conídios são as estruturas de propagação do fungo, sendo disseminados pelo vento, água e insetos, germinando em condições ideais de umidade, onde a penetração do tubo germinativo na célula ocorre através de aberturas naturais ou pela cutícula (GODOY; BERGAMIM FILHO; SALGADO, 1997).

No processo de infecção, o fungo promove a liberação de cercosporina, uma substância capaz de absorver energia luminosa, reagindo com o oxigênio para a formação de espécies reativas de oxigênio e, devido a seu potencial de dano, quando interage com outras moléculas gera morte do tecido e, conseqüentemente, liberação do conteúdo intercelular para alimentação do patógeno (MARTINS, 2007; DAUB, HERRERO, CHUNG, 2005).

Perdas de produtividade em detrimento a grandes epidemias da doença podem ser observados em casos onde o manejo não é realizado de forma correta (VALE *et al.*, 2021). A interação entre patógeno, hospedeiro e ambiente afeta a ocorrência e severidade da doença, entretanto, ainda se sabe pouco a respeito do potencial de variabilidade do fungo nas diferentes condições de cultivo e com relação a sintomatologia (BOTELHO *et al.*, 2019; JULIATTI *et al.*, 2000; MARTINS, 2007; SOUZA; MAFFIA; MIRUBUTI, 2012).

O progresso da doença é favorecido por temperaturas entre 10 e 25 °C, e excesso de insolação e luminosidade, umidade alta, desequilíbrio nutricional, principalmente excesso de potássio associado a deficiência de cálcio, que pode ser oriunda da competição pelo sítio de absorção. O silício pode reduzir a incidência da doença por elevar a concentração de lignina na

parede celular e espessamento da camada cerosa da folha. (POZZA; CARVALHO; CHALFOUN, 2010).

O principal manejo da doença é o químico, que é desafiador com relação aos custos de produção (ANDRADE *et al.*, 2021), porém, a realização do manejo técnico adequado conforme as exigências da cultura, principalmente no aspecto nutricional, respeitando o balanço Ca/K e N/K, contribuem para a redução da infecção da doença (SOUZA; MAFFIA; MIZUBUTI, 2012).

A utilização de cultivares resistentes é desejada como uma alternativa para o manejo da doença (BOTELHO *et al.*, 2017), todavia, no Brasil, o foco dos programas de melhoramento estão prioritariamente voltados para a resistência a ferrugem, por ser a principal doença da cultura e pelo fato da constante associação da cercosporiose ao desbalanço nutricional (PATRICIO; BREGHINI; FAZUOLI, 2010).

Para que dentro de um programa de melhoramento se desenvolva uma cultivar resistente a um dado patógeno é necessário, primeiramente, que se identifique uma fonte doadora de alelos de resistência, sendo assim, algumas progênies têm sido avaliadas com relação a severidade de infecção (BOTELHO *et al.* 2017; PETEK *et al.*, 2007; PEREIRA *et al.*, 2013). Estes mesmos autores relataram que a resistência a ferrugem alaranjada não apresenta correlação com o a possível manifestação de resistência a cercosporiose.

Pozza *et al.* (2004) identificaram que mudas de café Icatu apresentaram menores níveis de infecção a cercosporiose quando comparadas a mudas das cultivares Catuaí e Mundo Novo, avaliado o número de lesões com relação a aplicação de silício. Os autores explicam que plantas resistentes tendem a ter menor resposta a aplicação de silício, o que ocasiona um efeito semelhante entre as cultivares avaliadas e conseqüentemente a redução na severidade caracterizando uma provável resistência.

Em genótipos de *C. canephora*, com a aplicação de análises multivariadas para a identificação de genótipos divergentes para cruzamentos interpopulacionais, foi identificada herdabilidade no sentido amplo em parcelas individuais para reação a ferrugem alaranjada e cercosporiose, com 77 e 72%, respectivamente, caracterizando possibilidade de seleção e maximização de ganhos genéticos (SILVA *et al.*, 2015).

Botelho *et al.* (2017) relatam que existe grande diversidade de genótipos com características de resistência à ferrugem alaranjada e nematoides no banco ativo de germoplasma de Minas Gerais, entretanto, não se sabe se existe genótipos promissores para resistência/ tolerância a cercosporiose e de que forma ocorre a interação patógeno hospedeiro.

Em seus estudos, materiais promissores foram identificados, sendo o genótipo Sarchimor MG 8840 o mais expressivo quanto a resistência.

Dell' Acqua *et al.* (2011) identificaram em seus estudos, que a resistência a cercosporiose pode apresentar caráter quantitativo, devido a manifestação da resistência não ter se manifestado de forma completa, porém, devido a interação significativa entre isolados e cultivares, permeia a possibilidade de ocorrência de resistência qualitativa.

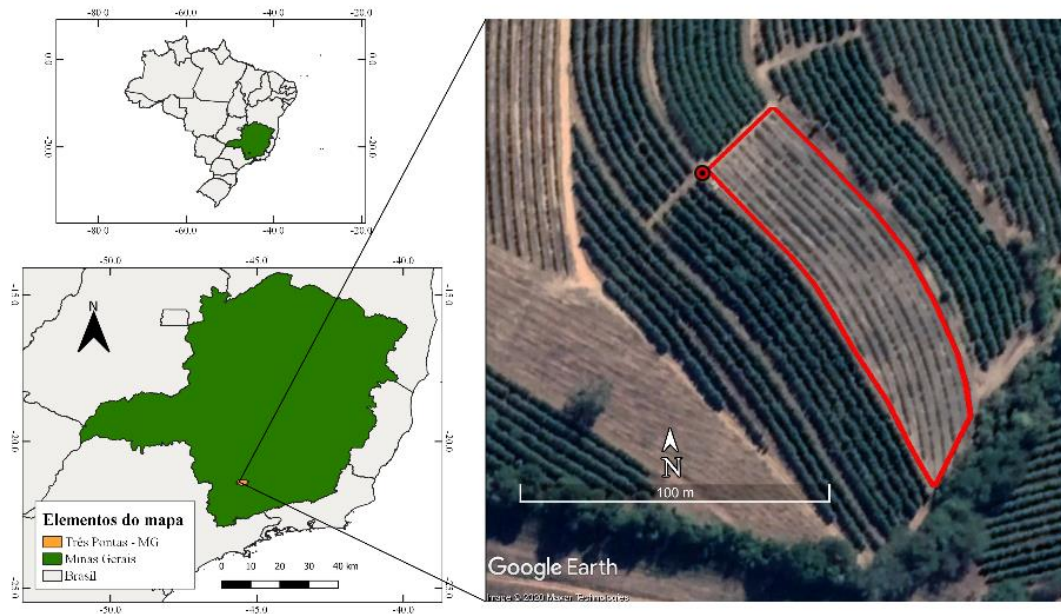
3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local do experimento

O experimento foi conduzido no Campo Experimental de Três Pontas (CETP) da EPAMIG, localizado no município de Três Pontas, Minas Gerais, instalado a 960 metros de altitude, latitude de 21°20'54.24" Sul e longitude de 45°28'48.57" Oeste (FIGURA 1).

Na região do experimento foram observadas temperaturas médias de 20,18 e 20,50 °C e 1.196,0 e 1.351,0 milímetros de precipitação para os anos agrícolas de 2019/2020 e 2020/2021, respectivamente (ESTAÇÃO CETP). O ensaio foi implantado no dia 06 de março de 2018, sendo adotado um espaçamento de 3,6 m x 0,70 m, conferindo um estande de 3.968 plantas por hectare.

Figura 1 - Localização do ensaio no Campo Experimental de Três Pontas (CETP) da EPAMIG em Três Pontas, Minas Gerais. Universidade Federal de Lavras, Lavras -Minas Gerais, 2022.



Fonte: Do autor (2022).

3.2 Delineamento e parcela experimental

O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados (DBC) com três repetições e 30 tratamentos (28 progênies e duas cultivares comerciais), totalizando 90 parcelas experimentais. Cada parcela é constituída por oito plantas, sendo adotadas as seis plantas centrais para representação da área útil de avaliação.

3.3 Progênies avaliadas

Foram avaliadas 28 progênies em geração $F_{4.5}$ (TABELA 1) obtidas pelo programa de melhoramento genético da EPAMIG, resultantes dos cruzamentos Icatu Amarelo IAC 2944 x Catuaí Amarelo IAC 62 e Icatu Amarelo IAC 2944 x IAC 5002 selecionadas entre as gerações de autopolinização e as cultivares MGS Aranãs e Catuaí vermelho IAC 144 adotadas como testemunhas.

As progênies estudadas foram selecionadas visualmente em plantas superiores do ensaio em geração F_4 pertencente ao programa de melhoramento genético EPAMIG em parceria com a Universidade Federal de Lavras (UFLA) e Universidade Federal de Viçosa (UFV), no Campo Experimental da EPAMIG de Machado - MG (CEMA), a partir do método genealógico com base no desempenho da característica produtividade, com colheita individual das plantas da parcela experimental.

Devido a identificação de variabilidade genética presente nas plantas sobre caracteres de interesse ao programa de melhoramento genético, realizou-se o avanço para geração $F_{4.5}$, aplicando abertura de progênie, onde foram identificadas visualmente plantas que reuniam a maioria das características agrônômicas fenotípicas de interesse para a formação da geração subsequente.

O material genético IAC 5002 de frutos vermelhos se refere ao retrocruzamento realizado pelo IAC entre Catuaí Amarelo IAC H2077-2-12-70 e Mundo Novo IAC 515-20.

Tabela 1 - Relação e caracterização das progênies utilizadas no ensaio realizado no Campo Experimental de Três Pontas (CETP) da EPAMIG em Três Pontas, Minas Gerais. Universidade Federal de Lavras, Lavras – Minas Gerais, 2022.

Nº	Identificação	Genitores
1	2 CV-2 BL II	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
2	2 CV 7 BL IV	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
3	2 CV 8 BL I	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
4	13 CV 1 BL I	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
5	13 CV 10 BL I	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
6	13 CV 10 BL III	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
7	13 CV 2 BL III	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
8	13 CV 2 BL IV	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
9	13 CV 3 BL 3	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
10	13 CV 4 BL IV	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
11	13 CV 6 BL I	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
12	13 CV 9 BL I	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
13	15 CV 1 BL III	Icatu Am. IAC 2944 x IAC Am. 5002
14	15 CV 10 BL III	Icatu Am. IAC 2944 x IAC Am. 5002
15	15 CV 2 BL III	Icatu Am. IAC 2944 x IAC Am. 5002
16	15 CV 6 BL IV	Icatu Am. IAC 2944 x IAC Am. 5002
17	15 CV 9 BL I	Icatu Am. IAC 2944 x IAC Am. 5002
18	15 CV 9 BL III	Icatu Am. IAC 2944 x IAC Am. 5002
19	28 CV 1 BL II	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
20	28 CV 10 BL I	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
21	28 CV 6 BL II	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
22	28 CV 8 BL III	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
23	29 CV 1 BL 1	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
24	29 CV 3 BL I	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
25	29 CV 5 BL I	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
26	29 CV 5 BL III	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
27	29 CV 6 BL IV	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
28	29 CV 9 BL I	Icatu Am. IAC 2944 x Catuaí Am. IAC 62
29	MGS Aranãs*	Icatu Vermelho IAC 3851-2 x Catimor UFV 1602-215
30	Catuaí Vermelho IAC 144*	Caturra Amarelo, IAC 476-11 x Mundo Novo IAC 374-19

* Cultivares adotadas como testemunhas.

Fonte: Do autor (2022).

3.4 Condução do experimento

O manejo técnico foi realizado conforme as recomendações agronômicas para a cultura do cafeeiro, de acordo com o calendário agrícola para a cultura. Após o plantio, as práticas de calagem e adubação foram realizadas com base no resultado e interpretação de análise de solo e as aplicações foliares realizadas conforme necessidade, tendo como referência a ocorrência do nível de controle para as pragas e doenças incidentes.

Nos períodos de avaliação de cercosporiose foram mantidos os tratamentos fitossanitários a fim de verificar a reação das progênies ao agente causal sobre o manejo realizado a campo, conforme o padrão realizado por produtores.

3.5 Variáveis analisadas

3.5.1 Avaliações fitométricas

As seguintes variáveis foram avaliadas nas colheitas de 2019/2020 e 2020/2021:

- a) Vigor vegetativo (VG): Avaliado antes das colheitas, sendo atribuídas notas conforme escala arbitrária de dez pontos, por três avaliadores, onde a nota um, é referente às piores plantas, com baixo vigor vegetativo e depauperamento acentuado, bem como nota dez para plantas extremamente vigorosas, enfolhadas, alto crescimento de ramos produtivos e carga pendente (PETEK; SERA; FONSECA, 2009).
- b) Diâmetro de caule (DC cm): realizado conforme metodologia proposta por Miranda *et al.* (2011) com auxílio de um paquímetro digital, na região do colo da planta a uma altura de cinco centímetros do solo.
- c) Número de ramos plagiotrópicos na haste principal (NP): contados manualmente o número total de ramos plagiotrópico por planta.
- d) Porcentagem de frutos chochos (Chocho): No momento da colheita foi quantificada a porcentagem de frutos chochos, de acordo com a metodologia proposta por Antunes Filho e Carvalho (1954), em que se colocam 100 frutos maduros em um recipiente com água, sendo adotados como chochos os frutos que permanecerem na superfície da água, com dados expressos em porcentagem.
- e) Produtividade (Prod. sacas hectare⁻¹): A colheita foi realizada quando se atingiu o ponto de maturação ideal (>80% de frutos maduros), por meio da derricha total dos frutos em pano, com posterior medição do café colhido, em litros, seguida da conversão para sacas hectare⁻¹ de acordo com o rendimento de cada progênie. Foram avaliadas as colheitas 2019/2020 e 2020/2021, referentes a segunda e terceira colheita, respectivamente, sendo a primeira descartada por não ser representativa comercialmente.
- f) Rendimento (RD): foi adotada uma amostra de quatro litros de café recém colhido, e acondicionados em sacos de polietileno trançado para à secagem até atingir $\pm 11,0\%$ de teor de água. As amostras foram armazenadas por 30 dias após a secagem, e em seguida

beneficiadas para determinação do rendimento conforme proposta de Santos et al. (2017). Estas mesmas amostras foram utilizadas para as avaliações físicas.

3.5.2 Avaliação fitossanitária

A cercosporiose foi avaliada por três avaliadores a cada 30 dias entre os meses de janeiro a maio de 2021 em quatro ramos plagiotrópicos localizados no terço médio de cada planta da área útil, sendo dois de cada lado da planta. Foi avaliado o terceiro par de folhas a partir do ápice dos ramos, totalizando 8 folhas analisadas por planta da área útil da parcela.

A avaliação consistiu na atribuição de notas visuais com base na escala diagramática específica para a severidade, proposta por Custodio *et al.* (2011). Especificamente, nota um corresponde a ausência de cercosporiose, nota dois corresponde a severidade entre 0,1 e 3%, nota três corresponde a severidade entre 3,1 e 6%, nota quatro corresponde a severidade entre 6,1 e 12%, nota cinco que corresponde a severidade entre 12,1 e 18%, nota seis que corresponde a severidade entre 18,1 e 30% e nota sete que corresponde a severidade entre 30,1 e 50% de frequência sobre o limbo foliar.

De posse dos dados referentes a severidade, calculou-se a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) a fim de identificar a área para severidade a cercosporiose (ASC), conforme Sharner e Finner (1977), descrito na Equação 1.

$$AACPD = \sum_{i=1}^{n-1} \frac{(Y_i + Y_{i+1})}{2} * (T_{i-1} - T_i) \quad (1)$$

em que:

AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença;

Y_i: proporção da doença na i-ésima observação;

T_i: tempo, em dias, na i-ésima observação;

n: número total de observações.

3.5.3 Avaliações físicas

As seguintes variáveis foram avaliadas nas colheitas 2019/20 e 2020/21, conforme descrito por Brasil (2003).

- a) Peneira 17 e acima (P17 %): Foi adotada uma amostra com 300 gramas de café beneficiado, sendo passada pelo conjunto de peneiras padrão (19/64 a 12/64 para grãos chatos e 13/64 a 08/64 para grãos moca). Foram somados os pesos dos grãos retidos nas peneiras tamanho 19, 18 e 17/64 e convertidos para porcentagem.
- b) Peneira 16 e acima (P16 %): Foi adotada uma amostra com 300 gramas de café beneficiado, sendo passada pelo conjunto de peneiras padrão (19/64 a 12/64 para grãos chatos e 13/64 a 08/64 para grãos moca). Foram somados os pesos dos grãos retidos nas peneiras tamanho 19, 18, 17 e 16/64 e convertidos para porcentagem.

3.6 Análises estatísticas

3.6.1 Análise dos dados

As variáveis foram submetidas ao teste de razão de verossimilhança (LRT), ao nível de significativo ao nível de 0,05 de probabilidade, considerando a aproximação de qui-quadrado a nível de média de progênies, de modo a identificar variação genética entre progênies e potencial de aplicar seleção com base nos parâmetros analisados.

Para a análise dos dados foram adotados os modelos mistos para predição dos valores genéticos, seguindo o procedimento de melhor predição linear não viciada (BLUP - *Best linear unbiased prediction*) com a estimativa dos componentes de variância obtidos pelos métodos de máxima verossimilhança restrita (REML). O programa utilizado para a análise foi o SELEGEN – REML/BLUP (RESENDE, 2007), assim como os modelos adequados.

A análise conjunta e individual dos dados, foi realizada após a análise de normalidade dos resíduos com base no teste de Shapiro-Wilk (SHAPIRO; WILK, 1965) e a detecção da homogeneidade da variância entre as colheitas conforme o teste F máximo (HARTLEY, 1950; MILLIKEN; JOHNSON, 2009), a partir dos dados coletados a nível de parcela, com o auxílio do software R, por meio do pacote stats (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2018).

O modelo linear representado na Equação 2, foi adotado para a análise dos dados referente a diâmetro de caule, número de ramos plagiotrópicos, vigor vegetativo, porcentagem de peneira 16 e acima, porcentagem de peneira 17 e acima, rendimento, produtividade e

porcentagem de grãos chochos, avaliados nas colheitas 2019/2020 e 2020/2021. Para a análise foi adotado o delineamento em parcelas subdivididas no tempo, onde as parcelas representam as colheitas avaliadas e nas sub-parcelas as progênies onde as variáveis foram analisadas.

$$y = Xm + Zg + Wp + e \quad (2)$$

em que:

y : vetor de dados;

m : vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

g : vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

p : vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas), (assumido como aleatórios);

e : vetor de erros ou resíduos (assumido como aleatórios);

X , Z e W : matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A análise dos dados de área abaixo da curva para severidade a cercosporiose avaliada na safra de 2020/2021, a nível de média de parcela, foi realizada usando o modelo linear representado na Equação 3.

$$y = Xr + Zg + e \quad (3)$$

em que:

y : vetor de dados;

r : vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

g : vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

e : vetor de erros ou resíduos (assumido como aleatórios);

X e Z : matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para cada característica, foram calculados de forma individual a média geral (μ), variância genética entre progênies (σ_g^2), herdabilidade da média de progênies no sentido amplo (h_a^2), acurácia seletiva na média de progênies (r_{ap}) e o coeficiente de variação genética de progênies (CV_g).

Foi calculada a correlação fenotípica e genotípica entre as fontes de variação estudadas e realizado o teste t ao nível de 0,05 de significância, para testar a significância dos valores estimados, utilizando o software R, por meio dos pacotes EMSaov (LEE; CHOE, 2018) e ggcorrplot (KASSAMBARA, 2019).

3.6.2 Estratégias de seleção

Inicialmente foi calculado o ganho de seleção para cada característica estudada a partir da seleção direta e realizado o ranqueamento para seleção, a partir da Equação 4, sendo realizada com auxílio dos softwares R e Genes (CRUZ, 2013). Depois foi calculada resposta correlacionada (ganho indireto) no caráter k em detrimento da seleção para o caráter y , conforme a Equação 5. Para avaliar o mérito da seleção indireta em relação a seleção direta foi calculada a razão das respostas correlacionada esperada e a resposta direta esperada, conforme Equação 6 (FALCONER; MACKAY, 1996).

$$SD_k = i * p * \sigma_g * h \quad (4)$$

em que:

SD_k : Ganho com a Seleção Direta do caráter k ;

i : intensidade de seleção, que será adotada como 20% (1,39);

p : controle parental (será adotado como igual a 1);

σ_g : desvio padrão genético;

h : raiz quadrada da herdabilidade da característica k .

$$RC_{k(y)} = i * p * r_g * \sigma_{gk} * h_y \quad (5)$$

em que:

$RC_{k(y)}$: Resposta correlacionada em k pela seleção praticada com o caráter auxiliar y .

i : intensidade de seleção, que será adotada como 20% (1,4);

p : controle parental (será adotado como igual a 1);

r_g : correlação genética entre os caracteres k (principal) e y (auxiliar);

σ_{gk} : desvio padrão genético de característica principal k ;

h_y : raiz quadrada da herdabilidade da característica auxiliar y .

$$R_{RC(SD)_k} = \frac{i_y r_{gky} h_y}{i_k h_k} \quad (6)$$

em que:

$R_{RC(SD)_k}$: razão de mérito da resposta correlacionada do caráter em relação a seleção direta para a característica k ;

i_y : intensidade de seleção padronizada para a característica y (auxiliar);

i_k : intensidade de seleção padronizada para a característica k (principal);

$r_{g_{ky}}$: correlação genética entre as características x e y ;

h_y : raiz quadrada da herdabilidade da característica auxiliar y ;

h_k : raiz quadrada da herdabilidade da característica principal k .

Em seguida, foi estimado o ganho com a seleção direta em porcentagem (GSD - %). Este parâmetro foi calculado a partir do ganho com a seleção, onde o diferencial de seleção (média dos selecionados menos a média do testador, que para este trabalho foram adotados a média das progênes e a média das testemunhas) foi multiplicado pela herdabilidade da característica, estimada a nível de média de parcela. Em seguida se realizou a estimativa percentual do ganho com a seleção, com relação ao testador, conforme Equação 7.

$$GSD_{(ij)} = \frac{GS_{(ij)}}{\bar{X}_{(j)}} * 100 \quad (7)$$

em que:

$GSD_{(ij)}$: Ganho com a seleção direta para a característica i , com relação ao testador j , em porcentagem;

$GS_{(ij)}$: Ganho com a seleção para a característica i , com relação ao testador j , calculado conforme a Equação 7.1:

$$GS_{(ij)} = DS_j * h_i^2 \quad (7.1)$$

em que:

DS_j : diferencial de seleção, entre a média das progênes selecionadas e a média do testador j ;

h_i^2 : herdabilidade no sentido amplo da característica i a nível de parcela;

$\bar{X}_{(j)}$: Média do testador j (testemunhas ou progênes).

Com base nas fontes de variação analisadas, foram aplicados os seguintes índices de seleção para realização do ranqueamento de progênes:

- i. Índice de seleção proposto por Mulamba e Mock (1978), que consiste na soma de pontos (I_{mm}) das médias fenotípicas ajustadas para cada caractere avaliado, conforme a Equação 8. Para este índice foram atribuídas duas formas de ponderação. A primeira consistiu nos pesos econômicos, sendo atribuído peso

um para as variáveis vigor v_1 (1) v_0 , porcentagem de peneira 16 e acima, rendimento e produtividade e peso de 0,8 para as variáveis diâmetro de caule, número de ramos plagiotrópicos e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose. A segunda ponderação foi realizada com base no coeficiente de variação genético.

$$I_{mm}(i) = \sum_{k=1}^n u_k r_{ik} \quad (8)$$

em que:

$I_{mm}(i)$: é o valor do índice de Mulamba e Mock associado ao genótipo i ;

u_k : é o peso econômico do caráter k ;

r_{ik} : é o posto associado à média fenotípica ajustada ao genótipo i relativo ao caráter k .

- ii. Índice FAI-BLUP: proposto por Rocha; Machado e Carneiro, (2017), este se baseia na análise fatorial e na distância genótipo-ideótipo. Após a determinação dos ideótipos as distâncias de cada progênie, com base no ideótipo, foram estimadas e convertidas em probabilidade espacial para realização do ranqueamento, conforme o algoritmo descrito na Equação 9. A análise foi realizada com auxílio do software R.

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1; j=1}^{i=n; j=m} \frac{1}{d_{ij}}} \quad (9)$$

em que:

P_{ij} : probabilidade do i^{th} genótipo ($i = 1, 2, \dots, n$) a ser semelhante ao j° ideótipo ($j = 1, 2, \dots, m$);

$\frac{1}{d_{ij}}$: distância genótipo-ideótipo do i^{th} genótipo ao j° ideótipo - baseado na distância euclidiana média padronizada.

- iii. Índice da soma das variáveis padronizadas (IZ): proposto por Mendes; Ramalho e Abreu, (2009), foi realizada a padronização dos dados das parcelas, conforme equação 10, sendo o índice obtido a partir da soma dos n valores padronizados de z_{ijk} dos n caracteres mensurados em cada parcela de cada bloco (EQUAÇÃO 11). Em seguida estes valores foram submetidos a teste de Skott-Knott ao nível de 0,05 de significância, com auxílio do Software R, por intermédio do pacote ExpDes.pt (FERREIRA; CAVALCANTI; NOGUEIRA, 2021).

$$z_{ijk} = \frac{y_{ijk} - \bar{y}_{jk}}{s_{jk}} \quad (10)$$

em que:

z_{ijk} : valor fenotípico padronizado da parcela que recebeu a j -ésima repetição do genótipo i para a característica k ;

y_{ijk} : valor observado no genótipo i , na j -ésima parcela para a característica k ;

\bar{y}_{jk} : média fenotípica da repetição j para a característica k ;

s_{jk} : desvio padrão fenotípico associado a repetição j para a característica k .

$$Z_{ijk} = \sum_{k=1}^n z_{ijk} \quad (11)$$

em que:

Z_{ijk} : Soma dos valores padronizados para as parcelas que receberam a j -ésima repetição do genótipo i para todas as características mensuradas em k ;

z_{ijn} : valor fenotípico padronizado da parcela que recebeu a j -ésima repetição do genótipo i para a característica k ;

3.6.2.1 Análise gráfica com base na herdabilidade individual de progênie

Com o intuito de promover uma seleção baseada em multitraços, a partir do software Selegem-REML/BLUP (e dos modelos descritos anteriormente) foram estimadas as herdabilidades individuais de progênie, pelos componentes de variância por genótipo (REML Individual), para cada característica estudada. De posse destes dados, foi calculada a correlação entre os valores, com auxílio do software R, por intermédio do pacote stats (R

DEVELOPMENT CORE TEAM, 2018) e os valores foram testados pelo teste t ao nível de 0,05 de significância pelo pacote `ggcorrplot` (KASSAMBARA, 2019).

Em seguida os dados foram submetidos à análise de fatores, onde a análise de componentes principais foi utilizada para extrair as cargas fatoriais da matriz de correlação entre as herdabilidades individuais.

O critério para definir o número de fatores a ser adotado, foi considerar apenas os que apresentavam autovalores superiores a um e, para definir as variáveis explicativas em cada fator, foram adotadas as que apresentavam comunalidade (proporção da variação da i -ésima variável que pode ser atribuída aos f fatores comuns – variância específica) superiores as 0,64 (REGAZZI; CRUZ, 2020). Foi utilizado o critério varimax (KAISER, 1958) para a rotação analítica ortogonal e para o cálculo dos escores dos fatores, foi utilizado o método dos mínimos quadrados ponderados, conforme Johnson e Wichern (1998).

Em posse dos escores fatoriais, estes foram então plotados em um gráfico de dispersão, com o software R, por intermédio do pacote `ggplot2` (WICKHAM, 2016), a fim de promover a seleção dos indivíduos que maximizassem os ganhos em função das estimativas de herdabilidade individual a partir da análise gráfica (AG). Desta forma, foi adaptada a metodologia proposta por Murakami e Cruz (2004), onde, no plano de dispersão dos escores, são plotados eixos em função da média dos escores pertencentes a cada fator, criando assim, quatro quadrantes.

A interpretação do resultado obtido foi: para o quadrante I se tem as progênes que acumulam maiores ganhos em função da herdabilidade individual, sendo possível aplicar uma intensidade de seleção ao grupo identificado, isolando a proporção de progênes com interceptação dos valores dos escores mais elevados. Nos quadrantes II e IV se tem as progênes que apresentam ganhos em função da sub-região determinada pelo fator principal, sendo II e IV para o fator presente no eixo y e x , respectivamente. No quadrante III se tem as progênes de baixo desempenho, que não são candidatas a seleção.

Em situações onde são adotados apenas dois fatores, a interpretação dos resultados de seleção é realizada de forma direta, entretanto, com a necessidade de lidar com um maior número de fatores explicativos, deve se criar uma sequência com todas as m combinações de fatores e a decisão tomada a partir de uma análise conjunta dos gráficos.

3.6.3 Comparação entre as estratégias adotadas

De posse dos resultados das estratégias de seleção adotadas, calculou-se o ganho com a seleção percentual com relação à média de progênies (princípio da equação quatro, adotando como testador a média das progênies) a fim de identificar qual alternativa de seleção maximiza os ganhos simultâneos para as características avaliadas.

Foi calculada a correlação de Spearman com auxílio do software R, por intermédio do pacote stats (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2018) e os resultados foram testados pelo teste t ao nível de 0,05 de significância pelo pacote ggcorrplot (KASSAMBARA, 2019). Também foi calculada a porcentagem de coincidência entre as progênies selecionadas pelas diferentes estratégias com a seleção direta, para todas as fontes de variação avaliadas, conforme descrito por Ramalho *et al.* (2012) e entre as diferentes estratégias adotadas.

3.6.4 Herdabilidade realizada

A fim de avaliar o ganho realizado entre gerações, foi calculada a herdabilidade realizada (VERDAL *et al.*, 2022; FALCONER; MACKAY, 1996), considerando o ganho realizado na geração F_{4.5} sobre a seleção das 13,88% progênies superiores da geração F₄, calculada com base na Equação 12 para as variáveis produtividade (Prod.), vigor vegetativo (VG), notas de severidade a cercosporiose (NSC), porcentagem de peneira 17 e acima (P17) e porcentagem de frutos chochos (Chocho). As variáveis apresentarem equivalência com relação a unidade de avaliação e significância para variabilidade genética e prática de seleção.

$$h_r^2 = \frac{Rw}{i\sigma_p(1-r)\sqrt{\frac{n-1}{n(1-t)}}} \quad (12)$$

em que:

h_r^2 : herdabilidade realizada individual;

Rw : resposta observada à seleção (inclinação da linha de regressão do diferencial de seleção);

i : intensidade da seleção padronizada;

σ_p : desvio padrão dos valores fenotípicos;

r : relação genética (1/2 com famílias de irmãos completos);

n : número médio de indivíduos em cada família;

t : correlação intraclassa de valores fenotípicos de membros das famílias, estimados como $t = 1 - (\sigma_w^2/\sigma_t^2)$ com σ_w^2 e σ_t^2 sendo as variâncias intrafamiliares e totais, respectivamente.

3.6.5 Análise do progresso entre gerações para parâmetros genéticos

Foi realizada uma análise sobre os parâmetros herdabilidade da média de progênes no sentido amplo e ganho com a seleção em porcentagem (calculado conforme a Equação 4, adotando como testador a média das progênes) com o avanço da geração F_4 para a geração $F_{4:5}$, com a aplicação de uma intensidade de seleção de 13,88% e 20,0%, respectivamente, para as variáveis produtividade, vigor vegetativo, notas de severidade a cercosporiose, porcentagem de peneira 17 e acima e porcentagem de frutos chochos, a fim de compreender o comportamento com relação ao ganho de seleção após o avanço da geração.

Por fim, foi estimado o progresso genético médio estimado com a seleção de progênes superiores, para evidenciar o potencial de resposta a seleção, conforme a Equação 13.

$$PGM_x = \frac{(\bar{X}_{S_{F_{4:5}x}} - \bar{X}_{S_{F_4x}})}{\bar{X}_{S_{F_{4:5}x}}} * 100 \quad (13)$$

em que:

PGM_x : progresso genético médio estimado para a característica x (%);

$\bar{X}_{S_{F_{4:5}x}}$: média das progênes selecionadas na geração $F_{4:5}$ para a característica x ;

$\bar{X}_{S_{F_4x}}$: média das progênes selecionadas na geração F_4 para a característica x .

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Seleção direta e respostas correlacionadas

As estimativas dos parâmetros genéticos para as características avaliadas estão apresentadas na Tabela 2, sendo adotada a análise sobre médias por parcela para a seleção de progênies, realizada com base em modelos mistos, com o procedimento REML/BLUP. Esta metodologia é recomendada para análise e seleção em genética quantitativa aplicada a culturas perenes, podendo ser empregada rotineiramente em predição de parâmetros genéticos na cultura do cafeeiro (CARIAS *et al.*, 2014; PEREIRA *et al.*, 2013; RESENDE, 2001; RESENDE, 2016).

P16 e NP se destacaram para a estimativa da variância genética (σ_g^2), com valores de 26,689 e 22,186, respectivamente. Para à ASC, o valor encontrado foi de 18,429, indicando variabilidade, sendo viável a seleção de progênies superiores para estas características.

Tabela 2 - Estimativa de parâmetros para a seleção de progênies de cafeeiro em geração F_{4:5}. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

Parâmetro	DC	NP	VG	P16	RD	Prod.	ASC
μ	11,78	45,98	6,63	47,57	3,02	3,04	17,02
σ_g^2	16,44	22,19	0,23	26,69	0,10	0,18	18,43
h_a^2	74,90	59,40	53,10	41,80	61,70	52,80	47,40
r_{ap}	0,85	0,76	0,72	0,64	0,77	0,72	0,68
CV _g	11,24	10,02	7,77	12,20	19,78	32,01	25,24
LRT	19,99*	8,44*	5,90*	3,96*	9,53*	5,81*	4,33*

Média geral (μ), variância genética entre progênies (σ_g^2), herdabilidade da média de progênies no sentido amplo (h_a^2), acurácia seletiva na média de progênies (r_{ap}), coeficiente de variação genética de progênies (CV_g) e teste da razão de verossimilhança (LRT). Diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc⁻¹), produtividade (Prod. sc ha⁻¹) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC).

*Significativo ao nível de 0,05 de probabilidade, considerando a aproximação de qui-quadrado de 3,54.

Fonte: Do autor (2022).

Para o sucesso no processo de seleção, é importante que a herdabilidade da característica apresente a maior magnitude possível, de modo que a maioria da variação fenotípica observada seja em decorrência da ação dos genes envolvidos no caráter (KRUEGER *et al.*, 2008). A herdabilidade da média de progênies no sentido amplo (h_a^2) apresentaram estimativas entre 41,8 e 74,9% para P16 e DC, respectivamente, sendo considerados boas magnitudes para estas variáveis, favorecendo a prática de seleção, a fim de promover ganhos significativos. Souza *et al.* (2019) encontraram baixa estimativa de h_a^2 para a característica DC avaliando 195 cafeeiros

que compõem 13 famílias, entretanto, para VG, a estimativa encontrada pelos autores (0,70) se assemelha a encontrada neste estudo.

Analisando a severidade a cercosporiose em escala de notas, Botelho *et al.* (2017) encontraram estimativas de herdabilidade superiores às obtidas no presente estudo. Pereira *et al.* (2013), obtiveram baixas estimativas para este parâmetro (3,0%) seguindo a mesma metodologia de avaliação. Isto mostra grande variabilidade entre populações na seleção de plantas superiores com características de resistência para este patógeno, abrindo possibilidade de obtenção de ganhos com a seleção. Para Prod., a estimativa de 52,8% de h_a^2 foi superior a encontrada por Rodrigues *et al.* (2013) na avaliação do desempenho de diferentes genótipos em várias colheitas, com uma alta estimativa de acurácia (0,87).

A acurácia seletiva na média de progênies (r_{ap}) indica o ordenamento correto das progênies para fins de seleção e a eficácia da inferência acerca do valor genotípico estimado em relação aos valores genotípicos reais. O maior valor de r_{ap} foi observado para a característica DC (0,85), e o menor para P16 (0,67). Conforme Resende e Duarte (2007), as estimativas para as fontes de variação DC, NP, VG, RD e Prod. podem ser consideradas de alta precisão, enquanto para P16 e ASC, de precisão moderada.

A eficiência da seleção função da magnitude da herdabilidade, o que reflete na capacidade de prever o valor genotípico da população (SOUZA *et al.*, 2019). Isto implica diretamente na estimativa da acurácia seletiva, pois a seleção em função de variáveis com altas estimativas de herdabilidade são capazes de aumentar a aproximação dos valores fenótipos experimentais com os parâmetros da população (GRATTAPAGLIA; RESENDE, 2010; GOIS *et al.*, 2016).

Para a estimativa do coeficiente de variação genético (CVg), os valores encontrados foram de 11,24, 10,02, 7,77, 12,20, 19,78, 32,01 e 25,24 para DC, NP, VG, P16, RD, Prod. e ASC, respectivamente. Observa-se que as maiores estimativas são observadas para Prod. e ASC, sendo de extrema importância, uma vez de a seleção de progênies superiores com base nestas características resultará em um aumento significativo no valor genético da população.

A magnitude da variabilidade genética para uma determinada característica de interesse agrônomo pode ser mensurada em função do CVg, possibilitando a comparação de níveis de variabilidade em diferentes genótipos, ambientes e características que serão trabalhadas em seleção individual ou simultânea, como parâmetro relativo as prováveis mudanças em detrimento da seleção (FERRÃO *et al.*, 2008). Todas as estimativas encontradas aqui foram superiores os resultados encontrados por Pereira *et al.* (2013), estudando a população de progênies oriundas do cruzamento Icatu x Elite em geração F₄, assim como para Moreira (2019)

em progênies Icatu x Catimor em geração F_{4:5}.

Na Tabela 3 estão dispostas as correlações fenotípicas e genotípicas, abaixo e acima da diagonal principal, respectivamente, para as variáveis analisadas. Com base no teste *t* ao nível de 5%, de significância, foram observados que as correlações entre NP x VG, DC x Prod., DC x ASC e Prod. x ASC foram significativas genotípica e fenotipicamente, mostrando associação significativa entre os valores genotípicos e fenotípicos para estes caracteres.

Tabela 3 - Matriz de correlações genotípicas (acima da diagonal principal) e fenotípicas (abaixo da diagonal principal) para a seleção de indivíduos superiores. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

	DC	NP	VG	P16	RD	Prod.	ASC
DC	1	0,60	0,54	0,18	0,27	0,79 *	-0,16 *
NP	0,50	1	0,83 *	0,68	0,66	0,36	0,59
VG	0,59	0,83 *	1	0,49	0,62	0,24	0,18
P16	0,21	0,57	0,45	1	0,50	0,24	0,51
RD	0,33	0,65	0,57	0,47	1	-0,16	0,51
Prod.	0,72 *	0,53	0,37	0,37	0,05	1	-0,64 *
ASC	0,01 *	0,21	0,11	0,17	0,18	-0,13 *	1

Diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc⁻¹), produtividade (Prod. sc ha⁻¹) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC).

* Significativo pelo teste *t* ao nível 0,05 de significância.

Fonte: Do autor (2022).

Associação positiva foi observada para a correlação fenotípica para DC com Prod. e ASC, o que ocasiona incrementos no mesmo sentido com o aumento destas variáveis, porém, a correlação genética para DC x ASC assume sentido inverso, sendo que na busca por ganhos fenotípicos e genotípicos para as características DC e Prod. se reduz o ganho genético para ASC. Carvalho *et al.* (2010) obtiveram correlações fenotípicas e genotípicas significativas entre DC e Prod. e entre Prod. e NP. Os autores também obtiveram resultados significativos entre DC e NP e Bonomo *et al.* (2004) encontraram significância para VG e Prod., ao contrário dos resultados encontrados aqui.

Entre VG e NP, ambas as correlações foram de alta magnitude, sendo interessante, uma vez que plantas mais vigorosas, normalmente são mais desenvolvidas e apresentam uma boa ramificação lateral.

A correlação genética mede a fração herdável entre os genitores e sua prole ou descendência, em função de ligações gênicas, que se alteram com a recombinação e pleiotropia, a qual é a principal causa de associação entre caracteres, com efeito contínuo enquanto que a

correlação fenotípica mede a associação de duas características provenientes dos efeitos genéticos e ambientais a partir das médias fenotípicas, sendo este último, significativo em casos nos quais características diferentes se alteram num mesmo ambiente (NUNES *et al.*, 2008; FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO *et al.*, 2012).

Foi evidenciada uma alta correlação genotípica entre Prod. e ASC, entretanto, negativa. Este fato também foi evidenciado para os valores fenotípicos neste trabalho. Isso dificulta a seleção simultânea destas características, uma vez que a maximização de ganhos para um dado caráter resulta em resultados opostos em outro de interesse econômico, sendo necessário a adoção de estratégias que sejam capazes de selecionar indivíduos que conjuntamente apresentem valores economicamente significativos. A cercosporiose apresenta relação com a nutrição da planta, que em condições de alta produtividade, onde a demanda de fotoassimilados para os frutos é alta, pode criar um cenário favorável a severidade do fungo (CARVALHO *et al.*, 2010).

A seleção direta visa a obtenção da seleção das melhores progênies e de obter ganhos apenas sobre um único caráter. Verifica-se na Tabela 4 os ganhos com a seleção direta sobre a média das testemunhas ($GSD_{(t)}$) e com relação média de progênies ($GSD_{(p)}$) em valores absolutos e o ganho percentual sobre a média das testemunhas ($GSD_{(t)} - \%$) e progênies ($GSD_{(p)} - \%$).

Foram divididos os testadores para a seleção direta, a fim de realizar a prática de seleção com relação ao grupo de progênies, e verificar a superioridade do mesmo com relação as testemunhas, uma vez que o ensaio já se encontra em uma geração avançada do programa de melhoramento ($F_{4.5}$).

Verifica-se que os maiores ganhos com a seleção direta foram obtidos para as variáveis RD, Prod. e ASC, sendo -18,28, 29,22 e -17,78% sobre a média das progênies e -20,80, 12,75 e -26,87%, sobre a média de testemunhas, respectivamente. Ressalta-se que a seleção para RD e ASC foi no sentido decrescentes. Estes resultados eram esperados, uma vez que estas variáveis apresentam as maiores estimativas de CV_g , sendo, possível a aplicação de seleção de forma mais acurada, devido a maior confiabilidade sobre o valor fenotípico para representar o valor genético. Dias *et al.* (2019) observaram ganhos com a seleção direta para Prod. na magnitude de 4,93% com relação à média de testemunhas, sendo assim uma estratégia eficiente. Como esperado o ganho sobre a média de testemunhas foi maior com relação à média de progênies.

Tabela 4 - Ganhos com a seleção direta para a seleção de indivíduos superiores a uma intensidade de 20%. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

Genótipos selecionados por caractere							
Nº Ordem	DC	NP	VG	P16	RD	Prod.	ASC
1	19	14	19	3	7	26	23
2	24	1	3	29	23	19	16
3	26	18	14	2	2	24	18
4	27	16	21	4	21	20	14
5	20	13	17	30	25	21	7
6	14	20	16	16	11	3	2
Média P.	39,726	64,269	6,617	46,905	587,142	33,164	16,527
Média Test.	37,042	66,427	7,096	57,995	623,313	41,496	23,842
Média S.D.	45,721	72,786	7,350	57,144	413,142	51,516	10,326
h_a^2	0,749	0,594	0,531	0,418	0,617	0,528	0,474
GSD_(p)	4,490	5,059	0,389	4,280	-107,358	9,690	-2,939
GSD_(t)	6,501	3,777	0,135	-0,356	-129,676	5,291	-6,407
GSD_(p) - %	11,30	7,87	5,89	9,12	-18,28	29,22	-17,78
GSD_(t) - %	17,55	5,69	1,90	-0,61	-20,80	12,75	-26,87

Média das progênies (Média P.), média das testemunhas (Média Test.) média das progênies selecionadas por variável (Média S.D.), herdabilidade média de progênies no sentido amplo (h_a^2), ganho com a seleção com relação à média de progênie (GS_(p)), ganho com a seleção com relação à média das testemunhas (GS_(t)), porcentagem do ganho de seleção com relação à média de progênies (GS_(p) - %) e porcentagem do ganho de seleção com relação à média de progênies (GS_(t) - %). Diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc⁻¹), produtividade (Prod. sc ha⁻¹) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC).

Fonte: Do autor (2022).

Com relação a média das testemunhas, a seleção direta das progênies superiores resultou em ganho negativo de -0,61% para a característica P16, sendo evidenciado ganhos apenas na seleção com base na média de progênies (9,12%). Esta característica foi a única a apresentar as testemunhas no grupo selecionado. Com relação à média geral, foi observado ganho positivo para esta variável (TABELA 2).

Invariavelmente se busca em uma cultivar elevada, capacidade produtiva, alta porcentagem de grãos de peneira alta (FERREIRA *et al.*, 2005), desde que estejam associados a uma alta densidade. Entretanto, estas variáveis são fortemente influenciadas pelo ambiente. No estudo realizado por Ferreira *et al.* (2013) os autores identificaram variação com relação ao agrupamento com base no teste de Skott-knott, ao nível de 0,05 de significância, entre os genótipos estudados para esta variável, com reduções inclusive com base no valor das testemunhas empregadas no ensaio. Carvalho *et al.* (2012), também observaram influência do ambiente sobre esta característica.

Com base no grupo de progênies selecionadas para cada característica individualmente, verifica-se que as progênies 14 e 16 maximizaram o ganho para o maior número de características, sendo referente a quatro variáveis e coincidente para NP, VG e ASC. As progênies 2, 3, 19, 20 e 21 foram selecionadas para três características, as progênies 7, 18, 23, 24 e 26 foram selecionadas para duas fontes de variação e as progênies 1, 4, 11, 13, 17, 25, 27 juntamente com as testemunhas 29 e 30, para uma variável. De modo geral, 70% dos materiais avaliados foram selecionados ao menos para uma característica estudada, mostrando o alto potencial genético da população.

A seleção de uma característica pode influenciar as respostas em outras, favoráveis ou contrárias ao ideótipo desejado. Isso ocorre em função da magnitude e direção da correlação genética observada entre um par de variáveis (RODRIGUES et al., 2010). Desta forma, a resposta correlacionada, ou seleção indireta (TABELA 5), é uma característica biométrica importante a ser mensurada para a seleção indireta, principalmente para características de baixa herdabilidade ou de difícil mensuração, uma vez que caracteres vegetativos podem estar altamente associados a produtividade (TEIXEIRA et al., 2013).

A adoção desta estratégia depende da estimativa da razão entre a resposta correlacionada e o ganho com a seleção direta ($r_{g_{ky}} h_y$) em situações onde se trabalha com a mesma intensidade de seleção aplicada para a variável principal e as demais auxiliares, como no presente estudo, onde todas as combinações de seleção correlacionadas foram mensurada. Está informação é significativa quando $r_{g_{ky}} h_y$ for superior a estimativa da raiz quadrada da herdabilidade do caráter principal, em que na Tabela 5, analisado no sentido da coluna.

Com base nos resultados para resposta correlacionada para este experimento, verifica-se a seleção realizada sobre a característica produtividade foi a única a qual gerou ganhos adequados, com base no ideótipo, para todas demais características de forma indireta, sendo potencial a seleção indireta.

Analisando a raiz quadrada da herdabilidade para as variáveis analisadas (h_x), verifica-se que, nenhum dos valores estimados pelo testador $r_{g_{ky}} h_y$ foram superiores a h_x entre as variáveis analisadas para a seleção indireta, desta forma, o emprego desta estratégia não se faz eficiente para este conjunto de dados. Isto se deve, pois, as estimativas de herdabilidade média de progênies no sentido amplo são de alta magnitude e as correlações genéticas apresentam em sua maioria valores baixos a moderados. A correlação entre VG e NP é considerada de alta magnitude, entretanto, em decorrência da herdabilidade alta para estas características, a seleção indireta entre ambas não é significativa.

Tabela 5 - Resposta correlacionada e razão genética para os parâmetros avaliados em progênes de cafeeiro em geração F_{4:5}, sobre uma intensidade de seleção de 20%. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

Parâmetros	DC	NP	VG	P16	RD	Prod.	ASC
<i>h_x</i>	0,865	0,771	0,729	0,647	0,785	0,727	0,688
RC. DC	-	4,25	3,825	1,275	1,912	5,596	-1,133
RRC(SD)	-	0,53	0,45	0,13	0,25	0,66	-0,13
<i>r_{g_{ky}}</i>h_y	-	<i>0,46</i>	<i>0,39</i>	<i>0,12</i>	<i>0,21</i>	<i>0,57</i>	<i>-0,11</i>
RC. NP	5,085	-	7,035	5,763	5,594	3,051	5,001
RRC(SD)	0,67	-	0,78	0,57	0,67	0,34	0,53
<i>r_{g_{ky}}</i>h_y	<i>0,52</i>	-	<i>0,6</i>	<i>0,44</i>	<i>0,52</i>	<i>0,26</i>	<i>0,41</i>
RC. VG	0,359	0,551	-	0,325	0,412	0,159	0,12
RRC(SD)	0,54	0,88	-	0,43	0,67	0,24	0,17
<i>r_{g_{ky}}</i>h_y	<i>0,39</i>	<i>0,64</i>	-	<i>0,32</i>	<i>0,49</i>	<i>0,17</i>	<i>0,12</i>
RC. P16	1,284	4,849	3,494	-	3,566	1,712	3,637
RRC(SD)	0,24	0,81	0,55	-	0,61	0,27	0,54
<i>r_{g_{ky}}</i>h_y	<i>0,16</i>	<i>0,52</i>	<i>0,36</i>	-	<i>0,39</i>	<i>0,17</i>	<i>0,35</i>
RC. RD	45,688	111,683	104,914	84,608	-	27,075	86,3
RRC(SD)	0,3	0,65	0,58	0,41	-	0,15	0,45
<i>r_{g_{ky}}</i>h_y	<i>0,68</i>	<i>0,28</i>	<i>0,17</i>	<i>0,16</i>	-	<i>-0,13</i>	<i>-0,44</i>
RC. Prod	10,666	4,86	3,24	3,24	2,16	-	8,641
RRC(SD)	0,94	0,38	0,24	0,21	0,17	-	0,61
<i>r_{g_{ky}}</i>h_y	<i>0,68</i>	<i>0,28</i>	<i>0,17</i>	<i>0,16</i>	<i>-0,13</i>	-	<i>-0,44</i>
RC. ASC	-0,662	2,441	0,745	2,11	2,11	-2,648	-
RRC(SD)	-0,2	0,66	0,19	0,48	0,58	-0,68	-
<i>r_{g_{ky}}</i>h_y	<i>-0,14</i>	<i>0,45</i>	<i>0,13</i>	<i>0,33</i>	<i>0,4</i>	<i>-0,47</i>	-

Diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc⁻¹), produtividade (Prod. sc ha⁻¹) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC). Raiz quadrada da herdabilidade média de progênes no sentido amplo (*h_x*), ganho com a seleção direta (SD), resposta correlacionada para a *n* (coluna) característica com a seleção direta realizada para a variável *m* (linha) (RC.*n*), razão entre a resposta correlacionada e o ganho com a seleção direta (RRC(SD)) e, em itálico, testador para verificar a eficiência da seleção indireta sobre a seleção direta (*r_{g_{ky}}*h_y).

Fonte: Do autor (2022).

A seleção indireta foi eficiente em outros estudos de cafeeiros (SEVERINO *et al.*, 2001; REZENDE *et al.*, 2014; MORELLO *et al.*, 2020), evidenciando que a metodologia é eficiente em certas condições, além das apresentadas no presente estudo.

4.2 Índices de seleção

No melhoramento genético, em geral, objetiva-se acumular ganhos para uma série de características de interesse agrônômico e econômico. Desta forma, a seleção simultânea de múltiplos caracteres, via índice de seleção, permite que seja gerado um único valor em uma variável classificatória, englobando todas as demais explicativas, facilitando o ranqueamento e identificação de indivíduos superiores.

Na Tabela 6, estão dispostos os resultados para os índices de seleção soma de postos de Mulamba e Mock com peso econômicos pré-fixados ($MM_{(PE)}$), sendo adotado peso um para as variáveis VG, P16, RD e Prod. e peso de 0,8 para as variáveis DC, NP e ASC. Soma de postos de Mulamba e Mock com peso econômico baseado no coeficiente de variação genético ($MM_{(CVg)}$), conforme Tabela 2, índice FAI-BLUP, (FAI_BLUP) e índice da soma das variáveis padronizadas (IZ).

Entre as duas estratégias de ponderar o ganho entre as variáveis para os índices de soma de postos, a partir das médias BLUPs, verifica-se que, na intensidade de seleção de 20%, houve coincidência entre cinco progênies selecionadas, sendo 1, 3 19, 20 e 21. O $MM_{(PE)}$ se diferenciou na seleção da progênie 16, que apresenta ganhos diretos para quatro características, sendo NP, VG, P16 e ASC quanto que para $MM_{(CVg)}$ a progênie que variou foi a 24, sendo diretamente selecionada apenas para duas características (DC e Prod.).

Predominantemente, progênies que coincidem com três características para a seleção direta, foram selecionadas pelas duas estratégias, com ganhos principalmente para as variáveis DC, NP, VG, P16 e Prod.

O grupo selecionado apresentou ganho ($G\%$) de 62,80 e 65,31% para $MM_{(PE)}$ e $MM_{(PE)}$, respectivamente, com relação ao ranqueamento médio (Rm) dos valores de postos calculados, indicando que é possível ocorrer aumento simultâneo de alelos favoráveis na população. Da mesma forma, Pereira *et al.* (2013), estudando a geração anterior dessa população, obtiveram ganho positivo com a aplicação do índice soma de postos MM com relação a progênie mais bem ranqueada de 393,30%.

Observando o índice FAI-BLUP index, com a ótica da distância entre cada genótipo de acordo com os ideótipo e as suas respectivas probabilidades espaciais, se obteve a seleção das progênies 19, 20, 21, 24, 26 e 27, em que o ganho sobre o ranqueamento médio foi de 252,98%.

Tabela 6 - Ranqueamento de progênies de cafeeiro em geração F_{4:5}, na média de duas colheitas, sob diferentes estratégias de seleção, com uma intensidade de seleção de 20%. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

R	P	SP MM_(PE)	P	SP MM_(CVg)	P	FAI-BLUP	P	IZ
1	3 (3) **	41,60	3 (3)	860,96	19 (3)	0,36	3 (3)	5,98 a°
2	1 (1)	61,40	1 (1)	1098,93	24 (2)	0,35	19 (3)	5,90 a
3	20 (3)	65,00	24 (2)	1100,05	21 (3)	0,27	24 (2)	5,42 a
4	21 (3)	65,40	20 (3)	1123,65	20 (3)	0,26	21 (3)	5,10 a
5	16 (4)	65,60	21 (3)	1186,61	26 (2)	0,24	1 (1)	4,58 a
6	19 (3)	66,60	19 (3)	1282,99	27 (1)	0,22	20 (3)	3,66 a
7	24	66,80	16	1308,45	28	0,21	26	3,18 a
8	14	67,80	26	1417,90	14	0,19	23	2,36 a
9	26	80,40	14	1441,52	16	0,18	14	1,76 a
10	18	84,20	28	1591,07	12	0,18	16	1,58 a
11	29*	84,20	18	1621,19	18	0,17	13	0,70 a
12	28	96,00	2	1711,07	13	0,17	18	0,50 a
13	30*	96,40	29*	1745,95	22	0,17	12	0,37 a
14	17	96,40	8	1851,58	17	0,17	8	0,31 a
15	2	100,20	27	1878,99	25	0,16	27	-0,03 a
16	10	102,00	30*	1904,88	23	0,16	2	-0,19 a
17	27	107,20	23	1911,08	8	0,15	25	-0,34 a
18	8	107,60	12	1933,72	30*	0,15	17	-0,45 a
19	12	109,40	10	1963,93	15	0,13	28	-0,46 a
20	4	111,20	5	2045,30	10	0,13	10	-0,50 a
21	13	113,80	17	2045,79	5	0,13	30*	-1,47 a
22	15	116,00	4	2096,36	6	0,13	29*	-1,63 a
23	23	117,80	13	2204,63	29*	0,13	22	-2,27 a
24	5	122,80	25	2241,37	3	0,12	4	-2,37 a
25	25	126,40	7	2343,18	9	0,11	5	-2,66 a
26	22	130,00	22	2422,82	1	0,11	15	-3,69 a
27	6	136,00	15	2506,55	2	0,10	6	-3,85 a
28	7	143,00	6	2541,21	11	0,10	9	-4,93 a
29	9	144,40	11	2797,88	4	0,10	11	-6,14 a
30	11	150,40	9	2811,29	7	0,09	7	-10,84 a
Rm		99,20		1833,03		0,17		0
G - %		62,80		65,31		252,98		99,73

Ranqueamento (R), Progênie (P), Índice de soma de postos de Mulamba e Mock com peso econômicos pré-fixados (MM_(PE)), índice de soma de postos de Mulamba e Mock com peso econômicos baseado no coeficiente de variação genético (MM_(CVg)), índice FAI-BLUP, (FAI_BLUP) e índice da soma das variáveis padronizadas (IZ). Ranqueamento médio (*Rm*) da população e porcentagem de ganho dos selecionados com relação a *Rm* (*G - %*).

* Genótipos adotados como testemunhas.

** Valor correspondente ao número de características a qual a progênie coincide em SD.

° Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Skott-Knott ao nível de 0,05 de significância.

Fonte: Do autor (2022).

Estas progênies apresentam 3, 3, 3, 2, 2 e 1 correspondência entre características para a seleção direta, respectivamente. Estas correspondências ocorreram principalmente para as variáveis DC, VG e Prod., que se correlacionam fenotípica e genotípicamente com magnitudes de moderada a alta, o que pode ser responsável pela redução da distância entre estas progênies, direcionando o ranqueamento. A eficiência do índice FAI-BLUP para a seleção de genótipos de cafeeiro já foi verificada por Botega (2019).

A padronização dos valores genotípicos preditos em nível de parcela para a aplicação do IZ, resultou na seleção das progênies 1, 3, 19, 20, 21 e 24, sendo exatamente o mesmo grupo selecionado pelo $MM_{(CV_g)}$, mudando apenas a ordem de ranqueamento em função das metodologias inerentes a cada método.

Dentre estas, as progênies 3, 19, 20 e 21 foram selecionadas diretamente para 3 características, sendo que ambas coincidem para a variável Prod., enquanto a progênie 1 foi selecionada para uma característica e a 24 para duas. Conforme o ocorrido para as demais estratégias de seleção múltiplas, o ganho com o grupo selecionado sobre o ranqueamento médio foi positivo na ordem de 99,73%.

Com relação ao resultado do teste de Skott-Knott ao nível de 0,05 de significância, para agrupamento das médias padronizadas, não foi encontrada diferença significativa entre as progênies. Esta estratégia de seleção já foi apresentada para a cultura do cafeeiro (PINTO *et al.*, 2011).

4.2.1 Análise gráfica

As herdabilidades individuais de progênie, obtida pelos componentes de variância por genótipo (REML individual), para cada característica estudada foram analisadas com o intuito de promover o ranqueamento dos genótipos de forma multivariada. A Tabela 7 apresenta a correlação para as herdabilidades entre as variáveis.

Verifica-se que, de modo geral, as correlações apresentam magnitudes de baixa a moderada, sendo significativas conforme o teste t ao nível de 0,05 de significância, as correlações entre DC x NP, NP x P16, NP x RD, NP x ASC, P16 x RD, P16 x ASC e Prod. x ASC. Todas estas estimativas de correlação apresentam concordância no direcionamento, sendo positivos, ou seja, à medida que se busca maximização de ganhos para uma dada característica, se espera ganhos proporcionais a outra.

Tabela 7 - Matriz de correlações entre as herdabilidades individuais para a seleção de indivíduos superiores. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

	DC	NP	VG	P16	RD	Prod.	ASC
DC	1						
NP	0,39 *	1					
VG	0,30	0,15	1				
P16	0,33	0,70 *	0,24	1			
RD	0,35	0,65 *	0,33	0,54 *	1		
Prod.	0,03	0,26	0,22	0,08	0,18	1	
ASC	0,20	0,37 *	0,19	0,48 *	0,22	0,38 *	1

Diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc⁻¹), produtividade (Prod. sc ha⁻¹) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC).

* Significativo pelo teste *t* ao nível 0,05 de significância.

Fonte: Do autor (2022).

A análise de fatores foi adotada para análise dos dados (TABELA 8) com o intuito de reduzir a dimensionalidade em função da correlação entre as variáveis adotadas a fim de explicar a covariância entre ambas (REGAZZI; CRUZ, 2020). Dois fatores apresentaram a estimativas de autovalor superior a um, sendo este o critério adotado para a determinação do número de fatores para se obter as cargas fatoriais finais. Estes dois fatores explicam 59% da variação total ocorrida nos dados.

Tabela 8 - Análise de fatores para a herdabilidade individual para a seleção de indivíduos superiores. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

Caráter	Cargas Iniciais		Com.	Cargas Finais		Com.
	F1	F2		F1	F2	
DC	0,57	-0,37	0,46	0,68	-0,05	0,46
NP	0,84	-0,14	0,73	0,80	0,28	0,73
VG	0,48	0,11	0,24	0,36	0,33	0,24
P16	0,81	-0,18	0,69	0,80	0,23	0,69
RD	0,77	-0,24	0,65	0,79	0,16	0,65
Prod.	0,39	0,8	0,79	-0,04	0,89	0,79
ASC	0,61	0,48	0,60	0,31	0,71	0,60
λ	3,03	1,12	4,16	3,03	1,12	4,16
Var - %	0,43	0,16	0,59	0,37	0,22	0,59

Diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc⁻¹), produtividade (Prod. sc ha⁻¹) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC). Fator 1 (F1), fator 2 (F2), estimativa de autovalores (λ) porcentagem da variação total explicada (Var - %) e comunalidade (Com.).

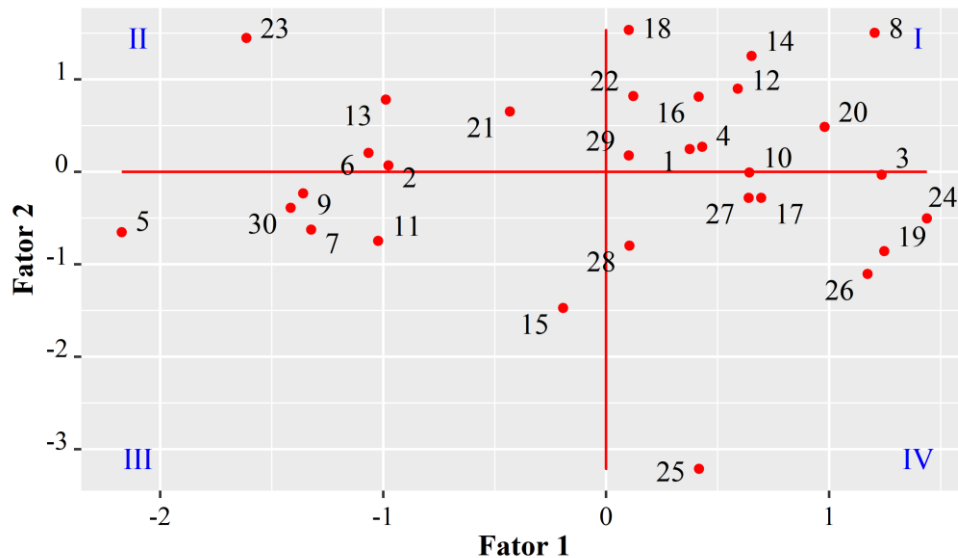
Fonte: Do autor (2022).

Com base nas cargas fatoriais finais, verifica-se que no fator um, com base na comunalidade superior a 0,64 (em que a fatoraçoão da matriz de covariâncias e variâncias, têm baixas variâncias específicas e, portanto, boa fatoraçoão) as variáveis NP, P16 e RD foram agrupado como explicativas, o que indica grande semelhança entre estas características. Para o fator 2, apenas a variável Prod. foi selecionada. Este agrupamento dentro e entre fatores ocorre em detrimento da magnitude das correlações observadas entre as variáveis, sendo consideradas fortemente associadas dentro do mesmo fator e independente entre fatores.

A dispersão dos escores gerados pelos fatores um e dois está apresentada na Figura 2. A média dos escores obtidos correspondem aos eixos transversais vertical e horizontal para os fatores um e dois, respectivamente, resultando na formaçoão de quatro quadrantes, promovendo a dissimilaridade entre as progênies, de modo a promover a seleçoão.

No quadrante um encontram-se os genótipos que maximizam conjuntamente as variáveis explicativas agrupadas nos dois fatores, sendo então propicias a seleçoão, conforme Murakami e Cruz (2004). Foram selecionadas as progênies 1, 4, 8, 12, 14, 16, 18, 20 e 22, além da testemunha número 29. Com o intuito de padronizar a intensidade de seleçoão em 20% foram selecionadas então as progênies 8,12, 14, 16, 18 e 20 a qual maximizam as estimavas dos escores. Em comparaçoão com os índices de seleçoão, ouve coincidência de seleçoão para este grupo, apenas para as progênies 16 e 20.

Figura 2 - Análise gráfica da herdabilidade individual de 28 progênies e duas testemunhas de cafeeiro, a partir dos escores obtidos na análise de fatores, com critério de redução de dimensionalidade baseado ne autovalores superiores a um, sendo adotado dois fatores (F1 e F2) explicativos. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.



Fonte: Do autor (2022).

No quadrante três, são agrupadas as progênies 5, 7, 9, 11, 15 e a testemunha número 30. Estes materiais apresentam os menores ganhos a partir da análise individual, sendo então recomendados ao descarte no processo de seleção, conforme a proposta apresentada. Nos quadrantes dois e quatro, então listadas as progênies que apresentam características inerentes a sub-região gerada pelo fator principal, sendo fator 1 e fator 2, respectivamente.

4.3 Comparação entre estratégias de seleção

Na Tabela 9 é apresentado o ganho com a seleção (GS) e a porcentagem de ganho (GS - %) pelas diferentes estratégias abordadas, com relação a médias das progênies avaliadas. Para AG, verifica-se que houve ganhos com relação as progênies selecionadas para as fontes de variação RD, Prod. e ASC, sendo este último, de maior magnitude (-12,11%) com relação a média das progênies. Esta foi a estratégia que mais proporcionou ganho com relação a cercosporiose, associada a ganho positivo em produtividade, em função da correlação significativa a nível de herdabilidade individual de progênie e de mesmo sentido entre as duas variáveis, além de altas estimativas de CVg.

Predominantemente, a AG com base nos escores fatoriais tem sido adotada para a análise da interação genótipo por ambiente, em culturas como milho (MURAKAMI; CRUZ, 2004; RIBEIRO; ALMEIDA, 2011; GARBUGLIO *et al.*, 2007; GARBUGLIO; FERREIRA, 2015) e feijão (PEIXOUTO; NUNES; FURTADO, 2016). Diferente da estratégia de adoção desta análise que apresentamos aqui, estes autores relatam de modo geral eficiência da estratégia com relação a precisão das estimativas de estratificação ambiental, com base na magnitude da interação genótipo por ambiente.

Os ganhos obtidos com a soma de postos $MM_{(CVg)}$ e IZ foram os mesmos em função da seleção dos mesmos genótipos. Estes ganhos foram semelhantes aos encontrados pela soma de postos $MM_{(PE)}$, onde ganhos foram observados para as variáveis P16, RD, Prod. e ASC. Desta forma, estas três estratégias apresentam alta eficiência de seleção.

Na cultura do eucalipto, Reis *et al.* (2015) obtiveram boa concordância com a adoção dos índices clássico (SMITH, 1936; HAZEL, 1943), soma de postos MM e IZ, sendo este último, eficiente para a seleção simultânea de vários caracteres e no estudo de interação genótipo por ambiente. Dias *et al.* (2019) aplicando a seleção de progênies de cafeeiro para resistência à ferrugem obtiveram ganhos com a seleção direta superiores aos ganhos obtidos pela soma de postos MM para os caracteres avaliados.

Tabela 9 - Ganhos com a seleção sobre a média das progênes, para a seleção de indivíduos superiores para análise gráfica e diferentes índices de seleção. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

Parâmetro		DC	NP	VG	P16	RD	Prod.	ASC
Média P.		39,726	64,269	6,617	46,905	587,142	33,164	16,527
h_a^2		0,749	0,594	0,531	0,418	0,617	0,528	0,474
AG	Média S.	38,111	61,792	6,417	45,459	548,542	34,247	12,304
	GS	-1,210	-1,471	-0,106	-0,604	-23,816	0,572	-2,002
	GS - %	-3,05	-2,29	-1,60	-1,29	-4,06	1,72	-12,11
MM_(PE)	Média S.	38,110	64,065	6,615	52,897	570,148	38,694	14,259
	GS	-1,211	-0,121	-0,001	2,504	-10,485	2,920	-1,075
	GS - %	-3,05	-0,19	-0,02	5,34	-1,79	8,81	-6,50
MM_(CVg)	Média S.	37,777	62,353	6,504	51,981	538,552	38,052	14,724
	GS	-1,460	-1,138	-0,060	2,121	-29,980	2,581	-0,854
	GS - %	-3,68	-1,77	-0,91	4,52	-5,11	7,78	-5,17
FAI-BLUP	Média S.	40,000	64,093	6,563	52,307	570,786	36,235	16,157
	GS	0,205	-0,105	-0,028	2,258	-10,091	1,622	-0,175
	GS - %	0,52	-0,16	-0,43	4,81	-1,72	4,89	-1,06
IZ	Média S.	37,778	62,353	6,504	51,981	538,552	38,052	14,724
	GS	-1,459	-1,138	-0,060	2,122	-29,980	2,581	-0,855
	GS - %	-3,67	-1,77	-0,91	4,52	-5,11	7,78	-5,17

Média das progênes (Média P.), herdabilidade da média de progênes no sentido amplo (h_a^2), média das progênes selecionadas pelos diferentes métodos (Média S.), ganho com a seleção (GS), porcentagem do ganho de seleção com relação a média de progênes (GS - %). Análise gráfica (AG), índice de soma de postos de Mulamba e Mock com peso econômicos pré-fixados (MM_(PE)), índice de soma de postos de Mulamba e Mock com peso econômicos baseado no coeficiente de variação genético (MM_(CVg)), índice FAI-BLUP, (FAI_BLUP) e índice da soma das variáveis padronizadas (IZ). Diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc⁻¹), produtividade (Prod. sc ha⁻¹) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC).

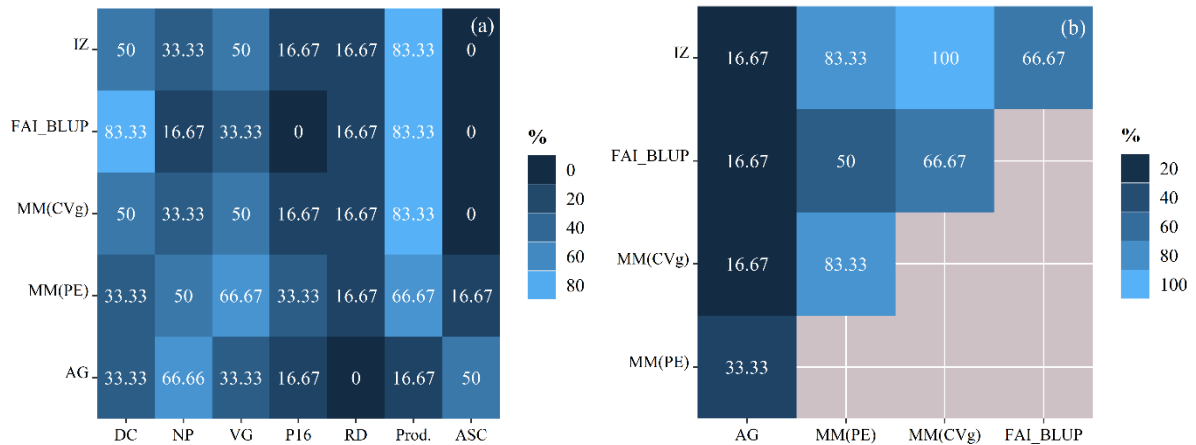
Fonte: Do autor (2022).

O índice FAI-BLUP selecionou um grupo de progênes com ganhos com base no ideótipo para o maior número de variáveis, sendo para DC, P16, RD, Prod. e ASC, maximizando a seleção de indivíduos com múltiplos caracteres de interesse agrônomo.

Para facilitar a escolha da estratégia de seleção mais eficiente, a coincidência percentual para o grupo selecionado, sobre a intensidade de seleção fixada, com a seleção direta (FIGURA 3 a), baseada em interesses práticos, se faz uma boa estratégia, assim como a coincidência entre os índices (FIGURA b).

Com base na seleção direta, apenas o índice de soma de postos MM_(PE) selecionou um grupo de progênes que apresentem todas as características avaliadas, o que é importante uma vez que se busca acumular na população alelos favoráveis a todas as características de interesse.

Figura 3 - Porcentagem de coincidência entre a seleção direta para cada característica adotada e as estratégias de seleção (a) e coincidência entre os índices de seleção (b). Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.



Índice de soma de postos de Mulamba e Mock com peso econômicos pré-fixados ($MM_{(PE)}$), índice de soma de postos de Mulamba e Mock com peso econômicos baseado no coeficiente de variação genético ($MM_{(CVg)}$), índice FAI-BLUP, (FAI_BLUP) e índice da soma das variáveis padronizadas (IZ). Diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc^{-1}), produtividade (Prod. $sc\ ha^{-1}$) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC).

Fonte: Do autor (2022).

O índice FAI-BLUP não selecionou progênes que coincidem com a seleção direta para as variáveis ASC e P16, apresentando assim, uma baixa eficiência de seleção para estas características, entretanto, com ganhos de baixa magnitude conforme o ideótipo (TABELA 9).

As variáveis DC, NP, VG e Prod. foram selecionadas por todas estratégias, em correspondência com a seleção direta. A variável ASC foi a que apresentou menor frequência de seleção, sendo zero para IZ, FAI-BLUP e $MM_{(CVg)}$, fato este principalmente pelas correlações genóticas e fenóticas entre as variáveis serem de baixa magnitude, além de se correlacionar em sentido oposto a produtividade, o que dificulta o acúmulo simultâneo para ambas as características na população melhorada.

A AG a soma de postos $MM_{(PE)}$ foram estratégias contrastantes com relação a seleção para as variáveis Prod. e ASC. A coincidência para estas variáveis foi de 16,67% e 66,67% para Prod. e 50,0% e 16,67 % para ASC, com relação a $MM_{(PE)}$ e AG, respectivamente, (FIGURA 3 a). Isso mostra que a escolha de uma estratégia de seleção implica no direcionamento da população melhorada em detrimento de uma característica em específico.

Varição com relação a consciência entre estratégias de seleção e a seleção direta também foi identificada por Tomé (2017) na cultura do arroz. Este fato é decorrente do processo de seleção simultânea entre as características avaliadas, pois o equilíbrio de ganho para as

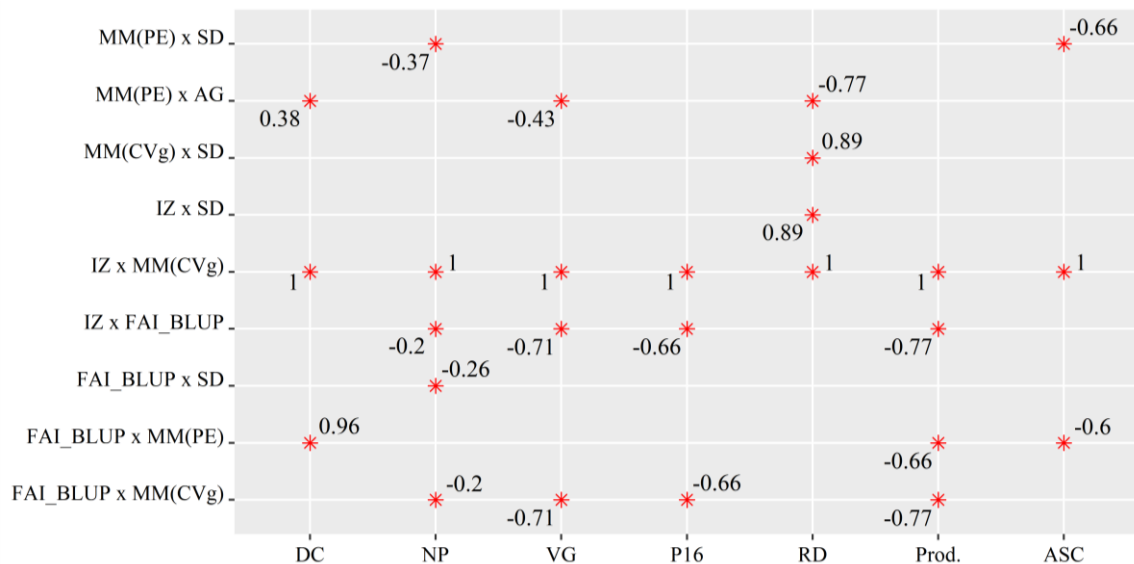
variáveis em função da estratégia adotada pode resultar na seleção de progênies que estão fora do grupo selecionado diretamente pela intensidade de seleção aplicada.

Verifica-se que entre os índices, na Figura 3 b, a soma de postos $MM_{(CVg)}$ apresentou 100% de coincidência com o índice IZ, além de 83,33% com relação a soma de postos $MM_{(PE)}$, sendo estratégias são equivalentes para serem adotadas para a seleção de progênies superiores.

A AG apresentou maior coincidência com soma de postos $MM_{(PE)}$, enquanto as menores coincidências foram obtidas entre a AG e os índices FAI-BLUP e IZ, com coincidência de 16,67%, ou seja, estas estratégias promovem a seleção de grupos de progênies divergentes, conforme este estudo. Estas divergências com relação a coincidência entre os índices de seleção para a cultura do cafeeiro também foram evidenciadas por Morais et al. (2013).

Pelas estimativas das correlações de Spearman (FIGURA 4), significativas com base no teste t ao nível de 0,05 de significância, entre todas as estratégias de seleção e a seleção direta, observa-se ajuste de um entre IZ e soma de postos $MM_{(CVg)}$ para todas as variáveis, isto em função da estimativa ser realizada entre os 20% selecionados, a qual são coincidentes entre os índices.

Figura 4 - Correlação de Spearman, significativas com base no teste t ao nível de 0,05 de significância, entre as diferentes estratégias de seleção para as fontes de variação adotadas. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.



Índice de soma de postos de Mulamba e Mock com peso econômicos pré-fixados ($MM_{(PE)}$), índice de soma de postos de Mulamba e Mock com peso econômicos baseado no coeficiente de variação genético ($MM_{(CVg)}$), índice FAI-BLUP, (FAI_BLUP) e índice da soma das variáveis padronizadas (IZ). Diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc^{-1}), produtividade (Prod. $sc\ ha^{-1}$) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC).

Fonte: Do autor (2022).

Altas magnitudes da correlação de Spearman também foram observadas para situações de alta coincidência entre diferentes estratégias de seleção por Morais *et al.* (2013), onde os autores afirmam que estratégias com altas estimativas de correlação apresentam a mesma eficiência quanto a seleção de progênies superiores.

Por outro lado, a AG apresentou correlação significativa apenas para $MM_{(PE)}$ para as variáveis DC e VG, com estimativas de baixa magnitude de 0,38 e -0,43, respectivamente, e alta magnitude para RD (-0,77). Para a característica Prod., não houve nem uma correlação significativa entre a seleção direta e as estratégias empregadas. Este fato é de extrema importância, pois como esta variável é a principal para se obter ganhos com a seleção, espera-se com a seleção simultânea que as progênies selecionadas pelas diferentes estratégias apresentem ganhos positivos com magnitude inferior a estimada pela seleção direta.

As correlações entre IZ x FAI-BLUP, $MM_{(PE)}$ x FAI-BLUP e $MM_{(CVg)}$ x FAI-BLUP foram significativas com magnitude moderada, entretanto, apresentaram direcionamento opostos, divergindo na maximização dos ganhos para esta característica, fato este também evidenciado para ASC, com relação as correlações entre $MM_{(PE)}$ x FAI-BLUP (-0,60) e $MM_{(PE)}$ x SD (-0,66).

As menores estimativas de correlação foram obtidas quando analisada a variável NP, onde $MM_{(PE)}$ x SD, IZ x FAI-BLUP, SD x FAI-BLUP e $MM_{(CVg)}$ x FAI-BLUP foram significativos, com estimativas de -0,37, -0,2, -0,26 e -0,2, respectivamente, o que mostra também que a adoção destas estratégias conjuntamente acometem em ganhos em sentidos opostos quando aplicada a esta variável.

$MM_{(CVg)}$ x FAI-BLUP apresenta correlação de 0,96 para a seleção de DC, sendo então índices equivalentes para esta variável. Para P16, as estimativas foram iguais e em sentidos opostos (-0,66) com magnitude moderada para IZ x FAI-BLUP e FAI-BLUP x $MM_{(CVg)}$ assim como para VG, onde as correlações FAI-BLUP x $MM_{(CVg)}$ e FAI-BLUP x IZ foram de -0,71, o que mostra ganhos contrários com a adoção destas estratégias para seleção destas variáveis. Para a variável RD, os índices IZ e $MM_{(CVg)}$ apresentam correlação de alta magnitude (0,89) no sentido da seleção direta, sendo estratégias coincidentes para ganhos sobre esta variável.

Na literatura se observa diferentes resultados para a relação de desempenho entre índices nas mais variadas culturas, como apresentado por Resende *et al.* (2014) na cultura do café, Tomé (2017) em arroz, Costa *et al.* (2004) na soja, e Vivas *et al.* (2013) em mamoeiro.

As variações com a seleção entre diferentes índices são influenciadas por diversos fatores, que podem alterar os ganhos genéticos. Estas alterações normalmente se dão em função da acurácia da estimativa das variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas, associação de

pesos econômicos, número de genótipos avaliados, intensidade de seleção, geração em que a população se encontra e o ganho desejado por cada caractere (OLIVEIRA *et al.*, 2008; ASGHAR; MEDHI, 2010; CRUZ; CARNEIRO, 2003; BIZARI *et al.*, 2017).

De modo geral, o índice soma de postos $MM_{(PE)}$ apresentou maiores ganhos com a seleção para as variáveis estudadas, além de boa coincidência entre a seleção direta e os demais índices.

4.4 Análise entre gerações e progresso genético

4.4.1 Herdabilidade realizada

A fim de compreender a interação entre as progênes e as diferentes gerações, em função da aplicação da seleção de progênes superiores, foi estimada a herdabilidade realizada (h_r^2), conforme Tabela 10, a partir da média das famílias das populações F₄ Pereira *et al.* (2013) e F_{4:5} (população estudada neste trabalho).

Tabela 10 - Estimativa da herdabilidade realizada entre as gerações F₄ e F_{4:5}. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

Parâmetros	Prod.	VG	NSC	P17	Chocho
$h_r^2 - \%$	3,24	17,83	49,97	2,52	2,03
$h_{aF4}^2 - \%$	11,00	24,10	2,10	47,40	34,90
$h_{aF4:5}^2 - \%$	52,80	53,10	48,01	53,21	50,00
$h_r^2/h_{aF4}^2 - \%$	29,45	73,98	2.379,52	5,32	5,82

Herdabilidade realizada entre as gerações F₄ e F_{4:5} (h_r^2), herdabilidades entre progênes da geração F₄ (h_{aF4}^2), e proporção da herdabilidade realizada em relação a herdabilidade estimada para a geração F₄ (h_r^2/h_{aF4}^2). Produtividade (Prod. sc ha⁻¹), vigor vegetativo (VG), notas de severidade a cercosporiose (NSC), porcentagem de peneira 17 e acima (P17) e porcentagem de frutos chochos (Chocho).

Fonte: Do autor (2022).

A maior estimativa de h_r^2 foi obtida para a característica NSC com 49,97%, sendo uma resposta relativamente alta e superior a estimativa de herdabilidade no sentido amplo para a geração F₄. Em seguida, a estimativa para VG foi de 17,83%, entretanto, inferior a estimativa de F₄ (TABELA 10).

Estes valores representam a resposta gerada em detrimento a seleção, onde a interação genótipo por gerações é imprevisível e afeta diretamente o resultado de h_r^2 , que normalmente é inferior a estimativa da herdabilidade em seu sentido restrito, porém, em condições onde a

média fenotípica das progênes superiores é superior à média da geração base, h_r^2 pode assumir magnitudes superiores (RAMALHO *et al.*, 2012).

Para Prod., P17 e Chocho, as estimativas de h_r^2 foram, respectivamente, de 3,34, 2,52 e 2,03%, ambas são de pequena resposta e inferiores as estimativas de herdabilidade observadas para a geração anterior. Espera-se normalmente pequenas respostas na variância genética em características governadas por genes de efeito menor e, em cruzamentos de indivíduos contrastantes, em detrimento da grande variabilidade genética inicial, espera-se que em sucessivos ciclos seletivos se tenha redução da variabilidade genética (FALCONER; MACKAY, 1996; BORÉM; MIRANDA, 2013), o que culmina em valores de herdabilidade realizada inferiores as estimadas na população base, representando a proporção do valor genético transmitido entre gerações (OLIVEIRA *et al.*, 2017).

A proporção da herdabilidade realizada em relação as herdabilidade estimada para a geração F_4 ($h_r^2/h_{F_4}^2$), mostra que para ASC, o progresso sobre a $h_{F_4}^2$ foi de 2.379,52%. Esta estimativa extremamente alta, se justifica em função da alta magnitude da estimativa de h_r^2 em uma população com baixa estimativa de herdabilidade no sentido amplo (2,01%), sendo consolidada pela estimativa da herdabilidade presente na população $F_{4:5}$ de 48,01%, o que indica que a seleção praticada em F_4 foi altamente eficiente para ganhos para este caráter.

Com relação ao VG, foi obtido um $h_r^2/h_{F_4}^2$ de 73,98% enquanto para Prod. de 29,45%, representando uma interação não muito expressiva, entretanto, os resultados obtidos aqui podem ser considerados satisfatórios pois, como Prod. é altamente influenciada pela interação genótipo por ambiente (VELASQUEZ, 2019), o acúmulo de alelos favoráveis e concretização de ganhos na população é dificultado. Para P17 e Chocho as relações obtidas foram 5,32 e 5,82%, respectivamente, consideradas baixas, evidenciadas pela baixa amplitude entre as estimativas de herdabilidade entre as gerações. Desta forma, o avanço de geração foi pouco eficiente para P17 e Chocho, sendo mais difícil acumular alelos favoráveis a estas características na população, principalmente coma a adoção de estratégias de seleção simultânea de múltiplos caracteres.

4.4.2 Progresso genético

A herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) é responsável por expressar a confiabilidade do valor genotípico em função do valor fenotípico, levando em consideração toda a variância genética da população. As fontes de variação Prod., VG e NSC apresentaram uma alta magnitude (Δ), sendo 41,80, 28,98 e 45,94%, para este parâmetro entre as gerações F₄ e F_{4:5}, conforme Tabela 11. Para P17 e Chocho, o Δ foi baixo (5,83 e 15,09, respectivamente).

Incrementos nos valores de herdabilidade podem ser obtidos em função de melhorias nas condições experimentais a fim de reduzir o efeito ambiental sobre a variação fenotípica total, além disso, o método de estimação, diversidade da população, nível de endogamia, tamanho da amostra avaliada, número e tipos de ambientes, unidade experimental e precisão na coleta de dados podem influenciar as estimativas (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Tabela 11 - Análise do comportamento dos parâmetros com o avanço da geração F₄ para a geração F_{4:5} e ganhos genéticos com a aplicação de uma intensidade de seleção de 13,88% para F₄ e 20% para F_{4:5}. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

Parâmetro	Geração	Prod.	VG	NSC	P17	Chocho
μ	F ₄	42,38	6,68	2,11	41,08	17,70
	F _{4:5}	45,80	7,19	0,24	23,82	9,81
h_a^2 (%)	F ₄	11,00	24,12	2,06	47,38	34,91
	F _{4:5}	52,80	53,10	48,01	53,21	50,00
	Δ	41,80	28,98	45,94	5,83	15,09
GS (%)	F ₄	2,41	1,10	-0,89	-0,31	0,44
	F _{4:5}	29,22	5,89	-7,67	-1,63	-7,74
	Δ	26,81	4,79	-6,78	-1,31	-8,18
PGM (%)		7,46	7,14	-1.633,69	-72,45	-80,51

Média das progênies selecionadas (μ), herdabilidade da média de progênies no sentido amplo (h_a^2), ganho de seleção sobre a média de progênies (GS), magnitude entre F_{4:5} e F₄ (Δ) e progresso genético médio estimado (PGM). Produtividade (Prod. sc ha⁻¹), vigor vegetativo (VG), notas de severidade a cercosporiose (NSC), porcentagem de peneira 17 e acima (P17) e porcentagem de frutos chochos (Chochos).

Fonte: Do autor (2022).

Em um programa de melhoramento, as progênies selecionadas para avanço de geração normalmente possuem muitas informações associadas sendo esperado que a incorporação de informações das gerações antecedentes possa elevar a eficiência para seleção (MARQUES, 2019), entretanto, tem se observado na cultura do café (PEREIRA *et al.*, 2013; MOREIRA, 2019) e em demais culturas autógamas (RAMANHO; CARVALHO; NUNES, 2012a) que a seleção se baseia normalmente apenas na última geração, com base na predição BLUP.

Com relação aos ganhos entre as progênies selecionadas nas duas gerações (independentes), sendo adotadas as progênies selecionadas via índice soma de postos $MM_{(PE)}$ para a geração atual, conforme resultados anteriores, verifica-se que a seleção e o avanço de geração aumentaram os ganhos para as características estudadas, com base no ideótipo proposto, com exceção para a variável P17, a qual não acumula ganhos positivos em $F_{4:5}$, com base na população avançada. Moreira (2019) obteve redução para a característica P17 com a seleção de múltiplos caracteres utilizando a estratégia soma de postos MM na seleção em geração $F_{4:5}$.

A seleção realizada em $F_{4:5}$, a partir da abertura das progênies efetivamente selecionados em F_4 gerou magnitudes de ganho na escala de 26,81, 4,79, -6,78 e -8,18 para as variáveis Prod., VG, NSC e Chocho, respectivamente, o que comprova variabilidade e ganhos com a seleção e avanço das progênies superiores. Para P17, o ganho foi negativo de -1,31%.

De posse destes resultados de magnitude de variação para as fontes de variação estudadas, é possível verificar eficiência com as estratégias adotadas para a seleção das progênies superiores. Dessa forma, a adoção dessa estratégia é uma alternativa a seleção de múltiplos caracteres e acúmulo de alelos favoráveis na população, visto que, maximiza o ganho genético associando informações entre gerações.

Na literatura, diversos estudos têm sido realizados com este intuito, como o estudo de Resende *et al.* (2016), que visa englobar toda a estrutura genealógica de um programa de melhoramento de plantas autógamas, a qual obtiveram resultados significativos com relação a eficiência de seleção para a cultura do feijoeiro. Da mesma forma, Pereira *et al.* (2017) verificaram que a inclusão do mérito de populações para a seleção de progênies superiores eleva os ganhos em produtividade e maturação absoluta em soja.

A seleção em plantas autógamas visa progênies que ao atingirem a homozigose, acumulem maior quantidade de alelos favoráveis a qual se associam a maiores valores genéticos aditivos (RAMANHO; CARVALHO; NUNES, 2012b), entretanto, nem sempre valores fenotípicos se associam diretamente aos valores genéticos aditivos em função de outros efeitos que possam estar envolvidos, como de bloco, parcela ou ambientais. Dessa forma, é importante usar do máximo de informações disponíveis para a classificação e seleção de progênies com base no máximo valor genético aditivo para a características de interesse (WHITE; HODGE, 1989, RESENDE, 2007) e obter progresso com o avanço de gerações.

O progresso genético médio estimado (PGM) com a seleção de progênies superiores, foi de elevada magnitude para NSC, sendo o progresso em $F_{4:5}$ -1.633,69% ao obtido em F_4 ,

com estimativa sobre a média de progênies em cada geração, o que mostra que a seleção proposta é de altíssima eficiência para este caráter, com base nos dados históricos.

A adoção da metodologia REML/BLUP para predição do progresso genético, leva em consideração a herdabilidade como unidade, desconsiderando a interação genótipo x gerações (MENDES, 2009). Isto pode explicar por que o progresso genético foi tão acentuado com relação a NSC, pois, em virtude de os ensaios serem conduzidos em anos e locais diferentes, a manifestação da possível resistência presente nas progênies pode ter sido afetada, assim como a pressão de inóculo ser diferencial em cada ambiente.

Alta magnitude de ganho, com base no ideótipo, foi observada também para a variável Chocho, correspondendo a -80,51%, para a seleção entre gerações. A estimativa PGM para Prod. e VG foram de baixa magnitude, evidenciando baixa variabilidade para estas fontes de variação e baixa eficiência sobre a seleção no tempo baseadas nestes caracteres.

Carvalho *et al.* (2003) verificaram o comportamento e variabilidade de parâmetros genéticos para a característica produção de espigas de milho no decorrer de três ciclos de seleção observaram acréscimo de variabilidade genética no decorrer dos ciclos em função da liberação de parte da variabilidade genética potencial, o que resultou em um ganho médio por ciclo de 15,18%, evidenciando a variabilidade potencial a seleção entre progênies em função da variância genética aditiva presente.

P17 não obteve progresso genético, com redução de -72,45% no novo grupo de progênies selecionadas, conforme a proposta adotada, embora as estimativas de herdabilidade realizada indicam ganhos com o avanço de geração para esta variável, sendo possível a obtenção de ganhos apenas de forma direta. Desta forma as estratégias de seleção se mostraram eficientes para se obter ganho entre as gerações para múltiplos caracteres, entretanto, não foi possível a compilação de ganho entre todas as variáveis estudadas, sendo necessário avaliar o impacto destes resultados em função do ideótipo desejado ao fim do ciclo de melhoramento.

5 CONCLUSÃO

O ganho com a resposta correlacionada à seleção não foi significativo para as variáveis estudadas. A seleção de múltiplos caracteres foi maximizada com adoção do Índice de Mulamba e Mock associando pesos econômicos pré-fixados ($MM_{(PE)}$), com a seleção das progênes potenciais 1 (2 CV-2 BL II), 3 (2 CV 8 BL I), 16 (15 CV 6 BL IV), 19 (28 CV 1 BL II), 20 (28 CV 10 BL I) e 21 (28 CV 6 BL II). A análise gráfica é promissora para a seleção em função de resistência a cercosporiose e produtividade, sendo interessantes para explorar essas duas variáveis.

As progênes estudadas apresentam variabilidade genética para a seleção e o seu desempenho é superior ao da geração anterior para as características analisadas, com progresso genético de 7,46% para produtividade e -1.633,69% para severidade a cercosporiose, em função do ideótipo, mostrando que as estratégias de seleção empregadas são eficientes para o acúmulo de alelos favoráveis com incrementos na média fenotípica.

REFERÊNCIAS

- ABIC. Associação Brasileira da Indústria de Café. **Consumo de Café no Brasil aumenta 4,80% e chega a 21 milhões de sacas**. 2019. 11 p. Disponível em: <https://www.abic.com.br/estatisticas/indicadores-da-industria/>. Acesso em: 03 dez. 2021.
- ACQUAAH, G. **Principles of Plant Genetics and Breeding**. 2. ed. Maryland: Wiley Blackwell, 2012.
- ALMEIDA, R. D. de; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 1, n. 26, p. 95-99, jan./fev. 2010.
- ANDRADE, C. C. L.; RESENDE, M. L. V. de; MOREIRA, S. I.; MATHIONI, S. M.; BOTELHO, D. M. S.; COSTA, J. R.; ANDRADE, A. C. M.; ALVES, E. Infection process and defense response of two distinct symptoms of *Cercospora* leaf spot in coffee leaves. **Phytoparasitica, [S.l.]**, v. 49, n. 1, p. 727-737, fev. 2021.
- ANTUNES FILHO, H.; CARVALHO, A. Melhoria do cafeeiro, ocorrência de lojas vazias em frutos de café Mundo Novo. **Bragantia**, Campinas, v. 13, n. 14, p. 165-179, 1954.
- ASGHAR, M. J.; MEHDI, S. S. Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. **Pakistan Journal of Botany**, Pakistan, v. 42, n. 2, p. 775-789, abr. 2010.
- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. de M.; MAURO, A. O. di; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 48, n. 1, p. 110-117, jan./mar. 2017.
- BONOMO, P.; CRUZ, C. D.; VIANA, J. M. S.; PEREIRA, A. A.; OLIVEIRA, V. R. de; CARNEIRO, P. C. S. Avaliação de progênies obtidas de cruzamentos de descendentes do híbrido de timor com as cultivares catuaí vermelho e catuaí amarelo. **Bragantia**, Campinas, v. 63, n. 2, p. 2017-219, 2004.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa: UFV, 2013. 523 p.
- BORÉM, F. M. Processamento do Café. In: BORÉM, F. M. **Pós-colheita do Café**. Lavras: UFLA, 2008. 631 p.
- BORGES, V.; SOARES, A. A.; RESENDE, M. D. V. de; REIS, M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de Minas Gerais utilizando modelos mistos. **Rev. Bras. Biom.**, São Paulo, v. 27, n. 3, p. 478-490, 2009.
- BOTEGA, G. P. **Eficiência do índice FAI-BLUP na seleção de genótipos Bourbon**. 2019. 61 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2019.

BOTELHO, D. M. dos S.; RESENDE, M. L. V. de; ANDRADE, V. T.; PEREIRA, A. A.; PATRICIO, Flavia R. A.; R. JUNIOR, P. M.; OGOSHI, C.; REZENDE, J. C. de. Cercosporiosis resistance in coffee germplasm collection. **Euphytica**, [S.l.], v. 213, n. 6, p. 1-12, 5 maio 2017.

BOTELHO, D. M. dos S.; RESENDE, M. L. V. de; REZENDE, J. C. de; RIBEIRO JÚNIOR, P. M.; ANDRADE, C. C. L. de; ALVES, E.; AMARAL, D. C. Difference between isolates from brown eye spot and black spot lesions in coffee plants. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 54, n. 1, p. 1-4, out. 2019.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instrução Normativa nº 8, de 11 de junho de 2003**. República Federativa do Brasil, Brasília, 2003. p. 22- 29, 20 ago. Seção 1.

BRESSANI, A. P. P. **Avaliação química e sensorial de café catuaí amarelo fermentado pelo processamento por via seca com inoculação de leveduras**. 2017. 102 p. Dissertação (Mestrado em Ciência dos Alimentos) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2017.

CAIXETA, E. T.; PESTANA, K. N.; PESTANA, R. K. N. Melhoria do cafeeiro: ênfase na aplicação dos marcadores moleculares. *In*: GARCIA, G. de O.; REIS, E. F. dos; LIMA, J. S. de S.; XAVIER, A. C.; RODRIGUES, W. N. **Tópicos Especiais em Produção Vegetal V**. Alegre/ES: Caufes, 2015. p. 154-179.

CALDWELL, R.M.; SCHAFER, J.F.; COMPTON, L.E.; PATTERSON, F.L. Tolerance to cereal leaf rusts. **Science**, [S.l.], 128, p.714 – 715, 1958.

CAMPOS, N. A.; PANIS, B.; CARPENTIER, S. C. Somatic Embryogenesis in Coffee: the evolution of biotechnology and the integration of omics technologies offer great opportunities. **Frontiers in Plant Science**, [S.l.], v. 8, p. 1-12, 21 ago. 2017.

CARIAS, C. M. de O. M.; TOMAZ, M. A.; FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, R. G.; GONÇALVES, L. S. A. Produtividade de grãos de cafeeiro conilon de diferentes grupos de maturação pelo procedimento REML/BLUP. **Semina: Ciências Agrícolas**, Londrina, v. 35, n. 2, p. 707-718, mar./abr. 2014.

CARVALHO, A. M. de; MENDES, A. N. G.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B. de; REZENDE, J. C. de; REZENDE, R. M. Desempenho agrônômico de cultivares de café resistentes à ferrugem no Estado de Minas Gerais, Brasil. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 4, p. 481-487, dez. 2012.

CARVALHO, A. M. de; MENDES, A. N. G.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B. de; REZENDE, J. C. de; REZENDE, R. M. Desempenho agrônômico de cultivares de café resistentes à ferrugem no Estado de Minas Gerais, Brasil. **Bragantia**, Campinas, p. 4-71, dez. 2012.

CARVALHO, A. M. de; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, G. R.; BOTELHO, C. E.; GONÇALVES, F. M. A.; FERREIRA, A. D. Correlação entre crescimento e produtividade de cultivares de café em diferentes regiões de Minas Gerais, Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [S.l.], v. 45, n. 3, p. 269-275, mar. 2010.

CARVALHO, A. **Pesquisa sobre o melhoramento do café**. Anais da ESALQ, v. 63, p. 793-809, 1986.

CARVALHO, C. H. S. de. **Cultivares de café**. Brasília: Embrapa, 2007. 247 p.

CARVALHO, G. R.; MENDES, A. N. G.; BARTHOLO, G. F.; AMARAL, M. A. Avaliação e seleção de progênies resultantes do cruzamento de cultivares de café catuaí com mundo novo. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 30, n. 5, p. 844-852, set./out. 2006.

CARVALHO, H. W. L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos; SOUZA, E. M. de. Estimativas de parâmetros genéticos em ciclos avançados de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na variedade de milho BR 5028 São Francisco. **Agrotropica**, Ilhéus, v. 15, n. 2, p. 113-120, mar. 2003.

CARVALHO, L. C.; CHALFOUN, S. M.; CUNHA, R. L. **Manejo de doenças do cafeeiro**. In: REIS, P. R.; CUNHA, R. L. (Ed.). **Café arábica: do plantio à colheita**. Lavras: EPAMIG, 2010. v. 1, p. 689-757.

CARVALHO, S. P. **Metodologia de avaliação do desempenho de progênies de cafeeiro (*Coffea arabica* L.)**. 1989. 68 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras, 1989.

CECAFE. Conselho dos Exportadores de Café do Brasil. **Relatório mensal outubro 2019**. São Paulo, 2019. 21 p. Disponível em: http://www.sapc.embrapa.br/arquivos/consorcio/informe_estatistico/CECAFE_Relatorio_Mensal_OUTUBRO_2019.pdf. Acesso em: 03 jan. 2021.

CENCI, A.; COMBES, M. C.; LASHERMES, P. Genome evolution in diploid and tetraploid *Coffea* species as revealed by comparative analysis of orthologous genome segments. **Plant Molecular Biology**, [S.l.], v. 78, n. 1–2, p. 135–145, 2012.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira Café, V. 8 - SAFRA 2021 - N.4 - Quarto levantamento, dezembro 2021**. Brasília, 2021.

COOKE, M. C. **Cercospora coffeicola**. Grevillea, v. 9, p. 99, 1881.

CORRÊA, L. V. T. **Adaptabilidade e estabilidade de progênies de cafeeiro Icatu, 2004**. 64 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2004.

COSTA, M. M.; MAURO, A. O. di; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, nov. 2004.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 11 jul. 2013.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2003. 476 p.

- CUSTÓDIO, A. A. de P.; POZZA, E. A.; GUIMARÃES, S. da S. C.; KOSHIKUMO, É. S. M.; HOYOS, J. M. A.; SOUZA, P. E. de. Comparison and validation of diagrammatic scales for brown eye spots in coffee tree leaves. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 6, p. 1067-1076, nov./dez. 2011.
- DALLAGNOL, L. J. **Resistência genética: de plantas a patógenos**. Pelotas: Ufpel, 2018. 437 p.
- DAUB, M. E.; HERRERO, S.; CHUNG, K. Photoactivated perylenequinone toxins in fungal pathogenesis of plants. **Fems Microbiology Letters**, [S.l.], v. 252, n. 2, p. 197-206, nov. 2005.
- DAVIS, A. P.; RAKOTONASOLO, F. Six new species of coffee (*Coffea*) from northern Madagascar. **Kew Bulletin**, [S.l.], v. 76, n. 3, p. 497-511, 13 ago. 2021.
- Dell' ACQUA, R.; MANTOVANI, E. S.; BRAGHINI, M. T.; OLIVEIRA, C. M. G.; HARAKAVA, R.; ROBAINA, A. S.; PETEK, M. R.; PATRICIO, F. R. A. Variabilidade *in vitro*, *in vivo* e molecular de isolados de *Cercospora coffeicola*. **Tropical Plant Pathology**, [S.l.], v. 36, n. 5, p. 313-326, set./out. 2011.
- DIAS, R. A.; RIBEIRO, M. R.; CARVALHO, A. M. de; BOTELHO, C. E.; MENDES, A. N. G.; FERREIRA, A. D.; FERNANDES, F. C. Selection of coffee progênies for resistance to leaf rust and favorable agronomic traits. **Coffee Science**, Lavras, v. 14, n. 2, p. 173-182, abr./jun. 2019.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4. ed. United Kingdom: Longman Scientific & Technical, Burnt Mill, Harlow, 1996. 479 p.
- FEHR, Walter R. **Principles of cultivar development**. Iowa: Copyright, 1999. 550 p.
- FERRÃO, R. G.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, A.; CECON, P. R.; FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A. da; CARNEIRO, P. C. S. SILVA, M. F. da. Parâmetros genéticos em café Conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [S.l.], v. 43, p. 61-69, 2008.
- FERREIRA, A. D.; CARVALHO, G. R.; REZENDE, J. C. de; BOTELHO, C. E.; REZENDE, R. M.; CARVALHO, A. M. de. Desempenho agrônômico de seleções de café Bourbon Vermelho e Bourbon Amarelo de diferentes origens. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 4, p. 388-394, abr. 2013.
- FERREIRA, A.; CECON, P. R.; CRUZ, C. D.; FERRÃO, R. G.; SILVA, M. F. da; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, M. A. G. Seleção simultânea de *Coffea canephora* por meio da combinação de análise de fatores e índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 12, p. 1189-1195, dez. 2005.
- FERREIRA, E. B.; CAVALCANTI, P. P.; NOGUEIRA, D. A. **ExpDes.pt: Pacote Experimental Designs (Portugues)**. R package version 1.2.1. 2021. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=ExpDes.pt>. Acesso em: 21 out. 2021.
- FLOR, H. H.. **The Complementary Genic Systems in Flax and Flax Rust**. North Dakota: United States Department Of Agriculture, 1956. 26 p.

FONSECA, A. F. A. da; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; SAKAIYAMA, N. S.; FERRÃO, M. A. G.; FERRÃO, R. G.; BRAGANÇA, S. M. Divergência genética em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 4, p. 599-605, abr. 2006.

GARBUGLIO, D. D.; FERREIRA, D. F. FGGE method: description and application in data from maize cultivars. **Euphytica**, Campinas, v. 204, n. 3, p. 1-15, fev. 2015.

GARBUGLIO, D. D.; GERAGE, A. C.; ARAÚJO, P. Mário de; FONSECA JUNIOR, N. da Silva; SHIOGA, P. S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 5, p. 183-191, fev. 2007.

GODOY, C. V.; BERGAMIN FILHO, A.; SALGADO, C. L. Doenças do Cafeeiro: *Coffea arabica* L. In: KIMTI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. **Manual de Fitopatologia**. 3. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 1997. Cap. 17. p. 178-192.

GOIS, I.B.; BORÉM, A.; CRISTOFANI-YALY, M.; RESENDE, M.D.V. de; AZEVEDO, C.F.; BASTIANEL, M.; NOVELLI, V.M.; MACHADO, M.A. Genome wide selection in Citrus breeding. **Genetics and Molecular Research**, [S.l.], v. 15, n. 4, p. 1-14, out. 2016.

GRATTAPAGLIA, D.; RESENDE, M. D. V. Genomic selection in forest tree breeding. **Tree Genetics & Genome**, [S.l.], v. 7, n. 1, p. 241-255, out. 2010.

GUERREIRO FILHO, O.; MEDINA FILHO, H. P.; GONÇALVES, W.; CARVALHO, A. MELHORAMENTO DO CAFEIEIRO: XLIII. Seleção de cafeeiros resistentes ao bicho-mineiro. **Bragantia**, Campinas, v. 49, n. 2, p. 291-304. 1990.

GUZZO, S. D.; HARAKAVA, R.; TSAI, S. M. Identification of coffee genes expressed during systemic acquired resistance and incompatible interaction with hemileia vastatrix. **Journal of Phytopathology**, [S.l.], v. 157, n. 10, p. 625–638, 2009.

HARTLEY, H. O. The maximum F-ratio as a short-cut test for heterogeneity of variances. **Biometrika**, [S.l.], v. 37, n. 3/4, dec, 308-312. 1950.

HAZEL, L. N. The genetic basics for constructing selections indexes. **Genetics**, New York, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

IJAZ, M.; SHAD, S.A. Genetic basis and realized heritability of laboratory selected spirotetramat resistance for insecticide resistance management in *Oxycarenus hyalinipennis* Costa (*Hemiptera: Lygaeidae*). **Chemosphere**, [S.l.], v. 270, n. 1, p. 1-8, maio 2021.

ISQUIERDO, E. P. **Cinética de secagem de café natural e suas relações com a qualidade para diferentes temperaturas e umidades relativas do ar**. 2011. 160 p. Tese (Doutorado em Ciência dos Alimentos) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2011.

JINGADE, P.; HUDED, A. K.; KOSARAJU, B.; MISHRA, M. K. Diversity genotyping of Indian coffee (*Coffea arabica* L.) germplasm accessions by using SRAP markers. **Journal of Crop Improvement**, [S.l.], v. 33, n. 3, p. 327–345, mar. 2019.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied Multivariate Statistical Analysis**. 6. ed. New Jersey: Pearson Prentice Hall, 1998. 773 p.

KAISER, H. F. The varimax criterion for analytic rotation in factor Analysis. **Sychometrika**, Illinois, v. 3, n. 23, p. 187-200, set. 1958.

KASSAMBARA, A. **ggcorrplot**: Visualization of a Correlation Matrix using 'ggplot2'. R package version 0.1.3. 2019. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=ggcorrplot>. Acesso em: 09 set. 2021.

KRUEGER, R. F.; SOUTH, S.; JOHNSON, W.; IACONO, W. The Heritability of Personality Is Not Always 50%: Gene-Environment Interactions and Correlations Between Personality and Parenting. **Journal of Personality**, [S.l.], v. 76, n. 6, p. 1485-1522, 2008.

LEE, E.; CHOE, H. **EMSaov**: The Analysis of Variance with EMS. R package version 2.3. 2018. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=EMSaov>. Acesso em: 21 set. 2021.

LIMA, E. A. DE. **Resistência múltipla de *Coffea canephora* conilon a *meloidogyne spp.*: mecanismos e genes candidatos**. 2015. 170p. Tese (Doutorado em Fitopatologia) - Universidade de Brasília, Brasília, DF, 2015.

LOPES, L. M. V. **Avaliação da qualidade de grãos crus e torrados de cultivares de cafeeiro (*Coffea arabica* L.)**. 2000. 95 p. (Dissertação de Mestrado em Ciência dos Alimentos) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MARQUES, F. S. **Estratégias de seleção no melhoramento genético da soja**. 2019. 47 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2019.

MARTINS, R. B. **Variabilidade de *Cercospora coffeicola* em Minas Gerais com base em compatibilidade vegetativa e produção de cercosporina**. 2007. 99 f. Tese (Doutorado) - Curso de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

MARTINS, S. A.; RESENDE, M. L. V. de; MONTEIRO, A. C. A.; SANTIAGO, W. D.; VASCONCELOS, V. A. M.; REICHEL, T.; PEREIRA, M. H. B.; BOTELHO, D. M. dos S. Resistance of genotypes and defence compounds against bacterial halo blight of coffee. **Journal of Phytopathology**, [S.l.], v. 1, n. 1, p. 1-11, set. 2021.

MATIELLO, R. R.; BARBIERI, R. L.; CARVALHO, F. I. F. de. Resistência das plantas a moléstias fúngicas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 27, n. 1, p. 161-168, set. 1997.

MEDEIROS, A. C.; CAIXETA, E. T.; OLIVEIRA, A. C. B. de; SOUSA, T. V.; STOCK, V. de M.; CRUZ, C. D.; ZAMBOLIM, L.; PEREIRA, A. A. Combining Ability and Molecular Marker Approach Identified Genetic Resources to Improve Agronomic Performance in *Coffea arabica* Breeding. **Frontiers in Sustainable Food Systems**. p. 1-20, 3 September, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fsufs>. Acesso em: 09 out. 2021.

MEDINA FILHO, P. H.; BORDIGNON, R. Melhoramento do café arábica ao longo dos anos. *In: CARVALHO, C. H. S. (Ed.). Cultivares de café: origem características e recomendações.* Brasília: EMBRAPA Café, 2007. p. 65-82.

MEENA, A. K.; GURJAR, D.; KUMHAR, B. L. Pre-breeding is a Bridge between Wild Species and Improved Genotypes-a Review. **Chemical Science Review and Letters**, [S.l.], v. 22, n. 6, p. 1141-1151, 2017.

MENDES, F. F. **Estratégias de seleção de plantas eretas de feijão carioca.** 2009. 105 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

MENDES, F.F.; RAMALHO, M. A P.; ABREU, Â. de F. B. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [S.l.], v. 44, p. 1312-1318, 2009.

MEYER, K.; HILL, W. G. Mixed model analysis of a selection experiment for food intake in mice. **Genet. Res., Camb**, [S.l.], v. 57, n. 3, p. 71-81. 1991.

MILLIKEN, G. A.; JOHNSON, D. E. **Analysis of messy data.** New York: Chapman & Hall, 2009. v. 1, 690 p.

MIRANDA, W. L.; GUIMARÃES, R. J.; MAGALHÃES, P. B.; COLOMBO, A.; OLIVEIRA, P. M. de. Desenvolvimento vegetativo de plantas de café arábica enxertadas sobre café robusta e submetidas à reposição hídrica. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 12, p. 1618-1624, dez. 2011.

MORAES, B. F. X. de; GONÇALVES, F. M. A.; FARIA, M. P. C. de; GIROTO, V. S.; TEIXEIRA, D. H. L.; BOTELHO, C. E.; CARVALHO, S. P. de. Índices de seleção para identificação de progênies superiores de café arábica. *In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL*, 8., 2013, Salvador. **Anais [...]**. Salvador: Embrapa Café, 2013. p. 1-4.

MOREIRA, P. C. **Produtividade e reação a ferrugem e cercosporiose de progênies icatu x catimor em geração F4:5.** 2019. 72 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2019.

MORELLO, O. F.; MINGOTTE, F. L. C.; LEAL, F. T.; COELHO, A. P.; SALVADOR NETO, A.; L., L. B. Agronomic performance, postharvest and indirect selection of *Coffea arabica* L. cultivars for high-temperature regions. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 15, n. 3, p. 1-9, 2020.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of Elo Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

MURAKAMI, D. M.; CRUZ, C. D. Proposta de metodologias para estratificação de ambientes e análise de adaptabilidade genotípica. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasília, v. 7, n. 7, p. 7-12, nov. 2004.

- NOACK, F. Die Krankheiten des Kaffeebaumes in Brasilien. **Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten**, Paris, v. 11, n. 1, p. 196-203, ago. 1901. Disponível em: https://www.jstor.org/stable/43227143?read-now=1&seq=1#page_scan_tab_contents. Acesso em: 06 out. 2020.
- NUNES, G. H. de S.; BARROS, A. K. de A.; QUEIROZ, M. A. de; SILVA, R. A. da; LIMA, L. L. de. Correlações entre características de meloeiro. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 21, n. 1, p. 107-112, jan./mar. 2008.
- NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B. de; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, É. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, nov./dez. 2012.
- OLIVEIRA, E. J. de; SANTOS, V. da S.; LIMA, D. S. de; MACHADO, M. D.; LUCENA, R. S.; MOTTA, T. B. N.; CASTELLEN, M. da S. Seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo com base em índices multivariados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 11, p. 1543-1549, nov. 2008.
- OLIVEIRA, R. M. de M.; FREIRE FILHO, F. R.; OLIVEIRA, A. C. de; RIBEIRO, V. Q.; VIEIRA, P. F. de M. J. Seleção em feijão-caupi visando obtenção de linhagens extraprecoces. **Nativa**, Sinop, v. 5, n. 4, p. 250-256, jul./ago. 2017.
- PATRICIO, F. R. A.; BRAGHINI, M. T.; FAZUOLI, L. C. Resistência de plantas de *Coffea arabica*, *Coffea canephora* e híbridos interespecíficos à cercosporiose. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, p. 883-890, 2010.
- PEIXOUTO, L. S.; NUNES, J. A. R.; FURTADO, D. F. Factor analysis applied to the G+GE matrix via REML/BLUP for multi-environment data. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [S.l.], v. 16, n. 1, p. 1-6, 2016.
- PEREIRA, F. de C.; BRUZI, A. T.; MATOS, J. W. de; REZENDE, B. A.; PRADO, L. C.; NUNES, J. A. R. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. **Wiley Plant Breeding**, [S.l.], v. 1, n. 1, p. 679-687, jun. 2017.
- PEREIRA, T. B.; CARVALHO, J. P. F.; BOTELHO, C. E.; RESENDE, M. D. V. de; REZENDE, J. C. de; MENDES, A. N. G. Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Bragantia**, [S.l.], v. 72, n. 3, p. 230-236, 2013.
- PETEK, M. R.; FAZUOLI, L. C.; MISTRO, J. C.; OLIVEIRA, A. C. B. de; GALLO, P. B. Correlações e análise de trilha entre reação à cercosporiose e outras variáveis em progênies de café arábica. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 5., Águas de Lindóia. **Anais [...]**. Brasília: Embrapa Café, 2007. 5 p.
- PETEK, M. R.; SERA, T.; FONSECA, I. C. de B. Exigências climáticas para o desenvolvimento e maturação dos frutos de cultivares de *Coffea arabica*. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 1, p. 169-181, 2009.

PETEK, M. R.; SERA, T.; SERA, G. H.; FONSECA, I. C. de B.; ITO, D. S. Seleção de progênies de coffea arabica com resistência simultânea à mancha aureolada e à ferrugem alaranjada. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 1, p. 65-73, jan. 2006.

PINTO, M. F.; CARVALHO, G. R.; BOTELHO, C. E.; GONÇALVES, F. M. A.; REZENDE, J. C. de; FERREIRA, A. D. Eficiência na seleção de progênies de cafeeiro avaliadas em Minas Gerais. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 1, p. 1-7, nov. 2011.

POZZA, A. A. A.; ALVES, E.; POZZA, E. A.; CARVALHO, J. G. de; MONTANARI, M.; GUIMARÃES, P. T. G.; SANTOS, D. M. Efeito do Silício no Controle da Cercosporiose em Três Variedades de Cafeeiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 2, p. 185-188, mar./abr. 2004.

POZZA, E. A.; CARVALHO, V. L. de; CHALFOUN, S. M. Sintomas de Injurias Causadas por doenças em cafeeiro. *In*: GUIMARÃES, R. J.; MENDES, A. N. G.; BALIZA, D. **P. Semiologia do Cafeeiro**: sintomas de desordens nutricionais, fitossanitárias e fisiológicas. Lavras: UFLA, 2010. Cap. 2. p. 69-101.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2018. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 09 out. 2020.

RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, B. L.; NUNES, J. A. R. Perspective for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. **ISRN Genetics**, Cairo, v. 2013, p. 1-6, 2013.

RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, B. L.; NUNES, J. A. R. Perspectives for the Use of Quantitative Genetics in Breeding of Autogamous Plants. **Hindawi Publishing Corporation**, p. 1-7, out. 2012a.

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

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. 4. ed. Lavras: UFLA, 2008. 463 p.

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

RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. de; ZIMMERMANN, F. J. P. Grain yield gains in three recurrent selection cycles in the CNAIRAT 4 irrigated rice population. **Crop Breeding And Applied Biotechnology**, Brasília, v. 2, n. 3, p. 369-374, 2002.

REGAZZI, A. J.; CRUZ, C. D. **Análise multivariada aplicada**. Viçosa: UFV, 2020. 408 p.

REIS, C. A. F.; GONÇALVES, F. M. A.; RAMALHO, M. A. P.; ROSADO, A. M. Estratégias na seleção simultânea de vários caracteres no melhoramento do *Eucalyptus*. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 25, n. 2, p. 457-467, abr./jun. 2015.

- RESENDE, M. D. V. de. **SELEGEN-REML/BLUP**. Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos. Colombo, PR: Embrapa, dez. 2007. 360 p.
- RESENDE, M. D. V. de. **Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo**. Colombo: Embrapa, 2004. 57 p. (Documentos 100). Brasília: EMBRAPA-CNPSo, 2004. 57p.
- RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesq Agropec Trop**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.
- RESENDE, M. D. V. de; FURLANI-JÚNIOR, E.; MORAES, M. L. T. de; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.
- RESENDE, M. D. V. de; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S.; BATISTA, L. G.; GOIS, I. B. Selection Index with Parents, Populations, Progenies, and Generations Effects in Autogamous Plant Breeding. **Crop Science**, v. 56, n. 1, p. 530-546, mar./abr. 2016.
- RESENDE, M. D. V. de. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 16, n. 1, p. 330-339, 2016.
- REZENDE, J. C. de; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B. de; SILVA, F. L. da; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, Lavras, v. 9, n. 3, p. 347-353, jul./ago. 2014.
- REZENDE, R. M.; REZENDE, J. C. de; CARVALHO, G. R.; BOTELHO, C. E.; SALGADO, S. M. de L.; FERREIRA, A. D. Genetic gain prediction in coffee progenies derived from the cross between Hbrido de Timor and Catua cultivars. **African Journal of Agricultural Research**, [S.l.], v. 10, n. 46, p. 4252-4257, 12 nov. 2015.
- RIBEIRO, J. Z.; ALMEIDA, M. I. M. de. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 8, p. 875-883, ago. 2011.
- ROCHA, J. R. do A. S. de C; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Global Change Biology Bioenergy**, [S.l.], v. 10, n. 1, p. 52-60, 2018.
- RODRIGUES, H. C. de A.; CARVALHO, S. P. de; CARVALHO, A. A. de; SANTOS, C. E. M. dos; CARVALHO FILHO, J. L. S. de. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais entre caracteres de mamoneira. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 6, p. 1390-1395, nov./dez. 2010.
- RODRIGUES, W.P.; VIEIRA, H.D.; BARBOSA, D.H.s.G.; SOUZA FILHO, G.R.; CANDIDO, L.S. Adaptability and genotypic stability of Coffea arabica genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, [S.l.], v. 12, n. 3, p. 2391-2399, 2013.

- SANTOS, E. R. dos. **Parâmetros genéticos e obtenção de genótipos de soja com ausência de lipoxigenase e características agrônômicas em baixas latitudes**. 2016. 172 f. Tese (Doutorado) - Curso de Agronomia, Universidade de Brasília Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Brasília/Df, 2016.
- SANTOS, J.; FERREIRA, L. T. **Faturamento dos Cafés do Brasil totaliza R\$ 38,6 bilhões**. 2021. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/66389229/faturamento-dos-cafes-do-brasil-totaliza-r-386-bilhoes>. Acesso em: 08 jan. 2022.
- SANTOS, L.P.S.; SOUZA, P.S.; MENDONÇA, J.M.A.; PAULA, P.L.; A.F.LUZ; FERREIRA, I.B. Avaliação de rendimento de cultivares de cafeeiro resistentes à ferrugem no município de Muzambinho - MG. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE PESQUISAS CAFEEIRAS, 43., Poços de Caldas. **Anais [...]** Poços de Caldas: CBPC, 2017. 2 p.
- SERA, G. H.; SERA, T.; ITO, D. S.; AZEVEDO, J. A. de; R. FILHO, C.; MATA, J. S. da. Partial resistance to fruit necrosis associated to *Colletotrichum spp.* among arabic coffee genotypes. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, [S.l.], v. 50, n. 3, p. 395-402, maio 2007.
- SERA, T. Coffee Genetic Breeding at IAPAR. **Crop Breeding And Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 1, n. 2, p. 179-199, 2001.
- SEVERINO, L. S.; SAKIYAMA, N. S.; PEREIRA, A. A.; MIRANDA, G. V.; ZAMBOLIM, L. Correlações genotípicas e análise de trilha em café (*Coffea arabica* L.). In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 2., 2001, Poços de Caldas. **Anais [...]**. Poços de Caldas: Embrapa Café, 2001. p. 1-4.
- SHANER, G.; FINNEY, R. E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewingresistance in Knox wheat. **Phytopathology**, Estados Unidos, v. 67, n. 2, p. 1051-1056, feb. 1977.
- SHAPIRO, A. S. S.; WILK, M. B. An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples). **Biometrika**, 52, 3/4, 591-611, 1965.
- SILVA, F. L. da; BAFFA, D. C. F.; REZENDE, J. C. de; OLIVEIRA, A. C. B. de; PEREIRA, A. A.; CRUZ, C. D. Variabilidade genética entre genótipos de café robusta no estado de Minas Gerais. **Coffee Science**, Lavras, v. 10, n. 1, p. 20-27, jan./mar. 2015.
- SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**. Cambridge, v. 7, p. 240-250, 1936.
- SOUSA, T. V.; CAIXETA, E. T.; ALKIMIM, E. R.; OLIVEIRA, A. C. B.; PEREIRA, A. A.; SAKIYAMA, N. S.; ZAMBOLIM, L.; RESENDE, M. D. V. Early Selection Enabled by the Implementation of Genomic Selection in Coffea arabica Breeding. **Frontiers in Journals Plant-Science**, v. 9, n. 1, p. 1-12, jan. 2019.
- SOUZA, A. G. C.; MAFFIA, L. A.; MIZUBUTI, E. S. G. Cultural and Aggressiveness Variability of *Cercospora coffeicola*. **Journal of Phytopathology**, v. 160, n. 10, p. 540-546, 12 jul. 2012.

- SOUZA, A. G. C.; MAFFIA, L. A.; SILVA, F. F.; MIZUBUTI, E. S. G.; TEIXEIRA, H. A. A time series analysis of brown eye spot progress in conventional and organic coffee production systems. **Plant Pathology**, [S.l.], v. 64, n. 1, p. 157-166, jul. 2014.
- STEOLA, A. G.; VON PINHO, R. G.; PEREIRA, J. L. de A. R. Seleção de progênies s0:1 de milho em diferentes densidades de semeadura. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 1, p. 75-82, jan. 2006.
- TEIXEIRA, A. L.; GONÇALVES, F. M. A.; REZENDE, J. C. de; ROCHA, R. B.; PEREIRA, A. A. Principal component analysis on morphological traits in juvenile stage arabica coffee. **Coffee Science**, Lavras, v. 8, n. 2, p. 197-202, abr./jun. 2013.
- TOMÉ, L. M. **Emprego dos índices de seleção no melhoramento de arroz**. 2017. 55 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017.
- VALE, F. X. R. do; PARLEVLIET, J. E.; ZAMBOLIM, L. Concepts in plant disease resistance. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 26, n. 3, p. 577-589, set. 2001.
- VAN DER PLANK, J. E. **PLANT DISEASES: Epidemics and Control**. New York: Academic Press, 1963. 349 p.
- VALE, P. A. S.; RESENDE, M. L. V. de; BOTELHO, D. M. dos S.; ANDRADE, C. C. L. de; ALVES, E.; OGOSHI, C.; GUIMARÃES, S. da S. C.; PFENNING, L. H.. Epitypification of *Cercospora coffeicola* and its involvement with two different symptoms on coffee leaves in Brazil. **Eur J Plant Pathol**, [S.l.], v. 159, n. 1, p. 399-408, jan. 2021.
- VAN DER PLANK, J. E. **Principles of plant infection**. New York: Academic, 1975. 220 p.
- VELASQUEZ, G. A. **Influência da interação genótipos por ambientes no melhoramento do cafeeiro**. 2019. 85 f. Tese (Doutorado) - Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2019.
- VERDAL, H. de; HAFFRAY, P.; DOUCHET, V.; VANDEPUTTE, M. Impact of a divergent selective breeding programme on individual feed conversion ratio in Nile tilapia *Oreochromis niloticus* measured in groups by video-recording. **Aquaculture**, [S.l.], v. 558, n. 1, p. 1-8, 15 fev. 2022.
- VIVAS, M.; SILVEIRA, S. F. da; VIVAS, J. M. Silva; PEREIRA, M. G. Predição de ganhos genéticos e seleção de progênies de mamoeiro para resistência à pinta-preta. **Tropical Plant Pathology**, [S.l.], v. 38, n. 2, p. 142-148, 2013.
- WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting Breeding Values with Applications in Forest Tree Improvement**. Gainesville: Springer Science Business. 1989. 372 p.
- Wickham, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis**. Springer-Verlag New York, 2016.
- ZAMBOLIM, L. Current status and management of coffee leaf rust in Brazil. **Trop. Plant Pathol.**, [S.l.], v. 16, n. 1, p. 1-8, jan. 2016.

ZAMBOLIM, L.; CAIXETA, E. T. An overview of physiological specialization of coffee leaf rust – new designation of pathotypes. **International Journal of Current Research**, [S.l.], v. 13, n. 1, p. 15564-15575, jan. 2021.

ANEXOS

ANEXO A

Tabela 1 - Valores genéticos preditos (eBLUPs) e ranqueamento das progênies. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.
(Continua)

Genótipo	DC		NP		VG		P16		RD		Prod.		ASC	
	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs
1	7	41,957	2	70,432	14	6,750	13	48,866	20	788,720	9	37,744	22	14,774
2	28	35,870	25	61,107	25	6,258	3	51,370	28	784,702	22	29,302	25	14,490
3	12	40,522	9	66,989	2	7,062	1	53,065	24	711,101	6	39,972	20	14,985
4	22	37,573	18	64,265	28	6,168	4	51,042	23	705,385	16	33,257	2	23,085
5	17	39,383	24	61,131	27	6,171	25	45,281	22	687,817	13	34,315	11	18,515
6	25	36,573	21	62,247	15	6,694	27	43,168	13	669,337	24	27,555	12	18,366
7	30	28,942	30	49,442	30	5,645	30	39,269	30	632,771	30	18,463	26	14,453
8	21	38,289	22	62,197	19	6,612	12	49,041	11	629,983	11	36,343	17	15,657
9	29	34,186	19	63,137	20	6,517	20	46,327	14	616,452	29	23,213	6	19,917
10	24	36,683	14	65,652	8	6,900	14	48,769	10	603,329	7	38,890	4	20,150
11	27	36,292	26	60,289	29	6,102	22	46,055	25	600,872	27	25,285	1	24,889
12	15	39,600	17	64,338	18	6,634	19	47,095	9	599,985	12	35,201	15	16,286
13	16	39,492	5	68,537	16	6,693	23	45,776	8	598,466	23	27,752	16	16,011
14	6	42,394	1	71,819	3	7,062	10	49,236	2	588,696	17	32,232	27	14,216
15	20	38,634	12	66,667	9	6,900	7	49,836	1	587,472	26	25,921	8	19,015
16	11	41,083	4	69,107	5	6,929	6	50,108	4	586,876	14	33,989	29	13,388
17	14	40,366	6	68,254	10	6,892	9	49,654	5	576,534	21	29,471	13	16,976
18	18	39,288	3	69,108	11	6,841	8	49,808	3	575,060	18	31,924	28	13,538
19	1	47,497	10	66,853	1	7,121	24	45,567	17	570,354	2	43,914	10	18,710
20	5	42,410	7	67,323	13	6,752	15	48,538	18	553,727	4	43,513	18	15,596

Tabela 1 - Valores genéticos preditos (e-BLUPs) e ranqueamento das progênies. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022 (Conclusão).

Genótipo	DC		NP		VG		P16		RD		Prod.		ASC	
	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs	R	e-BLUPs
21	8	41,675	8	67,249	4	6,959	26	45,100	27	552,646	5	40,482	14	16,792
22	10	41,162	23	61,564	24	6,294	18	47,443	7	547,041	28	24,493	19	15,141
23	23	37,510	27	60,078	21	6,471	29	40,078	29	540,520	25	26,924	30	12,968
24	2	45,172	16	65,267	6	6,929	21	46,076	15	539,046	3	43,892	23	14,710
25	13	40,459	28	59,918	23	6,368	28	42,477	26	537,690	20	30,034	9	18,901
26	3	44,065	11	66,754	17	6,693	17	47,520	16	523,004	1	45,957	7	19,038
27	4	43,619	20	62,346	26	6,255	16	47,595	12	497,583	19	31,602	21	14,798
28	9	41,520	29	58,902	22	6,471	11	49,075	19	481,300	15	33,898	24	14,555
29	26	36,387	15	65,428	7	6,914	2	52,842	21	443,006	10	36,857	3	20,446
30	19	38,976	13	65,788	12	6,841	5	51,035	6	405,877	8	38,458	5	20,059

Ranqueamento individual (R) com base nos valores genotípicos preditos (e-BLUPs) para diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc⁻¹), produtividade (Prod. sc ha⁻¹) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC).

Fonte: Do autor (2022).

ANEXO B

Tabela 2 - Estimativas das herdabilidade individuais de progênies. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

Progênies	DC	NP	VG	P16	RD	Prod.	ASC
1	32,85	33,12	27,48	17,35	49,69	48,09	17,57
2	32,24	9,90	17,02	4,40	33,04	48,23	13,97
3	33,95	47,34	33,46	35,14	48,39	48,31	12,19
4	32,96	43,05	27,43	11,83	50,66	48,28	6,90
5	26,87	9,06	7,84	4,77	14,42	47,00	5,76
6	32,68	13,54	17,58	10,94	17,75	48,38	7,38
7	33,21	6,80	11,53	2,84	8,38	47,8	8,25
8	33,13	50,15	20,15	57,13	41,34	48,41	10,53
9	30,63	12,71	24,78	6,62	15,44	47,73	6,16
10	34,01	42,08	32,71	17,32	35,07	47,63	7,46
11	31,10	13,75	20,16	6,99	22,99	47,52	5,31
12	33,36	46,92	32,71	29,76	34,87	48,44	11,85
13	32,65	17,25	32,48	7,61	15,23	48,26	10,00
14	33,74	32,85	53,02	22,29	44,55	48,35	12,91
15	33,06	17,5	24,41	19,41	18,01	47,08	7,81
16	30,37	37,78	35,25	37,92	50,17	48,29	19,50
17	32,43	9,86	44,67	35,91	49,90	47,24	14,25
18	31,50	47,93	27,05	26,37	35,10	48,36	18,17
19	33,59	50,76	14,92	36,77	39,90	47,24	9,46
20	33,88	38,63	17,87	39,55	44,26	47,96	11,08
21	34,24	11,37	39,77	8,24	29,15	48,45	10,35
22	32,57	39,55	18,77	18,6	41,72	48,27	16,75
23	32,02	6,87	13,14	5,73	15,09	48,38	21,69
24	34,25	44,79	18,92	45,67	41,05	47,47	15,65
25	33,84	11,79	21,66	10,51	25,21	45,24	7,61
26	34,24	51,07	17,80	24,79	43,87	47,52	5,34
27	33,73	34,47	22,42	21,22	45,47	47,77	11,79
28	32,37	21,99	12,40	8,38	58,09	47,64	13,79
29	32,17	40,37	21,51	12,39	48,38	48,39	2,52
30	30,56	15,47	11,95	9,81	15,59	47,92	7,95

Diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc⁻¹), produtividade (Prod. sc ha⁻¹) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC).

Fonte: Do autor (2022).

ANEXO C

Tabela 3 - Resultado do teste de comparação de médias Scott-Knott ao nível de 0,05 de significância para progênies de cafeeiro em geração F_{4:5} na média de duas colheitas. Universidade Federal de Lavras, Lavras - Minas Gerais, 2022.

Progênies	DC	NP	VG	P16	RD	Prod.	ASC
1	0,42 a	74,54 a	6,85 a	50,63 a	530,43 a	41,64 a	12,18 a
2	0,34 b	58,85 b	5,93 b	56,65 a	412,96 a	25,67 b	10,81 a
3	0,40 a	68,74 a	7,44 a	60,69 a	506,62 a	45,86 a	12,73 a
4	0,36 b	64,16 a	5,76 b	55,84 a	509,01 a	33,15 a	29,59 b
5	0,39 a	58,89 b	5,76 b	42,11 a	519,59 a	35,16 a	20,68 b
6	0,35 b	60,76 b	6,75 a	37,03 a	602,99 a	22,37 b	19,86 b
7	0,25 c	39,22 c	4,78 b	27,72 a	290,61 a	5,17 b	12,54 a
8	0,37 b	60,68 b	6,60 a	51,07 a	606,88 a	38,98 a	14,48 a
9	0,32 b	62,26 b	6,41 b	44,58 a	587,13 a	14,16 b	23,13 b
10	0,35 b	66,49 a	7,14 a	50,42 a	610,87 a	43,82 a	23,62 b
11	0,34 b	57,47 b	5,63 b	43,93 a	504,41 a	18,07 b	33,62 b
12	0,39 a	64,29 a	6,64 a	46,42 a	632,16 a	36,83 a	15,48 a
13	0,39 a	71,35 a	6,75 a	43,27 a	654,11 a	22,74 b	14,9 a
14	0,43 a	76,87 a	7,44 a	51,55 a	905,06 b	31,21 b	11,11 a
15	0,37 b	68,20 a	7,14 a	52,98 a	911,57 b	19,29 b	21,23 b
16	0,41 a	72,30 a	7,19 a	53,6 a	776,40 b	34,54 a	9,36 a
17	0,39 a	67,93 a	7,22 a	52,38 a	713,67 b	23,66 b	16,93 a
18	0,38 a	72,30 a	7,02 a	52,9 a	785,68 b	30,65 b	9,75 a
19	0,49 a	68,51 a	7,55 a	42,78 a	567,41 a	53,32 a	20,59 b
20	0,42 a	69,30 a	6,86 a	49,86 a	565,03 a	52,56 a	14,02 a
21	0,42 a	69,18 a	7,25 a	41,67 a	439,37 a	46,84 a	16,17 a
22	0,41 a	59,62 b	6,00 b	47,25 a	658,63 a	16,56 b	13,05 a
23	0,36 b	57,12 b	6,33 b	29,65 a	350,84 a	21,18 b	8,48 a
24	0,46 a	65,85 a	7,19 a	44,00 a	585,16 a	53,26 a	12,15 a
25	0,4 a	56,85 b	6,14 b	35,38 a	480,58 a	27,06 b	20,99 b
26	0,45 a	68,35 a	6,75 a	47,45 a	584,19 a	57,17 a	21,28 b
27	0,44 a	64,12 a	6,39 b	50,21 a	590,93 a	43,06 a	12,15 a
28	0,41 a	55,14 b	6,33 b	51,13 a	557,41 a	34,37 a	10,36 a
29	0,34 b	66,12 a	7,17 a	60,14 a	528,68 a	39,98 a	24,25 b
30	0,38 b	66,72 a	7,02 a	55,83 a	717,94 b	43,00 a	23,43 b
CV (%)	10,64	12,93	11,83	20,85	25,80	47,05	81,97

Diâmetro de caule (DC milímetros), número de ramos plagiotrópicos (NP), vigor vegetativo (VG), porcentagem de peneira 16 e acima (P16 porcentagem), rendimento (RD litros sc⁻¹), produtividade (Prod. sc ha⁻¹) e área abaixo da curva de progresso da doença para severidade a cercosporiose (ASC).

Fonte: Do autor (2022).