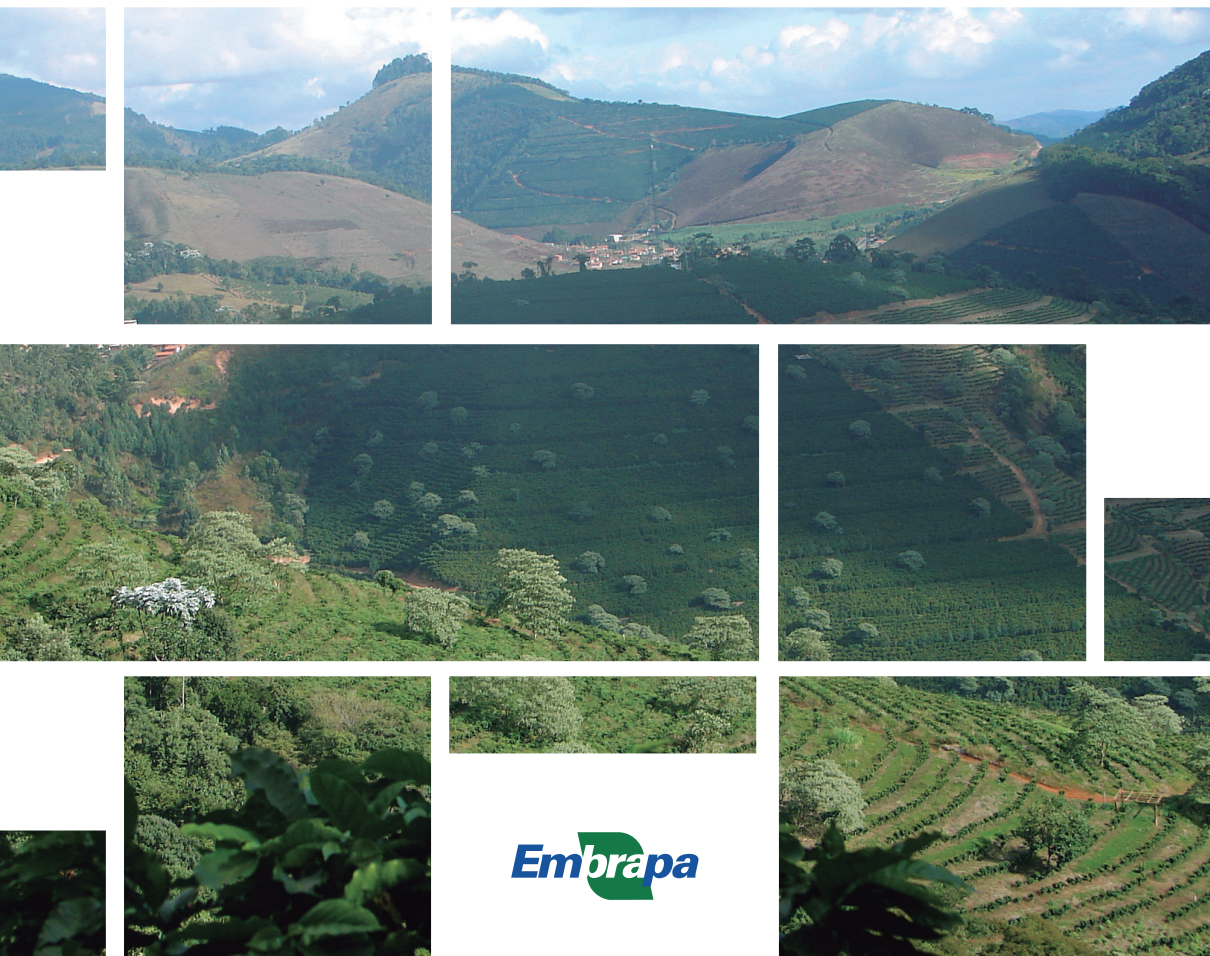


Otimização da experimentação no melhoramento do cafeeiro



Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Café
Ministério da Agricultura e Pecuária

DOCUMENTOS 18

Otimização da experimentação no melhoramento do cafeeiro

Marcos Deon Vilela de Resende
Rodrigo Silva Alves
Antonio Carlos Baião de Oliveira
Eveline Teixeira Caixeta
Antonio Alves Pereira
Bruna Lopes Mariz

Embrapa Café
Brasília, DF
2023

Embrapa Café
Parque Estação Biológica (PqEB)
Av. W3 Norte (final), Ed. Sede
CEP: 70770-901, Brasília, DF
Fone: +55 (61) 3448-4378 / 4010
Fax: +55 (61) 3448-1797
www.embrapa.br
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações da Embrapa Café

Presidente
Lucas Tadeu Ferreira

Vice-presidente
Jamilsen de Freitas Santos

Secretária-executiva
Adriana Maria Silva Macedo

Membros
Anísio José Diniz, Carlos Henrique Siqueira de Carvalho, Helena Maria Ramos Alves, Lucilene Maria de Andrade, Mauricio Sergio Zacarias, Milene Alves de Figueiredo Carvalho, Omar Cruz Rocha, Rogério Novais Teixeira, Roseane Pereira Villela.

Revisão de texto
Jane Baptistone de Araújo

Normalização bibliográfica
Rejane Maria de Oliveira Cechinel Darós

Tratamento das ilustrações
Thiago Farah Cavaton

Projeto gráfico da coleção
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Editoração eletrônica
Thiago Farah Cavaton

Foto da capa
Antonio Carlos Baião de Oliveira

1ª edição
Publicação digital (2023): PDF

Todos os direitos reservados

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa, Superintendência de Serviços Compartilhados

Otimização da experimentação no melhoramento do cafeeiro / Marcos Deon Vilela de Resende ... [et al.]. – Brasília, DF : Embrapa Café, 2023.

PDF (69 p.). – (Documentos / Embrapa Café, e-ISSN 2965-9159 ; 18)

1. Genética vegetal. 2. Seleção genética. 3. Melhoramento genético vegetal. 4. *Coffea arabica*. 5. *Coffea canephora*. I. Alves, Rodrigo Silva. II. Oliveira, Antonio Carlos Baião de. III. Caixeta, Eveline Teixeira. IV. Pereira, Antonio Alves. V. Mariz, Bruna Lopes. VI. Série. VII. Embrapa Café.

CDD 633.73

Autores

Marcos Deon Vilela de Resende

Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética, pesquisador da Embrapa Café, Brasília, DF

Rodrigo Silva Alves

Engenheiro florestal, doutor em Genética e Melhoramento, pós-doutorando no Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia do Café, Lavras, MG

Antonio Carlos Baião de Oliveira

Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento, pesquisador da Embrapa Café, Brasília, DF

Eveline Teixeira Caixeta

Engenheira-agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento, pesquisadora da Embrapa Café, Brasília, DF

Antonio Alves Pereira

Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia, pesquisador da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (Epamig), Viçosa, MG

Bruna Lopes Mariz

Engenheira-agrônoma, doutoranda em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG

Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (Fapemig), ao Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia do Café (INCT Café) e à Embrapa Café pelo apoio financeiro.

Apresentação

A experimentação agrícola é fundamental na pesquisa científica e tecnológica, contribuindo, principalmente, para a correta determinação do tamanho amostral para a realização de experiências fidedignas e para o desenvolvimento de produtos tecnológicos superiores. Até recentemente, no contexto da estatística experimental e da genética quantitativa, encontrar um número adequado de repetições, baseava-se principalmente na minimização da variância residual. Isto não é eficiente dada a baixa capacidade do coeficiente de variação experimental em informar sobre a acurácia da avaliação dos tratamentos para fins de seleção genética. A acurácia é o parâmetro central e fundamental em melhoramento genético e toda inferência científica deve basear-se nela.

Com base no conceito da acurácia seletiva, esforços para determinar de uma forma mais adequada os tamanhos amostrais estão sendo feitos, recentemente, para maximizar a acurácia seletiva e otimizar a definição dos números de plantas por parcela, de repetições, de locais e de medidas repetidas ou colheitas por planta. Essa abordagem foi estendida para ensaios multiambientais, incluindo a derivação de novos estimadores de acurácia. Aqui a Genética Quantitativa congrega com a Estatística Experimental, facilitando o trabalho do melhorista em ambas as áreas.

Essa metodologia inovadora para a otimização da experimentação foi aplicada ao melhoramento genético do cafeeiro. Foi utilizada simulação determinística (avaliação numérica) com base em fórmulas da acurácia, derivadas para a determinação simultânea dos números de colheitas por planta, número de repetições, tamanho de parcela e número de locais para experimentação.

Os resultados referentes aos diferentes cenários (coeficientes de herdabilidade, repetibilidade e correlação genótipos x ambientes) foram apresentados para cada característica, com resultados práticos para *Coffea arabica* e *Coffea canephora*. Quanto ao tamanho de parcela, verificou-se que o uso de parcelas maiores que uma planta tende a ser desvantajoso. Muitos trabalhos recomendam avaliar a produção de café em parcelas de 7 a 20 plantas. Esses números não apresentam suporte quando comparados aos nossos resultados, pois vão na direção oposta.

Antonio Fernando Guerra
Chefe-Geral da Embrapa Café

Sumário

Introdução.....	8
Importância do dimensionamento da experimentação.....	10
Princípios básicos da experimentação e delineamentos experimentais	13
Número de plantas por parcela	15
Número de colheitas por planta.....	25
Número de repetições por tratamento genético (linhagens, progênies, clones).....	27
Número n de repetições por tratamento genético com o uso da média de m colheitas.....	35
Número de locais de experimentação em função da correlação genótipos x ambientes.....	37
Número l de locais por tratamento com o uso da média de m colheitas em cada planta.....	41
Coletânea de estimativas de herdabilidades para <i>Coffea canephora</i>	42
Coletâneas de estimativas de herdabilidade para <i>Coffea arabica</i>	43
Derivação dos estimadores da acurácia	45
Acurácia e relação com outras medidas de qualidade em estatística experimental.....	45
Prova da relação entre acurácia e teste F	46

Tamanhos amostrais para detecção de significâncias dos efeitos de tratamentos	48
Estimador geral para a acurácia	50
Equações para a confiabilidade e n para ensaio em ambiente único	50
Equações para a confiabilidade e n para ensaios multiambientes	51
Número de locais em ensaios multiambientes via médias de variedade por local	52
Número de locais (l) em ensaios multiambientes	52
Relações entre acurácia e teste F em experimentos únicos.....	53
Relações entre acurácia e teste F em experimentos multiambientes.....	54
Espécies perenes com medidas repetidas: acurácia, número de repetições e teste F	56
Tamanho amostral para seleção genômica.....	57
Conclusões.....	64
Referências	65

Introdução

A acurácia estimada é útil para inferir sobre a qualidade das predições dos valores genotípicos e dos experimentos, comparar métodos de seleção, computar o ganho genético com a seleção e dimensionar os experimentos. Assim constitui a peça fundamental do presente documento. Em um único experimento, os valores de acurácia são obtidos considerando a herdabilidade da característica e o número de replicações (n). Resende e Duarte (2007) abordaram essa questão. Em ensaios multiambientes, a acurácia é estimada considerando a herdabilidade da característica, a correlação genotípica através dos ambientes (r_{ge}), o número de replicações (n) e o número de locais (l) de experimentação.

De maneira reversa, uma acurácia esperada é usada para dimensionar os experimentos e pode ser inferida pela escolha dos números de replicações (n) e de locais (l) de experimentação (tamanho da amostra total de um genótipo). Nesse caso, um tamanho de amostra otimizado pode ser obtido a partir da acurácia esperada, da herdabilidade e da correlação genotípica através dos ambientes. Nesse contexto, este trabalho teve como objetivos derivar equações para a acurácia estimada em múltiplos ambientes, estendendo o trabalho de Resende e Duarte (2007), para um modelo com efeitos da interação genótipos x ambientes (G x E), utilizando parâmetros genéticos e a estatística F de Snedecor. A extensão contempla também medidas repetidas em plantas perenes. Essas equações são empregadas para definição do tamanho ótimo da amostra em experimentos únicos e em múltiplos ambientes.

Os resultados referentes aos números de repetições (n), de locais (l) e de medidas repetidas (m) ou colheitas são dados para os coeficientes de herdabilidade, repetibilidade e correlação G x E de cada característica. Resultados práticos para *Coffea arabica* e *Coffea canephora* são apresentados com o objetivo de contornar a escassez de informações a respeito da experimentação com essas espécies. Até o momento, aparentemente não há nenhum trabalho que trate de uma determinação sólida dos números de plantas por parcela (k), de replicações (n), de locais (l) e de medidas (m) no melhoramento genético dessas espécies.

Quanto ao tamanho de parcela, verificou-se que o uso de parcelas maiores que uma planta tende a ser desvantajoso. Pode ser aceitável apenas na situação de c^2 (coeficiente de determinação dos efeitos de parcela) próximo de zero e com os tamanhos de parcela menores ou iguais a cinco. Nesse caso, com c^2 igual a 0,05 a acurácia reduz de 0,90 para 0,88 quando passa de $k = 1$ para $k = 5$. Os valores recomendados no presente documento, com base no método da máxima curvatura (Smith, 1938; Bonnot, 1995), fixando-se a área total do experimento, e com base na metodologia da acurácia desejada considerando a variação entre parcelas (c^2) dentro de bloco e a herdabilidade individual (h^2) da característica, forneceram como resultado ideal o uso de 1 a 6 plantas por parcela, quando os valores de c^2 forem baixos, da ordem de 5%. Caso contrário, recomenda-se uma planta por parcela. Muitos trabalhos recomendam avaliar a produção de café em parcelas de 7 a 20 plantas. Esses números não apresentam suporte quando comparados aos nossos resultados, pois vão na direção oposta.

Em *C. canephora*, para a obtenção de uma confiabilidade $r_{ff}^2 = 0,81$ foram determinados valores de número de colheitas por planta para as características produção, altura, diâmetro e incidência de ferrugem ($m = 3; 5; 5$ e 13), respectivamente, quando foram consideradas as seguintes estimativas de repetibilidade: $\rho = 0,60; 0,46; 0,47$ e $0,25$ (Ferrão et al., 2019). O número m de colheitas por planta necessário para atingir determinada acurácia (geralmente 0,90) é dado por
$$m = \frac{r_{ff}^2}{(1 - r_{ff}^2)} \frac{(1 - \rho)}{\rho}.$$

Para se ter uma boa ideia da produtividade de uma planta de cafeeiro, é necessário colhê-lo separadamente por pelo menos 4 anos sucessivos. O período dessa duração é necessário devido à tendência de produção bienal dos cafeeiros. A necessidade de no mínimo 4 anos pode ser inferida a partir do fato de que o coeficiente de correlação (r) entre o rendimento médio ao longo de m anos e a média plurianual não aumenta mais quando $m > 4$; nesse caso, r aproxima-se de 0,87 (Ferwerda, 1969).

Para a determinação do número de repetições em experimentos em um só local, empregou-se a expressão
$$n = \frac{r_{gg}^2 (1 - h^2)}{h^2 (1 - r_{gg}^2)} = \frac{r_{gg}^2}{(1 - r_{gg}^2)} \frac{(1 - h^2)}{h^2},$$
 em função da herdabilidade individual (h^2) da característica e da acu-

rácia ($r_{\hat{g}g}$) desejada. Para características com h^2 igual a 0,20, para atingir acurácia ($r_{\hat{g}g}$) igual a 0,90 requer-se n igual a 17 repetições com parcelas de uma só planta. Essa recomendação é válida para as características produção de grãos, diâmetro do caule, altura da planta, diâmetro da copa e resistência à ferrugem, as quais, segundo a literatura, têm apresentado estimativas de herdabilidade individual em torno de 0,20. Para características com herdabilidades altas, por exemplo 0,50, o número recomendado de repetições é 4 para atingir 90% de acurácia. No cafeeiro, herdabilidades dessa magnitude podem ser verificadas para variáveis de qualidade da bebida do café. Para o caso em que se avaliam progênies ou cultivares muito aparentadas, pequena variabilidade pode ser expressa e, portanto, a h^2 pode ser mais baixa. Por exemplo, em café arábica, herdabilidades mais baixas, da ordem de 10%, têm sido relatadas (Pereira et al., 2013a, 2013b). Nesse caso, recomenda-se o uso de 17 repetições com parcelas de uma só planta.

A determinação do número de repetições em experimentos multiambientes é

dada pela expressão
$$n = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (r_{ge} - h_g^2)}{(1 - r_{\hat{g}g}^2) l h_g^2 r_{ge} - r_{\hat{g}g}^2 h_g^2 (1 - r_{ge})}$$
 (Resende et al.,

2014; Resende, 2015; Resende; Alves, 2022), que é função das herdabilidades individuais (h^2), correlações genéticas através dos ambientes (r_{ge}), acurácias ($r_{\hat{g}g}$) e número de locais (l).

Para características com h^2 igual a 0,20, correlação genética através dos locais de 0,80, l igual a 3 e para atingir acurácia igual a 0,90, são requeridos n iguais a 8,3 por local. Assim, no total de locais são requeridos $8,3 * 3 = 24,9$ repetições de cada material genético em toda rede experimental. Essa recomendação é válida para as características produção de grãos, diâmetro do caule, altura da planta, diâmetro da copa e resistência à ferrugem, as quais, segundo a literatura, têm apresentado estimativas de herdabilidade individual em torno de 0,20.

Importância do dimensionamento da experimentação

Os parâmetros e conceitos mais importantes em genética quantitativa e melhoramento de plantas são os seguintes: ganho genético com a seleção (G_s), acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$), herdabilidade (h^2), variância genética (σ_g^2) e valor

genético (g) do indivíduo, clone, linhagem, híbrido, progênie, família, variedade. O ganho genético com a seleção $G_s = k r_{\hat{g}g} \sigma_g$ mede os avanços genéticos obtidos com o melhoramento. A acurácia seletiva e a herdabilidade (per si um componente da própria acurácia) permitem medir G_s de maneira preditiva. O valor genético predito (g) e a acurácia estimada são essenciais em catálogos de avaliação genética sobre os quais são realizadas as tomadas de decisões de seleções. Nos dias atuais, o valor genético é um termo genérico que pode ser assim definido: valor genético aditivo (associado a indivíduo e genitor, a ser propagado por via sexuada) e valor genotípico (associado a clone, linhagem, híbrido, progênie, família, variedade, a serem propagados identicamente). A acurácia também é útil para comparar métodos de seleção alternativos e será a peça fundamental do presente documento. A acurácia estimada é útil para inferir sobre a qualidade das predições dos valores genotípicos e dos experimentos, comparar métodos de seleção e computar o ganho genético com a seleção. Em um único experimento, os valores de acurácia são obtidos considerando a herdabilidade da característica e o número de replicações (n). Resende e Duarte (2007) abordaram essa questão. Em ensaios multiambientes, a acurácia é estimada considerando a herdabilidade da característica, a correlação genotípica através dos ambientes (r_{ge}), o número de replicações (n) e o número de locais (l).

De maneira reversa, uma acurácia esperada pode ser obtida pela escolha dos números de repetições (n) e de locais (l) de experimentação (tamanho da amostra total de um genótipo). Nesse caso, um tamanho de amostra otimizado pode ser obtido a partir da acurácia esperada, herdabilidade e correlação genotípica através dos ambientes. Nesse contexto, este trabalho teve como objetivo derivar equações para a acurácia estimada em múltiplos ambientes, estendendo o trabalho de Resende e Duarte (2007) para um modelo com efeitos da interação G x E, utilizando parâmetros genéticos e a estatística F de Snedecor. A extensão contempla também medidas repetidas em plantas perenes. Essas equações serão empregadas para definição do tamanho ótimo da amostra em experimentos únicos e em múltiplos ambientes.

Até recentemente, no contexto da estatística experimental e da genética quantitativa, encontrar um número adequado de repetições baseava-se principalmente na minimização ou redução da variância residual. Isso não é efi-

ciente dada a baixa capacidade do coeficiente de variação experimental (CV_e) em informar sobre a acurácia seletiva, conforme demonstrado por Resende e Duarte (2007). Outra abordagem é minimizar a variação fenotípica das médias dos tratamentos. Isso também não é totalmente adequado, pois uma fração da variância fenotípica é de natureza genética. Outra abordagem assume efeitos de variedades como fixos e baseia-se na maximização da probabilidade de serem detectadas diferenças significativas entre os tratamentos.

Esforços para determinar os números adequados de repetições (n) e de locais (l) de uma forma mais adequada estão sendo feitos recentemente (Xu et al., 2016; Baxevanos et al., 2017a, 2017b; George; Lundy, 2019; Zhang et al., 2020; Woyann et al., 2020). Duas contribuições importantes foram fornecidas por Yan et al. (2015) e Yan (2021), as quais, basicamente, usam uma abordagem semelhante à aqui utilizada, mas seus resultados são diferentes. Além disso, eles não contemplaram uma visão estatística para expressar as equações em termos do teste F. Storck et al. (2011) fizeram isso para ensaios únicos e estenderam a abordagem para determinar o tamanho de parcela em espécies agrônômicas. Os dois artigos de Yan (2015, 2021) basearam-se na confiabilidade (que é o quadrado da acurácia e equivale à herdabilidade em nível de médias para o caso de dados balanceados) da predição, chamada de H por eles, que foi fixada em 0,75 como um valor geral adequado.

Este trabalho estende o artigo de Resende e Duarte (2007) para maximizar a acurácia seletiva e otimizar a definição dos números de plantas por parcela, de repetições, de locais e de medidas repetidas. A abordagem original foi estendida para ensaios multiambientais, incluindo a derivação de estimadores de acurácia e expressando-os em termos do teste F da análise de variância conjunta de locais. Aqui a genética quantitativa congrega com a estatística experimental, facilitando o trabalho de ambas as áreas. O trabalho fornece um tratamento genético-estatístico totalmente adequado na determinação dos números de repetições e de locais, usando o recurso de maximização da acurácia seletiva.

Os resultados numéricos para os números de repetições (n), de locais (l) e de medidas (m) repetidas ou colheitas são dados para os coeficientes de herdabilidade e repetibilidade de cada característica. Resultados práticos para *C. arabica* e *C. canephora* são apresentados com o objetivo de contornar a escassez de informações a respeito da experimentação com essas espécies.

Até o momento, aparentemente não há nenhum trabalho que trate de maneira robusta a determinação sólida dos números de plantas por parcela (k), de replicações (n), de locais (l) e de medidas (m) no melhoramento genético dessas espécies. O presente trabalho aborda essas questões.

Princípios básicos da experimentação e delineamentos experimentais

A obtenção de dados experimentais fidedignos envolve a escolha de um delineamento experimental adequado e o planejamento correto do tamanho de parcela, números de repetições e de locais a serem usados na experimentação. Um delineamento experimental adequado deve obedecer aos princípios fundamentais da experimentação: repetição, casualização e controle local (Fisher, 1925). A importância do número de repetições é capital, significando que, com baixo número de repetições, até a casualização é prejudicada ou comprometida. Compromete-se também o número de graus de liberdade do resíduo, o qual, quando baixo, não permite a obtenção de uma estimativa fidedigna do erro experimental ou variância residual. Com uma estimativa inadequada da variância residual, toda a análise será inválida.

A repetição refere-se ao número de vezes que o tratamento aparece no experimento. Tem por finalidade permitir a estimação do erro experimental, aumentar o poder dos testes estatísticos como o F e dos demais testes de médias, além de aumentar a precisão das estimativas das médias dos tratamentos. Neste último caso, quanto maior o número de repetições, menor é a variância da média dos tratamentos e dos valores genéticos preditos (Dias; Resende, 2001).

Como controle local, deve ser enfatizada a homogeneidade dentro de estratos ou blocos, sendo, em princípio, recomendados os delineamentos blocos completos casualizados e blocos incompletos (látice). A casualização e a repetição é que propiciam uma comparação não viciada dos tratamentos, ao passo que o controle local e a repetição permitem reduzir o erro experimental médio. Um erro experimental menor permite inferir como significativa uma diferença real pequena entre médias de tratamentos ou entre valores genéticos.

A casualização consiste em dispor os tratamentos ao acaso no experimento de modo que todas as parcelas tenham a mesma chance de receber determina-

do tratamento. É, portanto, recomendada para evitar fatores sistemáticos que venham beneficiar alguns tratamentos em detrimento de outros. Seu grande benefício é validar e dar confiabilidade às estimativas do erro experimental e das médias de tratamentos.

O controle local destina-se a controlar a heterogeneidade ambiental e implica restringir a casualização. Em termos da avaliação genética e da estimação de componentes de variância, a casualização é essencial como forma de evitar a correlação entre efeitos genéticos e ambientais, fato que afetaria todo o modelo básico de estimação e predição, o qual assume independência entre os referidos efeitos. Blocos nos delineamentos blocos casualizados e linhas e colunas nos delineamentos quadrados latinos, por exemplo, são estratégias de controle local que possibilitam agrupar parcelas homogêneas e casualizar os tratamentos dentro deles. O uso da análise de covariância é também um tipo de controle local e é muitas vezes denominado também de controle estatístico (Dias; Resende, 2001).

O delineamento em quadrado latino propicia melhor controle local, visto que permite controlar a heterogeneidade ambiental em duas direções, no sentido das linhas e das colunas. Entretanto, tal delineamento não tem sido recomendado para os trabalhos de melhoramento ou na experimentação em geral, devido à restrição em relação ao número de repetições, que tem de ser igual ao número de tratamentos ou progênies. Dessa forma, não há relatos de sua utilização no melhoramento de plantas. No entanto, com o advento da utilização de parcelas de uma planta no melhoramento de plantas perenes, tal delineamento passa a ter grande potencial de utilização. Como se utiliza em torno de 60 plantas por progênie (60 repetições de uma planta), quadrados latinos de 60 x 60 com 60 progênies poderiam ser perfeitamente utilizados, em associação com o método da melhor predição linear não viciada ou BLUP (do inglês: *best linear unbiased prediction*). No caso, os dados seriam corrigidos para dois gradientes ambientais (linhas e colunas), pelo método BLUP e estendido para o delineamento em linha e coluna. Quando existem tendências simultâneas de variações em fertilidade em duas direções em ângulos retos (que equivale a uma tendência diagonal em fertilidade), é provável que o quadrado latino seja mais eficiente que o delineamento em blocos. O delineamento em quadrado latino é também recomendado quando não se conhece a priori os gradientes de fertilidade. Uma generalização do quadrado latino é o delineamento em li-

nha e coluna, o qual, atualmente, pode ser delineado com qualquer número de repetições e ser analisado via metodologia de modelos mistos (REML/BLUP).

Os delineamentos de blocos incompletos (látice, por exemplo) são especialmente indicados na situação de grande número de tratamentos e alta variabilidade ambiental na área experimental. A eficiência relativa entre os delineamentos experimentais depende, sobretudo, do nível de variação ambiental espacial na área experimental.

Delineamentos experimentais ótimos podem ser construídos usando a matriz de informação dos parâmetros e sua inversa. Para o modelo $y = Xb + Zg + e$, associado ao vetor de observações (y), vetor de efeitos de blocos (b), vetor de efeitos de tratamentos (g) e efeitos de erros não correlacionados (e), a matriz

de informação equivale a $M = (1/\sigma^2) \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \sigma^2 G^{-1} \end{bmatrix}$, ou seja, é a própria

matriz dos coeficientes das equações de modelo misto. X e Z são as matrizes de incidência para b e g , respectivamente, e G é a matriz de covariância as-

sociada ao vetor g . A matriz inversa de M dada por $M^{-1} = \sigma^2 \begin{bmatrix} C^{XX} & C^{XZ} \\ C^{ZX} & C^{ZZ} \end{bmatrix}$ é

uma matriz de covariância de amostragem dos efeitos estimados. O critério de optimalidade deve minimizar (ou maximizar) alguma função da matriz C^{ZZ} associada aos efeitos (aleatórios no caso) de tratamentos (g).

Número de plantas por parcela

A questão do tamanho de parcelas experimentais em espécies perenes tem sido abordada por uma série de autores (Pearce, 1976; Gomes, 1985; Resende, 1995; Bonnot, 1995). Empregando-se a metodologia padrão baseada no coeficiente (b) de heterogeneidade do solo (Smith, 1938) (o qual é maior quanto maior for a heterogeneidade do solo), Bonnot (1995) indica os tamanhos de parcela: 1) 1 planta quando b for próximo de 0 ($b \leq 0,30$); 2) pelo menos seis plantas quando b for próximo de 1 ($b \geq 0,70$). Como $0 \leq b \leq 1$, pode-se inferir que, quando $0,3 < b < 0,7$, tamanhos de parcela entre 1 e 6 seriam recomendados. Com base nessa regra, parcelas com mais de 6 plantas tendem a ser inadequadas.

Empregando a metodologia do coeficiente de correlação intraclasse [relação variância entre parcelas/(variância entre parcelas + variância dentro de parcelas)], Gomes (1985) concluiu pelo uso de uma planta por parcela. Considerando a precisão experimental e a probabilidade de detecção de diferenças significativas entre médias de tratamentos, vários autores concluíram pelo uso de uma planta por parcela (Resende, 2002, 2007).

Como comprovação prática, as parcelas com uma planta ou observação têm sido empregadas no melhoramento florestal em várias partes do mundo. No Brasil, são usadas, por exemplo, em algumas empresas de celulose, em testes clonais e de progênies, nos quais houve aumento da herdabilidade, aumento da acurácia seletiva e minimização dos efeitos de competição. A metodologia de seleção atualmente disponível (REML/BLUP) baseia-se no valor genético predito, o qual é obtido após correção para todos os efeitos ambientais. Assim, ocorre ajuste para a variação físico-química do solo, por meio do ajuste para os efeitos de blocos, parcelas e locais. Com essa metodologia, também não há problema de análise quando se perde a representação de alguns tratamentos em alguns blocos, devido à mortalidade das plantas.

O conceito de parcelas de uma planta aplica-se igualmente ao cafeeiro. Nessa espécie, o uso de maiores espaçamentos entre linhas apresenta a vantagem de evitar competição diferenciada entre tratamentos, mas conduz a superestimativas das produções, pois não há intracompetição lateral. No entanto, para o objetivo de ordenamento de genótipos para seleção, isso não é prejudicial. Montagnon et al. (1998) trabalharam com *C. canephora*, em testes clonal e de progênie, e concluíram que, para kn constante, o uso de $k = 1$ mostrou-se superior (15%) a $k = 5$ a 10.

O procedimento estatístico de Smith (1938) baseia-se na mudança das variâncias das médias de parcelas como função da mudança dos tamanhos de parcelas. Assim, o mesmo conjunto total de plantas deve ser utilizado para o estabelecimento das parcelas de diferentes tamanhos. O modelo genético-estatístico associado à avaliação de uma planta i na parcela j equivale a (Resende, 2002): $Y_{ij} = g_i + e_{ij}$, em que g_i é o efeito genotípico da planta i e e_{ij} é o efeito ambiental associado a planta i na parcela j ($i = 1, \dots, n; j = 1, \dots, p$).

Tem-se que: $Var(Y_{ij}) = \sigma_g^2 + \sigma_e^2$, em que σ_g^2 é a variância genética total (aditiva + não aditiva) e σ_e^2 é a variância ambiental.

Trabalhando em termos de médias de parcelas de diferentes tamanhos, tem-se: $Var(Y_j) = \bar{\sigma}_{y(k)}^2 = \bar{\sigma}_g^2 + \bar{\sigma}_e^2$: variância entre médias de parcelas de tamanho

k , $\bar{\sigma}_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{k}$ e $\bar{\sigma}_e^2 = \frac{\sigma_e^2}{k^b}$, conforme demonstrado por Smith (1938), em que b

é o coeficiente de heterogeneidade ambiental, variando de 0 a 1 à medida que o solo torna-se mais heterogêneo.

Por essa expressão, vê-se que, se $b = 0$, $\bar{\sigma}_e^2 = \sigma_e^2$ e, se $b = 1$, $\bar{\sigma}_e^2 = \frac{\sigma_e^2}{k}$.

Considerando-se $b = 1$, a própria variância entre médias de parcela calculada pode ser utilizada para determinação do tamanho máximo da parcela.

Assim, a mudança em $\bar{\sigma}_y^2$ devida à variabilidade ambiental ($\bar{\sigma}_e^2$) é função logarítmica do tamanho de parcela. A mudança devida à variabilidade genética é função inversa do tamanho de parcela, pois considera-se que não existe correlação entre o valor genético e a localização das árvores no experimento.

Assim: $\bar{\sigma}_{y(n)}^2 = \frac{\sigma_g^2}{k} + \frac{\sigma_e^2}{k^b}$ ou, equivalentemente, $k\bar{\sigma}_{y(n)}^2 = \sigma_g^2 + k^{(1-b)}\sigma_e^2$,

em que:

$k\bar{\sigma}_{y(k)}^2$: quadrado médio entre médias de parcela de tamanho n , podendo ser estimado a partir dos dados experimentais.

$\sigma_g^2 + k^{(1-b)}\sigma_e^2$: esperança matemática do quadrado médio entre médias de parcela de tamanho k .

O estimador de $\bar{\sigma}_{y(n)}^2$ é dado por: $\bar{\sigma}_{y(k)}^2 = \sum_{j=1}^p (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2 \frac{1}{p-1}$, em que p é o número de parcelas associado a cada tamanho k .

As variâncias associadas às médias de parcelas de diferentes tamanhos revelaram que o tamanho ideal máximo ($b = 1$) de parcelas para avaliação de materiais genéticos, ao nível de médias (procedências, progênies), é de seis plantas por parcela (Resende, 2002). Com o aumento do tamanho de parcela (k) de uma para seis plantas, houve reduções na variância fenotípica das mé-

dias de parcela. Com $n > 6$, houve aumento na variância fenotípica das médias de parcela para as três características avaliadas. Isso decorre do fato de que, com o aumento do tamanho de parcelas (para $k > 6$), ocorre o aumento da variância ambiental (σ_e^2) em maior magnitude do que a redução em σ_e^2 / k , devido ao aumento de k . Dessa forma, com base na metodologia de Smith (1938), são recomendadas parcelas de 1 a 6 plantas, para experimentação com plantas perenes. Esses resultados concordam com os de Bonnot (1995).

No contexto da predição de valores genéticos, Resende (1995) realizou estudo em que avaliou a acurácia seletiva para diferentes condições experimentais e níveis de herdabilidade: 5 diferentes valores da relação variância dentro de parcela/variância entre parcelas (5; 10; 20; 40; 80); 14 níveis de herdabilidade (de 5% a 90%); 30 diferentes combinações de tamanho de parcela (k) e número de blocos (b) (tamanhos de parcela variando de 1 a 10 plantas e número de blocos variando de 1 a 100). Fixando um número total (kb) de indivíduos, verificou-se que parcelas com um indivíduo e várias repetições sempre conduzem a uma acurácia maior em relação a parcelas com vários indivíduos e menos repetições. Esse fato ocorreu para todos os valores de herdabilidade e da relação σ_s^2 / σ_e^2 (variância dentro de parcelas/variância entre parcelas) testados. Assim, essas inferências valem também para o melhoramento do cafeeiro.

As parcelas de uma planta podem acarretar o problema da perda de parcela, fato esse indesejável para a análise estatística, embora de menor efeito para a predição de valores genéticos. Em resumo, parcelas de 1 a 6 plantas devem ser empregadas na experimentação com espécies perenes, embora alguns autores recomendem fortemente o uso de apenas uma planta por parcela. O único problema da perda de parcelas de uma planta, em termos de avaliação genética, refere-se à perda de representatividade de alguns genitores em determinados níveis dos efeitos fixos (blocos), o que pode tornar as comparações genéticas viciadas, se não for adotado o procedimento BLUP.

Com relação ao fator competição entre tratamentos (entre clones e entre progênies), o uso de parcelas com uma planta é muito vantajoso. Essa vantagem se deve ao fato de a planta de um tratamento ser circundada por plantas de oito tratamentos distintos, de forma que os efeitos da competição intergenotípica sobre uma planta tendem a ser cancelados, uma vez que tal planta central tem a chance de ser circundada por plantas de tratamentos

mais e também menos agressivos. Esse resultado é similar àquele obtido quando se usam parcelas (com bordaduras) de nove plantas, avaliando-se apenas a planta central. Porém, o uso de parcelas de uma planta é mais indicado, pois permite avaliar oito vezes o número de plantas, na mesma área, permitindo, assim, a avaliação de um maior número de tratamentos. Os efeitos da competição intragenotípica podem ser considerados com o uso de plantios-piloto com apenas um genótipo (clone), ou seja, por meio de plantios monoclonais para a confirmação da seleção. Por sua vez, com parcela de várias plantas, cada tratamento é circundado por apenas dois tratamentos $\times b$ blocos, o que pode permitir a manifestação dos efeitos (na média geral do tratamento) de competição, se poucas repetições forem utilizadas.

Demonstra-se a seguir, matematicamente, que o uso de $k = 1$ planta por parcela é um procedimento superior ao uso de $k > 1$.

Fixando-se o tamanho do experimento por meio de $N = kn$ plantas por ge-

nótipo, a variância residual média com $k > 1$ equivale a $\bar{V}_e = \frac{V_{parc}}{n} + \frac{V_e}{kn}$.

A variância residual média com $k = 1$ equivale a $\bar{V}_e = \frac{V_{parc} + V_e}{kn} = \frac{V_{parc}}{kn} + \frac{V_e}{kn}$.

As herdabilidades são dadas por:

$$\text{Herdabilidade com } k > 1, h^2 = \frac{V_g}{V_g + \frac{V_{parc}}{n} + \frac{V_e}{kn}};$$

$$\text{Herdabilidade com } k = 1, h^2 = \frac{V_g}{V_g + \frac{V_{parc}}{kn} + \frac{V_e}{kn}}.$$

Verifica-se que, com $k = 1$, V_{parc} é dividido por kn e, com $k > 1$, V_{parc} é dividido apenas por n . Assim, $k = 1$ proporciona menor variância residual média e herdabilidade ao nível de médias.

No melhoramento do cafeeiro, o uso das seguintes combinações de k plantas por parcela e n blocos por experimento foi relatado (Tabela 1).

Tabela 1. Delineamentos experimentais empregados no melhoramento do cafeeiro.

Autor	País	Delineamento	(n)	(k)	(nk)
<i>Coffea canephora</i>					
Dublin (1967)	Índia	Blocos completos	9	3	27
Dublin (1967)	Costa do Marfim	Blocos completos	4	5 a 7	20 a 28
Dublin (1967)	República Centro-Africana	Blocos completos	8	7	56
Dublin (1967)	República Centro-Africana	Blocos completos	8	7	56
Dublin (1967)	República Centro-Africana	Blocos completos	20	1	20
Dublin (1967)	República Centro-Africana	Blocos completos	6	7	42
Dublin (1967)	República Centro-Africana	Blocos completos	20	1	20
Dublin (1967)	República Centro-Africana	Látice 9x9	5	3	15
Dublin (1967)	República Centro-Africana	Látice 11x11	6	3	18
Bouharmont (1994)	Camarões	—	5	10	50
Dublin (1967)	Brasil(1)	Blocos completos	20	1	20
Bragança et al. (2001)	Brasil	Blocos completos	4	6	24
Montagnon et al. (2001)	Costa do Marfim	Blocos completos	24 a 30	1	24 a 30
Alkimim et al. (2021)	Brasil	—	5 5 12	1	5 5 12

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Autor	País	Delineamento	(<i>n</i>)	(<i>k</i>)	(<i>nk</i>)
<i>Coffea arabica</i>					
Andrade et al. (2016)	Brasil	—	3	8	24
Pereira et al. (2013a)	Brasil	—	4	10	40
Pereira et al. (2013b)	Brasil	—	4	10	40
Petek et al. (2008)	Brasil	—	2	10	20
Resende et al. (2001)	Brasil	—	4	10	40
Rodrigues et al. (2013)	Brasil	—	5	8	40
Vieira Júnior et al. (2019)	Brasil	—	3	8	24
Kitila et al. (2011)	Etiópia	—	2	6	12

⁽¹⁾Sugestão para café arábica via consultoria dada em 1959, por Frank Yates, cientista do Rothamsted Research Institute, Inglaterra.

Os números de repetições e de plantas por parcela empregados na experimentação com o cafeeiro no mundo foram muito variáveis (Tabela 1). Em Camarões (Bouharmont, 1994), foi lançada a cultivar Java de café robusta (Ferberda, 1948), e os ensaios comparativos de variedades foram conduzidos em um delineamento de blocos ao acaso, a maioria com $n = 5$ repetições e parcelas contendo $k = 10$ plantas de café plantadas em uma única fileira. O espaçamento adotado foi de 3 m entre linhas e 2 m ao longo da linha. Esses trabalhos influenciaram bastante o Brasil até hoje, em que a maioria dos testes de progênies usam $k = 8$ a 10 plantas por parcela e 2 a 5 repetições (Resende et al., 2001; Petek et al., 2008; Pereira et al., 2013a, 2013b; Rodrigues et al., 2013; Andrade et al., 2016; Vieira Junior et al., 2019). Conforme recomendação de Yates (Tabela 1), Carvalho et al. (1959) usaram $n = 20$ repetições e $k = 1$ planta por parcela. Usando os valores do teste F apresentados por aqueles autores, calculamos as acurácias de 0,82 para produção de frutos e 0,71 para altura da planta.

A determinação do tamanho ótimo de parcela para avaliação de p progênies, deve ser realizada fixando-se a área total ($p \times n \times k$) do experimento e condicionando o número de plantas por parcela (k) ao número de blocos (n) necessário para obter uma acurácia ótima, tipicamente 0,90. Isso pode ser feito conforme realizado por Storck et al. (2011) usando o método da máxima curvatura condicionado ao valor desejado de acurácia conforme Resende e Duarte (2007). Essa acurácia depende de CV_g e CV_e , os quais propiciam uma ligação entre o CV da máxima curvatura e a acurácia da seleção com base na média dos genótipos avaliados. O valor da acurácia depende da magnitude do coeficiente de variação experimental (CV_e), do número de repetições (n) e do coeficiente de variação genética (CV_g), conforme a fórmula alternativa $\hat{r}_{\hat{g}g} = \{1/[1 + (CV_e^2/CV_g^2)/n]\}^{1/2}$.

Por sua vez, metodologias para estimar o tamanho ótimo de parcela são baseadas na relação não linear $CV(x) = A/XB$, onde $CV(x)$ são os coeficientes de variação para parcelas planejadas em diferentes tamanhos (X), expressos como um número de unidades básicas. O ponto de curvatura máxima (X_0) da função $CV(x) = A/XB$ é considerado o tamanho ótimo de parcela (Meier; Lessman, 1971). Nesse método, para valores de X maiores que X_0 , a queda em $CV(x)$ é leve e não muito eficiente para reduzir o erro experimental. Tendo em vista que a estatística acurácia é função de CV_g/CV_e e n (Resende; Duarte, 2007), é possível reescrever a função $CV(x) = A/XB$, incorporando os valores de CV_e com valores predefinidos de n e acurácia. Assim, fixando a magnitude da acurácia seletiva e o número de repetições no planejamento de um experimento, e conhecendo a variabilidade ambiental (A e B) da área escolhida, pode-se preparar um plano experimental adequado combinando o número de repetições e o tamanho da parcela. Assim, essa abordagem estima o tamanho ótimo de parcela, relacionando a variabilidade da área experimental à acurácia seletiva prefixada (Storck et al., 2011). Outra opção é trabalhar em termos da acurácia seletiva desejada, como função da herdabilidade individual (h^2) e do coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2 , que mede o grau de variação ambiental da parcela), indicando-se os valores adequados de k e n . A acurácia é dada por:

$$r_{\hat{g}g}^2 = \sqrt{\frac{nk h^2}{1 + (k-1)(h^2 + c^2) + (n-1)kh^2}} \quad (\text{Resende et al., 2001}).$$

Alguns resultados são apresentados nas Tabelas 2 e 3.

Tabela 2. Valores da acurácia seletiva (r_{gg}) para variados valores de h^2 individuais (0,10 a 0,30), c^2 , n e k .

h^2	c^2	n	k	r_{gg}	h^2	c^2	n	k	r_{gg}	h^2	c^2	n	k	r_{gg}
0,1	0,05	38	1	0,90	0,2	0,05	17	1	0,90	0,3	0,05	10	1	0,90
0,1	0,05	7,6	5	0,88	0,2	0,05	3,4	5	0,88	0,3	0,05	2	5	0,88
0,1	0,05	3,8	10	0,86	0,2	0,05	1,7	10	0,86	0,3	0,05	1	10	0,85
0,1	0,1	38	1	0,90	0,2	0,1	17	1	0,90	0,3	0,1	10	1	0,90
0,1	0,1	7,6	5	0,86	0,2	0,1	3,4	5	0,86	0,3	0,1	2	5	0,86
0,1	0,1	3,8	10	0,82	0,2	0,1	1,7	10	0,82	0,3	0,1	1	10	0,81
0,1	0,2	38	1	0,90	0,2	0,2	17	1	0,90	0,3	0,2	10	1	0,90
0,1	0,2	7,6	5	0,83	0,2	0,2	3,4	5	0,82	0,3	0,2	2	5	0,82
0,1	0,2	3,8	10	0,76	0,2	0,2	1,7	10	0,75	0,3	0,2	1	10	0,74
0,1	0,3	38	1	0,90	0,2	0,3	17	1	0,90	0,3	0,3	10	1	0,90
0,1	0,3	7,6	5	0,80	0,2	0,3	3,4	5	0,79	0,3	0,3	2	5	0,78
0,1	0,3	3,8	10	0,72	0,2	0,3	1,7	10	0,70	0,3	0,3	1	10	0,68
0,1	0,4	38	1	0,90	0,2	0,4	17	1	0,90	0,3	0,4	10	1	0,90
0,1	0,4	7,6	5	0,78	0,2	0,4	3,4	5	0,77	0,3	0,4	2	5	0,75
0,1	0,4	3,8	10	0,68	0,2	0,4	1,7	10	0,66	0,3	0,4	1	10	0,64

Tabela 3. Valores da acurácia seletiva (r_{gg}) para variados valores de h^2 (0,40 a 0,60), c^2 , n e k .

h^2	c^2	n	k	r_{gg}	h^2	c^2	n	k	r_{gg}	h^2	c^2	n	k	r_{gg}
0,4	0,05	6	1	0,89	0,5	0,05	4	1	0,89	0,6	0,05	3	1	0,90
0,4	0,05	1,2	5	0,87	0,5	0,05	0,8	5	0,86	0,6	0,05	0,6	5	0,87
0,4	0,05	0,6	10	0,83	0,5	0,05	0,4	10	0,82	0,6	0,05	0,3	10	0,82
0,4	0,1	6	1	0,89	0,5	0,1	4	1	0,89	0,6	0,1	3	1	0,90
0,4	0,1	1,2	5	0,84	0,5	0,1	0,8	5	0,83	0,6	0,1	0,6	5	0,83
0,4	0,1	0,6	10	0,78	0,5	0,1	0,4	10	0,77	0,6	0,1	0,3	10	0,76
0,4	0,2	6	1	0,89	0,5	0,2	4	1	0,89	0,6	0,2	3	1	0,90
0,4	0,2	1,2	5	0,79	0,5	0,2	0,8	5	0,78	0,6	0,2	0,6	5	0,77
0,4	0,2	0,6	10	0,71	0,5	0,2	0,4	10	0,68	0,6	0,2	0,3	10	0,67
0,4	0,3	6	1	0,89	0,5	0,3	4	1	0,89	0,6	0,3	3	1	0,90
0,4	0,3	1,2	5	0,76	0,5	0,3	0,8	5	0,74	0,6	0,3	0,6	5	0,73
0,4	0,3	0,6	10	0,65	0,5	0,3	0,4	10	0,62	0,6	0,3	0,3	10	0,61
0,4	0,4	6	1	0,89	0,5	0,4	4	1	0,89	0,6	0,4	3	1	0,90
0,4	0,4	1,2	5	0,72	0,5	0,4	0,8	5	0,70	0,6	0,4	0,6	5	0,69
0,4	0,4	0,6	10	0,60	0,5	0,4	0,4	10	0,57	0,6	0,4	0,3	10	0,56

Verifica-se que o uso de parcelas com mais de uma planta é sempre desvantajoso. Pode ser aceitável apenas na situação de c^2 próximo de zero e com os tamanhos de parcela menores ou iguais a cinco. Nesse caso, com c^2 igual a 0,05, a acurácia reduz-se de 0,90 para 0,88 quando se passa de $k = 1$ para $k = 5$ (Tabela 2). Os valores recomendados no presente documento, com base no método da máxima curvatura (Bonnot, 1995), fixando-se a área total do experimento, e na metodologia da acurácia desejada considerando a variação entre parcelas (c^2) dentro de bloco e a herdabilidade individual (h^2) da característica, forneceram como resultado ideal o uso de 1 a 6 plantas por parcela, quando os valores de c^2 forem baixos, da ordem de 5%. Caso contrário, recomenda-se 1 planta por parcela. O trabalho de Moraes et al. (2019) recomenda avaliar a produção de café em parcelas de 7 a 19 plantas. Esses números não apresentam suporte quando comparados aos nossos resultados, pois vão na direção oposta. Pires et al. (2016) estimaram os tamanhos ótimos de parcela de cafeeiro por meio do método da curvatura máxima modificado. A menor parcela foi determinada para a característica diâmetro do caule ($k = 2,8$ mudas) e a maior para a estimativa da área foliar ($k = 4,9$ mudas). O tamanho ótimo de parcelas experimentais com mudas de café da cultivar Mundo Novo IAC 379-19, para as 11 variáveis em estudo foi o de 5 mudas por parcela.

Número de colheitas por planta

Conforme Resende et al. (1995), a confiabilidade ($r_{\hat{f}f}^2$; quadrado da acurácia) da avaliação fenotípica permanente através de m colheitas ou safras é dada por:

$$r_{\hat{f}f}^2 = \frac{m\rho}{1 + (m - 1)\rho},$$

em que ρ é a repetibilidade das colheitas em uma planta.

O número m de colheitas por planta necessário para atingir determinada acurácia (geralmente 0,90) é dado por:

$$m = \frac{r_{\hat{f}f}^2}{(1 - r_{\hat{f}f}^2)} \frac{(1 - \rho)}{\rho}.$$

Em *C. canephora*, para a obtenção de uma confiabilidade $r_{ff}^2 = 0,81$, foram determinados os valores de número de colheitas por planta para as características produção, altura, diâmetro e incidência de ferrugem ($m = 3; 5; 5$ e 13), respectivamente (Tabela 4), quando foram consideradas as seguintes estimativas de repetibilidade: $\rho = 0,60; 0,46; 0,47$ e $0,25$ (Ferrão et al., 2019).

Tabela 4. Recomendações do número de colheitas por planta (m), do número de repetições ou indivíduos por tratamento genético (n) e do número de locais para experimentação (l) em função da magnitude da interação genótipo x ambiente, medida pela correlação genética (r_{ge}) através dos ambientes. *Coffea canephora*, características, produção, altura, diâmetro e incidência de ferrugem. Acurácia esperada igual a 90%.

Característica	$\rho^{(1)}$	$h^{2(1)}$	h^2m	m	n	r_{ge}	l	Total (nl)
Produção	0,60	0,21	0,29	3	10	0,7	3	30
	0,60	0,21	0,29	3	10	0,8	2	20
	0,60	0,21	0,29	3	10	0,9	1	10
	0,60	0,21	0,29	3	10	1,0	1	10
Altura	0,46	0,37	0,65	5	3	0,7	2	6
	0,46	0,37	0,65	5	3	0,8	2	6
	0,46	0,37	0,65	5	3	0,9	1	3
	0,46	0,37	0,65	5	3	1,0	1	3
Diâmetro	0,47	0,24	0,41	5	6	0,7	3	18
	0,47	0,24	0,41	5	6	0,8	2	12
	0,47	0,24	0,41	5	6	0,9	1	6
	0,47	0,24	0,41	5	6	1	1	6
Incidência de ferrugem	0,25	0,20	0,65	13	3	0,7	2	6
	0,25	0,20	0,65	13	3	0,8	2	6
	0,25	0,20	0,65	13	3	0,9	1	3
	0,25	0,20	0,65	13	3	1,0	1	3

⁽¹⁾Fonte: Leroy et al. (1994), Ferrão et al. (2019).

Para se ter uma boa ideia da produtividade de uma planta de cafeeiro, é necessário colhê-lo separadamente por pelo menos 4 anos sucessivos. Esse período é necessário devido à tendência de produção bienal dos cafeeiros. A necessidade de no mínimo 4 anos pode ser inferida a partir do fato de que o coeficiente de correlação (r) entre o rendimento

médio ao longo de m anos e a média plurianual não aumenta mais quando $m > 4$; nesse caso, r se aproxima de 0,87 (Ferwerda, 1969). Valores de correlação semelhantes são mencionados por Dublin (1967) que encontrou valores de r superiores a 0,90 entre o rendimento acumulado ao longo de 4 anos e durante um período de 5 ou 6 anos. Isso justifica a conclusão de que novos registros de produção não mudarão o julgamento sobre a capacidade de produção das árvores. Esses resultados concordam com os do presente trabalho (Tabela 4).

Em *C. canephora*, é seguro fazer uma escolha entre as futuras árvores-mãe após um curto período de observação (2 ou 3 anos) e multiplicar vegetativamente os indivíduos provisoriamente selecionados. Isso tem um objetivo duplo. A princípio, é uma medida de segurança: se a árvore-mãe for vítima de doença, tempestade, raio ou alguma outra calamidade, o clone ainda estará lá. O teste clonal deve ser feito em parcelas estreitas, muitas vezes compreendendo uma única árvore, a fim de garantir a polinização cruzada. Casualização e um número suficiente de repetições são essenciais. Os registros devem cobrir um período de pelo menos 4 anos. O tempo necessário para desenvolver e testar um clone pode ser estimado em 6 a 10 anos, o que significa um ganho de tempo considerável em comparação com o necessário para desenvolver uma família seminal.

Número de repetições por tratamento genético (linhagens, progênies, clones)

Os resultados das avaliações numéricas para a determinação do número de repetições em experimentos em um só local são apresentados na Tabela 5. Foram consideradas herdabilidades individuais (h^2) variando de 0,05 a 0,95 para atingir acurácias ($r_{\hat{g}g}$) variando de 0,50 a 0,99. Foi utilizada a expressão

$$n = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (1 - h^2)}{h^2 (1 - r_{\hat{g}g}^2)} = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (1 - h^2)}{(1 - r_{\hat{g}g}^2) h^2}.$$

Para características com h^2 igual a 0,20, para atingir acurácias ($r_{\hat{g}g}$) iguais a 0,90, 0,95 e 0,99, são requeridos n iguais a 17, 37 e 197 repetições com parcelas de uma só planta, respectivamente (Tabela 5). Assumindo que 90% é uma acurácia muito alta (Resende; Duarte, 2007; Resende; Alves, 2020), o número de repetições igual a 17 é recomendado. Essa recomendação é

válida para as características de produção de grãos, diâmetro do caule, altura da planta, diâmetro da copa e resistência à ferrugem, as quais, segundo a literatura, têm apresentado estimativas de herdabilidade individual em torno de 0,20.

Para caracteres com herdabilidades altas, por exemplo 0,50, o número recomendado de repetições é 4 para atingir 90% de acurácia (Tabela 5). No cafeeiro, herdabilidades dessa magnitude podem ser verificadas para variáveis de qualidade da bebida do café. Outra forma de utilizar a Tabela 5 é usar herdabilidades estimadas do próprio programa de melhoramento no ambiente em que esse é conduzido.

Para o caso em que se avaliam progênies ou cultivares muito aparentadas, pequena variabilidade pode ser expressa e, portanto, a h^2 pode ser mais baixa. Por exemplo, em café arábica, herdabilidades mais baixas, da ordem de 10%, têm sido relatadas (Pereira et al., 2013a, 2013b). Nesse caso, recomenda-se o uso de 38 repetições com parcelas de uma só planta.

Tabela 5. Número de repetições (n), em um experimento, para características com herdabilidades individuais (h^2) de 0,05 a 0,95 para atingir acurácias ($r_{\hat{g}g}$) variando de 0,50 a 0,99.

Classe	Muito alta		Muito alta		Muito alta		Alta		Alta	
	F	$r_{\hat{g}g}$	F	$r_{\hat{g}g}$	F	$r_{\hat{g}g}$	F	$r_{\hat{g}g}$	F	$r_{\hat{g}g}$
$r_{\hat{g}g}$	F	$r_{\hat{g}g}$	F	$r_{\hat{g}g}$	F	$r_{\hat{g}g}$	F	$r_{\hat{g}g}$	F	$r_{\hat{g}g}$
0,99	50,25	0,975	20,25	0,950	10,26	0,90	5,26	0,850	3,60	0,80
h^2_g	N	h^2_g	N	h^2_g	n	h^2_g	n	h^2_g	n	h^2_g
0,05	936	0,05	366	0,05	176	0,05	81	0,05	49	0,05
0,10	443	0,10	173	0,10	83	0,10	38	0,10	23	0,10
0,15	279	0,15	109	0,15	52	0,15	24	0,15	15	0,15
0,20	197	0,20	77	0,20	37	0,20	17	0,20	10	0,20
0,25	148	0,25	58	0,25	28	0,25	13	0,25	8	0,25
0,30	115	0,30	45	0,30	22	0,30	10	0,30	6	0,30
0,35	91	0,35	36	0,35	17	0,35	8	0,35	5	0,35
0,40	74	0,40	29	0,40	14	0,40	6	0,40	4	0,40
0,45	60	0,45	24	0,45	11	0,45	5	0,45	3	0,45
0,50	49	0,50	19	0,50	9	0,50	4	0,50	3	0,50
0,60	33	0,60	13	0,60	6	0,60	3	0,60	2	0,60
0,70	21	0,70	8	0,70	4	0,70	2	0,70	1	0,70
0,80	12	0,80	5	0,80	2	0,80	1	0,80	1	0,80
0,90	5	0,90	2	0,90	1	0,90	0	0,90	0	0,90
0,95	3	0,95	1	0,95	0	0,95	0	0,95	0	0,95

Continua...

Os resultados das avaliações numéricas para a determinação do número de repetições em experimentos em ensaios multiambientais são apresentados na Tabela 6. Foram consideradas herdabilidades individuais (h^2) variando de 0,20 a 0,50 e correlações genéticas através dos ambientes (r_{ge}) variando de 0,60 a 1,00 para atingir acurácias ($r_{\hat{g}g}$) de 0,70, 0,80 e 0,90. Foi utilizada a

$$\text{expressão } n = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (r_{ge} - h_g^2)}{(1 - r_{\hat{g}g}^2) l h_g^2 r_{ge} - r_{\hat{g}g}^2 h_g^2 (1 - r_{ge})}.$$

Para características com h^2 igual a 0,20, correlação genética através dos locais de 0,80 e l igual a 3 locais e para atingir acurácias ($r_{\hat{g}g}$) iguais a 0,90, 0,80 e 0,70, são requeridos n iguais a 8,3, 2,6 e 1,3 por local. Assim, escolhendo uma acurácia de 0,90 são requeridos $8,3 * 3 = 24,9$ repetições de cada material genético em toda rede experimental (Tabela 6). Essa recomendação é válida para as características de produção de grãos, diâmetro do caule, altura da planta, diâmetro da copa e resistência à ferrugem, as quais, segundo a literatura, têm apresentado estimativas de herdabilidade individual em torno de 0,20.

Para características com herdabilidades altas, por exemplo 0,50, o número recomendado de repetições é $1,7 * 3 = 5,1$ para atingir 90% de acurácia (Tabela 6).

Os valores 24,9 e 5,1 encontrados diferem dos valores 17,0 e 4,0 encontrados na Tabela 5 devido ao fato de aqui a correlação r_{ge} ser tomada como 0,80 e na Tabela 5 o r_{ge} , implicitamente, equivaler a 1,00. Verifica-se na Tabela 6 que, com $r_{ge} = 1$, têm-se os valores 17,1 e 4,3, o que revela a coerência entre as duas abordagens alternativas para a determinação do número de repetições (n).

Tabela 6. Número de repetições (n), em ensaios conduzidos em vários locais (l), para caracteres com herdabilidades individuais (h_g^2) de 0,20 a 0,50 e correlações genéticas através dos ambientes (r_{ge}) variando de 0,60 a 1,00 para atingir acurácias (r_{gg}) de 0,70, 0,80 e 0,90.

$r_{gg}=0,90$	$F = 5,26$	$l = 1$	$l = 2$	$l = 3$	$l = 4$	$l = 5$															
h_g^2	r_{ge}	n	n	n	n	n	$n, l = 1$	$n, l = 2$	$n, l = 3$	$n, l = 4$	$n, l = 5$										
0,2	1	17,1	8,5	5,7	4,3	3,4	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1
0,2	0,9	-	10,9	6,6	4,7	3,7	-	19,7	19,7	19,7	19,7	19,7	19,7	19,7	19,7	19,7	19,7	19,7	19,7	19,7	19,7
0,2	0,8	-	17,1	8,3	5,4	4,1	-	24,8	24,8	24,8	24,8	24,8	24,8	24,8	24,8	24,8	24,8	24,8	24,8	24,8	24,8
0,2	0,7	-	88,0	13,0	7,0	4,8	-	38,9	38,9	38,9	38,9	38,9	38,9	38,9	38,9	38,9	38,9	38,9	38,9	38,9	38,9
0,2	0,6	-	-	-	12,3	6,6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
0,3	1	9,9	5,0	3,3	2,5	2,0	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9
0,3	0,9	-	6,2	3,8	2,7	2,1	-	11,3	11,3	11,3	11,3	11,3	11,3	11,3	11,3	11,3	11,3	11,3	11,3	11,3	11,3
0,3	0,8	-	9,5	4,6	3,0	2,3	-	13,8	13,8	13,8	13,8	13,8	13,8	13,8	13,8	13,8	13,8	13,8	13,8	13,8	13,8
0,3	0,7	-	47,0	6,9	3,7	2,6	-	20,8	20,8	20,8	20,8	20,8	20,8	20,8	20,8	20,8	20,8	20,8	20,8	20,8	20,8
0,3	0,6	-	-	-	6,1	3,3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
0,4	1	6,4	3,2	2,1	1,6	1,3	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4
0,4	0,9	-	3,9	2,3	1,7	1,3	-	7,0	7,0	7,0	7,0	7,0	7,0	7,0	7,0	7,0	7,0	7,0	7,0	7,0	7,0
0,4	0,8	-	5,7	2,8	1,8	1,4	-	8,3	8,3	8,3	8,3	8,3	8,3	8,3	8,3	8,3	8,3	8,3	8,3	8,3	8,3
0,4	0,7	-	26,4	3,9	2,1	1,4	-	11,7	11,7	11,7	11,7	11,7	11,7	11,7	11,7	11,7	11,7	11,7	11,7	11,7	11,7
0,4	0,6	-	-	-	3,1	1,6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
0,5	1	4,3	2,1	1,4	1,1	0,9	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3
0,5	0,9	-	2,5	1,5	1,1	0,8	-	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5
0,5	0,8	-	3,4	1,7	1,1	0,8	-	5,0	5,0	5,0	5,0	5,0	5,0	5,0	5,0	5,0	5,0	5,0	5,0	5,0	5,0
0,5	0,7	-	14,1	2,1	1,1	0,8	-	6,2	6,2	6,2	6,2	6,2	6,2	6,2	6,2	6,2	6,2	6,2	6,2	6,2	6,2
0,5	0,6	-	-	-	1,2	0,7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Continua...

Tabela 6. Continuação.

$r_{\hat{g}g} = 0,80$	$F = 2,78$	$l = 1$	$l = 2$	$l = 3$	$l = 4$	$l = 5$															
h_g^2	r_{ge}	n	n	n	n	n	$n, l = 1$	$n, l = 2$	$n, l = 3$	$n, l = 4$	$n, l = 5$										
0,2	1	7,1	3,6	2,4	1,8	1,4	7,1	7,1	7,1	7,1	7,1	7,1	7,1	7,1	7,1	7,1	7,1	7,1	7,1	7,1	7,1
0,2	0,9	-	3,8	2,5	1,8	1,4	-	7,7	7,4	7,4	7,4	7,4	7,4	7,4	7,4	7,4	7,4	7,4	7,4	7,4	7,4
0,2	0,8	-	4,3	2,6	1,9	1,5	-	8,6	7,8	7,8	7,8	7,8	7,8	7,8	7,8	7,8	7,8	7,8	7,8	7,8	7,8
0,2	0,7	-	5,1	2,8	2,0	1,5	-	10,3	8,5	8,5	8,5	8,5	8,5	8,5	8,5	8,5	8,5	8,5	8,5	8,5	8,5
0,2	0,6	-	7,3	3,3	2,1	1,6	-	14,5	9,8	9,8	9,8	9,8	9,8	9,8	9,8	9,8	9,8	9,8	9,8	9,8	9,8
0,3	1	4,1	2,1	1,4	1,0	0,8	4,1	4,1	4,1	4,1	4,1	4,1	4,1	4,1	4,1	4,1	4,1	4,1	4,1	4,1	4,1
0,3	0,9	-	2,2	1,4	1,0	0,8	-	4,4	4,2	4,2	4,2	4,2	4,2	4,2	4,2	4,2	4,2	4,2	4,2	4,2	4,2
0,3	0,8	-	2,4	1,4	1,0	0,8	-	4,8	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3
0,3	0,7	-	2,7	1,5	1,0	0,8	-	5,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5	4,5
0,3	0,6	-	3,6	1,6	1,1	0,8	-	7,3	4,9	4,9	4,9	4,9	4,9	4,9	4,9	4,9	4,9	4,9	4,9	4,9	4,9
0,4	1	2,7	1,3	0,9	0,7	0,5	2,7	2,7	2,7	2,7	2,7	2,7	2,7	2,7	2,7	2,7	2,7	2,7	2,7	2,7	2,7
0,4	0,9	-	1,4	0,9	0,6	0,5	-	2,7	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6
0,4	0,8	-	1,4	0,9	0,6	0,5	-	2,9	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6
0,4	0,7	-	1,5	0,9	0,6	0,4	-	3,1	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6	2,6
0,4	0,6	-	1,8	0,8	0,5	0,4	-	3,6	2,4	2,4	2,4	2,4	2,4	2,4	2,4	2,4	2,4	2,4	2,4	2,4	2,4
0,5	1	1,8	0,9	0,6	0,4	0,4	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8	1,8
0,5	0,9	-	0,9	0,6	0,4	0,3	-	1,8	1,7	1,7	1,7	1,7	1,7	1,7	1,7	1,7	1,7	1,7	1,7	1,7	1,7
0,5	0,8	-	0,9	0,5	0,4	0,3	-	1,7	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6	1,6
0,5	0,7	-	0,8	0,5	0,3	0,2	-	1,6	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4
0,5	0,6	-	0,7	0,3	0,2	0,2	-	1,5	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

Continua...

Tabela 6. Continuação.

$r_{\hat{g}g} = 0,70$	$F = 1,96$	$l = 1$	$l = 2$	$l = 3$	$l = 4$	$l = 5$	$l = 5$	$l = 4$	$l = 3$	$l = 2$	$l = 1$	$n, l = 2$	$n, l = 3$	$n, l = 4$	$n, l = 5$
h_g^2	$r_{\hat{g}e}$	n	n	n	n	n	n	n	n	n	$n, l = 1$	$n, l = 2$	$n, l = 3$	$n, l = 4$	$n, l = 5$
0,2	1	3,8	1,9	1,3	1,0	0,8	0,8	3,8	3,8	3,8	3,8	3,8	3,8	3,8	3,8
0,2	0,9	-	2,0	1,3	1,0	0,8	0,8	-	3,9	3,9	3,9	3,9	3,9	3,8	3,8
0,2	0,8	-	2,0	1,3	1,0	0,8	0,8	-	4,1	3,9	3,8	3,8	3,8	3,8	3,8
0,2	0,7	-	2,2	1,3	1,0	0,7	0,7	-	4,3	4,0	3,8	3,7	3,7	3,7	3,7
0,2	0,6	-	2,4	1,4	1,0	0,7	0,7	-	4,7	4,1	3,8	3,7	3,7	3,7	3,7
0,3	1	2,2	1,1	0,7	0,6	0,4	0,4	2,2	2,2	2,2	2,2	2,2	2,2	2,2	2,2
0,3	0,9	-	1,1	0,7	0,5	0,4	0,4	-	2,3	2,2	2,2	2,2	2,2	2,2	2,2
0,3	0,8	-	1,1	0,7	0,5	0,4	0,4	-	2,3	2,2	2,1	2,1	2,1	2,1	2,1
0,3	0,7	-	1,2	0,7	0,5	0,4	0,4	-	2,3	2,1	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0
0,3	0,6	-	1,2	0,7	0,5	0,4	0,4	-	2,4	2,0	1,9	1,8	1,8	1,8	1,8
0,4	1	1,4	0,7	0,5	0,4	0,3	0,3	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4
0,4	0,9	-	0,7	0,5	0,3	0,3	0,3	-	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4
0,4	0,8	-	0,7	0,4	0,3	0,3	0,3	-	1,4	1,3	1,3	1,3	1,3	1,3	1,3
0,4	0,7	-	0,6	0,4	0,3	0,2	0,2	-	1,3	1,2	1,1	1,1	1,1	1,1	1,1
0,4	0,6	-	0,6	0,3	0,2	0,2	0,2	-	1,2	1,0	1,0	0,9	0,9	0,9	0,9
0,5	1	1,0	0,5	0,3	0,2	0,2	0,2	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0
0,5	0,9	-	0,5	0,3	0,2	0,2	0,2	-	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9	0,9
0,5	0,8	-	0,4	0,3	0,2	0,2	0,2	-	0,8	0,8	0,8	0,8	0,8	0,8	0,8
0,5	0,7	-	0,3	0,2	0,2	0,1	0,1	-	0,7	0,6	0,6	0,6	0,6	0,6	0,6
0,5	0,6	-	0,2	0,1	0,1	0,1	0,1	-	0,5	0,4	0,4	0,4	0,4	0,4	0,4

Número n de repetições por tratamento genético com o uso da média de m colheitas

Conforme Resende (1995) e Resende et al. (1995), a confiabilidade ($r_{\hat{g}g}^2$; quadrado da acurácia) da avaliação genotípica com o uso da média de m colheitas de n plantas (repetições) por tratamento genético é dada por:

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{nh_m^2}{1 + (n-1)h_m^2},$$

em que n é o número de indivíduos e h_m^2 é a herdabilidade individual da média de m colheitas por planta.

O número n de repetições (indivíduos) por tratamento genético, necessário para atingir a confiabilidade $r_{\hat{g}g}^2 = 0.81$ (acurácia 0,90) é dado por:

$$n = \frac{r_{\hat{g}g}^2}{1 - r_{\hat{g}g}^2} \frac{1 - h_m^2}{h_m^2},$$

em que h_m^2 é a herdabilidade individual (ou de parcelas individuais) da média de m safras por planta. O estimador de h_m^2 equivale a:

$$h_m^2 = \frac{mh^2}{1 + (m-1)\rho},$$

em que h^2 é a herdabilidade individual em uma colheita e ρ é a repetibilidade da característica.

Em *C. canephora*, para as características de produção, altura, diâmetro e incidência de ferrugem, têm-se (Leroy et al., 1994; Ferrão et al., 2019) os seguintes valores: $\rho = 0,60; 0,46; 0,47$ e $0,25$ e $m = 3; 5; 5$ e 13 , respectivamente (Tabela 4). Nesse caso, os valores de h_m^2 são iguais a $0,29; 0,65; 0,41$ e $0,65$ para as quatro características, respectivamente; e os valores de n obtidos foram $10, 3, 6$ e 3 para as quatro características, respectivamente (Tabela 4).

Outra forma, mais direta, para o cálculo de n baseia-se na seguinte expressão para a confiabilidade:

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{nmh^2}{1 + (m-1)\rho + (n-1)mh^2},$$

em que h^2 é a herdabilidade individual em uma colheita.

Nesse caso, os valores de m ou n podem ser estimados diretamente (sem a necessidade do cálculo prévio de h_m^2), via as equações:

$$m = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (1 - \rho)}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)nh^2 - r_{\hat{g}g}^2(\rho - h^2)} \text{ e}$$

$$n = \frac{r_{\hat{g}g}^2}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)} \frac{[1 + m(\rho - h^2) - \rho]}{mh^2} .$$

Por exemplo, considerando a característica produção em *C. canephora*, em que $h^2 = 0,21$, $\rho = 0,60$ e $m = 3$, tem-se $n = 0,62$ para a confiabilidade desejada igual a 0,81.

A expressão para m pode ser usada também quando o experimento já foi estabelecido com determinado número de repetições ou indivíduos por tratamento. Nesse caso, tendo-se as estimativas de h^2 e ρ , determina-se m .

Com interação genótipos x medidas repetidas (G x M):

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{nmh^2}{1 + (n - 1)c_{gm}^2 + (m - 1)c_{gb}^2 + (nm - 1)h^2} .$$

Com o coeficiente de determinação dos efeitos permanentes $c_{gb}^2 = (\rho - h^2)$, tem-se:

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{nmh^2}{1 + (n - 1)c_{gm}^2 + (m - 1)\rho + (n - 1)mh^2} ,$$

que pode ser expressa como:

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{nmh^2}{1 + (n - 1) \frac{h^2(1 - r_{gm})}{r_{gm}} + (m - 1)\rho + (m - 1)nh^2} ,$$

$$c_{gm}^2 = \frac{h^2(1 - r_{gm})}{r_{gm}} .$$

em que n é o número de repetições (clones) ou genitores (progênes) e m é o número de colheitas.

Número de locais de experimentação em função da correlação genótipos x ambientes

Os resultados das simulações para a determinação do número de locais em experimentos em ensaios multiambientais estão apresentados na Tabela 7. Foram consideradas herdabilidades individuais (h_g^2) que variaram de 0,20 a 0,50 e correlações genéticas através dos ambientes (r_{ge}) que variaram de 0,60 a 1,00 para atingir acurácias ($r_{\hat{g}g}$) de 0,70, 0,80 e 0,90. Foi utilizada a seguinte expressão:

$$l = \frac{r_{\hat{g}g}^2 \left[\frac{\left(1 - h_g^2 - \frac{h_g^2(1 - r_{ge})}{r_{ge}} \right)}{nh_g^2} + \frac{(1 - r_{ge})}{r_{ge}} \right]}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)}$$

Para características com h_g^2 igual a 0,20, correlação genética através dos locais de 0,80 e n igual a 5 repetições por local, e para atingir acurácias ($r_{\hat{g}g}$) iguais a 0,90, 0,80 e 0,70, são requeridos l iguais a 4,3, 1,8 e 1,0. Assim, escolhendo uma acurácia de 0,90, são requeridos $4,3 * 5 = 21,3$ repetições de cada material genético em toda rede experimental (Tabela 7). Essa recomendação é válida para as características produção de grãos, diâmetro do caule, altura da planta, diâmetro da copa e resistência à ferrugem, as quais, segundo a literatura, têm apresentado estimativas de herdabilidade individual em torno de 0,20. Para características com herdabilidades altas, por exemplo 0,50, o número recomendado de repetições é $1,7 * 5 = 8,5$ para atingir 90% de acurácia (Tabela 7).

Os valores 24,9 e 5,1 encontrados diferem dos valores 17,0 e 4,0 encontrados na Tabela 6 devido ao fato de aqui a correlação r_{ge} ser tomada como 0,80 e na Tabela 6 o r_{ge} , implicitamente, equivaler a 1,00. Verifica-se na Tabela 6 que, com $r_{ge} = 1$, têm-se os valores 17,1 e 4,3, revelando a coerência entre as duas abordagens alternativas para a determinação do número de repetições (n).

Tabela 7. Número de locais (l), condicionado aos números de repetições tomados como $n = 2, n = 3, n = 4$ e $n = 5$, para características com herdabilidades individuais (h_{ge}^2) de 0,20 a 0,50 e correlações genéticas através dos ambientes (r_{ge}) variando de 0,60 a 1,00 para atingir acurácias ($r_{\hat{g}g}$) de 0,70, 0,80 e 0,90.

$r_{\hat{g}g} = 0,90 \quad F = 5,02$														
h_{ge}^2	r_{ge}		$n = 2$	$n = 3$	$n = 4$	$n = 5$	$l, n = 2$	$l, n = 3$	$l, n = 4$	$l, n = 5$	$n = 2x$	$n = 3x$	$n = 4x$	$n = 5x$
0,2	1	2	3	4	5	8,5	5,7	4,3	3,4	17,1	17,1	17,1	17,1	17,1
0,2	0,9	2	3	4	5	8,8	6,0	4,6	3,8	17,5	18,0	18,5	18,5	18,9
0,2	0,8	2	3	4	5	9,1	6,4	5,1	4,3	18,1	19,2	20,3	20,3	21,3
0,2	0,7	2	3	4	5	9,4	6,9	5,6	4,9	18,9	20,7	22,5	22,5	24,4
0,2	0,6	2	3	4	5	9,9	7,6	6,4	5,7	19,9	22,7	25,6	25,6	28,4
0,3	1	2	3	4	5	5,0	3,3	2,5	2,0	9,9	9,9	9,9	9,9	9,9
0,3	0,9	2	3	4	5	5,2	3,6	2,8	2,4	10,4	10,9	11,4	11,4	11,8
0,3	0,8	2	3	4	5	5,5	4,0	3,3	2,8	11,0	12,1	13,1	13,1	14,2
0,3	0,7	2	3	4	5	5,9	4,5	3,9	3,5	11,8	13,6	15,4	15,4	17,3
0,3	0,6	2	3	4	5	6,4	5,2	4,6	4,3	12,8	15,6	18,5	18,5	21,3
0,4	1	2	3	4	5	3,2	2,1	1,6	1,3	6,4	6,4	6,4	6,4	6,4
0,4	0,9	2	3	4	5	3,4	2,4	2,0	1,7	6,9	7,3	7,8	7,8	8,3
0,4	0,8	2	3	4	5	3,7	2,8	2,4	2,1	7,5	8,5	9,6	9,6	10,7
0,4	0,7	2	3	4	5	4,1	3,3	3,0	2,7	8,2	10,0	11,9	11,9	13,7
0,4	0,6	2	3	4	5	4,6	4,0	3,7	3,6	9,2	12,1	14,9	14,9	17,8
0,5	1	2	3	4	5	2,1	1,4	1,1	0,9	4,3	4,3	4,3	4,3	4,3
0,5	0,9	2	3	4	5	2,4	1,7	1,4	1,2	4,7	5,2	5,7	5,7	6,2
0,5	0,8	2	3	4	5	2,7	2,1	1,9	1,7	5,3	6,4	7,5	7,5	8,5
0,5	0,7	2	3	4	5	3,0	2,6	2,4	2,3	6,1	7,9	9,7	9,7	11,6
0,5	0,6	2	3	4	5	3,6	3,3	3,2	3,1	7,1	9,9	12,8	12,8	15,6

Continua...

Tabela 7. Continuação.

$r_{gg} = 0,80 \quad F = 2,78$													
h_g^2	r_{ge}	$n = 2$	$n = 3$	$n = 4$	$n = 5$	$l, n = 2$	$l, n = 3$	$l, n = 4$	$l, n = 5$	$n = 2x$ $l, n = 2$	$n = 3x$ $l, n = 3$	$n = 4x$ $l, n = 4$	$n = 5x$ $l, n = 5$
0,2	1	2	3	4	5	3,6	2,4	1,8	1,4	7,1	7,1	7,1	7,1
0,2	0,9	2	3	4	5	3,7	2,5	1,9	1,6	7,3	7,5	7,7	7,9
0,2	0,8	2	3	4	5	3,8	2,7	2,1	1,8	7,6	8,0	8,4	8,9
0,2	0,7	2	3	4	5	3,9	2,9	2,3	2,0	7,9	8,6	9,4	10,2
0,2	0,6	2	3	4	5	4,1	3,2	2,7	2,4	8,3	9,5	10,7	11,9
0,3	1	2	3	4	5	2,1	1,4	1,0	0,8	4,1	4,1	4,1	4,1
0,3	0,9	2	3	4	5	2,2	1,5	1,2	1,0	4,3	4,5	4,7	4,9
0,3	0,8	2	3	4	5	2,3	1,7	1,4	1,2	4,6	5,0	5,5	5,9
0,3	0,7	2	3	4	5	2,5	1,9	1,6	1,4	4,9	5,7	6,4	7,2
0,3	0,6	2	3	4	5	2,7	2,2	1,9	1,8	5,3	6,5	7,7	8,9
0,4	1	2	3	4	5	1,3	0,9	0,7	0,5	2,7	2,7	2,7	2,7
0,4	0,9	2	3	4	5	1,4	1,0	0,8	0,7	2,9	3,1	3,3	3,5
0,4	0,8	2	3	4	5	1,6	1,2	1,0	0,9	3,1	3,6	4,0	4,4
0,4	0,7	2	3	4	5	1,7	1,4	1,2	1,1	3,4	4,2	5,0	5,7
0,4	0,6	2	3	4	5	1,9	1,7	1,6	1,5	3,9	5,0	6,2	7,4
0,5	1	2	3	4	5	0,9	0,6	0,4	0,4	1,8	1,8	1,8	1,8
0,5	0,9	2	3	4	5	1,0	0,7	0,6	0,5	2,0	2,2	2,4	2,6
0,5	0,8	2	3	4	5	1,1	0,9	0,8	0,7	2,2	2,7	3,1	3,6
0,5	0,7	2	3	4	5	1,3	1,1	1,0	1,0	2,5	3,3	4,1	4,8
0,5	0,6	2	3	4	5	1,5	1,4	1,3	1,3	3,0	4,1	5,3	6,5

Continua...

Tabela 7. Continuação.

$r_{gg} = 0,70$ $F = 1,96$													
h_g^2	r_{ge}	$n = 2$	$n = 3$	$n = 4$	$n = 5$	$l, n = 2$	$l, n = 3$	$l, n = 4$	$l, n = 5$	$n = 2x$ $l, n = 2$	$n = 3x$ $l, n = 3$	$n = 4x$ $l, n = 4$	$n = 5x$ $l, n = 5$
0,2	1	2	3	4	5	1,9	1,3	4,0	0,8	3,8	3,8	16,0	3,8
0,2	0,9	2	3	4	5	2,0	1,4	4,0	0,9	3,9	4,1	16,0	4,3
0,2	0,8	2	3	4	5	2,0	1,4	4,0	1,0	4,1	4,3	16,0	4,8
0,2	0,7	2	3	4	5	2,1	1,6	4,0	1,1	4,3	4,7	16,0	5,5
0,2	0,6	2	3	4	5	2,2	1,7	4,0	1,3	4,5	5,1	16,0	6,4
0,3	1	2	3	4	5	1,1	0,7	4,0	0,4	2,2	2,2	16,0	2,2
0,3	0,9	2	3	4	5	1,2	0,8	4,0	0,5	2,3	2,5	16,0	2,7
0,3	0,8	2	3	4	5	1,2	0,9	4,0	0,6	2,5	2,7	16,0	3,2
0,3	0,7	2	3	4	5	1,3	1,0	4,0	0,8	2,7	3,1	16,0	3,9
0,3	0,6	2	3	4	5	1,4	1,2	4,0	1,0	2,9	3,5	16,0	4,8
0,4	1	2	3	4	5	0,7	0,5	4,0	0,3	1,4	1,4	16,0	1,4
0,4	0,9	2	3	4	5	0,8	0,6	4,0	0,4	1,5	1,7	16,0	1,9
0,4	0,8	2	3	4	5	0,8	0,6	4,0	0,5	1,7	1,9	16,0	2,4
0,4	0,7	2	3	4	5	0,9	0,8	4,0	0,6	1,9	2,3	16,0	3,1
0,4	0,6	2	3	4	5	1,0	0,9	4,0	0,8	2,1	2,7	16,0	4,0
0,5	1	2	3	4	5	0,5	0,3	4,0	0,2	1,0	1,0	16,0	1,0
0,5	0,9	2	3	4	5	0,5	0,4	4,0	0,3	1,1	1,2	16,0	1,4
0,5	0,8	2	3	4	5	0,6	0,5	4,0	0,4	1,2	1,4	16,0	1,9
0,5	0,7	2	3	4	5	0,7	0,6	4,0	0,5	1,4	1,8	16,0	2,6
0,5	0,6	2	3	4	5	0,8	0,7	4,0	0,7	1,6	2,2	16,0	3,5

Número l de locais por tratamento com o uso da média de m colheitas em cada planta

A confiabilidade ($r_{\hat{g}g}^2$; quadrado da acurácia) da avaliação genotípica com o uso da média de m colheitas de n plantas (repetições) e l locais por tratamento genético é dada por:

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{h_m^2}{h_m^2 + \frac{h_m^2(1-r_{ge})}{lr_{ge}} + \frac{\left(1 - h_m^2 - \frac{h_m^2(1-r_{ge})}{r_{ge}}\right)}{nl}}$$

em que r_{ge} é a correlação genotípica através dos locais, dada por:

$$r_{ge} = \frac{h_m^2}{(h_m^2 + c_{ge}^2)}$$

em que c_{ge}^2 é o coeficiente de determinação dos efeitos da interação G x E.

O número l de locais de experimentação, necessário para atingir a confiabilidade $r_{\hat{g}g}^2 = 0,81$ (acurácia 0,90) é dado por:

$$l = \frac{r_{\hat{g}g}^2 \left[\frac{\left(1 - h_m^2 - \frac{h_m^2(1-r_{ge})}{r_{ge}}\right)}{nh_m^2} + \frac{(1-r_{ge})}{r_{ge}} \right]}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)}$$

Em *C. canephora*, para as características produção, altura, diâmetro e incidência de ferrugem, têm-se os seguintes valores: $h_m^2 = 0,29, 0,65, 0,41$ e $0,65$; $n = 10, 3, 6$ e 3 , respectivamente (Tabela 4). Os valores de l para $r_{ge} = 0,70$ foram 3, 2, 3 e 2; para $r_{ge} = 0,80$ foram 2, 2, 2 e 2; para $r_{ge} = 0,90$ foram 1, 1, 1 e 1; e para $r_{ge} = 1,00$ foram 1, 1, 1 e 1 para os quatro caracteres, respectivamente (Tabela 4). Na Tabela 4, são apresentadas as recomendações para a experimentação ótima no melhoramento genético de *C. canephora*.

Com correlação genética (r_{ge}) através dos ambientes igual a 0,70, avaliação em 3 locais, 3 colheitas (anos) por planta, recomenda-se n igual a 10 repetições e, portanto, um total de 30 plantas por tratamento. De outro modo, com n igual a 10 repetições, recomenda-se l igual a 3 locais.

Coletânea de estimativas de herdabilidades para *Coffea canephora*

Nas Tabelas 8 e 9, são apresentadas estimativas de herdabilidades individuais para *C. canephora* obtidas de literatura.

Tabela 8. Estimativas de herdabilidades individuais no sentido amplo (h_g^2) e restrito (h_a^2) para *Coffea canephora*, obtidas de literatura.

Característica	$h_g^{2(1)}$	$h_g^{2(2)}$	$h_g^{2(3)}$	$h_a^{2(3)}$
Vigor vegetativo	0,07	0,05	0,39	0,16
Incidência de ferrugem	0,14	0,07	0,27	0,21
Incidência de cercóspora	0,08	0,09	-	-
Altura da planta	0,04	0,07	0,48	0,16
Diâmetro da copa	0,03	0,05	0,19	0,04
Época de maturação dos frutos	0,16	0,19	0,27	0,21
Tamanho do fruto	0,25	0,29	0,02	0,02
Produção por planta	0,06	0,06	0,10	0,00

(¹)Conilon; (²)Robusta; (³)Híbridos.

Fonte: Alkimim et al. (2021).

Tabela 9. Estimativas de herdabilidades individuais no sentido amplo (h_g^2) e restrito (h_a^2) para *Coffea canephora*, obtidas de literatura.

Característica	h_g^2	h_a^2	Referência
Vigor vegetativo	-	0,13	Montagnon et al. (1998)
Vigor vegetativo	-	0,48	Montagnon et al. (1998)
Produção	-	0,20	Montagnon et al. (1998)
Produção	0,43	0,32	Montagnon et al. (2012)
Produção	-	0,21	Leroy et al. (1994)
Altura da planta	-	0,37	Leroy et al. (1994)
Diâmetro do caule	-	0,24	Leroy et al. (1994)
Incidência de ferrugem	-	0,20	Leroy et al. (1994)

Os valores médios da herdabilidade no sentido restrito para *C. canephora* foram os seguintes: 0,26 para vigor vegetativo; 0,18 para produção; 0,30 para altura da planta; 0,24 para incidência de ferrugem. Os valores utilizados na Tabela 4 foram os seguintes: 0,21 para produção; 0,37 para altura da planta; 0,24 para diâmetro do caule; e 0,21 para incidência de ferrugem. Esses valores são coerentes com as médias de literatura obtidas.

Coletâneas de estimativas de herdabilidade para *Coffea arabica*

Estimativas de herdabilidades individuais para café arábica são apresentadas nas Tabelas 10 e 11.

Tabela 10. Estimativas de herdabilidades individuais no sentido amplo (h_g^2) e restrito (h_a^2) para café arábica, obtidas de literatura.

Característica	h_g^2	h_a^2	Referência
Diâmetro do caule	0,13	-	Walyaro e Van Der Vossen (1979)
Circunferência do caule	0,35	-	Walyaro e Van Der Vossen (1979)
Número de ramos primários	0,08	-	Walyaro e Van Der Vossen (1979)
Número de frutos por nó	0,08	-	Walyaro e Van Der Vossen (1979)
Inflorescências por nó	0,10	-	Walyaro e Van Der Vossen (1979)
Flores por inflorescências	0,10	-	Walyaro e Van Der Vossen (1979)
Peso de frutos/árvore*	0,17	-	Walyaro e Van Der Vossen (1979)
Altura da planta	0,49	0,37	Cilas et al. (1998)
Diâmetro do caule	0,22	0,01	Cilas et al. (1998)
Número de ramos primários	0,16	0,04	Cilas et al. (1998)
Peso de frutos/árvore**	0,40	0,26	Cilas et al. (1998)
Diâmetro do caule	0,12	0,06	Resende et al. (2001)
Altura da planta	0,05	0,03	Resende et al. (2001)

Fonte: Resende et al. (2001).

Os valores da Tabela 11 foram calculados a partir da herdabilidade ao nível de médias ($h_m^2 = r_{gg}^2$) de repetições, apresentadas por Kitila et al. (2011), para o café arábica na Etiópia.

As seguintes expressões foram utilizadas (ver tópico Prova da Relação entre Acurácia e Teste F):

$$\text{teste } F = \frac{1}{1 - r_{gg}^2} : \text{valor do teste F de Snedecor};$$

$$h^2 = \frac{F - 1}{(F - 1) + n}, \text{ herdabilidade individual no sentido restrito};$$

em que r_{gg}^2 é a confiabilidade e n é o número de blocos, que, no referido trabalho, foi igual a 2.

Tabela 11. Estimativas de herdabilidades individuais no sentido restrito (h_a^2) para café arábica, projetadas para endogamia $F = 0$.

Característica	h_m^2	Teste F	h_a^{2L}	h_a^2
Comprimento do grão	0,7629	4,2176	0,62	0,31
Largura do grão	0,6508	2,8637	0,48	0,24
Comprimento do fruto	0,6457	2,8225	0,48	0,24
Largura do fruto	0,6457	2,8225	0,48	0,24
Espessura do fruto	0,4078	1,6886	0,26	0,13
Peso de 100 grãos	0,8113	5,2994	0,68	0,34
Altura da planta	0,6357	2,7450	0,47	0,23
Diâmetro do caule	0,3209	1,4725	0,19	0,1
Ângulo do ramo primário	0,4860	1,9455	0,32	0,16
Número de nós no caule principal	0,5559	2,2517	0,38	0,19
Comprimento médio do ramo primário	0,1603	1,1909	0,09	0,04
Comprimento médio do entrenó no ramo primário	0,5008	2,0032	0,33	0,17
Número de ramos primários	0,5609	2,2774	0,39	0,19
Número de ramos secundários	0,6808	3,1328	0,52	0,26
Porcentagem de ramos primários	0,1030	1,1148	0,05	0,03
Comprimento da folha	0,3879	1,6337	0,24	0,12
Largura da folha	0,5497	2,2207	0,38	0,19
Área da folha	0,4821	1,9309	0,32	0,16
Altura até o primeiro ramo primário	0,6006	2,5038	0,43	0,21
Produtividade	0,2748	1,3789	0,16	0,08

Fonte: Kitila et al. (2011).

Os valores médios da herdabilidade no sentido restrito para arábica foram os seguintes: 0,08 para diâmetro do caule; 0,17 para produção; 0,23 para altura da planta. Os valores utilizados na Tabela 7 para *C. canephora* foram os seguintes: 0,21 para produção; 0,37 para altura da planta; 0,24 para diâmetro do caule; e 0,20 para incidência de ferrugem. Esses valores são coerentes com as médias de literatura obtidas para ambas as espécies.

Para utilização dos resultados das simulações determinísticas (avaliação numérica) visando determinar o número de repetições e de locais para cada grau de herdabilidade, consideraram-se alguns valores médios e de amplitude das estimativas de literatura. Assim, para inferir esses números para a característica produção de grãos, tomou-se como válido o valor paramétrico 0,20 para a herdabilidade individual no sentido restrito, 0,30 para a altura da planta, 0,20 para diâmetro do caule e 0,25 para incidência de ferrugem. Inferiu-se também sobre os valores necessários de repetições para os cenários de herdabilidades 0,10 e 0,60, em cujo intervalo, provavelmente, enquadra-se a maioria dos caracteres.

Derivação dos estimadores da acurácia

Acurácia e relação com outras medidas de qualidade em estatística experimental

A qualidade da avaliação genética deve, preferencialmente, ser inferida com base na acurácia. Além disso, em experimentos balanceados, pode ser utilizada a estatística F de Snedecor, apresentada por Resende e Duarte (2007). Sendo $r_{\hat{g}g} = (1-1/F)^{1/2}$, a expressão matemática que relaciona os valores apropriados de F com a acurácia exigida é dada por: $F = 1/(1 - \hat{r}_{\hat{g}g}^2)$. Para atingir uma acurácia de 90%, um valor F igual a 5,26 deve ser perseguido. Assim, esse deve ser um valor de referência em experimentos de avaliação de VCU (Valor de Cultivo e Uso). Esse valor independe da espécie e da característica avaliada e, portanto, pode ser considerado um valor padrão para qualquer espécie e característica.

Esta estatística contempla, simultaneamente, o coeficiente de variação experimental (CV_e), o número de repetições (n) e o coeficiente de variação genotípica (CV_g). A expressão $F = 1 + (nCV_g^2/CV_e^2)$ mostra isso. Embora tradicionalmente usado para avaliar a qualidade experimental, o coeficiente de variação experimental sozinho não é adequado para isso. Os três parâmetros são necessários, porque a acurácia depende deles simultaneamente, como pode ser visto pela expressão alternativa

$$\hat{r}_{\hat{g}g} = \left\{ 1/[1 + (CV_e^2/CV_g^2)/n] \right\}^{1/2}.$$

Para o processo de seleção em programas de melhoramento genético, valores de acurácia acima de 70% devem ser perseguidos. Isso é equivalente a valores de F aproximadamente maiores que 2. Portanto, valores de F menores que 2 fornecem baixa acurácia seletiva. Outra estatística comumente calculada no contexto da avaliação genética proposta por Vencovsky (1987) é o coeficiente de variação relativa ($CV_r = CV_g / CV_e$). Ao fixar o número de repetições ou indivíduos por tratamento, a magnitude do coeficiente de variação relativa (CV_r) pode ser usada para inferir sobre a acurácia e precisão na avaliação genética. Com $n = 2$, um $CV_r > 1$ fornece alta acurácia.

Prova da relação entre acurácia e teste F

A partir da análise de variância, a acurácia pode ser expressa em termos de componentes de variância (usados por Fisher, Kempthorne, Henderson e Robertson) ou coeficientes de correlação intraclasse (coeficientes de determinação ou proporções entre componentes de variância, usados por Lush e Wright). Uma ilustração da análise de variância para tratamentos genéticos de efeitos aleatórios é apresentada a seguir.

Fonte de variação	E(QM)*	E(QM)*	F
Tratamento	$\sigma_e^2 + n\sigma_g^2$	$[(1 - h^2) + nh^2]\sigma_y^2$	$1 + n \frac{h^2}{1 - h^2}$
Erro	σ_e^2	$(1 - h^2)\sigma_y^2$	-

*: esperança de quadrados médios em termos de componentes de variância;
 +: esperança de quadrados médios em termos de coeficientes de correlação intraclasse ou de determinação; σ_e^2 : variância residual; σ_g^2 : variância genética; σ_y^2 : variância fenotípica; n : número de repetições.

Ao nível de indivíduo (plantas perenes) ou parcela (plantas anuais), F é dado por $F = 1 + n \frac{h^2}{1 - h^2}$, ou $F = 1 + \frac{n}{\lambda} = \frac{\lambda + n}{\lambda}$, em que $\lambda = \frac{(1 - h^2)}{h^2}$ é o fator de *shrinkage*. Verifica-se que F será maior que 1 somente se h^2 for maior que zero. Uma vez que $F - 1 = n \frac{h^2}{1 - h^2}$, o número de re-

petições é dado por: $n = (F - 1) \frac{(1 - h^2)}{h^2} = (F - 1)\lambda$. A significância de F indica que h^2 é diferente de zero. Aumentar o número n de repetições aumenta o valor e o poder do teste F na detecção da significância e também aumenta a confiabilidade ou herdabilidade ao nível das médias de tratamento dadas por $h_m^2 = 1 - \frac{1}{F}$ e a acurácia seletiva dada por $r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{1}{F}}$ (Resende; Duarte, 2007). Os componentes de variância permitem estimar a herdabilidade ou os coeficientes de determinação ao nível de parcelas individuais e médias de tratamento, dados por $h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma^2}$ e $r_{\hat{g}g}^2 = h_m^2 = \frac{nh^2}{1 + (n - 1)h^2}$, respectivamente. A h^2 também pode ser estimada por $h^2 = \frac{CV_r^2}{CV_r^2 + 1} = \frac{1}{1 + 1/CV_r^2}$ e por $h^2 = \frac{F - 1}{(F - 1) + n}$, sendo estimada como uma função de F e n .

Alta confiabilidade e acurácia podem ser alcançadas usando um número adequado de repetições ou indivíduos (n) por tratamento. Um $F = 5,2632$ é alcançado, por exemplo, com $n = 6,39$, para $h^2=0,4$. Pode-se inferir que $h^2=0,4$ e $n = 6$ fornecem alta acurácia ($r_{\hat{g}g} = 0,90$). A partir da $r_{\hat{g}g}^2$ desejada e de acordo com a herdabilidade da característica (h^2), n é dado por:

$$n = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (1 - h^2)}{h^2 (1 - r_{\hat{g}g}^2)} = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (1 - h^2)}{(1 - r_{\hat{g}g}^2) h^2}.$$

Yan et al. (2015) usaram a mesma abordagem para obter n , mas fixaram $r_{\hat{g}g}^2$ em 0,75, o que levou a resultados mais restritos. Além disso, eles não expressaram os resultados em termos da herdabilidade individual.

Tamanhos amostrais para detecção de significâncias dos efeitos de tratamentos

Livros de estatística (Snedecor; Cochran, 1967; Steel; Torrie, 1980) fornecem a expressão geral para calcular o tamanho amostral necessário (n) para detecção de significâncias dos efeitos de tratamentos, dado por $n = \left[(z_\alpha + z_\beta)^2 \sigma_D^2 \right] / \delta^2$, em que z_α e z_β são valores das funções distribuições acumuladas dos erros tipo I (α) e tipo II (β), sob testes de hipótese unilateral; σ_D^2 é a variância da diferença entre as médias de dois tratamentos; e δ é o tamanho da diferença real entre duas médias que se pretende declarar como significativa. A quantidade $(1 - \beta)$ é a probabilidade (poder) de que o experimento apresente uma diferença significativa entre as médias dos tratamentos. Poderes de 80% e 90% são comuns e adequados na prática. A variância σ_D^2 é função da variância residual (dada como uma função de $1 - h^2$) e δ^2 pode ser tomada como a diferença ao quadrado entre um efeito e o ponto zero de massa (dado como uma função de h^2). Wearden (1959) usou algo semelhante a isso.

Tem-se então $n = (z_\alpha + z_\beta)^2 (1 - h^2) / h^2$ e comparando com $n = (F - 1)(1 - h^2) / h^2$ (topico anterior), tem-se $(F - 1) = (z_\alpha + z_\beta)^2 = NCP$, que é o parâmetro de não centralidade. Os valores de $(z_\alpha + z_\beta)^2$ foram determinados por Snedecor e Cochran (1967) e são apresentados a seguir.

Tem-se também $(z_\alpha + z_\beta)^2 = \frac{n}{\lambda} = \frac{nh^2}{1 - h^2}$.

(1 - β)	$(z_\alpha + z_\beta)^2$ em teste unilateral para níveis de significância α		
	0,01	0,05	0,1
0,80	10,0	6,2	4,5
0,90	13,0	8,6	6,6
0,95	15,8	10,8	8,6

Com $\alpha = 5\%$ e $\beta = 90\%$, $NCP = 8,6$ e $F = 9,6$, portanto $r_{\hat{g}g}^2 = 0,90$ e $r_{\hat{g}g} = 0,95$; com $\alpha = 5\%$ e $\beta = 80\%$, $NCP = 6,2$ e $F = 7,2$, portanto $r_{\hat{g}g}^2 = 0,86$ e $r_{\hat{g}g} = 0,93$; e com $\alpha = 5\%$ e $\beta = 80\%$, $NCP = 4,5$ e $F = 5,5$, portanto $r_{\hat{g}g}^2 = 0,82$ e $r_{\hat{g}g} = 0,91$. Dessa forma, uma acurácia de 90% está associada a α igual a 10% e β igual a 80%, entre outras combinações de α e β . Um resumo desses resultados é apresentado na Tabela 12.

Tabela 12. Nível de significância e poder do teste F associado aos níveis de acurácia exigidos de 0,90, 0,93 e 0,95.

Acurácia ($r_{\hat{g}g}$)	$r_{\hat{g}g}^2$	Significância (Erro Tipo I: α)	Confiança ($1 - \alpha$)	Poder ($1 - \beta$)	Erro Tipo II (β)	Teste F
0,90	0,82	0,10	0,90	0,80	0,20	5,5
0,93	0,86	0,05	0,95	0,80	0,20	7,2
0,95	0,90	0,05	0,95	0,90	0,10	9,6

Pode-se observar que, para realizar um experimento com poder ($1 - \beta$) desejado de 0,90 do teste F e significância de 0,05, deve-se buscar uma acurácia de 0,95. Nesse caso, a probabilidade de detectar uma verdadeira diferença entre os genótipos é de 0,90, quando o nível de significância é fixado em 0,05. Existe uma proximidade entre a acurácia e o nível de confiança ($1 - \alpha$), conforme esperado. Lee e Bjornstad (2013) mostraram que teste de hipótese equivale a predição de efeitos aleatórios discretos. Pawitan e Lee (2020) adicionalmente mostraram que confiança é verossimilhança e que a densidade de confiança é, de fato, uma verossimilhança estendida.

Além disso, uma relação entre o poder e o coeficiente de determinação ($r_{\hat{g}g}^2$) parece existir, para esses altos valores de acurácia. O coeficiente de determinação também é chamado de redução proporcional do erro (Linder, 1951; Ceapoiu, 1968) e é mais uma medida de proporção de coincidência, acertos, correção ou eficácia.

Estimador geral para a acurácia

A acurácia ($r_{\hat{g}g}$) é um coeficiente de correlação, dado por:

$$\begin{aligned} r_{\hat{g}g} &= \text{cov}(\hat{g}, g) / [\text{var}(\hat{g})\text{var}(g)]^{1/2}; \\ r_{\hat{g}g} &= \text{var}(g) / [\text{var}(\hat{g})\text{var}(g)]^{1/2}; \\ r_{\hat{g}g} &= [\text{var}(g)]^{(1/2)} / [\text{var}(\hat{g})]^{1/2}. \end{aligned} \quad \text{[Equação 1]}$$

Expressa em termos de confiabilidade (acurácia ao quadrado ou herdabilidade ao nível de médias de tratamentos - h_m^2) da estimação/predição, tem-se para o caso de experimento único:

$$\begin{aligned} r_{\hat{g}g}^2 &= \text{var}(g) / \text{var}(\hat{g}); \\ r_{\hat{g}g}^2 &= h_m^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2/n} = \frac{nh^2}{1 + (n-1)h^2}, \end{aligned} \quad \text{[Equação 2]}$$

em que $h^2 = \frac{\sigma_g^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_e^2)}$ é a herdabilidade ao nível de parcela ou plantas individuais e n é o número de repetições. [Equação 3]

Equações para a confiabilidade e n para ensaio em ambiente único

Expressão para a confiabilidade seletiva (acurácia ao quadrado):

$$r_{\hat{g}g}^2 = h_m^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2/n} = \frac{nh^2}{1 + (n-1)h^2} \quad \text{[Equação 2]}$$

ou:

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{nh^2}{1 + (n-1)h^2} = \frac{n}{n + [(1-h^2)/h^2]} = \frac{n}{n + \lambda}, \quad \text{[Equação 4]}$$

em que $\lambda = [(1-h^2)/h^2] = \sigma_e^2/\sigma_g^2$ é o fator de *shrinkage* nas equações de modelos mistos para o BLUP de g . [Equação 5]

A confiabilidade depende de n e da herdabilidade individual.

Expressão para o número de replicação (n) em um experimento considerando a herdabilidade de uma determinada característica (h^2) e a confiabilidade seletiva desejada, derivada do isolamento de n na Equação 2:

$$n = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (1 - h^2)}{h^2 (1 - r_{\hat{g}g}^2)} = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (1 - h^2)}{(1 - r_{\hat{g}g}^2) h^2}, \quad [\text{Equação 6}]$$

ou:

$$n = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (1 - h^2)}{(1 - r_{\hat{g}g}^2) h^2} = \frac{r_{\hat{g}g}^2}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)} \lambda. \quad [\text{Equação 7}]$$

O número n depende da confiabilidade esperada/desejada (acurácia ao quadrado) e da herdabilidade.

Equações para a confiabilidade e n para ensaios multiambientes

Expressão para a confiabilidade seletiva (acurácia ao quadrado) para avaliação em ensaios multiambientes:

$$r_{\hat{g}g}^2 = h_m^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{ge}^2}{l} + \frac{\sigma_e^2}{nl}} = \frac{h_g^2}{h_g^2 + \frac{c_{ge}^2}{l} + \frac{(1 - h_g^2 - c_{ge}^2)}{nl}}. \quad [\text{Equação 8}]$$

Correlação genética através dos locais (Dickerson, 1962):

$$r_{ge} = \frac{\sigma_g^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2)}. \quad [\text{Equação 9}]$$

Coefficiente de determinação dos efeitos de interação G x E (Resende et al., 1998; Resende; Alves, 2020):

$$c_{ge}^2 = \frac{h_g^2 (1 - r_{ge})}{r_{ge}}. \quad [\text{Equação 10}]$$

Coefficiente de proporção de interação G x E para variâncias genotípicas (Resende et al., 1998; Resende; Alves, 2020):

$$\frac{\sigma_{ge}^2}{\sigma_g^2} = \frac{(1 - r_{ge})}{r_{ge}}. \quad [\text{Equação 11}]$$

Expressão para o número de repetição (n) em ensaios multiambientes dada a herdabilidade da característica (h^2), confiabilidade seletiva desejada ($r_{\hat{g}g}^2$) e número de locais (l), derivado pelo isolamento de n na Equação 12:

$$n = \frac{r_{\hat{g}g}^2(1 - h_g^2 - c_{ge}^2)}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)lh_g^2 - r_{\hat{g}g}^2c_{ge}^2}, \quad \text{[Equação 12]}$$

em que:

$$c_{ge}^2 = \frac{h_g^2(1 - r_{ge})}{r_{ge}}. \quad \text{[Equação 10]}$$

Assim,

$$n = \frac{r_{\hat{g}g}^2(r_{ge} - h_g^2)}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)lh_g^2r_{ge} - r_{\hat{g}g}^2h_g^2(1 - r_{ge})}, \quad \text{[Equação 13]}$$

Se na Equação 12, $c_{ge}^2 = 0$ e $l = 1$, a Equação 12 equivale à Equação 6. Se na Equação 13, $r_{ge} = 1$ e $l = 1$, a Equação 13 equivale à Equação 6.

O número n depende da confiabilidade (acurácia ao quadrado), herdabilidade, l e r_{ge} .

Número de locais em ensaios multiambientes via médias de variedade por local

Tomando a expressão para a confiabilidade seletiva (acurácia ao quadrado) em testes multiambientes (Resende, 2007; Yan, 2021):

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{h_g^2}{h_g^2 + \frac{c_{ge}^2}{l}} = \frac{l r_{ge}}{1 + (l - 1)r_{ge}}, \quad \text{[Equação 14]}$$

$$l = \frac{r_{\hat{g}g}^2(1 - r_{ge})}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)r_{ge}}. \quad \text{[Equação 15]}$$

Número de locais (l) em ensaios multiambientes

Expressão para a confiabilidade seletiva (acurácia ao quadrado) em testes multiambientes:

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{h_g^2}{h_g^2 + \frac{c_{ge}^2}{l} + \frac{(1 - h_g^2 - c_{ge}^2)}{nl}}. \quad \text{[Equação 8]}$$

Expressão para o número de locais (l) em experimentos multiambientes para uma característica com dada herdabilidade (h^2), confiabilidade seletiva desejada e número de replicações (n), derivada do isolamento de l na Equação 8:

$$l = \frac{r_{\hat{g}g}^2 \left[\frac{(1 - h_g^2 - c_{ge}^2)}{nh_g^2} + (c_{ge}^2/h_g^2) \right]}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)} = \frac{r_{\hat{g}g}^2 \left[\frac{(\sigma_e^2)}{n(\sigma_g^2)} + \frac{(\sigma_{ge}^2)}{(\sigma_g^2)} \right]}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)} = \frac{r_{\hat{g}g}^2 \left[\frac{(\lambda_1)}{n} + (\lambda_2) \right]}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)}, \text{ [Equação 16]}$$

em que:

$$c_{ge}^2 = \frac{h_g^2(1 - r_{ge})}{r_{ge}}, \text{ [Equação 10]}$$

Assim, l torna-se:

$$l = \frac{r_{\hat{g}g}^2 \left[\frac{(1 - h_g^2 - c_{ge}^2)}{nh_g^2} + \frac{(1 - r_{ge})}{r_{ge}} \right]}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)} = \frac{r_{\hat{g}g}^2 \left[\frac{\left(1 - h_g^2 - \frac{h_g^2(1 - r_{ge})}{r_{ge}}\right)}{nh_g^2} + \frac{(1 - r_{ge})}{r_{ge}} \right]}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)}. \text{ [Equação 17]}$$

Se $n =$ infinito;

$$l = \frac{r_{\hat{g}g}^2}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)} \frac{(1 - r_{ge})}{r_{ge}}, \text{ [Equação 18]}$$

que deriva de

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{h_g^2}{h_g^2 + \frac{c_{ge}^2}{l}} = \frac{l r_{ge}}{1 + (l-1)r_{ge}}. \text{ [Equação 14]}$$

O número l depende da confiabilidade (acurácia ao quadrado), herdabilidade, r_{ge} e n .

Relações entre acurácia e teste F em experimentos únicos

Anova para F em experimentos únicos.

Fonte de variação	E(QM)*	E(QM)*	F
Tratamentos	$\sigma^2 + n\sigma_g^2$	$[(1 - h^2) + nh^2]\sigma_y^2$	$1 + n \frac{h^2}{1 - h^2}$
Erro	σ^2	$(1 - h^2)\sigma_y^2$	—

$$h_g^2 = \frac{((F - 1))}{(F - 1) + n}. \quad \text{[Equação 19]}$$

Expressão para a confiabilidade seletiva (acurácia ao quadrado):

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{nh^2}{1 + (n - 1)h^2} = 1 - 1/F. \quad \text{[Equação 20]}$$

Número de replicações (n) para experimentos únicos por meio do teste F:

$$n = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (1 - h^2)}{h^2 (1 - r_{\hat{g}g}^2)} = \frac{r_{\hat{g}g}^2 (1 - h^2)}{(1 - r_{\hat{g}g}^2) h^2} = \frac{(1 - 1/F) (1 - h^2)}{(1/F) h^2} = \frac{(1 - 1/F)}{(1/F)} \lambda. \quad \text{[Equação 21]}$$

O número de repetições (n) depende do teste F e da herdabilidade (λ).

Relações entre acurácia e teste F em experimentos multiambientes

Equivalência entre alguns parâmetros G x E e teste F (Resende et al., 1998):

$$\frac{\sigma_{ge}^2}{\sigma_g^2} = \left(1 - \frac{1}{F^*}\right) l = \frac{l F^* - 1}{F^* F - 1}. \quad \text{[Equação 22]}$$

$$r_{ge} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ge}^2} = \frac{(F - 1)}{(F - 1) + l \left(1 - \frac{1}{F^*}\right)} = \frac{(F - 1)}{(F - 1) + \left(l - \frac{l}{F^*}\right)}. \quad \text{[Equação 23]}$$

Anova para F e F^* em experimentos multiambientes.

Fonte de variação	QM	E(QM)	Teste F
Locais (L)	—	—	—
Genótipos (G)	Q_1	$\sigma^2 + n\sigma_{g^*l}^2 + nl\sigma_g^2$	$F = Q_1/Q_2$
G x L	Q_2	$\sigma^2 + n\sigma_{g^*l}^2$	$F^* = Q_2/Q_3$
Erro	Q_3	σ^2	—

n e l : números de repetições e de locais, respectivamente.

Anova: exemplo.

Fonte de variação	QM	E(QM)	Teste F
Locais (L)	—	—	—
Genótipos (G)	6371256,4	$\sigma^2 + n\sigma_{g*l}^2 + nl\sigma_g^2$	F = 17,22
G x L	369900,9	$\sigma^2 + n\sigma_{g*l}^2$	F* = 2,49
Erro	148356,9	σ^2	—

n e l : números de repetições e de locais, respectivamente.

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{h_g^2}{h_g^2 + \frac{c_{ge}^2}{l} + \frac{(1-h_g^2-c_{ge}^2)}{nl}} = 1-1/F \quad \text{[Equação 24]}$$

$$h_g^2 = \frac{1}{1 + \frac{(1-r_{ge})}{r_{ge}} + \frac{(1/F^*)bl}{F-1}} \quad \text{[Equação 25]}$$

A h_g^2 depende do teste F, r_{ge} (Equação 23, em termos de F) n e l .

Número de repetições (b) em ensaios multiambientes via teste F

Estimadores da confiabilidade (acurácia ao quadrado), herdabilidade e r_{ge} , via teste F:

$$r_{\hat{g}g*}^2 = 1 - 1/F, \quad \text{[Equação 24]}$$

$$r_{ge} = \frac{(F-1)}{(F-1) + l\left(1 - \frac{1}{F^*}\right)}, \quad \text{[Equação 23]}$$

$$h_g^2 = \frac{1}{1 + \frac{(1-r_{ge})}{r_{ge}} + \frac{(1/F^*)bl}{F-1}}, \quad \text{[Equação 25]}$$

$$h_g^2 = \frac{1}{1 + \frac{\left(1 - \frac{(F-1)}{(F-1) + l\left(1 - \frac{1}{F^*}\right)}\right)}{(F-1) + l\left(1 - \frac{1}{F^*}\right)} + \frac{(1/F^*)nl}{F-1}} \quad \text{[Equação 26]}$$

Espécies perenes com medidas repetidas: acurácia, número de repetições e teste F

Expressão para a confiabilidade seletiva (acurácia ao quadrado) quando a herdabilidade é desconhecida (seleção para efeitos individuais permanentes f):

$$r_{ff}^2 = \frac{m\rho}{1 + (m - 1)\rho}. \quad [\text{Equação 27}]$$

Expressão para o número de medidas necessárias (m):

$$m = \frac{r_{ff}^2 (1 - \rho)}{\rho (1 - r_{ff}^2)} = \frac{r_{ff}^2 (1 - \rho)}{(1 - r_{ff}^2) \rho}. \quad [\text{Equação 28}]$$

O número m depende da confiabilidade (acurácia ao quadrado) e da repetibilidade.

Expressão para a confiabilidade seletiva (acurácia ao quadrado) quando a herdabilidade é conhecida (seleção para efeitos genéticos individuais g):

$$r_{gg}^2 = \frac{mh^2}{1 + (m - 1)\rho}. \quad [\text{Equação 29}]$$

Expressão para o número de medidas necessárias (m) para uma característica com dada herdabilidade (h^2) e confiabilidade seletiva desejada, derivada pelo isolamento de m na Equação 29:

$$m = \frac{r_{gg}^2(1-\rho)}{h^2 - \rho r_{gg}^2}. \quad [\text{Equação 30}]$$

O número m depende da confiabilidade (acurácia ao quadrado), repetibilidade e herdabilidade.

Expressão para a confiabilidade seletiva (acurácia ao quadrado) para avaliação em várias medidas (m) e repetições (n).

Sem interação G x M:

$$r_{gg}^2 = \frac{nmh^2}{1 + (m - 1)\rho + (n - 1)mh^2}. \quad [\text{Equação 31}]$$

Com interação G x M:

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{nmh^2}{1 + (n-1)c_{gm}^2 + (m-1)c_{gb}^2 + (nm-1)h^2}. \quad [\text{Equação 32}]$$

Ou usando o coeficiente de determinação de efeitos permanentes:

$$c_{gb}^2 = (\rho - h^2), \quad [\text{Equação 33}]$$

tem-se:

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{nmh^2}{1 + (n-1)c_{gm}^2 + (m-1)\rho + (n-1)mh^2}, \quad [\text{Equação 34}]$$

em que:

$$c_{gm}^2 = \frac{h^2(1 - r_{gm})}{r_{gm}}. \quad [\text{Equação 35}]$$

Também pode ser expressa como:

$$r_{\hat{g}g}^2 = \frac{nmh^2}{1 + (n-1)\frac{h^2(1 - r_{gm})}{r_{gm}} + (m-1)\rho + (m-1)nh^2}. \quad [\text{Equação 36}]$$

Tamanho amostral para seleção genômica

Dados genômicos são especialmente úteis para seleção genômica (GS) precoce, que permite a seleção na fase de plântula visando ao ganho genético na fase adulta (Resende et al., 2008; Grattapaglia; Resende, 2011). Com GS:

$$\begin{aligned} r_{\hat{g}g}^2 &= nh^2 / (nh^2 + nQTL) = nh^2 / (nh^2 + me) \\ &= nh^2 / (nh^2 + 2N_e L) = nh^2 / (nh^2 + L/F) \end{aligned}$$

em que n é o número de indivíduos genotipados e fenotipados, L é o tamanho do genoma (em Morgans) da espécie e F é o coeficiente de endogamia da população. Para um desejado $r_{\hat{g}g}^2$, h^2 e $nQTL$, n pode ser determinado como segue. A partir de $r_{\hat{g}g}^2 = \frac{nh^2}{nh^2 + 2N_e L}$, obtém-se $n = \frac{r_{\hat{g}g}^2}{(1 - r_{\hat{g}g}^2)} \frac{2N_e L}{h^2}$.

N para alguns cenários são apresentados na Tabela 13.

Tabela 13. Tamanho amostral (n) para a seleção genômica com variáveis acurácias (r_{gg}) e em função de diferentes tamanhos efetivos (N_e) e herdabilidades dos caracteres (h^2) para uma espécie com tamanho do genoma $L = 13$ em Morgan.

$N_e = 10, L = 13$	$r_{gg} = 0,90$		$r_{gg} = 0,80$		$r_{gg} = 0,70$		$r_{gg} = 0,60$		$r_{gg} = 0,50$		$r_{gg} = 0,40$	
h^2	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL
0,05	1.705	22.168	711	9.244	384	4.996	225	2.925	133	1.733	76	990
0,10	853	11.084	356	4.622	192	2.498	113	1.463	67	867	38	495
0,15	568	7.389	237	3.081	128	1.665	75	975	44	578	25	330
0,20	426	5.542	178	2.311	96	1.249	56	731	33	433	19	248
0,25	341	4.434	142	1.849	77	999	45	585	27	347	15	198
0,30	284	3.695	119	1.541	64	833	38	488	22	289	13	165
0,35	244	3.167	102	1.321	55	714	32	418	19	248	11	141
0,40	213	2.771	89	1.156	48	625	28	366	17	217	10	124
0,45	189	2.463	79	1.027	43	555	25	325	15	193	8	110
0,50	171	2.217	71	924	38	500	23	293	13	173	8	99
0,60	142	1.847	59	770	32	416	19	244	11	144	6	83
0,70	122	1.583	51	660	27	357	16	209	10	124	5	71
0,80	107	1.386	44	578	24	312	14	183	8	108	5	62
0,90	95	1.232	40	514	21	278	13	163	7	96	4	55
0,95	90	1.167	37	487	20	263	12	154	7	91	4	52

Continua...

Tabela 13. Continuação.

h^2	$r_{gg} = 0,90$		$r_{gg} = 0,80$		$r_{gg} = 0,70$		$r_{gg} = 0,60$		$r_{gg} = 0,50$		$r_{gg} = 0,40$	
	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL
0,05	3.411	44.337	1.422	18.489	769	9.992	450	5.850	152	1.981	152	1.981
0,10	1.705	22.168	711	9.244	384	4.996	225	2.925	133	1.733	76	990
0,15	1.137	14.779	474	6.163	256	3.331	150	1.950	89	1.156	51	660
0,20	853	11.084	356	4.622	192	2.498	113	1.463	67	867	38	495
0,25	682	8.867	284	3.698	154	1.998	90	1.170	53	693	30	396
0,30	568	7.389	237	3.081	128	1.665	75	975	44	578	25	330
0,35	487	6.334	203	2.641	110	1.427	64	836	38	495	22	283
0,40	426	5.542	178	2.311	96	1.249	56	731	33	433	19	248
0,45	379	4.926	158	2.054	85	1.110	50	650	30	385	17	220
0,50	341	4.434	142	1.849	77	999	45	585	27	347	15	198
0,60	284	3.695	119	1.541	64	833	38	488	22	289	13	165
0,70	244	3.167	102	1.321	55	714	32	418	19	248	11	141
0,80	213	2.771	89	1.156	48	625	28	366	17	217	10	124
0,90	189	2.463	79	1.027	43	555	25	325	15	193	8	110
0,95	180	2.334	75	973	40	526	24	308	14	182	8	104

Continua...

Tabela 13. Continuação.

h^2	$r_{gg} = 0,90$		$r_{gg} = 0,80$		$r_{gg} = 0,70$		$r_{gg} = 0,60$		$r_{gg} = 0,50$		$r_{gg} = 0,40$	
	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL
0,05	5.116	66.505	2.133	27.733	1.153	14.988	675	8.775	400	5.200	229	2.971
0,10	2.558	33.253	1.067	13.867	576	7.494	338	4.388	200	2.600	114	1.486
0,15	1.705	22.168	711	9.244	384	4.996	225	2.925	133	1.733	76	990
0,20	1.279	16.626	533	6.933	288	3.747	169	2.194	100	1.300	57	743
0,25	1.023	13.301	427	5.547	231	2.998	135	1.755	80	1.040	46	594
0,30	853	11.084	356	4.622	192	2.498	113	1.463	67	867	38	495
0,35	731	9.501	305	3.962	165	2.141	96	1.254	57	743	33	424
0,40	639	8.313	267	3.467	144	1.874	84	1.097	50	650	29	371
0,45	568	7.389	237	3.081	128	1.665	75	975	44	578	25	330
0,50	512	6.651	213	2.773	115	1.499	68	878	40	520	23	297
0,60	426	5.542	178	2.311	96	1.249	56	731	33	433	19	248
0,70	365	4.750	152	1.981	82	1.071	48	627	29	371	16	212
0,80	320	4.157	133	1.733	72	937	42	548	25	325	14	186
0,90	284	3.695	119	1.541	64	833	38	488	22	289	13	165
0,95	269	3.500	112	1.460	61	789	36	462	21	274	12	156

Continua...

Tabela 13. Continuação.

h^2	$r_{gg} = 0,90$		$r_{gg} = 0,80$		$r_{gg} = 0,70$		$r_{gg} = 0,60$		$r_{gg} = 0,50$		$r_{gg} = 0,40$	
	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL
0,05	8.526	11.0842	3.556	46.222	1.922	24.980	1.125	14.625	667	8.667	381	4.952
0,10	4.263	55.421	1.778	23.111	961	12.490	563	7.313	333	4.333	190	2.476
0,15	2.842	36.947	1.185	15.407	641	8.327	375	4.875	222	2.889	127	1.651
0,20	2.132	27.711	889	11.556	480	6.245	281	3.656	167	2.167	95	1.238
0,25	1.705	22.168	711	9.244	384	4.996	225	2.925	133	1.733	76	990
0,30	1.421	18.474	593	7.704	320	4.163	188	2.438	111	1.444	63	825
0,35	1.218	15.835	508	6.603	275	3.569	161	2.089	95	1.238	54	707
0,40	1.066	13.855	444	5.778	240	3.123	141	1.828	83	1.083	48	619
0,45	947	12.316	395	5.136	214	2.776	125	1.625	74	963	42	550
0,50	853	11.084	356	4.622	192	2.498	113	1.463	67	867	38	495
0,60	711	9.237	296	3.852	160	2.082	94	1.219	56	722	32	413
0,70	609	7.917	254	3.302	137	1.784	80	1.045	48	619	27	354
0,80	533	6.928	222	2.889	120	1.561	70	914	42	542	24	310
0,90	474	6.158	198	2.568	107	1.388	63	813	37	481	21	275
0,95	449	5.834	187	2.433	101	1.315	59	770	35	456	20	261

Continua...

Tabela 13. Continuação.

h^2	$r_{gg} = 0,90$		$r_{gg} = 0,80$		$r_{gg} = 0,70$		$r_{gg} = 0,60$		$r_{gg} = 0,50$		$r_{gg} = 0,40$	
	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL
0,05	17.053	221.684	7.111	92.444	3.843	49.961	2.250	29.250	1.333	17.333	762	9.905
0,10	8.526	110.842	3.556	46.222	1.922	24.980	1.125	14.625	667	8.667	381	4.952
0,15	5.684	73.895	2.370	30.815	1.281	16.654	750	9.750	444	5.778	254	3.302
0,20	4.263	55.421	1.778	23.111	961	12.490	563	7.313	333	4.333	190	2.476
0,25	3.411	44.337	1.422	18.489	769	9.992	450	5.850	267	3.467	152	1.981
0,30	2.842	36.947	1.185	15.407	641	8.327	375	4.875	222	2.889	127	1.651
0,35	2.436	31.669	1.016	13.206	549	7.137	321	4.179	190	2.476	109	1.415
0,40	2.132	27.711	889	11.556	480	6.245	281	3.656	167	2.167	95	1.238
0,45	1.895	24.632	790	10.272	427	5.551	250	3.250	148	1.926	85	1.101
0,50	1.705	22.168	711	9.244	384	4.996	225	2.925	133	1.733	76	990
0,60	1.421	18.474	593	7.704	320	4.163	188	2.438	111	1.444	63	825
0,70	1.218	15.835	508	6.603	275	3.569	161	2.089	95	1.238	54	707
0,80	1.066	13.855	444	5.778	240	3.123	141	1.828	83	1.083	48	619
0,90	947	12.316	395	5.136	214	2.776	125	1.625	74	963	42	550
0,95	898	11.668	374	4.865	202	2.630	118	1.539	70	912	40	521

Continua...

Tabela 13. Continuação.

h^2	$r_{gg} = 0,90$		$r_{gg} = 0,80$		$r_{gg} = 0,70$		$r_{gg} = 0,60$		$r_{gg} = 0,50$		$r_{gg} = 0,40$	
	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL	n	nL
0,05	85.263	1.108.421	35.556	462.222	19.216	249.804	11.250	146.250	6.667	86.667	3.810	49.524
0,10	42.632	554.211	17.778	231.111	9.608	124.902	5.625	73.125	3.333	43.333	1.905	24.762
0,15	28.421	369.474	11.852	154.074	6.405	83.268	3.750	48.750	2.222	28.889	1.270	16.508
0,20	21.316	277.105	8.889	115.556	4.804	62.451	2.813	36.563	1.667	21.667	952	12.381
0,25	17.053	221.684	7.111	92.444	3.843	49.961	2.250	29.250	1.333	17.333	762	9.905
0,30	14.211	184.737	5.926	77.037	3.203	41.634	1.875	24.375	1.111	14.444	635	8.254
0,35	12.180	158.346	5.079	66.032	2.745	35.686	1.607	20.893	952	12.381	544	7.075
0,40	10.658	138.553	4.444	57.778	2.402	31.225	1.406	18.281	833	10.833	476	6.190
0,45	9.474	123.158	3.951	51.358	2.135	27.756	1.250	16.250	741	9.630	423	5.503
0,50	8.526	110.842	3.556	46.222	1.922	24.980	1.125	14.625	667	8.667	381	4.952
0,60	7.105	92.368	2.963	38.519	1.601	20.817	938	12.188	556	7.222	317	4.127
0,70	6.090	79.173	2.540	33.016	1.373	17.843	804	10.446	476	6.190	272	3.537
0,80	5.329	69.276	2.222	28.889	1.201	15.613	703	9.141	417	5.417	238	3.095
0,90	4.737	61.579	1.975	25.679	1.068	13.878	625	8.125	370	4.815	212	2.751
0,95	4.488	58.338	1.871	24.327	1.011	13.148	592	7.697	351	4.561	201	2.607

A Tabela 13 relata o tamanho amostral (n/Morgan) adequado para cenários que envolvem várias combinações de herdabilidade (h^2) e tamanho efetivo populacional (Ne), para valores desejados de acurácia seletiva (r_{gg}). Escolhendo acurácia de 70%, para uma característica com h^2 igual a 0,20, em uma população de tamanho efetivo (Ne) igual a 20, o n requerido por Morgan é igual a 192 indivíduos genotipados e fenotipados. Considerando uma espécie com tamanho de genoma (L) igual a 13, tem-se que $nL = 192 * 13 = 2.498$ indivíduos. Para outras espécies, o tamanho amostral a ser adotado é obtido realizando-se a operação nL , no caso, 533 vezes o respectivo L da espécie.

Conclusões

Quanto ao tamanho de parcela, verificou-se que o uso de parcelas maiores que uma planta tende a ser desvantajoso. Pode ser aceitável apenas na situação de c^2 (coeficiente de determinação dos efeitos de parcela) próximo de zero e com os tamanhos de parcela menores ou iguais a cinco. Nesse caso, com c^2 igual a 0,05 a acurácia reduz-se de 0,90 para 0,88 quando se passa de $k = 1$ para $k = 5$.

Quanto ao número de colheitas por planta, para a obtenção de uma confiabilidade (r_{ff}^2) = 0,81, foram determinados os valores $m = 3; 5; 5$ e 13 para as características produção, altura, diâmetro e incidência de ferrugem, respectivamente, quando foram consideradas as seguintes estimativas de repetibilidade: $\rho = 0,60; 0,46; 0,47$ e 0,25.

Para características com h^2 igual a 0,20, para atingir acurácia (r_{gg}) igual a 0,90 requer-se n igual a 17 repetições com parcelas de uma só planta. Essa recomendação é válida para as características produção de grãos, diâmetro do caule, altura da planta, diâmetro da copa e resistência à ferrugem, as quais, segundo a literatura, tem apresentado estimativas de herdabilidade individual em torno de 0,20.

Para características com h^2 igual a 0,20, correlação genética através dos locais de 0,80 e número de locais (l) igual a 3 e para atingir acurácia igual a 0,90, são requeridos n iguais a 8,3 por local. Assim, no total de locais

são requeridas $8,3 * 3 = 24,9$ repetições de cada material genético em toda rede experimental. Essa recomendação é válida para as características produção de grãos, diâmetro do caule, altura da planta, diâmetro da copa e resistência à ferrugem.

Referências

- ALKIMIM, E. R.; CAIXETA, E. T.; SOUSA, T. V.; GOIS, I. B.; SILVA, F. L.; SAKIYAMA, N. S.; ZAMBOLIM, L.; ALVES, R. S.; RESENDE, M. D. V. Designing the best breeding strategy for *Coffea canephora*: Genetic evaluation of pure and hybrid individuals aiming to select for productivity and disease resistance traits. **PLoS ONE**, v. 16, n. 12, e0260997, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0260997>.
- ANDRADE, V. T.; GONÇALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R.; BOTELHO, C. E. Statistical modeling implications for coffee progenies selection. **Euphytica**, v. 207, p. 177-189, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-015-1561-6>.
- BAXEVANOS, D.; KORPETIS, E.; IRAKLI, M.; TSIALTAS, I. T. Evaluation of a durum wheat selection scheme under Mediterranean conditions: adjusting trial locations and replications. **Euphytica**, v. 213, article number 82, 2017a. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-017-1871-y>.
- BAXEVANOS, D.; TSIALTAS, J.; VLACHOSTERGIOS, D.; GOULAS, C. Optimum replications and locations for cotton cultivar trials under Mediterranean conditions. **The Journal of Agricultural Sciences**, v. 155, p. 1553-1564, 2017b. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0021859617000648>.
- BONNOT, F. Dispositifs expérimentaux et taille des parcelles dans les essais de sélection sur plantes pérennes. In: SÉMINAIRE DE BIOMÉTRIE ET DE GÉNÉTIQUE QUANTITATIVE, 1994, Montpellier. **Traitements statistiques des essais de sélection: stratégies d'amélioration des plantes pérennes: actes**. Montpellier: Cirad-CP, 1995. p. 161-172.
- BOUHARMONT, P. La variété Java: un caféier Arabica sélectionné au Cameroun. **Plantations, Recherche, Développement**, v. 1, n. 1, p. 38-45, 1994.
- BRAGANÇA, S. M.; CARVALHO, C. H. S. de; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, R. G. Variedades clonais de café conilon para o Estado do Espírito Santo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 5, p. 765-770, maio 2001. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2001000500006>.
- CARVALHO, A.; MONACO, L. C.; ANTUNES FILHO, H. Melhoramento do cafeeiro XV: variabilidade observada em progênies de café. **Bragantia**, v. 18, n. 26, p. 373-386, 1959. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87051959000100026>.
- CEAPOIU, N. **Metode statistice aplicate in experientele agricole si biologice**. Bucuresti: Editura Agro-Silvica, 1968. 550 p.
- CILAS, C.; BOUHARMONT, P.; BOCCARA, M.; ESKES, A. B.; BARADAT, P. Prediction of genetic value for coffee production in *Coffea arabica* from a half-diallel with lines and hybrids. **Euphytica**, v. 104, p. 49-59, 1998. DOI: <https://doi.org/10.1023/A:1018635216182>.

DIAS, L. A. S.; RESENDE, M. D. V. Estratégias e métodos de seleção. In: DIAS, L. A. S. (org.). **Melhoramento genético do cacauero**. Viçosa, MG: Funape, 2001. p. 217-287.

DICKERSON, G. E. Implications of genetic-environmental interaction in animal breeding. **Animal Science**, v. 4, n. 1, p. 47-63, Feb. 1962. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0003356100034395>.

DUBLIN, P. L'amélioration du caféier Robusta en République Centrafricaine: des années de sélection clonale. **Café Cacao Thé**, v. 11, p. 101-138, 1967.

FERRÃO, R. G.; FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A.; VOLPI, P. S.; VERDIN FILHO, A. C.; PACOVA, B. E. V.; FERRÃO, L. F. V. *Coffea canephora* Breeding. In: FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, M. A. G.; DE MUNER, L. H. (ed.). **Conilon coffee**. 3. ed. Vitória, ES: Incaper, 2019. p. 145-201.

FERWERDA, F. P. Breeding of *Coffea canephora*. In: FERWERDA, F. P.; WIT, F. (ed.). **Coffee: Coffea arabica L. and Coffea canephora Pierre ex Froehner**. Wageningen: Agricultural University, 1969. p. 216-241. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF02859068>.

FERWERDA, F. P. Coffee breeding in java. **Economy Botany**, v. 2, p. 258-272, 1948.

FISHER, R. A. **Statistical methods for research workers**. Edinburgh: Oliver and Boyd, 1925. 239 p.

GEORGE, N.; LUNDY, M. Quantifying genotype × environment effects in long-term common wheat yield trials from an agroecologically diverse production region. **Crop Science**, v. 59, n. 5, p. 1960-1972, 2019. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2019.01.0010>.

GOMES, F. P. **A estatística moderna na pesquisa agropecuária**. Piracicaba: Potafos, 1985. 160 p.

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

KITILA, O.; ALAMEREW, S.; KUFA, T.; GAREDEW, W. Variability of quantitative traits in Limmu coffee (*Coffea arabica* L.) in Ethiopia. **International Journal of Agricultural Research**, v. 6, n. 6, p. 482-493, 2011. DOI: <https://doi.org/10.3923/ijar.2011.482.493>.

LEE, Y.; BJORNSTAD, J. F. Extended likelihood approach to large-scale multiple testing. **Journal of the Royal Statistical Society: series B (statistical methodology)**, v. 75, n. 3, p. 553-575, Jan. 2013. DOI: <https://doi.org/10.1111/rssb.12005>.

LEROY, T.; MONTAGNON, C.; CILAS, C.; CHARRIER, A.; ESQUES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora*. II. Estimation of genetic parameters. **Euphytica**, v. 74, p. 121-128, 1994. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00033776>.

LINDER, A. **Statistische Methoden. Für Naturwissenschaftler, Mediziner und Ingenieure**. Basel: Verlag Birkhäuser, 1951.

MEIER, V. D.; LESSMAN, K. J. Estimation of optimum field plot shape and size for testing yield in *Crambe abyssinica* Hochst. **Crop Science**, v. 11, n. 5, p. 648-650, 1971. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1971.0011183X001100050013x>.

MONTAGNON, C.; CUBRY, P.; LEROY, T. Amélioration génétique du caféier *Coffea canephora* Pierre: connaissances acquises, stratégies et perspectives. **Cahiers Agricultures**, v. 21, p. 2-3, p. 143-153, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1684/agr.2012.0556>.

MONTAGNON, C.; FLORI, A.; CILAS, C. A new method to assess competition in coffee clonal trials with single-tree plots in Côte d'Ivoire. **Agronomy Journal**, v. 93, n. 1, p. 227-231, 2001. DOI: <https://doi.org/10.2134/agronj2001.931227x>.

MONTAGNON, C.; LEROY, T.; ESKES, A. B. Amélioration variétale de *Coffea canephora* L. I. Critères et méthodes de sélection. **Plantations, Recherche, Développement**, v. 5, n. 1, p. 18-28, 1998.

MORAES, B. F. X. de; TOLEDO, F. H. R. B.; DIAS, K. O. das G.; ANDRADE, V. T.; FERREIRA, D. F.; GONÇALVES, F. M. A. Plot size for evaluation of Arabica coffee yield. **Acta Scientiarum: agronomy**, v. 41, n. 1, e42712, Jan./Dec. 2019. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v41i1.42712>.

PAWITAN, Y.; LEE, Y. Confidence as likelihood. **Statistical Science**, v. 36, n. 4, p. 509-517, 2020. <https://doi.org/10.1214/20-STS811>.

PEARCE, S. C. **Field experimentation with fruit trees and other perennial plants**. Farnham Royal: CAB, 1976. 182 p. (Technical communication, 23).

PEREIRA, T. B.; FELICORI, J. P. C.; BOTELHO, C. E.; RESENDE, M. D. V. de; REZENDE, J. C.; MENDES, A. N. G. Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Bragantia**, v. 72, n. 3, p. 230-236, 2013a. DOI: <https://doi.org/10.1590/brag.2013.031>.

PEREIRA, T. B.; MENDES, A. N. G.; BOTELHO, C. E.; REZENDE, J. C. de; VILELA, D. J. M.; RESENDE, M. D. V. de. Seleção de progênies F4 de cafeeiros obtidas de cultivares do grupo Icatu. **Coffee Science**, v. 8, n. 3, p. 337-346, jul./set. 2013b. DOI: <http://www.sbicafe.ufv.br:80/handle/123456789/7987>.

PETEK, M. R.; SERA, T.; FONSECA, I. C. de B. Predição de valores genéticos aditivos na seleção visando obter cultivares de café mais resistentes à ferrugem. **Bragantia**, v. 67, p. 133-140, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052008000100016>.

PIRES, F. R.; SILVA, F. D. P.; SANTANA, S. L.; COGO, F. D.; CAMPOS, K. A. Tamanho de parcelas em ensaios com mudas de cafeeiro do cultivar Mundo Novo IAC-379-19. **Intercursos Revista Científica**, v. 15, n. 2, p. 128-136, jul./dez. 2016.

RESENDE, M. D. V. de. Delineamento de experimentos de seleção para a maximização da acurácia seletiva e progresso genético. **Revista Árvore**, v. 19, p. 479-500, 1995.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética quantitativa e de populações**. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2015. 463 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 490 p.

- RESENDE, M. D. V. de; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, article n. 11, p. 121-152, July/Dec. 2020. DOI: <https://doi.org/10.35418/2526-4117/v2n2a1>.
- RESENDE, M. D. V. de; ALVES, R. S. Statistical significance, selection accuracy, and experimental precision in plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, n. 3, e42712238, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332022v22n3a31>.
- RESENDE, M. D. V. de; ARAUJO, A. J. de; SAMPAIO, P. de T. B.; WIECHETECK, M. S. S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variância de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. hondurensis. **Revista Floresta**, v. 24, p. 35-45, 1995. DOI: <http://dx.doi.org/10.5380/rf.v25i12.6444>.
- RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, jul./set. 2007. Disponível em: <https://revistas.ufg.br/pat/article/view/1867>. Acesso em: 26 jul. 2022.
- RESENDE, M. D. V. de; FURLANI-JUNIOR, E.; MORAES; M. L. T. de; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052001000300005>.
- RESENDE, M. D. V. de; MORA, A. L.; HIGA, A. R.; PALUDZYSZYN FILHO, E. Efeito do tamanho amostral na estimativa da herdabilidade em espécies perenes. **Floresta**, v. 28, n. 1/2, 1998. DOI: <https://doi.org/10.5380/rf.v28i12.2307>.
- RESENDE, M. D. V. de; SILVA, F. F. e; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional**: modelos mistos, multivariados, categorias e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTLGWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. Viçosa, MG: Ed. da UFV, 2014. 882 p.
- RESENDE, M. D. V.; LOPES, P. S.; SILVA, R. L.; PIRES, I. E. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 56, p. 63-78, 2008. Disponível em: <https://pfb.cnpf.embrapa.br/pfb/index.php/pfb/article/view/63>. Acesso em: 26 jul. 2022.
- RODRIGUES, W. P.; VIEIRA, H. D.; BARBOSA, D. H. S. G.; SOUSA FILHO, G. R.; CANDIDO, L. S. Adaptability and genotypic stability of *Coffea arabica* genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, p. 2391-2399, 2013. DOI: <https://doi.org/10.4238/2013.July.15.2>.
- SMITH, F. H. An empirical law describing heterogeneity in the yields of agricultural crops. **The Journal of Agricultural Science**, v. 28, n. 1, p. 1-23, Jan. 1938. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0021859600050516>.
- SNEDECOR, G. W.; COCHRAN, W. R. **Statistical methods**. 6th ed. Ames: Iowa State University Press, 1967. 274 p.
- STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics**: a biometrical approach. 2nd ed. New York: McGraw-Hill, 1980.

STORCK, L.; LOPES, S. J.; DAL'COL LÚCIO, L.; CARGNELUTTI FILHO, A. Optimum plot size and number of replications related to selective precision. **Ciência Rural**, v. 41, n. 3, p. 390-396, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782011000300005>.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATEMIANI, E.; VIEGAS, G. P. (ed.). **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, p. 137-214.

VIEIRA JÚNIOR, I. C.; SILVA, C. P. da; NUVUNGA, J. J.; BOTELHO, C. E.; GONÇALVES, F. M. A.; BALESTRE, M. Mixture mixed models: biennial growth as a latent variable in coffee bean progenies. **Crop Science**, v. 59, n. 4, p. 1424-1441, 2019. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.02.0141>.

WALYARO, D. J.; VAN DER VOSSEN, H. A. M. Early determination of yield potential in arabica coffee by applying index selection. **Euphytica**, v. 28, p. 465-472, 1979. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00056606>.

WEARDEN, S. The use of the power function to determine an adequate number of progeny per sire in a genetic experiment involving half-sibs. **Biometrics**, v. 15, n. 3, p. 417-423, Sept. 1959. DOI: <https://doi.org/10.2307/2527746>.

WOYANN, L. G.; ZDZIARSKI, A. D.; ZANELLA, R.; ROSA, A. C.; CONTE, J.; MEIRA, D.; LINDOLFO STORCK, L.; BENIN, G. Optimal number of replications and test locations for soybean yield trials in Brazil. **Euphytica**, v. 216, n. 11, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-019-2548-5>.

XU, N.-Y.; JIN, S.-Q.; LI, J. Designing the national cotton variety trials regarding the number of replicates and number of test locations in China. **Acta Agronomica Sinica**, v. 42, n. 1, p. 43-50, 2016. DOI: <https://doi.org/10.3724/SP.J.1006.2016.00043>.

YAN, W. Estimation of the optimal number of replicates in crop variety trials. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, p. 590-762, Jan. 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.590762>.

YAN, W.; FRÉGEAU-REID, J.; MARTIN, R.; PAGEAU, D.; MITCHELL-FETCH, J. How many test locations and replications are needed in crop variety trials for a target region? **Euphytica**, v. 202, p. 361-372, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-014-1253-7>.

ZHANG, Y.; XU, N. Y.; GUO, L. L.; YANG, Z. G.; ZHANG, X. Q.; YANG, X. N. Optimization of test locations number and replication number in regional winter wheat variety trials in northern China. **Acta Agronomica Sinica**, v. 46, n. 8, p. 166-1173, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3724/SP.J.1006.2020.91069>.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

