

FRANCIELLE DE MATOS FEITOSA

**ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS
DE CAFÉ ARÁBICA COM BASE EM REML/BLUP E MARCADORES
MOLECULARES**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2017

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

T

F311e
2017 Feitosa, Francielle de Matos, 1991-
Estimativa de parâmetros genéticos e seleção de genótipos
de café arábica com base em REML/BLUP e marcadores
moleculares / Francielle de Matos Feitosa. – Viçosa, MG, 2017.
x, 51f. : il. ; 29 cm.

Inclui apêndices.

Orientador: Eveline Teixeira Caixeta.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.47-51.

1. Cafeeiro - Melhoramento genético. 2. *Coffea arabica*. 3.
Hemileia vastatrix. 4. *Colletotrichum kahawae*. I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Genética e Melhoramento.
Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento.
II. Título.

CDD 22 ed. 633.73


FRANCIELLE DE MATOS FEITOSA

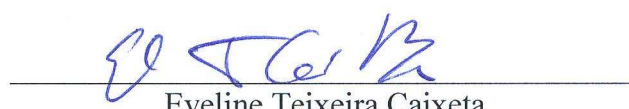
**ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS
DE CAFÉ ARÁBICA COM BASE EM REML/BLUP E MARCADORES
MOLECULARES**

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

APROVADA: 07 de julho de 2017.


Antonio Alves Pereira


Ney Sussumu Sakiyama


Eveline Teixeira Caixeta
(Orientadora)

“Portanto dele, por Ele e para Ele são todas as coisas. A Ele seja a glória
perpetuamente! Amém”
Romanos 11:36

A Deus,
Minha família,
A meu noivo Edcássio,
Dedico.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por estar sempre presente em minha vida e me guiar nessa jornada;

Agradeço a Universidade Federal de Viçosa (UFV) e ao curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de ensino;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsa de estudos;

À D. Sc. Eveline Teixeira Caixeta, pela orientação, confiança, pela oportunidade e pelos ensinamentos transmitidos;

Aos meus coorientadores Antonio Carlos Baião de Oliveira e Marcos Deon Vilela de Resende pelos conhecimentos e sugestões valiosas;

Ao pesquisador Antonio Alves Pereira e o Ney Sussumu Sakiyama por aceitarem participar da minha banca de defesa e pelas sugestões no trabalho;

Aos meus pais, Francisco e Selma pelo amor e por estarem sempre presentes em minha vida;

Aos meus irmãos Francielton, Francielma e Marcelo, em especial a minha irmã Francielma por sempre me apoiar e acreditar em mim;

A minha sobrinha Emylly pelo amor e carinho;

A meu noivo Edcássio Dias pelo companheirismo, amor, carinho e sempre acreditar em mim;

Aos colegas do laboratório BioCafé, pela amizade, conselhos e risadas, em especial a Dênia, Emilly e Tiago por não medirem esforços em me ajudarem;

Aos meus amigos de Montes Claros e da graduação pela amizade, em especial Annanda e Maria Helena por sempre me ajudarem;

As colegas de república pelo acolhimento e momentos de descontração;

Aos amigos que fiz em Viçosa, pelo carinho e momentos de lazer, em especial a Flávia, Mariane e Letícia;

À Igreja Presbiteriana de Viçosa, pelas orações e aprendizado;

A todos que de alguma forma participaram desta etapa.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAFÉ ARÁBICA COM BASE EM REML/BLUP E MARCADORES MOLECULARES.....	1
INTRODUÇÃO.....	1
MATERIAL E MÉTODOS.....	3
Material Genético	3
<i>Material genético fenotipado</i>	3
<i>Material genético genotipado</i>	5
Análises fenotípicas	8
<i>Caracterização morfoagronômica</i>	8
<i>Estimativas de parâmetros genéticos a partir dos dados fenotípicos</i>	8
<i>Estimativas de Correlações Genotípicas</i>	9
<i>Índice de Seleção – Mulamba e Mock (1978)</i>	9
<i>Agrupamento de Famílias com Base em Divergência Genotípica Multivariada</i>	9
Análise de marcadores moleculares.....	10
<i>Extração de DNA</i>	10
<i>Amplificação do DNA com marcadores ligados ao gene S_H3 de resistência a <i>H. vastatrix</i></i>	10
<i>Amplificação do DNA com marcadores ligados aos QTL que conferem resistência as raças I, II e patótipo 001 de <i>H. vastatrix</i></i>	11
<i>Amplificação do DNA com marcadores SSR ligados ao gene <i>Ck-1</i> de resistência a <i>Colletotrichum kahawae</i></i>	12
<i>Seleção assistida por marcadores moleculares</i>	13
RESULTADOS E DISCUSSÃO	13
Análise Fenotípica das Famílias no Ano 1 (2010).....	13
Análise Fenotípica das Famílias no Ano 2 (2011).....	16
Análise Fenotípica das Famílias no Ano 3 (2012).....	18
Análise Fenotípica das Famílias no Ano 4 (2013).....	20
Comportamento dos parâmetros herdabilidade (h^2_a) e acurácia (r_{gg}) nos quatro anos de avaliação.....	22
Análise conjunta dos quatro anos de avaliação.....	24
Correlações genéticas	29
Índice de seleção.....	30
Análise de agrupamento.....	31

Seleção assistida por marcadores moleculares	32
<i>Seleção assistida em famílias de porte alto para o gene S_H3 de resistência a <i>H. vastatrix</i>.....</i>	32
<i>Seleção assistida em famílias de porte alto para QTL de resistência as raças I, II e patótipo 001 de <i>H. vastatrix</i>.....</i>	35
<i>Seleção assistida em famílias de porte alto para o gene <i>Ck-1</i> de resistência a <i>C. kahawae</i>.....</i>	36
<i>Seleção assistida em famílias de cafeeiros para a resistência a <i>H. vastatrix</i>.....</i>	36
<i>Seleção assistida em famílias de porte baixo para resistência a CBD.....</i>	41
CONCLUSÕES	43
APÊNDICES	44
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	47

RESUMO

FEITOSA, Francielle de Matos, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2017. **Estimativa de parâmetros genéticos e seleção de genótipos de café arábica com base em REML/BLUP e marcadores moleculares.** Orientadora: Eveline Teixeira Caixeta. Coorientadores: Antonio Carlos Baião de Oliveira e Marcos Deon Vilela de Resende.

O *Coffea arabica* L. é a espécie de maior importância econômica e o desenvolvimento de cultivares resistentes às principais doenças do cafeeiro, como a ferrugem (*Hemileia vastatrix*) e a antracnose dos frutos (*Colletotrichum kahawae*), é importante para obter estabilidade produtiva e diminuição dos custos de produção. Para aumentar a eficiência de seleção de cafeeiros superiores no melhoramento genético deve-se realizar a caracterização morfoagronômica dos materiais genéticos a serem selecionados e a estimação dos valores genéticos dos indivíduos. Além disso, aliar essas metodologias à seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) é uma forma de minimizar as limitações da seleção puramente fenotípica. Essa estratégia reduz o tempo e o custo para seleção e, para a resistência a doenças, permite a busca de resistência duradoura e de amplo espectro por meio da piramidação de genes. Portanto, objetivou-se identificar cafeeiros para avanço de geração no programa de melhoramento por meio de seleção baseada na metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) aliada à seleção assistida por marcadores. Para isso, sete características morfoagronômicas foram utilizadas para avaliar a diversidade genética, estimar os parâmetros genéticos e quantificar os ganhos com a seleção de famílias em melhoramento. Cafeeiros resistentes a doenças em campo foram analisados com marcadores moleculares para identificar indivíduos portadores de genes que conferem resistência a diferentes raças de *H. vastatrix* e resistência a *C. kahawae*, visando a piramidação de genes e obtenção de resistência múltipla. As populações analisadas neste trabalho fazem parte do Programa de Melhoramento Genético do Cafeeiro desenvolvido pela Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), em parceria com a Universidade Federal de Viçosa (UFV), a Universidade Federal de Lavras (UFLA) e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Café). As plantas que deram origem a essas populações, por serem potenciais fontes de resistência à *H. vastatrix*, foram introduzidas pela UFV, oriundas do Centro de Investigação das Ferrugens do Cafeeiro (CIFC), localizado em Oeiras/Portugal. Com base nas características morfoagronômicas e análise de agrupamento, observou-se alto grau de parentesco entre as famílias. O índice de seleção

permitiu selecionar nove famílias, com ganhos de seleção superior a 26% em relação à população original. Com base em marcadores moleculares, das nove famílias selecionadas, oito apresentaram em suas progênes o gene *S_{H3}* de resistência a *H. vastatrix* e a outra o gene *Ck-1* de resistência a *C. kahawae*. A SAM permitiu, ainda, identificar uma família que embora não tenham sido selecionada nas análises morfoagronômicas, é portadora do gene para resistência às raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix*. Os cafeeiros selecionados pelas características morfoagronômicas e SAM foram superiores às testemunhas e apresentaram genes em indivíduos diferentes, que conferem resistência às principais doenças do cafeeiro, ferrugem e *C. kahawae*. Esses cafeeiros podem ser utilizados como fonte de resistência para novos cruzamentos. Além disso, buscou-se avaliar novas fontes de resistência em outra população, no qual a SAM permitiu identificar 31 famílias portadoras do gene *S_{H3}*, duas com o gene *Ck-1*, seis para o QTL ligado ao grupo de ligação 2, e duas para o QTL ligado ao grupo de ligação 5. Esses diferentes genes foram encontrados isolados em alguns cafeeiros e também piramidados em outros, com diferentes combinações. Os cafeeiros selecionados poderão ser utilizados para avanço de geração no melhoramento e como fontes para piramidação de genes nos programas de melhoramento com vista a obter cultivar com resistência múltipla e durável.

ABSTRACT

FEITOSA, Francielle de Matos, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2017. **Estimates of genetic control and selection of arabica coffee genotypes based on REML/BLUP and molecular markers.** Advisor: Eveline Teixeira Caixeta. Co-advisors: Antonio Carlos Baião de Oliveira and Marcos Deon Vilela de Resende.

Coffea arabica L. is the most economically important species and the development of resistant cultivars to the main coffee plants diseases, such as rust (*Hemileia vastatrix*) and fruit anthracnose (*Colletotrichum kahawae*), is important to obtain productive stability and production costs decrease. In order to increase the selection efficiency for superior coffee plants in genetic improvement, the morphological analysis of the genetic material to be selected and the estimation of the individuals' genetic values should be carried out. In addition, combining these methodologies with molecular marker-assisted selection (MAS) is a way of minimizing the purely phenotypic selection limitations. This strategy reduces time and selection cost and, for disease resistance, allows the search for long-lasting and wide spectrum resistance through gene pyramiding. Therefore, this study's objective was to identify coffee plants for the breeding program advance generation, based on mixed models selection (REML/BLUP), combined with markers assisted selection. For this, seven morphoagronomic characteristics were used to evaluate genetic diversity, to estimate the genetic parameters and to quantify the gains with families' selection in breeding. Field-resistant coffee plants were analyzed with molecular markers to identify individuals carrying genes that confer resistance to different strains of *H. vastatrix* and resistance to *C. kahawae*, aiming at genes pyramiding of and obtaining multiple resistance. The populations analyzed in this work are part of the Coffee Breeding Program developed by the Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), in partnership with the Universidade Federal de Viçosa (UFV), the Universidade Federal de Lavras (UFLA) and the Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Café). The plants that gave origin to these populations, being potential resistance sources to *H. vastatrix*, were introduced by the UFV, from the Centro de Investigação das Ferrugens do Cafeeiro (CIFC), located in Oeiras/Portugal. Based on the morphoagronomic characteristics and cluster analysis, a high kinship degree between families was observed. The selection index allowed nine families to be selected, with selection gains higher than 26% in relation to the original population. Based on molecular markers, eight out of the nine families selected had *H. vastatrix* resistance S_{H3} gene and

the *Ck-1* gene resistance to *C. kahawae* in their progenies. The MAS also allowed to identify a family that although has not been selected by the morphoagronomic analyzes, it is a carrier of the resistance gene to the races I, II and to *H. vastatrix* 001 pathotype. The coffee plants selected by MAS and morphological characteristics were superior to the controls and presented genes in different individuals, which confer resistance to the main coffee plants diseases, rust and *C. kahawae*. These coffee plants can be used as a resistance source for new crossings. In addition, new resistance sources in another population were evaluated, in which MAS allowed to identify 31 families carrying S_{H3} gene, two with *Ck-1* gene, six for the QTL linked to the linkage group 2, and two for the QTL linked to the linking group 5. These different genes were found isolated in some coffee plants and also pyramidal in others, under different combinations. The selected coffee plants may be used for generation advance and as gene pyramiding sources in breeding programs aiming to obtain a durable and multiple resistant crop.

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAFÉ ARÁBICA COM BASE EM REML/BLUP E MARCADORES MOLECULARES

INTRODUÇÃO

O gênero *Coffea* apresenta 104 espécies (SAKIYAMA *et al.*, 2015) e a espécie de maior importância econômica é o *Coffea arabica* L. O *C. arabica* apresenta baixo teor de cafeína, propiciando um café fino, com aroma e sabor mais apreciados no mundo e alcançando os melhores preços no mercado.

Em razão da importância da cultura do café, os programas de melhoramento visam obter cultivares mais produtivas e adaptadas (SOUSA *et al.*, 2017). O desenvolvimento de cultivares resistentes às doenças e pragas tem um importante papel na estabilização da produtividade e na diminuição dos custos de produção (FREITAS *et al.*, 2007). Os patógenos *Hemileia vastatrix*, fungo causador da ferrugem, e *Colletotrichum kahawae*, causador da antracnose dos frutos (*Coffee Berry Disease* – CBD), causam doenças de grande importância no cultivo de *C. arabica*, afetando seriamente a sua produção. Até o momento, o CBD encontra-se restrito ao continente Africano, sendo considerado uma das doenças mais devastadoras, principalmente quando em grandes altitudes (FIGUEREDO *et al.*, 2013). Dessa forma, a utilização de cultivares resistentes surge como alternativa de controle eficiente e econômico, além de evitar a contaminação do ambiente e de trabalhadores rurais (MAIA *et al.*, 2016; TALHINHAS *et al.*, 2017; ZAMBOLIM, 2016).

As Seleções Indianas (*C. arabica* x *C. liberica*) apresentam o gene S_{H3} de resistência a *H. vastatrix* (BETTENCOURT e RODRIGUES, 1988; PRAKASH *et al.* 2004; RAM, 2006; PRAKASH *et al.* 2011) e o Híbrido de Timor (HDT) (*C. arabica* x *C. canephora*) apresenta os genes S_{H5} a S_{H9} e outros ainda não identificados (BETTENCOURT e RODRIGUES, 1988). Esses germoplasmas são importantes fontes de genes de resistência à ferrugem e ao CBD e são utilizados nos programas de melhoramento visando a obtenção de cultivares resistente aos agentes causais dessas doenças. Esses genes conferem resistência a diferentes raças do patógeno e na busca de resistência duradoura, a estratégia mais eficiente consiste na introdução e acúmulo de maior número de genes em uma cultivar. Essa metodologia, denominada piramidação de genes, não apenas amplia a durabilidade da resistência, mas também aumenta o espectro da resistência (KAUSHIK *et al.*, 2016). Essa estratégia é especialmente importante para

H. vastatrix que apresenta reconhecida alta variabilidade genética e, conseqüentemente, evolução de novas raças (CABRAL *et al.*, 2009; CAPUCHO *et al.*, 2012; ZAMBOLIM 2016). A durabilidade da resistência de uma cultivar depende da velocidade de evolução de novas raças do patógeno (SAKTHIVEL *et al.*, 2017). Evidências de alta variabilidade em *H. vastatrix* associada a suplantação da resistência têm sido extensivamente descritas (VARZEA *et al.*, 2002; AVELINO *et al.*, 2015; ZAMBOLIM, 2016; TALHINHAS *et al.*, 2017).

O HDT apresenta ainda resistência a outras doenças e pragas como nematoides, bacterioses e CBD (BERTRAND *et al.*, 2003). Van Der Vossen e Walyaro (1980) identificaram a presença de um gene de resistência a *C. kahawae*, denominado loco T. A importância de populações de HDT e Seleções Indianas como fontes de resistência levaram a vários estudos que identificaram marcadores moleculares ligados aos seus genes de resistência, tanto para *H. vastatrix* (BRITO *et al.*, 2010; DIOLA *et al.*, 2011, PESTANA *et al.*, 2015; ALMEIDA, D. P., 2015), quanto para CBD (GICHURU *et al.*, 2008).

Apenas a resistência a doenças não é suficiente para o aceite de uma nova cultivar pelos cafeicultores, as cultivares comerciais devem também possuir alto potencial produtivo, vigor vegetativo, porte e arquitetura das plantas, qualidade da bebida, uniformidade de maturação dos frutos, tamanhos dos grãos, tolerância a estresse abiótico, entre outras características de valor econômico (PEREIRA e OLIVEIRA, 2015; VAN DER VOSSSEN *et al.*, 2015). Dessa forma, o melhoramento do cafeeiro consiste em um processo complexo e demorado. Além disso, o melhoramento de espécies perenes como o café, apresentam algumas particularidades como o ciclo reprodutivo longo; oscilação de produção devido à bienalidade; expressão dos caracteres ao longo de vários anos e diferenças em precocidade e longevidade produtiva (SERA, 2001). Considerando essas dificuldades, no melhoramento genético do cafeeiro, deve-se adotar algumas estratégias para aumentar a acurácia de seleção de genótipos superiores como avaliar as características morfoagronômicas dos cafeeiros e com base nelas estudar a diversidade genética e estimar os valores genéticos dos indivíduos para, posteriormente, selecionar aqueles portadores de alelos desejáveis (FARIAS NETO *et al.*, 2013). Dentre os diferentes procedimentos estatísticos utilizados para essas análises, o REML/BLUP (Residual or Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction) é o que tem sido recomendado para estudos de estimação/predição em plantas perenes. Por meio dessa estratégia, os componentes da variância são estimados por máxima verossimilhança

restrita (REML) e a predição de valores genéticos por meio da melhor predição linear não viciada (BLUP) (RESENDE *et al.*, 2001).

Outra estratégia que tem sido usada para auxiliar a seleção de genótipos nos programas de melhoramento é o uso de marcadores moleculares. Marcadores moleculares ligados a genes que conferem resistência a doenças permitem identificar indiretamente o genótipo desejado, mesmo em locais onde o patógeno não está presente (ALKIMIM *et al.*, 2017). A seleção assistida por marcadores (SAM) permite também rastrear precocemente genes de interesse, reduzindo o tempo necessário para obtenção de genótipos elite (MANDOULAKANI *et al.*, 2015), além de permitir uma busca por resistência durável e de amplo espectro por meio da piramidação de genes. Dessa forma, incorporar as metodologias de SAM é uma forma de minimizar as limitações da seleção puramente fenotípica. Sua utilização aumenta a eficiência dos programas de melhoramento genéticos, diminui o tempo para seleção e permite a busca de uma resistência duradoura e de amplo espectro (GARTNER *et al.* 2013; ROMERO *et al.* 2014).

Portanto, objetivou-se identificar cafeeiros para avanço de geração no programa de melhoramento por meio de seleção baseada na metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) aliada à seleção assistida por marcadores. Para isso, sete características morfoagronômicas foram utilizadas para avaliar a diversidade genética, estimar os parâmetros genéticos e quantificar os ganhos com a seleção de famílias em melhoramento. Cafeeiros resistentes a doenças em campo foram analisados com marcadores moleculares para identificar indivíduos portadores de genes que conferem resistência a diferentes raças de *H. vastatrix* e resistência a CBD, visando a piramidação de genes e obtenção de resistência múltipla.

MATERIAL E MÉTODOS

Material Genético

Material genético fenotipado

Foram avaliadas 23 famílias de cafeeiros, sendo 21 obtidas de cruzamentos entre cultivares de interesse agrônomico de porte alto (Mundo Novo e outras) e cafeeiros portadores do fator S_{H3} de resistência à ferrugem (Seleções Indianas), além de duas testemunhas dos cultivares Mundo Novo UFV 2190 (IAC 464-18) e UFV 2164 (IAC 514-03) (Tabela 1).

Tabela 1. Genealogia das famílias de cafeeiros originadas de cruzamentos entre cultivares de porte alto (Mundo Novo e outras) com Seleções Indianas portadores do gene S_H3 avaliadas na fenotipagem.

Família	Geração	Genealogia
UFV 315-83	F ₃	CIFC H315/2 = Mundo Novo (CIFC 1535/181) x S.795 (CIFC 1344/19)
UFV 327-15	F ₃	CIFC H101/39 = S.333 (CIFC 254/14) x Dilla & Alghe (CIFC 128/2)
UFV 328-04 UFV 328-70	F ₃	CIFC H153/11 = Geisha (CIFC 87/1) x S.288/23 (CIFC 33/1)
UFV 335-08 UFV 335-12 UFV 335-15 UFV 335-68 UFV 335-70	F ₃	CIFC H315/3 = Mundo Novo (CIFC 1535/181) x S.795 (CIFC 1344/19)
UFV 339-100	F ₂	CIFC H527 = Caturra Amarelo CIFC1637/48 x CIFC H79/1 (S.4 Agaro CIFC 110/5 x S.288/23 CIFC 33/1)
UFV 341-15	F ₃	CIFC H309/9 = S.353 4/5 (CIFC 34/13-53) x S.4 Agaro (CIFC 110/5)
UFV 402-21 UFV 402-36	F ₃	CIFC H214/6 = S.333 (CIFC 254/14) x S.12 Kaffa (CIFC 635/3/6)
UFV 409-05 UFV 409-18 UFV 409-30 UFV 409-34 UFV 409-42 UFV 409-48	F ₃	CIFC H315/4 = Mundo Novo (CIFC 1535/181) x S.795 (CIFC 1344/19)
UFV 480-12 UFV 480-26	F ₃	CIFC H101/? = S.333 (CIFC 254/14) x Dilla & Alghe (CIFC 128/2)
IAC 464-18 (Mundo Novo UFV 2190) IAC 514-03 (Mundo Novo UFV 2164)	F _n	Testemunha 1 Testemunha 2

O experimento foi montado no campo experimental de Três Pontas (CETP) no ano de 2007, utilizando o delineamento de blocos casualizados (DBC), com três repetições e seis plantas por parcela, no espaçamento de 3,50 x 0,80 m entre fileiras e plantas, respectivamente. As plantas que apresentaram resistência a *H. vastatrix* em nível de campo foram submetidas à SAM, para verificar e identificar quantos e quais genes de resistência estão presentes.

Material genético genotipado

Foram analisadas 38 plantas de cafeeiros obtidos de cruzamentos entre cultivares de porte alto (Mundo Novo e outras) com cafeeiros de Seleções Indianas portadores do gene S_{H3} de resistência à *H. vastatrix* (Tabela 2). As Seleções Indianas S.288, S.333, S.353 e S.795 foram usadas nos cruzamentos por serem portadores do gene S_{H3} de resistência a *H. vastatrix*. Esses genótipos, exceto o S.795, são derivados dos cafeeiros tetraploides S.26 e S.31 (*C. arabica* x *C. liberica*) retrocruzados ou não com Kent ou Coorg e possuem, além do gene S_{H3} , os genes S_{H2} e S_{H5} .

Tabela 2. Cafeeiros submetidos a seleção assistida por marcadores moleculares. Famílias de cafeeiros originadas de cruzamentos entre cultivares de porte alto (Mundo Novo e outras) com Seleções Indianas, suas respectivas genealogias e a quantidade de plantas avaliadas por família.

Família	Geração	Genealogia	N ¹
UFV 315-83	F ₃	CIFC H315/2 = Mundo Novo (CIFC 1535/181) x S.795 (CIFC 1344/19)	1
UFV 327-15	F ₃	CIFC H101/39 = S.333 (CIFC 254/14) x Dilla & Alghe (CIFC 128/2)	3
UFV 328-04	F ₃	CIFC H153/11 = Geisha (CIFC 87/1) x S.288/23 (CIFC 33/1)	4
UFV 328-70			1
UFV 335-08	F ₃	CIFC H315/3 = Mundo Novo (CIFC 1535/181) x S.795 (CIFC 1344/19)	1
UFV 335-12			5
UFV 335-15			1
UFV 335-68			3
UFV 335-70			2
UFV 339-100	F ₂	CIFC H527 = Caturra Amarelo CIFC1637/48 x CIFC H79/1 (S.4 Agaro CIFC 110/5 x S.288/23 CIFC 33/1)	3
UFV 402-21	F ₃	CIFC H214/6 = S.333 (CIFC 254/14) x S.12 Kaffa (CIFC 635/3/6)	1
UFV 409-05	F ₃	CIFC H315/4 = Mundo Novo (CIFC 1535/181) x S.795 (CIFC 1344/19)	1
UFV 409-18			1
UFV 409-30			1
UFV 409-34			2
UFV 409-42			2
UFV 409-48			3
UFV 480-12	F ₃	CIFC H101/? = S.333 (CIFC 254/14) x Dilla & Alghe (CIFC 128/2)	2
UFV 480-26			1

¹Número de plantas avaliadas/família.

Para identificar novas fontes de resistência para o programa de melhoramento, foram genotipados, também, 109 cafeeiros obtidos de cruzamentos entre cultivares comerciais e cafeeiros de Seleção Indianas portadores do gene S_{H3} de resistência a *H.*

vastatrix (Tabela 3). Os genótipos utilizados como fontes de resistência, foram as Seleções Indianas S.288, S.333, S.353, S.795, e BA16. No entanto a família H484-2-18-2 foi oriunda do cruzamento de Mundo Novo com HDT.

As populações analisadas neste trabalho fazem parte do Programa de Melhoramento Genético do Cafeeiro desenvolvido pela Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), em parceria com a Universidade Federal de Viçosa (UFV), a Universidade Federal de Lavras (UFLA) e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Café). As plantas que deram origem a essas populações, por serem potenciais fontes de resistência à ferrugem, foram introduzidas pela UFV, no início da década de 1970, oriundas do Centro de Investigação das Ferrugens do Cafeeiro (CIFC), localizado em Oeiras/Portugal. Quando encaminhadas ao Brasil, esses genótipos foram implantados no Campo de Adaptação e Seleção na Área Experimental do Fundão, do DFP/UFV, e mantidos no Banco de Germoplasma desta Instituição. Os materiais genéticos superiores foram selecionados e suas progênes foram plantadas em ensaios para avaliações, no Campo Experimental da Epamig, no município de Três Pontas - MG.

Tabela 3. Cafeeiros submetidos a seleção assistida por marcadores moleculares para identificação de novas fontes de resistência. Famílias de cafeeiros originadas de cruzamentos entre cultivares comerciais com Seleções Indianas e HDT, suas respectivas genealogias e a quantidade de plantas avaliadas por família na genotipagem.

Família	Geração	Genealogia	N¹
UFV311-01			1
UFV311-49	F ₃	CIFC H227/1 = Caturra Amarelo (CIFC 426/2) x S.333 (CIFC 254/14)	5
UFV311-59			4
UFV311-63			1
UFV313-133	F ₃	CIFC H275/7 = Caturra Vermelho (CIFC 19/1) x S.795 (CIFC 1344/19)	6
UFV314-19	F ₃	CIFC H275/13 = Caturra Vermelho (CIFC 19/1) x S.795 (CIFC 1344/19)	4
UFV314-57			2
UFV315-08	F ₃	CIFC H315/2 = Mundo Novo (CIFC 1535/181) x S.795 (CIFC 1344/19)	1
UFV316-59	F ₂	CIFC H512 = Caturra Vermelho (CIFC 1640/28) x CIFC H239/11 [Villa Lobos (CIFC 954/1) x S.333 (CIFC 254/14)]	1
UFV316-63			2
UFV 316-66			4
UFV316-70			5
UFV317-02	F ₂	CIFC H525 = Caturra Vermelho (CIFC 1640/28) x [CIFC H257/7 (Caturra Vermelho CIFC 19/1) x S.795 (CIFC 1344/19)]	6
UFV317-52			3
UFV317-69			2
UFV317-77			2
UFV327-07	F ₃	CIFC H101/39 = S.333 (CIFC 254/14) x Dilla & Alghe (CIFC 128/2)	2
UFV329-63			1
UFV334-10	F ₃	CIFC 275/11 = Caturra Vermelho (CIFC 19/1) x S.795 (CIFC 1344/19)	7
UFV334-68			1
UFV334-139			5
UFV336-02	F ₂	CIFC 524 = Caturra Amarelo (CIFC 1637/48) x CIFC H.W.3/5 [Blue Montain (CIFC 187/8) x S.353-4/5 (CIFC 34/13)]	1
UFV336-05			5
UFV336-28			4
UFV337-16	F ₂	CIFC H526 = Catuaí Vermelho (CIFC 2481/1) x CIFC H257/3 [Caturra Vermelho CIFC 19/1 x S.795 (CIFC 1344/19)]	8
UFV337-18			6
UFV337-20			3
UFV337-29			3
UFV341-14	F ₃	CIFC H309/9 = S.353-4/5 (CIFC 34/13-53) x S.4 Agaro (CIFC 110/5)	4
UFV404-01	F ₃	CIFC H225/3 = BA 16 (CIFC 101/4) x S12 Kaffa (CIFC 635/313)	1
UFV409-03	F ₃	CIFC H315/4 = Mundo Novo (CIFC 1535/181) x S.795 (CIFC 1344/19)	1
UFV409-47			4
UFV480-11	F ₂	CIFC H101/? = S.333 (CIFC 254/14) x Dilla & Alghe (CIFC 128/2)	1
UFV480-14			1
H484-2-18-2	F ₃	Mundo Novo (IAC 515/03) x HDT (UFV 443/03)	2

¹Número de plantas avaliadas/família.

Análises fenotípicas

Caracterização morfoagronômica

Foram avaliadas sete características morfoagronômicas dos cafeeiros nos anos de 2010 a 2013 (Tabela 4).

Tabela 4. Descrição das características fenotípicas avaliadas nos anos de 2010 a 2013.

Variável	Descrição
VIG	Vigor vegetativo (notas de 1 a 10). 1: Planta totalmente depauperada. 10: Planta considerada com vigor máximo
PRO	Produção em litros de café recém-colhido/planta.
CMT	Ciclo de Maturação dos frutos (Notas de 1 a 5). 1 = precoce; 2 = média para precoce; 3 = média; 4 = média para tardia; 5 = tardia
UMT	Uniformidade de Maturação dos frutos (Notas de 1 a 4). 1 = uniforme; 2 = medianamente uniforme; 3 = medianamente desuniforme; 4 = desuniforme.
TF	Tamanho dos Frutos Maduros (Notas de 1 a 3) Nota 1 = pequeno, 2 = médio, 3 = graúdo.
FER	Incidência de Ferrugem (Notas de 1 a 5). 1 = ausência de pústulas e reações de hipersensibilidade; 2 = poucas folhas com pústulas sem esporos (“flecks”) e com reações de hipersensibilidade; 3 = poucas pústulas por folha com alta produção de esporos e pouco distribuídas; 4 = média quantidade de pústulas por folha, distribuídas na planta com alta produção de esporos; 5 = alta quantidade de pústulas com alta produção de esporos e alta desfolha da planta. OBS: Plantas com nota 1 ou 2 = Resistentes; 3 a 5 = Suscetíveis.
CER	Incidência de Cercosporiose (Notas de 1 a 5). Nota 1: sem cercóspora; 2 a 5: folhas com cercóspora. OBS.: 2 =baixa incidência e 5 =alta incidência

Estimativas de parâmetros genéticos a partir dos dados fenotípicos

O modelo genético-estatístico utilizado para estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos para a análise individual de cada ano foi:

$$y = Xr + Za + Wp + e$$

y: vetor de dados,

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

a: vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios),

p: vetor dos efeitos de parcela,

e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

O modelo genético-estatístico utilizado para estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos para a análise conjunta foi:

$$y = X_m + Z_g + W_p + T_s + Q_i + e,$$

y: vetor de dados,

m: vetor dos efeitos das combinações medição-repetição-local (assumidos como fixos) somados à média geral,
g: vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),
p: vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios),
s: vetor dos efeitos de ambiente permanente de indivíduos (aleatórios),
i: é o vetor dos efeitos da interação genótipos x anos (assumidos como aleatórios),
e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas com a utilização do “software” SELEGEN – REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2002) para o melhoramento de plantas perenes.

Estimativas de Correlações Genotípicas

As correlações genotípicas entre as características analisadas foram obtidas de acordo com Falconer e Mackay (1996): $r_g = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \hat{\sigma}_{gy}^2}}$, em que $\hat{\sigma}_{gxy}$ é o estimador da covariância genética entre as variáveis x e y ; e $\hat{\sigma}_{gx}^2$ e $\hat{\sigma}_{gy}^2$ são os estimadores da variância genética das variáveis x e y , respectivamente.

Índice de Seleção – Mulamba e Mock (1978)

A identificação das famílias superiores na população analisada foi realizada pelo índice de *rank*-médio, adaptado de Mulamba e Mock (1978). Este índice consiste em classificar as famílias em ordem favorável ao melhoramento para cada característica analisada e depois da classificação, é calculada a média dos *ranks*. Também foram estimados os ganhos com a seleção.

Agrupamento de Famílias com Base em Divergência Genotípica Multivariada

O agrupamento foi realizado com base na divergência genotípica calculada por meio da distância euclidiana média como medida de dissimilaridade. A determinação dos grupos foi realizada pelo método de agrupamento de Tocher (RAO, 1952), o qual se baseia na formação de grupos cujas distâncias dentro dos grupos sejam menores que as distâncias entre grupos.

Análise de marcadores moleculares

Extração de DNA

Folhas jovens e completamente expandidas foram coletadas e o DNA extraído conforme a metodologia descrita por Diniz *et al.* (2005).

*Amplificação do DNA com marcadores ligados ao gene S_{H3} de resistência a *H. vastatrix**

Foram utilizados quatro marcadores ligados ao gene S_{H3} (Tabela 5). Esses marcadores foram identificados por Mahé *et al.* (2008) e validados por Alkimim *et al.* (2017). Para controle, foram utilizados três genótipos sabidamente portadores do gene S_{H3} (CIFC H147/1, CIFC H153/2 e S.288/23) e dois genótipos suscetíveis (Caturra Vermelho - CIFC 19/1 e Catuaí Vermelho IAC 64 - UFV 2148/57). Os genótipos CIFC H147/1 e CIFC H153/2, são híbridos resultantes dos cruzamentos entre Seleção Indiana S.353-4/5 (CIFC 34/13) com S4 Agaro (CIFC 110/5) e entre Seleção Indiana S.288/23 (CIFC 33/1) com Geisha (CIFC 87/1), respectivamente.

A amplificação por PCR foi realizada em um volume final de 25 μ l, contendo 50 ng de DNA genômico, tampão de reação de PCR 1X, 2,0 mM de $MgCl_2$, 0,1 mM de cada dNTP, 0,4 μ M de cada *primer*, 0,5 unidade de Taq DNA polimerase, completando o volume com água milli-Q estéril. As reações foram conduzidas em termocicladores PTC-200 (*MJ Research*) e Veriti (*Applied Biosystems*) e consistiram em uma fase inicial de desnaturação a 95°C por 5 minutos; 35 ciclos a 94°C por 45 segundos, com temperaturas de anelamento específica para cada *primer*, por 45 segundos seguido de extensão de 72°C por 45 segundos; e extensão final a 72°C por 10 minutos. Os produtos resultantes da reação de PCR foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante 6% e visualizados por meio de coloração com nitrato de prata (BRITO *et al.* 2010).

Tabela 5. Marcadores ligados ao gene S_{H3} , suas sequências, temperaturas de anelamento T (°C) e distância entre o gene e o marcador molecular estimada por Mahé *et al.* (2008).

Marcadores	¹ Sequências dos marcadores	T (°C)	Distância cM
SP-M16-SH3	R: ATCTAGCTTTGGAACATCGT F: TTA ACTGGAACTTGGCTTG	49	1,8
BA-124-12KF	R: TGCAGATTGATGGCACGTTA F: TGATTTTCGCTTGTGTCGAG	56	0
BA-48-21OR	R: ACTTGGCAGGCGTAATTGAA F: ACAGTGAATTCCCCAAGCAC	52	0,6
Sat244	R: GCATACTAAGGAATTATCTGACTGCT F: GCATGTGCTTTTTGATGTCGT	52	0

¹F= *Foward primer*; R=*Reverse*

Amplificação do DNA com marcadores ligados aos QTL que conferem resistência as raças I, II e patótipo 001 de H. vastatrix

Foram utilizados os marcadores moleculares SSR 016 (COMBES *et al.* 2000), CaRHv9 e CaRHv11_CAP (ALMEIDA, D. P., 2015). Esses marcadores estão ligados a dois QTL que equivalem a genes de efeito maior que conferem resistência as raças I, II e ao patótipo 001 de *H. vastatrix*. O SSR 016 está ligado ao QTL do grupo de ligação 2 e os outros dois marcadores CaRHv9 e CaRHv11_CAP ao QTL do grupo de ligação 5 (ALMEIDA, D. P., 2015).

Os genótipos HDT UFV 443-03 e Catuaí Amarelo IAC 64 - UFV 2148/57 foram utilizados como controles resistente e suscetível, respectivamente. Esses genótipos foram utilizados por constituírem os parentais da população na qual foram identificados os QTL associados à resistência a *H. vastatrix*.

A amplificação por PCR para os *primers* CaRHv9 e CaRHv11_CAP foi realizada em um volume final de 20 µl, contendo 50 ng de DNA genômico, tampão de reação de PCR 1X, 2,0 mM de MgCl₂, 0,15 mM de cada dNTP; 0,1 µM de cada *primer*, 1 unidade de Taq DNA polimerase, completando o volume com água milli-Q estéril. As reações foram conduzidas em termocicladores PTC-200 (*MJ Research*) e Veriti (*Applied Biosystems*) e consistiram em uma fase inicial de desnaturação a 94°C por 5 minutos; 32 ciclos de 94°C 30 segundos, 65°C 30 segundos e 72°C 1 minuto; extensão final de 72°C por 10 minutos. Os produtos da reação de PCR foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante 6% e visualizados por meio de coloração com nitrato de prata (BRITO *et al.* 2010).

O marcador CaRHv11 foi clivado com a enzima de restrição RsaI (*Thermos Life*) seguindo recomendação do fabricante, derivando o marcador CaRHv11_CAP. O marcador CaRHv11_CAP foi utilizado somente nos indivíduos que apresentaram a marca de resistência para o marcador CaRHv9.

A amplificação por PCR para o *primer* SSR 016 foi realizada em um volume final de 20 µl, contendo 50 ng de DNA genômico, tampão de reação de PCR 1X, 1,0 mM de MgCl₂, 0,15 mM de cada dNTP, 0,1 µM de cada *primer*, 0,6 unidade de Taq DNA polimerase, completando o volume com água milli-Q estéril. As reações foram conduzidas em termocicladores PTC-200 (*MJ Research*) e Veriti (*Applied Biosystems*) e consistiram em uma fase inicial de desnaturação 94°C por 2 minutos; 10 ciclos de touchdown PCR a 94°C por 30 segundos, temperatura de anelamento decrescendo 1°C a cada ciclo (de 66°C até 57°C) durante 30 segundos, e extensão a 72°C por 30 segundos; seguidos por mais 30 ciclos de desnaturação a 94°C, anelamento a 57°C e extensão a 72°C, com 30 segundos cada etapa. A extensão final foi realizada a 72°C por 8 minutos. Os produtos de PCR foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante 6% e visualizados por meio de coloração com nitrato de prata (BRITO *et al.* 2010).

Amplificação do DNA com marcadores SSR ligados ao gene Ck-1 de resistência a Colletotrichum kahawae

Foram utilizados dois *primers* ligados ao gene *Ck-1* (Tabela 6), identificados e mapeados por Gichuru *et al.* (2008) e validados por Alkimim *et al.* (2017). Como controle foram usados três genótipos portadores do gene *Ck-1* (Híbridos de Timor UFV 377-15 e UFV 440-10 e a cultivar MGS Catiguá 3) e dois genótipos suscetíveis (Caturra Vermelho - CIFIC 19/1 e Catuaí Vermelho IAC 64 - UFV 2148-57).

A amplificação por PCR foi realizada em um volume final de 25 µL, contendo 50 ng de DNA, tampão de reação de PCR 1X, 2,0 mM de MgCl₂, 0,1 mM de cada dNTP, 0,4 µM de cada *primer* e 0,5 U de Taq DNA polimerase, completando o volume com água milli-Q estéril. As reações de amplificação foram realizadas em termocicladores PTC-200 (*MJ Research*) e Veriti (*Applied Biosystems*) e consistirão em uma fase de desnaturação inicial a 95°C por 5 minutos; 35 ciclos a 94°C por 45 segundos, com temperatura de anelamento 50°C por 45 segundos e extensão a 72°C por 45 segundos; e a extensão final a 72°C por 10 minutos. Os produtos resultantes da reação de PCR foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante 6% e visualizados por meio de coloração com nitrato de prata (BRITO *et al.* 2010).

Tabela 6. Marcadores SSR ligados ao gene *Ck-1*, suas sequências e temperaturas de anelamento T (°C).

Marcadores	¹ Sequência dos marcadores	T (°C)
CBD-Sat235	R: GCAAATCATGAAAATAGTTGGTG	50
	F: TCGTTCTGTCATTAATCGTCAA	
CBD-Sat207	R: CAATCTCTTTCCGATGCTCT	50
	F: GAAGCCGTTTCAAGCC	

¹F= *Foward primer*; R=*Reverse*

Seleção assistida por marcadores moleculares

Utilizou-se o padrão de bandas apresentados pelos genótipos controles, resistentes e suscetíveis, para avaliar a resistência das famílias das populações em estudo. As leituras dos géis foram realizadas com base na presença ou ausência da marca (banda) de resistência. Para marcadores codominantes foram avaliados genótipos homozigotos e heterozigotos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados referentes as estimativas dos parâmetros genéticos para as quatro primeiras safras (2010 a 2013) para sete características avaliadas são descritos abaixo.

Análise Fenotípica das Famílias no Ano 1 (2010)

Todas as características avaliadas apresentaram variação genética (Tabela 7), pois valores positivos e diferentes de zero refletem a presença de variabilidade genética. Essa variação genética (V_a), no presente estudo, variou de 0,01 para tamanho dos frutos maduros e incidência de cercosporiose (TF e CER) a 0,59 para produção (PRO). Para todas as características os valores da variância residual (V_e) foram superiores aos da V_a . Esse resultado indica que a variância ambiental teve maior influência que a variância genética.

Para todas as características analisadas os valores da herdabilidade (h^2_a) foram iguais ou inferiores a 0,3, sendo que o maior valor (0,3) foi observado para ciclo de maturação (CMT) e o menor (0,02) para TF. De acordo com Resende (2002), os valores de herdabilidade entre 0,15 e 0,50 são considerados "moderados", portanto, a maioria das características apresentaram herdabilidade moderada, com exceção de TF e CER que foram baixas.

Tabela 7. Estimativas de parâmetros genéticos para as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas - MG, 2010.

Parâmetros genéticos	VIG	PRO	CMT	UMT	TF	CER	FER
V_a	0,23	0,59	0,31	0,11	0,01	0,01	0,28
V_{parc}	0,47	1,53	0,11	0,03	0,09	0,08	0,21
V_e	0,92	0,94	0,62	0,56	0,27	0,14	0,60
V_f	1,62	3,06	1,04	0,71	0,36	0,23	1,08
h²_a	0,14	0,19	0,30	0,16	0,02	0,05	0,26
h²_{aj}	0,20	0,38	0,33	0,17	0,03	0,07	0,32
c²_{parc}	0,29	0,50	0,10	0,05	0,24	0,33	0,19
h²_{mp}	0,53	0,51	0,81	0,73	0,16	0,25	0,73
Acprog	0,73	0,71	0,90	0,85	0,40	0,50	0,86
h²_{ad}	0,13	0,31	0,25	0,10	0,02	0,04	0,23
MG	5,56	3,17	2,13	2,95	2,27	2,10	2,15
CV_{gi} (%)	8,65	24,20	25,98	11,35	4,06	5,04	24,59
CV_e (%)	14,21	41,01	21,60	12,02	15,99	15,03	25,81
CV_{relativo}	0,61	0,59	1,20	0,94	0,25	0,34	0,95
r_{gg}	0,70	0,69	0,87	0,81	0,38	0,48	0,83

V_a: Variância genética entre famílias; V_{parc}: Variância ambiental entre parcelas; V_e: Variância residual; V_f: Variância fenotípica individual; h²_a: Herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ou seja, equivale à herdabilidade no sentido restrito desde que ignorada a fração de 1/4 da variância genética de dominância; h²_{aj}: Herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ajustada para os efeitos de parcela; c²_{parc}: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h²_{mp}: Herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa; Acprog = Acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; h²_{ad}: Herdabilidade aditiva dentro de parcela, desde que ignorada a fração de 1/4 da variância genética de dominância; MG: Média geral do experimento; CV_{gi}: Coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_e: Coeficiente de variação residual; CV_{relativo}: Coeficiente de variação relativa; r_{gg}: Acurácia seletiva.

O coeficiente de variação genética (CV_{gi}) apresentou valores estimados variando de 4,06% (TF) a 25,98% (CMT). Esse coeficiente quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção e, portanto, altos valores são considerados desejáveis. No presente estudo, a característica CMT foi a que expressou maior variabilidade genética entre as avaliadas.

Os coeficientes de variação residual (CV_e) obtidos para as características vigor vegetativo (VIG), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), TF e CER foram inferiores a 16%, enquanto que a característica PRO foi 41,01%. De acordo Gomes (2000) valores do CV_e acima de 30% são considerados elevados, em contrapartida, Resende

(2007) considera essa classificação muito abrangente, pois o número de repetições e a natureza do caráter sob seleção não são levados em consideração.

Os coeficientes de variação relativo (CV_{relativo}) no estudo variaram de 0,25 (TF) a 1,2 (CMT). De acordo com Resende (2002) os valores de CV_{relativo} entre 0 a 0,25 são interpretados como baixos, de 0,25 a 0,5 como intermediários, 0,5 a 0,75 como altos e superior a 0,75 como muito altos. Dessa forma, as características CMT, UMT e incidência de ferrugem (FER) foram as que obtiveram maior CV_{relativo} , demonstrando uma maior proporção da variação genética em relação à influência ambiental.

A acurácia (r_{gg}) para a maioria das características estudadas foram iguais ou superiores a 0,7. Esse resultado reflete a qualidade das informações e dos procedimentos utilizados na predição de valores genéticos, portanto quanto maior a acurácia, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito.

A análise de deviance (ANADEV) para as sete características avaliadas no ano de 2010, está apresentada na Tabela 8.

Tabela 8. Análise de deviance (ANADEV) para as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas - MG, 2010.

Caract	DEVIANCE			LRT (X^2)	
	MOD COMP	Genético	Parcela	Genético	Parcela
VIG	435,9	440,01	480,99	4,11*	45,09**
PRO	489,33	493,09	625,25	3,76 ^{ns}	135,92**
CMT	266,9	286,34	275,44	19,44**	8,54**
UMT	200,41	212,18	201,79	11,77**	1,38 ^{ns}
TF	-28,34	-28,15	-6,37	0,19 ^{ns}	21,97**
CER	-227,25	-226,64	-179,89	0,61 ^{ns}	47,36**
FER	279,06	291,79	303,43	12,73**	24,37**

LRT = teste da máxima verossimilhança; **1% de significância; *5% de significância; ^{ns}não significativo pelo teste de Qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

As características PRO, TF e CER não apresentaram efeitos significativos pelo teste da máxima verossimilhança (LRT) para o efeito genético aditivo individual, indicando que não apresentaram variabilidade genética nas famílias avaliadas (Tabela 8). Para o efeito de parcela, somente a característica UMT não foi significativo. Para as demais características o teste LRT detectou diferenças significativas, indicando a presença de heterogeneidade ambiental dentro dos blocos. Essa heterogeneidade foi removida pelo ajuste do efeito de parcela no modelo, produzindo herdabilidades ajustadas (h^2_{aj}) de moderadas magnitudes (Tabela 7).

Análise Fenotípica das Famílias no Ano 2 (2011)

Assim como no ano de 2010, todas as características apresentaram variação genética (Tabela 9). Esta estimativa avaliada para todas as características no ano 2 (2011) variou de 0,02 (PRO e UMT) a 0,41 para vigor vegetativo (VIG), esses valores refletem variabilidade ou diferença genética entre as famílias. Da mesma forma que o ano anterior, em 2011 observou-se que a variância ambiental teve maior influência que a variância genética, pois, para todas as características, os valores da variância residual (V_e) foram superiores aos da V_a .

Tabela 9. Estimativas de parâmetros genéticos para as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas - MG, 2011.

Parâmetros genéticos	VIG	PRO	CMT	UMT	TF	CER	FER
V_a	0,41	0,02	0,35	0,02	0,11	0,07	0,25
V_{parc}	0,59	1,57	0,19	0,11	0,07	0,15	0,11
V_e	1,02	4,94	0,59	0,53	0,26	0,22	0,55
V_f	2,02	6,52	1,14	0,67	0,44	0,44	0,91
h^2_a	0,20	0,00	0,31	0,04	0,24	0,16	0,27
h^2_{aj}	0,28	0,00	0,37	0,04	0,29	0,24	0,31
c^2_{parc}	0,29	0,24	0,17	0,17	0,17	0,34	0,12
h^2_{mp}	0,62	0,02	0,79	0,26	0,73	0,53	0,78
Acprog	0,78	0,15	0,89	0,51	0,86	0,73	0,89
h^2_{ad}	0,20	0,00	0,30	0,02	0,21	0,16	0,22
MG	6,63	4,36	2,21	2,89	2,34	2,17	1,96
CV_{gi} (%)	9,60	3,16	26,87	5,35	14,06	12,11	25,29
CV_e (%)	13,13	35,44	24,26	15,49	14,69	19,91	22,96
CV_{relativo}	0,73	0,09	1,11	0,35	0,96	0,61	1,10
r_{gg}	0,76	0,13	0,85	0,47	0,82	0,70	0,86

V_a : Variância genética entre famílias; V_{parc} : Variância ambiental entre parcelas; V_e : Variância residual; V_f : Variância fenotípica individual; h^2_a : Herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ou seja, equivale à herdabilidade no sentido restrito desde que ignorada a fração de 1/4 da variância genética de dominância; h^2_{aj} : Herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ajustada para os efeitos de parcela; c^2_{parc} : Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : Herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa; Acprog = Acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; h^2_{ad} : Herdabilidade aditiva dentro de parcela, desde que ignorada a fração de 1/4 da variância genética de dominância; MG: Média geral do experimento; CV_{gi} : Coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_e : Coeficiente de variação residual; CV_{relativo} : Coeficiente de variação relativa; r_{gg} : Acurácia seletiva.

As estimativas de herdabilidade (h^2_a) assumiram valores 0,00 (PRO) a 0,31 (CMT). Esse parâmetro expressa a proporção da variância fenotípica que é de natureza genética. Quando a herdabilidade é zero, é indicativo que a causa da variabilidade fenotípica é decorrente do ambiente e não dos efeitos genéticos, e como a característica PRO é governada por muitos genes e muito influenciada pelo ambiente, esse baixo resultado era previsto.

Analisando o CV_{gi} para as características em estudo os valores variaram entre 3,16% (PRO) a 26,87% (CMT). Esse parâmetro expressa as variações causadas pelos efeitos genéticos, logo, esses valores revelam que há presença de variabilidade genética. Dessa forma, a característica CMT foi a que expressou maior variabilidade genética.

Para o parâmetro CV_e as características variaram entre 13,13% (VIG) a 35,44% (PRO). Esse coeficiente expressa a magnitude das variações ambientais, além de ser um indicativo de precisão experimental. Esse valor de 35,44% para a característica PRO pode ser reflexo de adaptação às condições ambientais de cultivo.

O $CV_{relativo}$ para as características CMT, TF e FER apresentaram valores próximos ou superiores a 1, o que indica que essas características são menos influenciadas por fatores ambientais. A característica PRO de acordo com Resende (2002) apresentou valor muito baixo (0,09%), indicando que os fatores ambientais influenciam na expressão dessa característica, corroborando com os resultados observados na estimativa da h^2_a .

Os valores de r_{gg} encontrados no trabalho variaram entre 0,13 (PRO) a 0,86 (FER). De acordo com Resende e Duarte (2007) a acurácia pode ser classificada em muito alta (> 90%), alta (entre 70% e 90%), moderada (entre 50% e 70%) e baixa (< 50%). Portanto, para a maioria das características a r_{gg} foi classificada como alta, indicando que as predições dos valores genéticos avaliados apresentam maior confiabilidade.

A análise de deviance (ANADEV) para as sete características avaliadas no ano de 2011, está apresentada na Tabela 10.

Tabela 10. Análise de deviance (ANADEV) para as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas - MG, 2011.

Caract	DEVIANCE			LRT (X ²)	
	MOD COMP	Genético	Parcela	Genético	Parcela
VIG	503,32	510,2	556,04	6,88**	52,72**
PRO	928,37	928,38	951,37	0,01 ^{ns}	23**
CMT	263,16	279,39	281,53	16,23**	18,37**
UMT	185,14	185,7	195,49	0,56 ^{ns}	10,35**
TF	-15,99	-4,02	3,48	11,97**	19,47**
CER	-56,89	-52,79	8,94	4,1*	65,83**
FER	242,62	259,46	253,91	16,84**	11,29**

LRT = teste da máxima verossimilhança; **1% de significância; *5% de significância^{ns} não significativo pelo teste Qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

As características PRO e UMT não apresentaram efeitos significativos pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) para o efeito genético aditivo individual, sugerindo não haver variabilidade genética entre as famílias para essas características. Esse resultado foi confirmado pelos valores de h^2_a 0,0 (PRO) e 0,04 (UMT). Para VIG, CMT, TF, CER e FER o teste foi significativo indicando a existência de variabilidade genética entre as famílias. Para o efeito de parcela, todas as características avaliadas apresentaram efeitos significativos.

Análise Fenotípica das Famílias no Ano 3 (2012)

As estimativas V_a no ano de 2012 variaram de 0,04 (UMT) a 1,62 (PRO), sugerindo variabilidade genética dessas características, principalmente para PRO, uma vez que essa característica é economicamente mais relevante para a cultura. No entanto, para todas as características, a variância residual (V_e) foram superiores aos da V_a , indicando que a variância ambiental teve maior influência que a variância genética (Tabela 11).

A herdabilidade (h^2_a) variou de 0,04 (UMT) a 0,31 (FER), esses valores mostram-se a presença da influência ambiental, portanto esse fato dificulta a seleção bem-sucedida com bases nessas características. De acordo com Resende (2002), as características VIG, UMT e CER apresentaram valores baixos e moderados para as características PRO, CMT, TF e FER. Nesse caso, para possibilitar precisão na seleção, a h^2_a pode ser aliada a acurácia (r_{gg}). De acordo com os valores propostos por Resende e Duarte (2007), as r_{gg} obtida para as diferentes características no ano de 2012 foram de

magnitudes moderadas a altas. Observou-se que quando os valores de h^2_a são baixos, as r_{gg} são de magnitude moderadas a baixas. A característica PRO apresentou h^2_a de 24% e alta acurácia. Os valores de herdabilidade aditiva dentro de parcela (h^2_{ad}) maiores que zero indicam a possibilidade de ganhos também com a seleção dentro de progênies.

Tabela 11. Estimativas de parâmetros genéticos para as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas - MG, 2012.

Parâmetros genéticos	VIG	PRO	CMT	UMT	TF	CER	FER
V_a	0,27	1,62	0,28	0,04	0,11	0,06	0,30
V_{parc}	0,54	1,13	0,15	0,39	0,03	0,21	0,20
V_e	1,22	3,90	0,77	0,60	0,22	0,63	0,46
V_f	2,04	6,65	1,19	1,03	0,35	0,90	0,96
h²_a	0,13	0,24	0,23	0,04	0,31	0,07	0,31
h²_{aj}	0,18	0,29	0,27	0,06	0,33	0,09	0,39
c²_{parc}	0,27	0,17	0,12	0,38	0,07	0,23	0,20
h²_{mp}	0,52	0,73	0,75	0,18	0,84	0,38	0,77
Acprog	0,72	0,86	0,87	0,42	0,92	0,62	0,88
h²_{ad}	0,11	0,21	0,18	0,03	0,25	0,05	0,32
MG	6,65	3,44	2,32	2,60	2,41	2,63	1,90
CV_{gi} (%)	7,81	37,00	22,80	7,31	13,73	9,64	28,82
CV_e (%)	13,02	38,70	22,65	27,04	10,38	21,31	27,50
CV_{relativo}	0,60	0,96	1,01	0,27	1,32	0,45	1,05
r_{gg}	0,70	0,82	0,83	0,40	0,88	0,59	0,85

V_a: Variância genética entre famílias; V_{parc}: Variância ambiental entre parcelas; V_e: Variância residual; V_f: Variância fenotípica individual; h²_a: Herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ou seja, equivale à herdabilidade no sentido restrito desde que ignorada a fração de 1/4 da variância genética de dominância; h²_{aj}: Herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ajustada para os efeitos de parcela; c²_{parc}: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h²_{mp}: Herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa; Acprog = Acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; h²_{ad}: Herdabilidade aditiva dentro de parcela, desde que ignorada a fração de 1/4 da variância genética de dominância; MG: Média geral do experimento; CV_{gi}: Coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_e: Coeficiente de variação residual; CV_{relativo}: Coeficiente de variação relativa; r_{gg}: Acurácia seletiva.

O coeficiente de variação genética (CV_{gi}) assumiu valores entre 7,31% (UMT) a 37% (PRO). Esses resultados indicam presença de variabilidade genética na população.

O coeficiente de variação residual (CV_e) variou entre 10,38% (TF) a 38,7% (PRO). O valor de 38,74%, de acordo com a classificação de Gomes (2000), é considerado alto. No entanto, Resende e Duarte (2007) e Resende (2002, 2007) sugerem

que cada experimento tenha um valor particular e não generalizado. Esse valor obtido no experimento para a característica PRO, pode ser explicado devido a essa característica ser muito influenciada pelas condições ambientais.

Os coeficientes de variação relativa (CV_{relativo}) para as características PRO, CMT, TF e FER foram próximos ou superiores a 1. Esse parâmetro também ajuda a detectar a variabilidade genética na população, portanto, segundo Resende (2002), valores próximos ou acima de 1 são considerados satisfatórios para a seleção.

São apresentadas na análise de deviance (ANADEV), as significâncias do teste LRT para cada um dos efeitos para as sete características avaliadas no ano de 2012 (Tabela 12).

Tabela 12. Análise de deviance (ANADEV) para as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas - MG, 2012.

Caract	DEVIANCE			LRT (X ²)	
	MOD COMP	Genético	Parcela	Genético	Parcela
VIG	552,2	556,18	592,25	3,98*	40,05**
PRO	899,59	912,08	919,45	12,49**	19,86**
CMT	335,62	349,2	345,46	13,58**	9,84**
UMT	275,7	275,96	331,75	0,26 ^{ns}	56,05**
TF	-93,97	-71,82	-89,18	22,15**	4,79*
CER	287,73	289,38	315,72	1,65 ^{ns}	27,99**
FER	206,65	222,17	241,05	15,52**	34,4**

LRT = teste da máxima verossimilhança; ** 1% de significância; * 5% de significância; ^{ns} não significativo pelo teste Qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Todas as características analisadas, exceto as características UMT e CER não apresentaram resultados significativos para o efeito genético pelo teste da máxima verossimilhança (LRT), indicando a ausência de variabilidade genética entre as famílias para essas características, sendo confirmado pelo baixo valor encontrado na h^2_a na Tabela 11. Para o efeito de parcela todas as características apresentaram efeitos significativos.

Análise Fenotípica das Famílias no Ano 4 (2013)

São apresentados os parâmetros genéticos associados as sete características das avaliações realizadas no ano de 2013 (Tabela 13).

Tabela 13. Estimativas de parâmetros genéticos para as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas - MG, 2013.

Parâmetros genéticos	VIG	PRO	CMT	UMT	TF	CER	FER
V_a	0,09	0,04	0,34	0,00	0,01	0,01	0,38
V_{parc}	0,51	3,43	0,22	0,14	0,02	0,28	0,13
V_e	1,09	5,82	0,69	0,35	3,07	0,58	0,52
V_f	1,69	9,29	1,24	0,49	3,10	0,86	1,03
h²_a	0,06	0,00	0,27	0,00	0,00	0,01	0,37
h²_{aj}	0,08	0,01	0,33	0,00	0,00	0,01	0,42
c²_{parc}	0,30	0,37	0,18	0,28	0,01	0,32	0,13
h²_{mp}	0,29	0,03	0,75	0,03	0,03	0,06	0,84
Acprog	0,54	0,16	0,87	0,16	0,18	0,24	0,92
h²_{ad}	0,04	0,00	0,25	0,00	0,00	0,01	0,37
MG	6,82	3,85	2,68	2,94	2,51	2,13	2,18
CV_{gi} (%)	4,47	5,14	21,69	1,41	3,14	4,08	28,28
CV_e (%)	12,15	54,52	21,50	15,01	29,00	28,77	21,24
CV_{relativo}	0,37	0,09	1,01	0,09	0,11	0,14	1,33
r_{gg}	0,52	0,14	0,84	0,14	0,16	0,23	0,89

V_a: Variância genética entre famílias; V_{parc}: Variância ambiental entre parcelas; V_e: Variância residual; V_f: Variância fenotípica individual; h²_a: Herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ou seja, equivale à herdabilidade no sentido restrito desde que ignorada a fração de 1/4 da variância genética de dominância; h²_{aj}: Herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ajustada para os efeitos de parcela; c²_{parc}: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h²_{mp}: Herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa; Acprog = Acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; h²_{ad}: Herdabilidade aditiva dentro de parcela, desde que ignorada a fração de 1/4 da variância genética de dominância; MG: Média geral do experimento; CV_{gi}: Coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_e: Coeficiente de variação residual; CV_{relativo}: Coeficiente de variação relativa; r_{gg}: Acurácia seletiva.

As estimativas das variâncias genéticas (V_a) no ano de 2013 variaram de 0 (UMT) a 0,38 (FER). O valor zero indica que UMT não apresentou variabilidade genética, no entanto, as demais características apresentaram. A variância residual (V_e) para todas as características assim como todos os anos anteriores foi superior a V_a, indicando que a variância ambiental teve maior influência que a variância genética.

A herdabilidade (h²_a) para as diferentes características variou de 0 (PRO, UMT e TF) a 0,37 (FER). Essa h²_a igual a zero indica que a variação fenotípica observada não é de origem genética, mas de origem ambiental. De acordo com Resende e Duarte (2007) a r_{gg} foi de magnitudes alta somente para as características CMT e FER. Observou-se que os maiores valores de h²_a foram para aqueles que obtiveram r_{gg} de maior magnitude.

Os coeficientes de variação genética (CV_{gi}) na população variaram entre 1,41 (UMT) a 28,28 (FER), indicando presença de variabilidade genética na população. O coeficiente de variação residual (CV_e) variou entre 12,15% (VIG) a 54,52% (PRO). Assim como no ano de 2012, a característica PRO apresentou valor de alta magnitude, sendo essa característica muito influenciada pelas condições ambientais.

Para as características CMT e FER, os valores de coeficiente de variação relativo ($CV_{relativo}$) foram superiores a 1, o que indicou grande possibilidade de sucesso de seleção entre as famílias. Para as demais características o $CV_{relativo}$ foram inferiores a 1.

A análise de deviance (ANADEV) para as sete características avaliadas no ano de 2013, está apresentada na Tabela 14.

Tabela 14. Análise de deviance (ANADEV) para as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas-MG, 2013.

Caract	DEVIANCE			LRT (X ²)	
	MOD COMP.	Genético	Parcela	Genético	Parcela
VIG	502,92	503,76	545,7	0,84 ^{ns}	42,78**
PRO	1007,01	1007,01	1054,95	0 ^{ns}	47,94**
CMT	308,3	322,3	328,3	14**	20**
UMT	66,39	66,4	95,63	0,01 ^{ns}	29,24**
TF	710,42	710,44	710,44	0,02 ^{ns}	0,02 ^{ns}
CER	265,24	265,26	310,9	0,02 ^{ns}	45,66**
FER	235,02	259,55	249,6	24,53**	14,58**

LRT = teste da máxima verossimilhança; ** 1% de significância; * 5% de significância; ^{ns} não significativo pelo teste Qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

As características CMT e FER foram as únicas que apresentaram efeitos significativos pelo teste da máxima verossimilhança (LRT) para os efeitos genéticos, portanto, indicando a existência de variabilidade genética entre as famílias para essas características. Esse resultado confirma o encontrado no $CV_{relativo}$. Para os efeitos de parcelas, todas as características, com exceção da característica TF apresentaram resultados significativos.

Comportamento dos parâmetros herdabilidade (h^2_a) e acurácia (r_{gg}) nos quatros anos de avaliação

São apresentados os parâmetros genéticos herdabilidade (h^2_a) e acurácia (r_{gg}) das quatro características avaliadas em quatro anos (Figura 1).

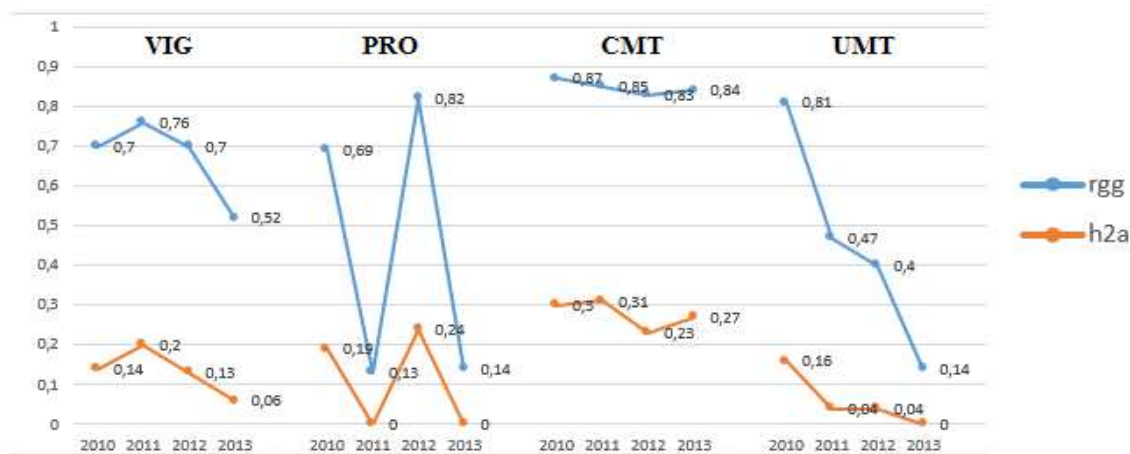


Figura 1. Herdabilidade (h^2_a) e acurácia (r_{gg}) para as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT) e uniformidade de maturação dos frutos (UMT) em café arábica. Três Pontas-MG, 2010 a 2013.

As herdabilidades (h^2_a) estimadas para as características VIG, PRO, CMT e UMT avaliadas em quatro anos consecutivos (2010 a 2013) apresentaram valores variando de baixa a moderada magnitude. Valores baixos de h^2_a podem refletir também a pequena variabilidade genética das características do material genético estudado (SEVERINO *et al.*, 2002).

A característica PRO é de suma importância para o melhoramento genético do cafeeiro. Sabe-se que essa característica é governada por muitos genes sendo muito influenciada pelo ambiente, portanto espera-se encontrar baixos valores de herdabilidade. Nota-se que ao longo dos quatro anos de avaliação a h^2_a e a r_{gg} oscilaram de forma similar; anos de menor h^2_a significa maior influência ambiental (causas não genéticas), logo a r_{gg} foi menor. Portanto, conhecer a magnitude da herdabilidade é muito importante no melhoramento genético, pois ele determina o grau de dificuldade no melhoramento da característica.

A característica UMT, a h^2_a foi diminuindo com o decorrer dos anos, portanto reflete maior influência ambiental. De acordo com Guerreiro filho *et al.* (2008), essa característica é poligênica, altamente influenciada pelas condições ambientais, como disponibilidade de nutrientes, região de cultivo, face de exposição do terreno, incidência de agentes abióticos, dentre outros.

São apresentados os parâmetros genéticos herdabilidade (h^2_a) e acurácia (r_{gg}) das outras três características avaliadas nos quatro anos consecutivos (Figura 2).

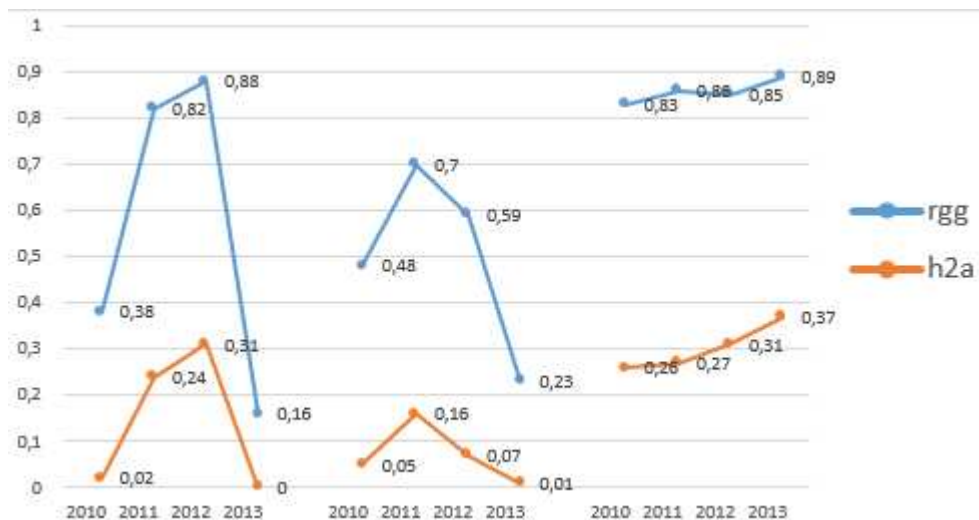


Figura 2. Herdabilidade (h^2_a) e acurácia (r_{gg}) para as características tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas-MG, 2010 a 2013.

O estudo da característica incidência de ferrugem (FER) no melhoramento genético do cafeeiro é muito importante, pois essa é a principal doença dessa cultura. Observou-se na figura 2 que a h^2_a e r_{gg} da característica FER aumentou a cada ano de avaliação, de acordo com Resende e Duarte (2007) esses valores de r_{gg} foram de alta magnitude. Portanto, as predições dos valores genéticos avaliados apresentam maior confiabilidade.

Análise conjunta dos quatro anos de avaliação

Considerando as quatro safras, o coeficiente de variância genotípica (V_g) variou entre 0,02 (UMT) a 0,32 (FER), indicando a existência de variabilidade genética (Tabela 15). Vários estudos têm demonstrado que populações, acessos e variedades de café arábica apresentam baixa variabilidade (MOTTA *et al.*, 2014; PESTANA *et al.*, 2015; SOUSA *et al.*, 2017), no entanto, as famílias em melhoramento, avaliadas nesse estudo, apresentaram relativa variabilidade. Apesar desse resultado obtido, as estimativas de V_g de todas as características foram inferiores as suas variâncias residuais (V_e), sugerindo que a variância ambiental teve maior influência na variabilidade que a variância genética.

Tabela 15. Estimativas de parâmetros genéticos para as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas - MG, 2010 a 2013.

Parâmetros genéticos	VIG	PRO	CMT	UMT	TF	CER	FER
V_g	0,23	0,19	0,31	0,02	0,05	0,03	0,32
V_{parc}	0,52	2,00	0,16	0,17	0,03	0,18	0,14
V_{perm}	0,15	0,54	0,10	0,07	0,14	0,06	0,08
V_{int}	0,02	0,29	0,01	0,02	0,01	0,01	0,00
V_e	0,91	3,34	0,57	0,44	0,81	0,34	0,45
V_f	1,84	6,35	1,15	0,72	1,05	0,61	1,00
h²_g	0,13	0,03	0,27	0,03	0,05	0,05	0,32
R	0,50	0,47	0,50	0,39	0,23	0,45	0,54
c²_{parc}	0,28	0,32	0,14	0,24	0,03	0,29	0,14
c²_{perm}	0,08	0,08	0,08	0,10	0,14	0,09	0,08
c²_{int}	0,01	0,04	0,01	0,02	0,01	0,01	0,00
rgmed	0,93	0,39	0,98	0,57	0,85	0,83	0,99
Média geral	6,41	3,69	2,33	2,84	2,38	2,26	2,05
CV_{gi} (%)	7,55	11,67	23,85	5,38	9,47	7,92	27,52
CV_e (%)	14,91	49,43	32,44	23,29	37,90	25,77	32,88
CV_{relativo}	0,51	0,24	0,74	0,23	0,25	0,31	0,84
r_{gg}	0,87	0,60	0,94	0,66	0,82	0,75	0,95

V_g: Variância genotípica; V_{parc}: Variância ambiental entre parcelas; V_{perm}: Variância de ambiente permanente de indivíduos; V_{int}: Variância da interação genótipos x anos, V_e: Variância residual; V_f: Variância fenotípica individual; h²_g: Herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (efeitos genotípicos totais); r: Repetibilidade de parcelas individuais; c²_{parc}: Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c²_{perm}: Coeficiente de determinação dos efeitos permanentes de indivíduos; c²_{int}: Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x anos; rgmed: Correlação genotípica através dos anos; MG: Média geral do experimento; CV_{gi}: Coeficiente de variação genética aditiva individual, ignorando-se a fração de 1/4 da variância genética de dominância; CV_e: Coeficiente de variação residual; CV_{relativo}: Coeficiente de variação relativo; r_{gg}: Acurácia seletiva.

O coeficiente de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h²_g), ou seja, considerando os efeitos aditivos e de dominância, variou entre 0,03 (PRO e UMT) a 0,32 (FER), estes valores mostram que 3% da variação para as características PRO e UMT são devidas as causas genéticas. De acordo com as magnitudes propostas por Resende (2002), os valores de h²_g para a maioria das características foram considerados baixos. Segundo os critérios desse autor, somente CMT e FER apresentaram h²_g de média magnitude. Os baixos resultados observados na população, revelam que a seleção por meio daquelas características é mais difícil de ser realizada, além disso, esses valores confirmam que a variabilidade fenotípica é resultante, em sua maioria, de efeitos do ambiente em detrimento dos genéticos.

Os coeficientes de repetibilidade (r) variaram entre 0,23 (TF) a 0,54 (FER). Esse coeficiente refere-se à correlação fenotípica entre medidas repetidas em um mesmo indivíduo e permite indicar o número mínimo de medições necessárias para avaliar com precisão um dado indivíduo. Resende (2002) classificou a repetibilidade em alta ($r \geq 0,60$), média ($0,30 \leq r < 0,60$) e baixa ($r < 0,30$). Para as características VIG, PRO, CMT, UMT, CER e FER foi considerado médio e baixo para TF. Dessa forma, quanto maior o valor de r melhor, pois permite inferir que os genótipos se comportem de maneira previsível. Em culturas perenes, como cafeeiro Arábica, é desejado que a performance de dado genótipo perdure ao longo dos anos.

O coeficiente de variação genética (CV_{gi}) variou entre 5,38 (VIG) e 27,52 (FER). Esses valores revelam a presença de variabilidade genética na população, indicando uma situação favorável para o processo de seleção das características analisadas. Isto indica que a característica FER foi a que expressou a maior variabilidade.

As estimativas do coeficiente de variação residual (CV_e) variaram de 14,91% (VIG) a 49,43% (PRO). Esse parâmetro expressa a magnitude das variações causadas pelo ambiente. De acordo com Gomes (2000) valores superiores a 30% são considerados altos e indicam baixa precisão experimental. Levando em consideração essa classificação, os valores de CV_e para a maioria das características foram superiores a 30%, no entanto, Resende (2007) explica que essa classificação é abrangente e não leva em consideração o número de repetições e a natureza da característica sob seleção. Portanto esse autor e Resende e Duarte (2007) advertem que este coeficiente não é o mais apropriado para avaliar a qualidade experimental em trabalho com melhoramento de genético de plantas.

Outro parâmetro genético de importância em estudos de melhoramento de plantas é o $CV_{relativo}$. Os valores obtidos para o $CV_{relativo}$ variaram entre 0,23 (UMT) a 0,84 (FER). Esse coeficiente indica a correlação entre o coeficiente de variação genotípico do indivíduo e o coeficiente de variação residual. De acordo com Resende (2002) valores acima de 0,5 são considerados altos. Portanto, maiores estimativas de $CV_{relativo}$ indicam sucesso na seleção, pois apresentam maior controle genético e menor influência ambiental. Assim, num programa para seleção das melhores famílias, as características VIG, CMT e FER seriam as indicadas para efetuar seleção. Por outro lado, a maioria das características apresentaram baixos valores, com isso sugere que essas características são influenciadas por fatores ambientais, o que confirma os altos valores observados em CV_e . Nesse caso, é importante levar em consideração a acurácia (r_{gg}) que variou entre 0,6 (PRO) a 0,95 (FER), pois quanto maior o valor da r_{gg} maior é a confiança na avaliação dos indivíduos. Cinco características apresentaram valores de r_{gg} superiores

a 0,7, refletindo a qualidade das informações e dos procedimentos na predição dos valores genéticos.

A análise de deviance (ANADEV) das sete características na análise conjunta, está apresentada na Tabela 16.

As características PRO e UMT não foram significativas pelo teste da máxima verossimilhança (LRT) para o efeito famílias (Tabela 16), indicando ausência de variabilidade entre as famílias para essas características, sendo confirmado pelos baixos valores encontrados na h^2_g . A presença de variabilidade para a característica FER pode ser explicado pela segregação dos genes de resistência envolvidos. Para o efeito de parcelas, somente a característica TF não foi significativo. Para as demais características foram altamente significativos, indicando presença de heterogeneidade ambiental dentro dos blocos. Para os efeitos de ambiente permanente e das interações famílias x anos não houve efeitos significativos para todas as características avaliadas pelo teste da máxima verossimilhança - LRT (Tabela 16).

A ausência de interações famílias x anos conduziu a altos coeficientes de correlação genotípica (r_{gmed}) através dos anos de avaliação, com magnitudes da ordem acima de 83%, exceto para PRO e UMT (Tabela 15). Isto indica que a seleção, para a maioria das características (exceto para PRO e UMT), pode ser realizada em uma avaliação precoce nos primeiros anos de colheita. Para a característica PRO a seleção mostrou-se mais eficiente (maiores acurácias) nos anos de 2010 e 2012.

As características que não apresentaram efeitos famílias significativos, de acordo com a análise de deviance (ANADEV) (Tabela 16), não foram incluídas no índice de seleção (MULAMBA e MOCK, 1978) e nas análises de agrupamento de Tocher, visto que, realizar seleção para essas características é mais difícil.

Tabela 16. Análise de deviance (ANADEV) para as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas - MG, 2010 a 2013.

Caract.	MOD COMP.	DEVIANCE				LRT (X ²)			
		Famílias	Parcelas	Ambiente Permanente	Interação famílias x anos	Famílias	Parcelas	Ambiente Permanente	Interação famílias x anos
VIG	1980,51	2004,23	2160,38	1980,5	1980,6	23,72**	179,87**	-0,01 ^{ns}	0,09 ^{ns}
PRO	3557,57	3559,52	3712,11	3557,57	3559,22	1,95 ^{ns}	154,54**	0 ^{ns}	1,65 ^{ns}
CMT	1117,15	1181,55	1171,74	1117,13	1117,25	64,4**	54,59**	-0,02 ^{ns}	0,1 ^{ns}
UMT	774,53	777,94	863,43	774,53	775,23	3,41 ^{ns}	88,9**	0 ^{ns}	0,7 ^{ns}
TF	1408,94	1423,48	1411,38	1408,92	1409,18	14,54**	2,44 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	0,24 ^{ns}
CER	506,05	513,48	671,23	506,04	506,17	7,43**	165,18**	-0,01 ^{ns}	0,12 ^{ns}
FER	887,32	971,36	967,43	887,28	887,3	84,04**	80,11**	-0,04 ^{ns}	-0,02 ^{ns}

LRT = teste da máxima verossimilhança; ** 1% de significância; * 5% de significância; ^{ns} não significativo pelo teste Qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Correlações genéticas

As estimativas de correlações genéticas entre as sete características obtidas segundo a metodologia de Falconer e Mackay (1996), variaram entre - 0,44, para as características CMT e CER a 0,65, para as características VIG e PRO (Tabela 17).

Tabela 17. Estimativas de correlações genéticas entre as características vigor vegetativo (VIG), produção (PRO), ciclo de maturação dos frutos (CMT), uniformidade de maturação dos frutos (UMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) em café arábica. Três Pontas - MG, 2010 a 2013.

Caracteres	VIG	PRO	CMT	UMT	TF	CER	FER
VIG	1,00	0,65	0,64	0,09	-0,14	-0,32	-0,18
PRO		1,00	0,50	0,61	0,26	0,15	-0,37
CMT			1,00	0,23	-0,01	-0,44	-0,31
UMT				1,00	0,40	0,44	-0,27
TF					1,00	0,04	-0,20
CER						1,00	-0,10
FER							1,00

As correlações genéticas de maiores magnitudes foram aquelas envolvendo PRO e VIG (0,65) e VIG e CMT (0,64). Quando dois caracteres estão altamente correlacionados, é possível obter ganho genético em uma característica por meio da seleção na outra. A correlação positiva encontrada para as características VIG e PRO é desejável, pois plantas vigorosas tendem a ser mais produtivas. Esses resultados auxiliam os melhoristas em tomadas de decisão em etapas iniciais dos programas de melhoramento. Estimativas de correlação superiores ao do presente foram obtidas por Teixeira *et al.* (2012) em café arábica. A característica vigor vegetativo está entre as características mais utilizadas para estimação da capacidade produtiva de cafeeiros (CARVALHO *et al.*, 2010).

As maiores correlações genéticas negativas, considerando as quatro safras, foram observadas para CMT e CER (-0,44) e FER e PRO (-0,37). Outros estudos realizados em café tem demonstrado correlação positiva entre FER e PRO (SILVAROLLA *et al.*, 1997; COSTA *et al.*, 2007), diferente do observado no presente trabalho. A provável explicação para esse resultado, pode estar relacionada a genealogia da população em estudo e a quantidade de anos de avaliação. A população em estudo é oriunda do cruzamento entre cafeeiros portadores do gene S_H3 que confere resistência a *H. vastatrix*. Portanto, em anos de alta produção devido à resistência dessas plantas não houve um

aumento na incidência da ferrugem. Outro fato que poderia auxiliar na explicação desse resultado, seria a quantidade de anos em que a incidência de ferrugem foi avaliada, pois nessa análise foi considerada os quatros anos consecutivos, e os outros autores consideraram um ano de avaliação.

Índice de seleção

As cinco características significativas na análise de deviance (ANADEV) foram consideradas para a análise índice de seleção (Tabela 18).

Tabela 18. *Rank*-médio das famílias e ganhos de seleção (%) obtido considerando as características vigor vegetativo (VIG), ciclo de maturação dos frutos (CMT), tamanho dos frutos maduros (TF), incidência de cercosporiose (CER) e incidência de ferrugem (FER) e as avaliações nos anos de 2010 a 2013 com base no índice de Mulamba-Mock (1978).

Ordem	Genótipos	VIG	CMT	TF	CER	FER	Rank-Médio	Ganho (%)
1	UFV 335-68	3	17	2	4	4	6,00	100,00
2	UFV 335-12	10	14	7	5	5	8,20	69,01
3	UFV 335-70	8	15	6	11	2	8,40	59,29
4	UFV409-05	1	23	18	1	1	8,80	52,87
5	UFV 409-34	9	5	14	12	6	9,20	47,78
6	UFV 409-30	12	13	4	13	12	10,80	40,08
7	UFV 402-21	21	11	3	7	13	11,00	34,62
8	UFV 409-48	18	7	1	16	14	11,20	30,43
9	UFV 409-42	19	6	11	14	8	11,60	26,76
10	M. Novo UFV2190	5	9	19	2	23	11,60	23,97
11	UFV 402-36	23	10	8	9	9	11,80	21,55
12	M. Novo UFV2164	15	3	16	3	22	11,80	19,60
13	UFV 327-15	6	12	5	23	16	12,40	17,47
14	UFV 335-15	14	2	12	15	19	12,40	15,70
15	UFV 315-83	4	21	17	8	15	13,00	13,78
16	UFV 328-70	11	20	22	10	3	13,20	12,02
17	UFV 339-100	2	22	10	17	17	13,60	10,27
18	UFV 480-12	17	1	23	20	7	13,60	8,76
19	UFV 335-08	7	19	13	21	11	14,20	7,14
20	UFV 341-15	20	18	9	6	21	14,80	5,45
21	UFV 328-04	13	8	21	22	10	14,80	3,96
22	UFV 409-18	22	4	15	18	18	15,40	2,41
23	UFV 480-26	16	16	20	19	20	18,20	0,00

A maioria dos programas de melhoramento visa selecionar genótipos produtivos e resistentes a várias doenças. Porém, a característica produção na análise de deviance

(ANADEV) não apresentou efeito significativo para o efeito família, mas para solucionar essa situação o índice de seleção surge como uma alternativa.

Os valores da Tabela 18 representam a posição (*rank*) que as 23 famílias assumiram para cada característica analisada e os ganhos com a seleção simultânea. Nove famílias foram selecionadas para avanço de geração, por terem sido ranqueadas acima das testemunhas (IAC 464-18 - Mundo Novo UFV2190 e IAC 514-03 - Mundo Novo UFV2164), o que corresponde a intensidade de seleção de aproximadamente 39%. O ganho estimado com a seleção foi de 26,76% em relação a população original. No entanto, observam-se que as famílias selecionadas foram originadas de dois híbridos. As famílias UFV 335-68, UFV 335-12, UFV 335-70, UFV 409-05, UFV 409-34, UFV 409-30, UFV 409-48 e UFV 409-42 resultaram do híbrido CIFIC H315/3 e H315/4 = {Mundo Novo (CIFIC 1535/181) x S.795 (CIFIC 1344/19)} e a família UFV 402-21 do híbrido CIFIC H214/6 = {S.333 (CIFIC 254/14) x S.12 Kaffa (CIFIC 635/3/6)}.

Um dos objetivos do índice de seleção é escolher os materiais superiores, com base em um complexo de caracteres que reúna as qualidades de interesse, resultando em melhores ganhos simultâneos (CRUZ *et al.*, 2004). Dessa forma, para manter a variabilidade genética da população, não há necessidade de levar todas as nove famílias para a próxima geração, pois a maioria veio de um mesmo cruzamento. Portanto, selecionar as famílias de híbridos diferentes como UFV 335-68, UFV 335-12, UFV 409-05 e UFV 402-21, permite explorar a variabilidade desse material genético.

Análise de agrupamento

Foi realizada a análise de agrupamento multivariado pelo método de Tocher, com base na distância genética euclidiana média (Tabela 19).

Tabela 19. Agrupamento baseado nos caracteres avaliados, pelo método de Tocher, com base na distância euclidiana média das progênies de café arábica de porte alto.

Grupos	Genótipos				
	UFV339-100	UFV328-70	UFV315-83	UFV409-42	UFV480-26
	UFV341-15	UFV409-34	UFV335-68	UFV335-08	UFV402-36
	UFV409-30	UFV335-70	UFV402-21	UFV328-04	UFV327-15
1	UFV480-12	UFV335-15	UFV409-18	UFV335-12	UFV409-48
2	M. Novo UFV2190	M. Novo UFV2164			
3	UFV 409-05				

Pela análise de agrupamento, verificou-se a formação de três grupos com base na divergência genética entre as famílias. Essa variabilidade encontrada é confirmada pela V_g . A maioria das famílias (20 famílias) foram alocadas em um único grupo, grupo 1, indicando pouca variabilidade genética entre as famílias. O grupo 2 foi composto pelas cultivares comerciais (as testemunhas) e o grupo 3 por uma família. É importante relatar, que a formação de grupos propicia na escolha de genitores dentro de um programa de melhoramento, pois cruzamentos divergentes amplia a variabilidade genética.

As nove famílias que se destacaram pelos maiores ganhos com a seleção simultânea, conforme a metodologia de Mulamba e Mock (1978), a maioria foram alocados no mesmo grupo 1, com exceção da família UFV 409-05 que se alocou no grupo 3. Esse fato infere que famílias do mesmo grupo são geneticamente próximas. Com base nesses dados, é possível delinear cruzamentos entre famílias pertencentes a grupos distintos.

Seleção assistida por marcadores moleculares

*Seleção assistida em famílias de porte alto para o gene S_{H3} de resistência a *H. vastatrix**

Trinta e oito cafeeiros da população de melhoramento de porte alto (cruzamento cultivares de porte alto e Seleções Indianas) que apresentaram resistência a *H. vastatrix* em nível de campo foram analisados com quatro marcadores moleculares que flanqueiam o gene S_{H3} que confere resistência a esse patógeno. Foram identificados 29 indivíduos (76,3%), pertencente a 14 famílias, portadores do gene S_{H3} (Tabela 20). Foram considerados portadores do gene os indivíduos que apresentaram a marca para os quatro marcadores. Esse resultado era esperado, pois a maioria dos cafeeiros da população em estudo são derivados de cruzamentos com fonte de resistência para o gene S_{H3} . Apesar dos cafeeiros terem sido selecionados como fontes de resistência a ferrugem, a explicação para a ausência do gene em alguns cafeeiros seria a segregação do mesmo na geração anterior.

Tabela 20. Relação das famílias de porte alto portadoras do gene S_{H3} com os marcadores SP-M16- S_{H3} , Sat244, BA-48-21OR e BA-124-12K-f.

Famílias Portadoras do gene S_{H3}			
UFV 315-83 ₍₁₎	UFV 335-12 ₍₄₎	UFV 402-21 ₍₁₎	UFV 409-42 ₍₁₎
UFV 327-15 ₍₃₎	UFV 335-15 ₍₀₎	UFV 409-05 ₍₀₎	UFV 409-48 ₍₃₎
UFV 328-04 ₍₄₎	UFV 335-68 ₍₃₎	UFV 409-18 ₍₀₎	UFV 480-12 ₍₀₎
UFV 328-70 ₍₁₎	UFV 335-70 ₍₁₎	UFV 409-30 ₍₁₎	UFV 480-26 ₍₁₎
UFV 335-08 ₍₀₎	UFV 339-100 ₍₃₎	UFV 409-34 ₍₂₎	-

(₁) refere-se a quantidade de indivíduos/família portadores do gene S_{H3} .

Para evitar que recombinações resultem na perda do gene, foram considerados resistentes portadores do gene S_{H3} apenas os cafeeiros que apresentaram os quatro marcadores moleculares que flanqueiam o gene.

Alguns cafeeiros apresentaram apenas alguns marcadores. O DNA de um indivíduo da família UFV 335-08 e um da família UFV 335-70 não amplificaram para o marcador BA-48-21OR, no entanto, amplificou os outros três marcadores. Esse resultado pode ser explicado pela recombinação ocorrida entre o gene e os marcadores moleculares analisados. Segundo Mahé *et al.* (2008), os marcadores BA-124-12K-f e Sat244 estão a uma distância de 0 cM do gene e os marcadores SP-M16- S_{H3} e BA-48-21OR a 1,8 cM e 0,6 cM do gene, flanqueando-o. Dessa forma, quanto maior a distância entre o marcador e o loco, maior a chance de ocorrer recombinação entre eles. Portanto para os dois cafeeiros que não apresentaram o marcador BA-48-21OR, pode ter ocorrido uma recombinação entre o gene e esse marcador, de forma a perder essa marca, mas mantendo as demais.

Um outro cafeeiro pertencente à família UFV 335-12 apresentou somente a marca SP-M16- S_{H3} (distância de 1,8 cM do gene). Portanto, pode ter havido uma recombinação entre o gene e a marca e esse indivíduo ficou apenas com esse marcador, perdendo as demais marcas e, provavelmente, o gene.

Os marcadores analisados permitiram também verificar se o gene S_{H3} está em homozigose ou em heterozigose. Dos marcadores utilizados, SP-M16- S_{H3} , Sat244 e BA-48-21OR apresentaram padrão de bandas codominantes, enquanto o marcador BA-124-12K-f mostrou-se dominante. O mesmo padrão de bandas para esses marcadores foi observado no trabalho conduzido por Alkimim *et al.* (2017). Dessa forma, com os marcadores codominantes foi possível não só identificar os cafeeiros portadores do gene S_{H3} , mas também se eles são homozigotos ou heterozigotos para o gene.

Analisando o marcador SP-M16-S_{H3} (distância de 1,8 cM do gene), um indivíduo de cada uma das famílias UFV 339-100, UFV 409-34 e UFV 409-48 foram resistentes homozigotos, ao passo que para Sat244 e BA-48-21OR foram resistentes heterozigotos. Esse resultado sugere que houve recombinação em um dos cromossomos homólogos.

Um cafeeiro das famílias UFV 327-15, UFV 328-70, UFV 480-26, bem como quatro da família UFV 328-04 foram resistentes homozigotos para o marcador Sat244 e heterozigoto para SP-M16-S_{H3} e BA-48-21OR. O marcador Sat244 foi reportado por Mahé *et al.* (2008) localizado a 0 cM do gene, no entanto, nesse trabalho foi possível identificar recombinação entre eles. Recombinação entre esse marcador e o gene S_{H3} também foi verificado por Alkimim *et al.* (2017). Esses autores sugerem que essa recombinação pode estar relacionada a quantidade de indivíduos avaliados, além da estimação da distância entre o marcador e o gene ser em uma população diferente da que deu origem ao mapa.

Dessa forma, observou-se 10 cafeeiros resistentes, que apresentaram as quatro marcas, mas recombinantes para um dos marcadores em um dos cromossomos homólogos, sendo três para o marcador SP-M16-S_{H3} e sete para o marcador Sat244. Para evitar erros de seleção, esse cafeeiros devem ser considerados heterozigotos para o gene S_{H3}.

Para avanço de geração no programa de melhoramento, o ideal seria selecionar os genótipos resistentes homozigotos para o gene S_{H3} avaliando os quatro marcadores analisados. Dessa forma, merecem destaque 11 indivíduos pertencentes as famílias UFV 327-15 (1), UFV 335-12 (4), UFV 335-68 (3), UFV 335-70 (1), UFV 339-100 (1) e UFV 409-34 (1). Dessa forma, dos 29 cafeeiros analisados como portadores do gene de resistência S_{H3}, 11 mostraram-se homozigotos e os demais heterozigotos (Tabela 21). Os cafeeiros considerados heterozigotos podem ser utilizados, no entanto, essa heterozigosidade deve ser considerada no avanço de gerações no melhoramento. Portanto, quanto maior a eficiência de um marcador, maior será a contribuição na tomada de decisões pelos programas de melhoramento (SILVA *et al.*, 2007).

Tabela 21. Relação dos indivíduos das famílias (oriundas do cruzamento entre cultivares de porte alto e Seleções Indianas) portadores do gene S_{H3} e seus genótipos em resposta aos quatro marcadores analisados.

Famílias Portadoras do gene S_{H3}					
Famílias	Planta	Gene	Famílias	Planta	Gene
UFV 315-83	1	Heterozigoto	UFV 335-70	1	Homozigoto
	1	Heterozigoto		1	Heterozigoto
UFV 327-15	2	Heterozigoto	UFV 339-100	2	Heterozigoto
	3	Homozigoto		3	Homozigoto
	1	Heterozigoto	UFV 402-21	1	Heterozigoto
UFV 328-04	2	Heterozigoto	UFV 409-30	1	Heterozigoto
	3	Heterozigoto	UFV 409-34	1	Homozigoto
	4	Heterozigoto		2	Heterozigoto
UFV 328-70	1	Heterozigoto	UFV 409-42	1	Heterozigoto
	1	Homozigoto		1	Heterozigoto
UFV 335-12	2	Homozigoto	UFV 409-48	2	Heterozigoto
	3	Homozigoto		3	Heterozigoto
	4	Homozigoto	UFV 480-26	1	Heterozigoto
	1	Homozigoto	-	-	-
UFV 335-68	2	Homozigoto	-	-	-
	3	Homozigoto	-	-	-

*Seleção assistida em famílias de porte alto para QTL de resistência as raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix**

Para verificar a presença de outros genes de resistência a *H. vastatrix* nos cafeeiros resistentes em nível de campo, marcadores associados a QTL foram utilizados. Dos trinta e oito cafeeiros analisados, apenas um indivíduo apresentou a marca de resistência. O cafeeiro pertencente à família UFV 335-08 amplificou apenas para o marcador SSR 016 ligado ao QTL do grupo de ligação 2. Essa baixa frequência de indivíduos portadores das marcas já era esperado, pois o mapa genético desses QTL foi construído a partir de uma população F_2 oriunda do cruzamento de híbrido de timor.

Na análise molecular o marcador SSR 016 apresentou padrão de banda codominante para o QTL ligado ao grupo de ligação 2, corroborando com os encontrados por Almeida, D. P. (2015). Dessa forma, foi possível identificar que o cafeeiro da família UFV 335-08 foi resistente heterozigoto para o marcador SSR 016, ao passo que para os outros marcadores ligado ao QTL do grupo de ligação 5 não houve presença da marca de resistência. Portanto, essa marca encontrada pode ser a responsável pela resistência observada em campo, visto que esse cafeeiro não apresentou a marca do gene S_{H3} .

Seleção assistida em famílias de porte alto para o gene Ck-1 de resistência a C. kahawae

Visando o melhoramento preventivo, os trinta e oito cafeeiros selecionados em nível de campo por apresentarem resistência a *H. vastatrix*, foram analisados com dois marcadores moleculares SSR que flanqueiam o gene *Ck-1* que confere resistência a *C. kahawae*. Foi identificado um indivíduo portador do gene *Ck-1* para os dois marcadores, sendo ele pertencente à família UFV 409-05.

A baixa frequência de indivíduos portadores do gene *Ck-1* já era esperado, pois os indivíduos da população em estudo são derivados de cruzamento entre Seleções Indianas e *C. arabica*. As Seleções Indianas são oriundas da hibridação entre *C. arabica* x *C. liberica* e essa população não possui em sua genealogia materiais genéticos da espécie HDT que carregam o gene *Ck-1*. Uma baixa quantidade de indivíduos contendo o gene *Ck-1* em populações oriundas do cruzamento com Seleções Indianas também foi observado por Alkimim *et al.* (2017).

Os marcadores Sat207 e Sat235 apresentaram padrão de bandas codominantes. O mesmo padrão de bandas para esses marcadores foi observado no trabalho conduzido por Alkimim *et al.* (2017). Portanto, além de identificar os cafeeiros portadores do gene *Ck-1* é possível também verificar se eles estão em homozigose ou heterozigose.

O cafeeiro identificado foi resistente homozigoto com ambos os marcadores. Entretanto, ele não apresenta as marcas de resistência ligada ao gene S_{H3} e aos QTL. Aliando os resultados genotípicos com os fenotípicos, foi possível constatar que das nove melhores famílias selecionadas pelo *rank*-médio, 8 apresentaram em suas progênes indivíduos portadores do gene S_{H3} (UFV 335-68, UFV 335-12, UFV 335-70, UFV 409-34, UFV 409-30, UFV 402-21, UFV 409-48 e UFV 409-42), enquanto que o indivíduo da família UFV 409-05 foi portador do gene *Ck-1*.

Apesar da família UFV 335-08 não ter ficado bem colocada pelo *rank*-médio, ela apresenta progênie portadora da marca associada a resistência as raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix*. Portanto, é uma importante fonte de gene de resistência, podendo ser recomendado para utilização nos programas de melhoramento genético do cafeeiro.

Seleção assistida em famílias de cafeeiros para a resistência a H. vastatrix

Buscou-se avaliar também novas fontes de resistência em diferentes populações, oriunda de cultivares comerciais de *C. arabica* x Seleções Indianas, além de *C. arabica* x HDT. Foi analisada com marcadores moleculares ligados aos diferentes genes que

conferem resistência a *H. vastatrix*. Na análise para os quatro marcadores flanqueando o gene S_{H3} , foram identificados 99 cafeeiros (90,8%), pertencentes a 31 famílias, portadores do gene (Tabela 22).

Tabela 22. Relação das famílias de cafeeiros portadores do gene S_{H3} com os marcadores SP-M16- S_{H3} , Sat244, BA-48-21OR e BA-124-12K-f.

Genótipos portadores do gene S_{H3}			
UFV 311-01 ₍₁₎	UFV 316-63 ₍₂₎	UFV 334-10 ₍₇₎	UFV 337-29 ₍₃₎
UFV 311-49 ₍₅₎	UFV 316-66 ₍₄₎	UFV 334-68 ₍₀₎	UFV 341-14 ₍₄₎
UFV 311-59 ₍₄₎	UFV 316-70 ₍₅₎	UFV 334-139 ₍₄₎	UFV 404-01 ₍₁₎
UFV 311-63 ₍₁₎	UFV 317-02 ₍₅₎	UFV 336-02 ₍₁₎	UFV 409-03 ₍₀₎
UFV 313-133 ₍₆₎	UFV 317-52 ₍₃₎	UFV 336-05 ₍₅₎	UFV 409-47 ₍₂₎
UFV 314-19 ₍₄₎	UFV 317-69 ₍₂₎	UFV 336-28 ₍₄₎	UFV 480-11 ₍₁₎
UFV 314-57 ₍₁₎	UFV 317-77 ₍₂₎	UFV 337-16 ₍₈₎	UFV 480-14 ₍₀₎
UFV 315-08 ₍₁₎	UFV 327-07 ₍₂₎	UFV 337-18 ₍₆₎	H484-2-18-2 ₍₀₎
UFV 316-59 ₍₁₎	UFV 329-63 ₍₁₎	UFV 337-20 ₍₃₎	-

(₁) refere-se a quantidade de indivíduos/família portadores do gene S_{H3} .

Dessas 31 famílias portadoras do gene S_{H3} , 16 são as mesmas encontradas por Alkimim *et al.* (2017) em geração F₁ ou F₂. Assim como observado na população de porte alto, era esperado que a maioria dos indivíduos fossem portadores do gene S_{H3} , pois as Seleções Indianas que deram origem a essa população apresentam o gene S_{H3} de resistência à *H. vastatrix* (BETTENCOURT e RODRIGUES, 1988; PRAKASH *et al.* 2004; RAM 2006; PRAKASH *et al.* 2011).

Para os quatro marcadores analisados foram observados um total de 16 recombinações. Um indivíduo da família UFV 317-02 não apresentou a marca de resistência com o marcador BA-124-12K-f (distância de 0 cM do gene), mas apresentou a marca de resistência para os demais marcadores. Esse resultado consiste provavelmente uma recombinação, de forma a ocorrer perda da marca de um dos marcadores e mantendo as demais. Alkimim *et al.* (2017) pressupõem que isso pode ter ocorrido devido a quantidade de indivíduos avaliados no trabalho que estimaram essa distância, bem como a estimativa ser em outra população.

Um indivíduo da família UFV 334-139 não amplificou para o marcador BA-48-21OR (distância de 0,6 cM do gene) e para os outros marcadores foi resistente heterozigoto. A SAM é mais efetiva quando o marcador for mais próximo do loco de

interesse, reduzindo a chance de ocorrer uma recombinação entre os mesmos (SINGH *et al.*, 2001).

Em razão dos marcadores SP-M16-SH3, Sat244 e BA-48-21OR apresentarem padrão de bandas codominantes, permitiu observar indivíduos homocigotos e heterocigotos. Com essa análise, novos recombinantes foram detectados.

Analisando o marcador SP-M16-SH3 (distância de 1,8 cM do gene), um indivíduo das famílias UFV 314-19, UFV 316-70, UFV 334-10, UFV 336-28 e UFV 337-18 foram resistentes homocigotos e para os outros marcadores foram heterocigotos. Esse mesmo marcador em um indivíduo das famílias UFV 311-59, UFV 317-02, UFV 334-139 e UFV 336-28 mostrou-se resistentes heterocigotos e homocigotos para os demais.

Analisando o marcador BA-48-21OR (distância de 0,6 cM do gene), um indivíduo da família UFV 311-49 foi resistente heterocigoto e para os outros marcadores foi resistente homocigoto. Dois cafeeiros da família UFV 327-07 e um cafeeiro das famílias UFV 329-63 e UFV 341-14 mostraram-se resistentes homocigotos para o marcador Sat244, ao passo que para os demais marcadores foram heterocigotos. Nota-se que essas recombinações ocorreram em um dos cromossomos homólogos.

Dessa forma, observando essas recombinações constatou-se 14 cafeeiros resistentes para as quatro marcas, entretanto foram recombinantes para um dos marcadores, por isso esses cafeeiros devem ser considerados heterocigotos para o gene S_{H3} .

Portanto, para minimizar os erros na seleção assistida deve-se priorizar cafeeiros resistentes homocigotos para os quatro marcadores, pois aumentam a eficiência na incorporação e condução dos genes de resistência nos programas de melhoramento. Sendo assim, merecem destaques os 34 cafeeiros pertencentes às famílias UFV 311-49 (4), UFV 311-59 (3), UFV 313-133 (6), UFV 314-19 (1), UFV 316-70 (1), UFV 317-02 (4), UFV 317-52 (1), UFV 317-69 (1), UFV 334-10 (4), UFV 334-139 (1), UFV 336-05 (1), UFV 337-16 (3), UFV 337-18 (1), UFV 337-29 (1), UFV 404-01 (1) e UFV 480-11 (1). Os 65 cafeeiros restantes foram considerados heterocigotos (Tabela 23), e poderão ser utilizados no melhoramento, no entanto deve-se considerar que o gene S_{H3} de resistência segregará.

Tabela 23. Relação dos indivíduos das famílias portadoras do gene S_{H3} e seus genótipos em resposta aos quatro marcadores analisados.

Genótipos portadores do gene S_{H3}							
Famílias	Planta	Gene	Famílias	Planta	Gene		
UFV 311-01	1	Heterozigoto	UFV 317-02	1	Homozigoto		
	1	Homozigoto		2	Homozigoto		
	2	Homozigoto		3	Homozigoto		
	UFV 311-49	3		Homozigoto	4	Homozigoto	
		4		Homozigoto	5	Heterozigoto	
UFV 311-59	5	Heterozigoto	UFV 317-52	1	Heterozigoto		
	1	Homozigoto		2	Heterozigoto		
	2	Homozigoto		3	Homozigoto		
	UFV 311-63	3		Homozigoto	UFV 317-69	1	Homozigoto
		4		Heterozigoto		2	Heterozigoto
UFV 313-133	1	Heterozigoto	UFV 317-77	1	Heterozigoto		
	1	Homozigoto		2	Heterozigoto		
	2	Homozigoto	UFV 327-07	1	Heterozigoto		
	3	Homozigoto		2	Heterozigoto		
	4	Homozigoto	UFV 329-63	1	Heterozigoto		
	5	Homozigoto		1	Homozigoto		
6	Homozigoto	2		Homozigoto			
UFV 314-19	1	Homozigoto		3	Homozigoto		
	2	Heterozigoto	UFV 334-10	4	Homozigoto		
	3	Heterozigoto		5	Heterozigoto		
	4	Heterozigoto		6	Heterozigoto		
7	Heterozigoto						
UFV 314-57	1	Heterozigoto	UFV 334-139	1	Homozigoto		
UFV 315-08	1	Heterozigoto		2	Heterozigoto		
UFV 316-59	1	Heterozigoto		3	Heterozigoto		
UFV 316-63	1	Heterozigoto		4	Heterozigoto		
	2	Heterozigoto	UFV 336-02	1	Heterozigoto		
UFV 316-66	1	Heterozigoto		1	Heterozigoto		
	2	Heterozigoto	2	Heterozigoto			
	3	Heterozigoto	UFV 336-05	3	Heterozigoto		
	4	Heterozigoto		4	Heterozigoto		
5	Heterozigoto	5		Homozigoto			
UFV 316-70	1	Heterozigoto	-	-	-		
	2	Heterozigoto	-	-	-		
	3	Heterozigoto	-	-	-		
	4	Heterozigoto	-	-	-		
	5	Homozigoto	-	-	-		

(continuação)

UFV 336-28	1	Heterozigoto	UFV 337-20	1	Heterozigoto
	2	Heterozigoto		2	Heterozigoto
	3	Heterozigoto		3	Heterozigoto
	4	Heterozigoto		1	Heterozigoto
UFV 337-16	1	Heterozigoto	UFV 337-29	2	Heterozigoto
	2	Heterozigoto		3	Homozigoto
	3	Heterozigoto		1	Heterozigoto
	4	Heterozigoto	UFV 341-14	2	Heterozigoto
	5	Heterozigoto		3	Heterozigoto
	6	Homozigoto		4	Heterozigoto
	7	Homozigoto		1	Homozigoto
	8	Homozigoto	UFV 409-47	1	Heterozigoto
1	Homozigoto	2		Heterozigoto	
UFV 337-18	2	Heterozigoto	UFV 480-11	1	Homozigoto
	3	Heterozigoto		-	-
	4	Heterozigoto	-	-	
	5	Heterozigoto	-	-	
	6	Heterozigoto	-	-	
				-	-

Para identificar cafeeiros portadores dos QTL associados a resistência das raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix*, foram analisados os marcadores SSR 016 ligado ao QTL do grupo de ligação 2 e CaRHv9 e CaRHv11_CAP ligado ao QTL do grupo de ligação 5. A presença do marcador CaRHv9 permitiu a identificação de cinco indivíduos contendo a marca de resistência ligado ao QTL do grupo de ligação 5, sendo um indivíduo das famílias UFV 317-52, UFV 317-69, UFV 334-68, UFV 341-14 e H484-2-18-2. No entanto, apenas um indivíduo pertencentes às famílias UFV 341-14 e H484-2-18-2 apresentaram a outra marca de resistência do QTL do grupo de ligação 5 quando genotipado com o marcador CaRHv11_CAP.

A recombinação observada nos indivíduos das famílias UFV 317-52, UFV 317-69 e UFV 334-68 para os marcadores CaRHv9 e CaRHv11_CAP, pode estar relacionada a distância entre eles e o QTL. De acordo com Almeida, D. P. (2015) a distância entre os marcadores CaRHv9 e CaRHv11_CAP é de 24,67 cM, flanqueando o QTL. Dessa forma, quanto maior a distância, maior a chance de ocorrer recombinação. Portanto, o que pode ter ocorrido nessa recombinação foi a perda de uma das marcas.

Segundo Almeida, D. P. (2015) os marcadores CaRHv9 e CaRHv11_CAP apresentam padrão de bandas dominantes. Portanto, a marca de resistência encontrada em um dos indivíduos das famílias UFV 341-14 e H484-2-18-2 pode estar em homozigose

ou em heterozigose, dessa forma, há necessidade de avaliar um número maior de progênies para analisar se haverá segregação.

O marcador SSR 016 apresentou padrão de banda codominante, corroborando com o resultados observados por Almeida, D. P. (2015). Dessa forma, é possível analisar se os cafeeiros são homozigotos ou heterozigotos.

Analisando o marcador SSR 016, um indivíduo de cada uma das famílias UFV 337-29, UFV 341-14, UFV 317-77, UFV 334-10, UFV 334-139 e H484-2-17-2 continham a marca de resistência do QTL do grupo de ligação 2 e todos eles foram resistentes heterozigotos. Os indivíduos pertencentes às famílias UFV 341-14 (1) e H484-2-18-2 (1) se destacam por apresentarem as marcas de resistência tanto para o QTL do grupo de ligação 2 quanto do 5.

Um cafeeiro de cada uma das famílias H484-2-18-2 e UFV 334-68 não apresentaram a marca de resistência para o gene *SH3*, entretanto, apresentaram resistência em campo a *H. vastatrix*, portanto, a marca do QTL pode ser responsável por essa resistência.

A obtenção de variedades resistentes é um dos principais objetivos no programa de melhoramento, portanto a identificação dessas famílias poderão auxiliar em futuros trabalhos, pois são importantes estratégias a serem utilizadas na seleção preliminar de melhoramento genético do cafeeiro.

Seleção assistida em famílias de porte baixo para resistência a CBD

Para verificar a presença de outro gene nos cafeeiros selecionados em campo como resistentes a *H. vastatrix*, foram analisados os marcadores Sat207 e Sat235 ligados ao gene *Ck-1* que confere resistência ao agente causal da CBD. Dos 109 cafeeiros analisados foram identificados três indivíduos portadores do gene *Ck-1*, sendo um pertencente à família UFV 341-14 e dois a H484-2-18-2. Foi considerado portador do gene apenas os indivíduos que apresentaram os dois marcadores.

O DNA do indivíduo da família UFV 334-68 não amplificou para o marcador Sat207, mas amplificou para o marcador Sat235. Esse resultado sugere a ocorrência de uma recombinação entre o gene e o marcador. Segundo Gichuru *et al.* (2008), o marcador CBD-Sat235 encontra-se a 0 cM do gene *Ck-1*, enquanto que o marcador CBD-Sat207 está a uma distância de 17,2 cM. Dessa forma, a provável explicação é a ocorrência de uma recombinação entre o gene e o marcador Sat207, de forma a perder essa marca, mas conservando a do marcador Sat235.

Os marcadores utilizados permitiram identificar se o gene *Ck-1* está em homozigose ou em heterozigose. O indivíduo da família UFV 341-14 foi resistente heterozigoto para ambos os marcadores, além de apresentar o gene *Ck-1* é portador do gene S_{H3} em heterozigose e das marcas de resistência as raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix*. Já os dois indivíduos da família H484-2-18-2 foi resistente homozigoto para ambos os marcadores, entretanto eles não apresentaram a marca ligada ao gene S_{H3} , porém um indivíduo é portador das marcas de resistência dos QTL que conferem resistência às raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix*. Dessa forma, esses cafeeiros são importantes estratégias a serem utilizadas em programas de melhoramento genético do cafeeiro, pois apresentam a pirâmide genes pronta para ser utilizado em cruzamentos promissores.

Avaliando o conjunto de marcadores para resistência a *H. vastatrix* e *C. kahawae*, observou-se 6 indivíduos que apresentam a piramidação de genes. Um indivíduo de cada uma das famílias UFV 317-77, UFV 334-10, UFV 334-139 e UFV 337-29 foram portadores do gene S_{H3} e da marca do QTL ligado ao grupo de ligação 2 que conferem resistência as raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix*. Além desses cafeeiros, um indivíduo da família UFV 341-14 apresentou a marca do gene *Ck-1*, sendo também portador do gene S_{H3} e das marcas de resistência do QTL ligados ao grupo de ligação 2 e 5 que conferem resistência às raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix* e um indivíduo da família H484-2-18-2 apresentou a marca do gene *Ck-1* e das marcas de resistência do QTL ligados aos grupos de ligação 2 e 5 que conferem resistência às raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix*.

O processo de piramidação de genes para resistência duradoura não é estratégia nova, entretanto, métodos tradicionais de inoculação de patógenos e avaliação das doenças dificultam a identificação dos diferentes genes presentes em mesmo indivíduo, além da identificação de fontes de resistência em locais onde o patógeno não esteja presente. Dessa forma, os marcadores moleculares ligados a genes de resistência permitem a identificação dos genótipos portadores e que podem ser utilizados em futuros cruzamentos. Na cultura do café, poucos são os trabalhos que utilizam a estratégia de seleção assistida por marcadores (SAM). Prakash *et al.* (2011) trabalharam com a aplicação da SAM e piramidação de genes de resistência à ferrugem em *C. arabica* e Alkimim *et al.* (2017) selecionaram cafeeiros arábica com diferentes genes de resistência à ferrugem e à CBD.

CONCLUSÕES

A população em melhoramento, oriunda do cruzamento entre cultivares de porte alto e fontes de resistência a doenças, foi analisada usando diferentes características morfoagronômicas. Foi observada, base genética estreita entre as famílias, no entanto, foi possível selecionar nove com ganhos de seleção superior a 26%. Com base em marcadores moleculares, oito famílias apresentaram em suas progênes o gene *S_H3* de resistência a *H. vastatrix* e a outra o gene *Ck-1* de resistência a *C. kahawae*. A Seleção Assistida por Marcadores permitiu, ainda, identificar uma família que embora não tenham sido selecionada nas análises morfoagronômicas, apresenta o QTL de resistência às raças I, II e patótipo 001 de *H. vastatrix*. Esse cafeeiro pode ser utilizado como fonte de resistência para novos cruzamentos. As famílias UFV 335-68, UFV 402-01 e UFV 409-05 são promissoras por proporcionarem ganhos elevados com a seleção e serem fontes de resistência ao gene *S_H3* ou *Ck-1*, podendo ser inter cruzados para obtenção cultivares e ampliação da variabilidade. Além disso, buscou-se avaliar novas fontes de resistência em outra população, no qual a SAM permitiu identificar 31 famílias portadoras do gene *S_H3*, duas com o gene *Ck-1*, seis para o QTL ligado ao grupo de ligação 2, e duas para o QTL ligado ao grupo de ligação 5. Esses diferentes genes foram encontrados isolados em alguns cafeeiros e também piramidados em outros, com diferentes combinações. Um indivíduo de cada uma das famílias UFV 341-14 e H484-2-18-2 se destacaram em relação as demais famílias por apresentarem os genes piramidados. Os cafeeiros selecionados por características morfoagronômicas e por marcadores moleculares constituem em importantes fontes para piramidação de genes nos programas de melhoramento genético do cafeeiro, aos quais almejam resistência múltipla e durável.

APÊNDICES

Tabela 23. Relação dos indivíduos das famílias de porte alto genotipados com os marcadores SP-M16-SH3, Sat244, BA-48-21OR e BA-124-12K-f.

Genótipos portadores do gene S _H 3					
Famílias	ID Campo	Gene	Famílias	ID Campo	Gene
UFV 315-83	5 - III - 3 PA	Heterozigoto	UFV 335-70	16 - II - 1 PA	Suscetível
	20 - II - 6 PA	Heterozigoto		16 - III - 3 PA	Homozigoto
UFV 327-15	20 - II - 3 PA	Heterozigoto	UFV 339-100	1 - II - 1 PA	Heterozigoto
	20 - III - 3 PA	Homozigoto		1 - III - 2 PA	Homozigoto
UFV 328-04	18 - I - 3 PA	Heterozigoto		1 - III - 5 PA	Heterozigoto
	18 - II - 4 PA	Heterozigoto	UFV 402-21	17 - I - 5 PA	Heterozigoto
	18 - III - 6 PA	Heterozigoto	UFV409-05	4 - I - 5 PA	Suscetível
	18 - I - 5 PA	Heterozigoto	UFV409-18	23 - II - 1 PA	Suscetível
UFV 328-70	2 - II - 6 PA	Heterozigoto	UFV 409-30	15 - I - 2 PA	Heterozigoto
UFV335-08	13 - III - 1 PA	Suscetível	UFV 409-34	10 - I - 2 PA	Heterozigoto
	24 - I - 1 PA	Homozigoto		10 - III - 6 PA	Homozigoto
	24 - I - 5 PA	Homozigoto	UFV 409-42	6 - II - 2 PA	Heterozigoto
UFV 335-12	24 - III - 2 PA	Suscetível		6 - III - 5 PA	Suscetível
	24 - I - 4 PA	Homozigoto		25 - I - 4 PA	Heterozigoto
	24 - II - 2 PA	Homozigoto	UFV 409-48	25 - III - 5 PA	Heterozigoto
UFV335-15	22 - II - 4 PA	Suscetível		25 - III - 6 PA	Heterozigoto
	12 - III - 2 PA	Homozigoto	UFV480-12	21 - I - 1 PA	Suscetível
UFV 335-68	12 - III - 6 PA	Homozigoto		21 - II - 2 PA	Suscetível
		12 - II - 3 PA	Homozigoto	UFV 480-26	7 - II - 4 PA

ID CAMPO: Identificação do campo; Heterozigoto: Gene dominante em heterozigose;
Homozigoto: Gene dominante em homozigose; Suscetível: Gene recessivo em homozigose.

Tabela 24. Relação dos indivíduos de diferentes populações genotipados com os marcadores SP-M16-SH3, Sat244, BA-48-21OR e BA-124-12K-f.

Genótipos portadores do gene S _H 3					
Famílias	ID Campo	Gene	Famílias	ID Campo	Gene
UFV 311-01	5-III-1PB	Heterozigoto		2-I-1PB	Heterozigoto
	24-I-6PB	Homozigoto	UFV 316-66	2-III-1PB	Heterozigoto
	24-II-5PB	Homozigoto		2-III-2PB	Heterozigoto
UFV 311-49	24-II-6PB	Homozigoto		2-III-3PB	Heterozigoto
	24-III-2PB	Heterozigoto		10-I-2PB	Heterozigoto
	24-III-3PB	Homozigoto		10-I-6PB	Heterozigoto
	17-I-2PB	Homozigoto	UFV 316-70	10-II-5PB	Heterozigoto
UFV 311-59	17-I-3PB	Heterozigoto		10-II-6PB	Heterozigoto
	17-I-4PB	Homozigoto		10-III-4PB	Homozigoto
	17-II-4PB	Homozigoto		15-II-1PB	Homozigoto
UFV 311-63	20-III-5PB	Heterozigoto		15-II-2PB	Heterozigoto
	9-II-1PB	Homozigoto	UFV 317-02	15-II-3PB	Homozigoto
	9-II-2PB	Homozigoto		15-II-5PB	Homozigoto
UFV 313-133	9-II-5PB	Homozigoto		15-III-3PB	Suscetível
	9-III-1PB	Homozigoto		15-III-5PB	Homozigoto
	9-III-2PB	Homozigoto		25-I-1PB	Heterozigoto
	9-III-5PB	Homozigoto	UFV 317-52	25-II-3PB	Heterozigoto
	11-I-2PB	Heterozigoto		25-III-2PB	Homozigoto
UFV 314-19	11-I-6PB	Homozigoto	UFV 317-69	12-III-2PB	Heterozigoto
	11-II-2PB	Heterozigoto		12-III-3PB	Homozigoto
	11-III-2PB	Heterozigoto	UFV 317-77	18-II-3PB	Heterozigoto
UFV 314-57	16-I-3PB	Suscetível		18-II-5PB	Heterozigoto
	16-III-1PB	Heterozigoto	UFV 327-07	B11-I-1PB	Heterozigoto
UFV 315-08	B9-2II-5PB	Heterozigoto		B11-II-6PB	Heterozigoto
UFV 316-59	14-II-3PB	Heterozigoto	UFV 329-63	B3-III-6PB	Heterozigoto
UFV 316-63	8-II-5PB	Heterozigoto	-	-	-
	8-III-2PB	Heterozigoto	-	-	-

ID CAMPO: Identificação do campo; Heterozigoto: Gene dominante em heterozigose; Homozigoto: Gene dominante em homozigose; Suscetível: Gene recessivo em homozigose.

CONTINUAÇÃO

Tabela 25. Relação dos indivíduos de diferentes populações genotipados com os marcadores SP-M16-SH3, Sat244, BA-48-21OR e BA-124-12K-f.

Genótipos portadores do gene S _H 3					
Famílias	ID Campo	Gene	Famílias	ID Campo	Gene
UFV 334-10	21-I-2PB	Homozigoto	UFV 337-18	6-I-1PB	Heterozigoto
	21-I-6PB	Homozigoto		6-I-3PB	Heterozigoto
	21-II-2PB	Heterozigoto		6-I-5PB	Heterozigoto
	21-III-2PB	Heterozigoto		6-I-6PB	Heterozigoto
	21-III-3PB	Homozigoto		6-II-1PB	Homozigoto
	21-III-4PB	Homozigoto		6-II-3PB	Heterozigoto
	21-III-6PB	Heterozigoto			
UFV 334-68	28-I-2PB	Suscetível	UFV 337-20	23-I-5PB	Heterozigoto
UFV 334-139	26-I-4PB	Homozigoto		23-III-3PB	Heterozigoto
	26-I-5PB	Heterozigoto		23-III-6PB	Heterozigoto
	26-II-6PB	Heterozigoto	UFV 337-29	1-I-6PB	Heterozigoto
	26-III-2PB	Heterozigoto		1-II-2PB	Heterozigoto
	26-III-6PB	Suscetível		1-II-6PB	Homozigoto
UFV 336-02	27-III-1PB	Heterozigoto	UFV 341-14	B2-III-1PB	Heterozigoto
UFV 336-05	19-I-3PB	Heterozigoto		B2-III-2PB	Heterozigoto
	19-II-1PB	Heterozigoto		B2-III-5PB	Heterozigoto
	19-II-2PB	Heterozigoto	B2-III-6PB	Heterozigoto	
	19-II-4PB	Heterozigoto	UFV 404-1	B1-III-6PB	Homozigoto
	19-III-3PB	Homozigoto	UFV 409-03	B12-III-5PB	Suscetível
UFV 336-28	7-I-2PB	Heterozigoto	UFV 409-47	B4-III-1PB	Suscetível
	7-II-3PB	Heterozigoto		B4-III-3PB	Heterozigoto
	7-III-4PB	Heterozigoto		B4-III-4PB	Suscetível
	7-III-5PB	Heterozigoto		B4-III-5PB	Heterozigoto
UFV 337-16	30-I-1PB	Heterozigoto	UFV 480-11	B10-I-1PB	Homozigoto
	30-I-4PB	Homozigoto	UFV 480-14	B5-III-2PB	Suscetível
	30-II-2PB	Homozigoto		9-II-4PA	Suscetível
	30-II-3PB	Heterozigoto	H484-2-18-2	9-III-5PA	Suscetível
	30-II-4PB	Homozigoto	-	-	-
	30-II-5PB	Heterozigoto	-	-	-
	30-III-1PB	Heterozigoto	-	-	-
	30-III-6PB	Heterozigoto	-	-	-

ID CAMPO: Identificação do campo; Heterozigoto: Gene dominante em heterozigose; Homozigoto: Gene dominante em homozigose; Suscetível: Gene recessivo em homozigose.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALKIMIM, E. R.; CAIXETA, E. T.; SOUSA, T. V.; PEREIRA, A. A.; OLIVEIRA, A. C. B.; ZAMBOLIM, L.; SAKIYAMA, N. S. Marker-assisted selection provides arabica coffee with genes from other *Coffea* species targeting on multiple resistance to rust and coffee berry disease. **Molecular Breeding**, v. 37, n. 6, p. 1-10, 2017.
- ALMEIDA, D. P. **Desenvolvimento e utilização de marcadores moleculares para seleção de cafeeiros resistentes à ferrugem**. 2015. 42 p. Dissertação (mestrado em genética e melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 2015.
- AVELINO, J. *et al.* The coffee rust crises in Colombia and Central America (2008–2013): impacts, plausible causes and proposed solutions. **Food Security**, v. 7, p. 303–321, 2015. doi: 10.1007/s12571-015-0446-9.
- BETTENCOURT, A. J.; RODRIGUES Jr., C.J. Principles and practice of coffee breeding for resistance to rust and other disease. In: Clarke RJ, Macrae R (Eds) *Coffee. Agronomy*, v. 4. **Elsevier Applied Science**, p. 199–234, 1988.
- BERTRAND. B.; GUYOT. B.; ANTHONY. F.; LASHERMES, P. Impact of the *Coffea canephora* gene introgression on beverage quality of *C. arabica*. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 107, p. 387-394, 2003. doi: 10.1007/s00122-003-1203-6.
- BRITO, G. G. de.; CAIXETA, E. T.; GALLINA, A. P.; MACIEL-ZAMBOLIM, E.; ZAMBOLIM, L.; DIOLA, V.; LOUREIRO, M. E. Inheritance of coffee leaf rust resistance and identification of AFLP markers linked to the resistance gene. **Euphytica**, v.173, p. 255-264, 2010.
- CABRAL, P.G.C.; MACIEL-ZAMBOLIM, E.; ZAMBOLIM, L.; LELIS, T. de P.; CAPUCHO, A.S.; CAIXETA, E.T. Identification of a new race of *Hemileia vastatrix* in Brazil. **Australasian plant disease notes**, v. 4, p. 129-130, 2009.
- CAPUCHO, A.S.; ZAMBOLIM, E.M.; FREITAS, R.L.; HADDAD, F.; CAIXETA, E.T.; ZAMBOLIM, L. Identification of race XXXIII of *Hemileia vastatrix* on *Coffea arabica* Catimor derivatives in Brazil. **Australasian Plant Disease Notes**, v. 7, p. 189-191, 2012. doi: 10.1007/s13314-012-0081-7.
- CARVALHO, A.M.; 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**, v.45, p.269-275, 2010.
- COMBES, M.C.; ANDRZEJEWSKI, S.; ANTHONY, F.; *et al.* Characterization of microsatellite loci in *Coffea arabica* and related coffee species. **Molecular Ecology**, v. 9, p. 1178–1180, 2000.
- COSTA, M. J. N.; ZAMBOLIM, L.; CAIXETA, E. T.; PEREIRA, A. A. Resistência de progênies de café Catimor à ferrugem. **Fitopatologia Brasileira**, v. 32, p. 121-130, 2007.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. v.1, 480p.

DINIZ, L.E.C.; SAKIYAMA, N.S.; LASHERMES, P.; CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B.; MACIEL-ZAMBOLIM, E.; LOUREIRO, M.E.; PEREIRA, A.A.; ZAMBOLIM, L. Analysis of AFLP markers associated to the Mex-1 resistance locus in Icatu progenies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.387-393, 2005.

DIOLA, V.; BRITO, G. G.; CAIXETA, E. T.; MACIEL-ZAMBOLIM, E.; SAKIYAMA, N. S.; LOUREIRO, M. E. High-density genetic mapping for coffee leaf rust resistance. **Tree Genetics & Genomes**, 2011.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburgh : Longman Group Limited, 1996. 464p.

FARIAS NETO, J. T.; CLEMENT, C. R.; RESENDE, M. D. V. Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção para produção de frutos em progênies de polinização aberta de pupunheira no Estado do Pará, Brasil. **Bragantia**, v. 72, n. 2, p. 122-126, 2013.

FIGUEIREDO, A.; LOUREIRO, A.; BATISTA, D.; *et al.* Validation of reference genes for normalization of qPCR gene expression data from *Coffea* spp. hypocotyls inoculated with *Colletotrichum kahawae*. **BMC Research Notes**, 6:388, 2013.

FREITAS, Z. M. T. S.; OLIVEIRA, F. J.; CARVALHO, S. P.; SANTOS, V. F.; SANTOS, J. P. Avaliação de caracteres quantitativos relacionados com o crescimento vegetativo entre cultivares de café arábica de porte baixo. **Bragantia**, v.66, p.267-275, 2007.

GARTNER, G. A. L.; MCCOUCH, S. R.; MONCADA, M. D. P. A genetic map of an interspecific diploid pseudo testcross population of coffee. **Euphytica**, v. 192, p. 305-323, 2013.

GICHURU E. K.; AGWANDA, C. O.; COMBES, M. C.; MUTITU, E. W.; NGUGI, E. C. K.; BERTRAND, B.; LASHERMES, P. Identification of molecular markers linked to a gene conferring resistance to coffee berry disease *Colletotrichum kahawae* in *Coffea arabica*. **Tropical Plant Pathology**, v. 57, p. 1117-1124, 2008.

GUERREIRO FILHO, O.; SILVAROLLA, M. B.; CARVALHO, C. H. S.; FAZUOLI, L. Características utilizadas para a identificação de cultivares de café. In: C. H. S. CARVALHO (Ed.); **Cultivares de café: origem, características e recomendações**. p.141–155, 2008. Brasília: Embrapa Café.

GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. Piracicaba: ESALQ, 2000. 478 p.

KAUSHIK, A.; KASWAN, V.; SHARMA, S.; KUMAR, R. Gene pyramiding: a novel approach for disease resistance. **Annals of Biology**, v. 32, p. 13-16, 2016.

- MAHÉ, L.; COMBES, M. C.; VÁRZEA, V. M. P.; GUILHAUMON, C.; LASHERMES, P. Development of sequence characterized DNA markers linked to leaf rust (*Hemileia vastatrix*) resistance in coffee (*Coffea arabica* L.). **Molecular Breeding**, v. 21, n. 1, p. 105-113, 2008.
- MAIA, T. *et al.* The *Hemileia vastatrix* effector HvEC-016 suppresses bacterial blight symptoms in coffee genotypes with the SH1 rust resistance gene. **New Phytologist**, 2016. doi: 10.1111/nph.14334.
- MANDOULAKANI, B. A.; YANIV, E.; KALENDAR, R.; RAATS, D.; BARIANA, H. S.; BIHAMTA, M. R.; SCHULMAN, A. H. Development of IRAP-and REMAP-derived SCAR markers for marker-assisted selection of the stripe rust resistance gene Yr15 derived from wild emmer wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 128, n.2, p.211-219, 2015.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**, v.7, p.40-51, 1978.
- MOTTA, L. B, SOARES, T. C. B, FERRAO, M. A. G.; CAIXETA, E. T.; LORENZONI, R. M.; SOUZA NETO, J. D. (2014) Molecular characterization of arabica and conilon coffee plants genotypes by SSR and ISSR markers. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 57, n. 5, p. 728–735, 2014.
- PEREIRA e OLIVEIRA. Cultivares. In: SAKIYAMA, N. S.; MARTINEZ, H. E. P.; TOMAZ, M. A.; BOREM, A. **Café arábica: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015. 316 p.
- PESTANA, K. N., CAPUCHO, A. S., CAIXETA, E. T. *et al.* Inheritance study and linkage mapping of resistance loci to *Hemileia vastatrix* in Híbrido de Timor UFV 443-03. **Tree Genet Genomes**, v.11, p. 72, 2015. doi:10.1007/s11295-015-0903-9.
- PRAKASH, N. S.; MARQUES, D.V.; VARZEA, V. M. P.; SILVA, M. C.; COMBES, M. C.; LASHERMES, P. Introgression molecular analysis of a leaf rust resistance gene from *Coffea liberica* into *C. arabica* L. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 109, n. 6, p. 1311-1317, 2004.
- PRAKASH, N. S. *et al.* Marker assisted selection and breeding for leaf rust resistance in coffee (*Coffea arabica* L.) - some recent leads. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding (The)**, v. 71, n. 2, p. 185-189, 2011.
- RAM, A. S. Popular Indian coffee selections. **Journal Indian Coffee**, v. 70, n. 10, p. 12-18, 2006.
- RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons; 1952. 390p.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007. 561 p.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.
- RESENDE, M.D.V.; FURLANI-JUNIOR, E.; MORAES, M.L.T.; FAZUOLI, L.C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.
- ROMERO, G.; VÁSQUEZ, L. M.; LASHERMES, P.; HERRERA, J. C. Identification of a major QTL for adult plant resistance to coffee leaf rust (*Hemileia vastatrix*) in the natural Timor hybrid (*Coffea arabica* x *C. canephora*). **Plant Breeding**, v. 133, p. 121-129, 2014.
- SAKIYAMA, N. S. O café arábica. In: SAKIYAMA, N. S.; MARTINEZ, H. E. P.; TOMAZ, M. A.; BORÉM, A. **Café arábica: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015. 316 p.
- SAKTHIVEL, K. *et al.* The host background of rice influences the resistance expression of a three genes pyramid (*xa5* + *xa13* + *Xa21*) to bacterial blight (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*) pathotypes of Indian mainland and Bay islands. **Plant Breeding**, v. 136, p. 357-364, 2017. doi: 10.1111/pbr.12472
- SERA, T. Coffee genetic breeding at IAPAR. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.1, p.179-190, 2001. < <http://dx.doi.org/10.13082/1984-7033.v01n02a08> >
- SEVERINO, L. S.; SAKIYAMA, N. S.; PEREIRA, A. A.; MIRANDA, G. V.; ZAMBOLIM, L.; BARROS, U. V. Eficiência dos descritores de cafeeiros (*Coffea arabica* L.) na discriminação de linhagens de “Catimor”. **Acta Scientiarum**, v. 24, n. 5, p. 1487-1492, 2002.
- SILVA, M. F. D.; SCHUSTER, I.; SILVA, J. F. V. D.; FERREIRA, A.; BARROS, E. G. D.; MOREIRA, M. A. Validation of microsatellite markers for assisted selection of soybean resistance to cyst nematode races 3 and 14. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 8, p. 1143-1150, 2007.
- SILVAROLLA, M. B.; FILHO, O. G.; LIMA, M. M. A.; FAZUOLI, L. C. Avaliação de progênies derivadas do híbrido de timor com resistência ao agente da ferrugem. **Bragantia**, v. 56, n. 1, 1997.
- SINGH, S.; SIDHU, J. S.; HUANG, N.; VIKAL, Y.; LI, Z.; BRAR, D. S.; DHALIWAL, H. S.; KHUSH, G. S. Pyramiding three bacterial blight resistance genes (*xa5*, *xa13* and *xa21*) using marker assisted selection into indica rice cultivar PR106. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 102, n. 6, p. 1011-1015, 2001.

SOUSA, T. V.; CAIXETA, E. T.; ALKIMIM, E. R.; OLIVEIRA, A. C. B.; PEREIRA, A. A.; ZAMBOLIM, L.; SAKIYAMA, N. S. Molecular markers useful to discriminate *Coffea arabica* cultivars with high genetic similarity. **Euphytica**, v. 213, p. 75, 2017.

TALHINHAS, P. *et al.* The coffee leaf rust pathogen *Hemileia vastatrix*: one and a half centuries around the tropics. **Molecular Plant Pathology**, 2017.
doi:10.1111/mpp.12512.

TEIXEIRA, A. L. *et al.* Seleção precoce para produção de grãos em café arábica pela avaliação de caracteres morfológicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n.8, p. 1110 – 1117, 2012.

VAN DER VOSSEN, H.; BERTRAND, B.; CHARRIER, A. Next generation variety development for sustainable production of arabica coffee (*Coffea arabica* L.): a review. **Euphytica**, v. 204, p. 243-256, 2015

VAN DER VOSSEN, H. A. M.; WALYARO, D. J. Breeding for resistance to coffee berry disease in *Coffea arabica* L. II. Inheritance of the resistance. **Euphytica**, v. 29, p. 777–791, 1980.

VÁRZEA, V. M. P., RODRIGUES, JR. C. J., SILVA, M. C., GOUVEIA, M., MARQUES, D. V., GUERRA-GUIMARÃES, L., RIBEIRO, A. Resistência do cafeeiro a *Hemileia vastatrix*. In: **O estado da arte da tecnologia na produção de café**. ZAMBOLIM, L., (Ed.). Universidade Federal de Viçosa, Brasil, 270-320. 2002.

ZAMBOLIM, L. Current Status and Management of Coffee Leaf Rust in Brazil. **Tropical Plant Pathology**, v. 41, n. 1, p.1–8, 2016.