MATE SELECTION EM CAFÉ CONILON PARA GANHO GENÉTICO COM CONTROLE DE ENDOGAMIA

[1] Lidiane dos Santos Gomes Oliveira, [1] Matheus Alves Silva, [2] Diego Pereira do Couto, [1] Rodrigo Sobreira Alexandre, [1] Marcia Flores da Silva Ferreira, [1] Adesio Ferreira

[1] Universidade Federal Espírito Santo/ Departamento de Agronomia, Alto Universitário, s/n, Guararema - 29500-000 - Alegre-ES, Brasil, lidianegomes31@gmail.com, alvesmatheuss21@gmail.com, diego_couto@hotmail.com, rodrigosobreiraalexandre@gmail.com, marcia.ferreira@ufes.br, adesioferreira@gmail.com.
[2] Instituto Federal do Espirito Santo, Rive - Alegre-ES, Brasil, diego_couto@hotmail.com

Resumo
Este trabalho teve como objetivo aplicar uma estratégia de mate selection, integrando GEBV, parentesco genômico, matriz de dominância e complementaridade alélica, para definir o plano de cruzamento ótimo entre cinco genótipos de café conilon, comparando-o ao conjunto total de combinações possíveis. Os três cruzamentos selecionados envolveram o genótipo 173_8_5, único com parentesco negativo em relação aos demais, apresentando endogamia entre -0,147 e -0,121 e maior complementaridade genética, com GEBV médio inferior, porém competitivo, frente aos cruzamentos de maior valor isolado (endogamia entre 2,50 e 2,72). Os resultados demonstram que a mate selection concilia ganho genético e controle de endogamia de forma mais eficiente do que a seleção baseada no GEBV, reforçando sua relevância para programas de melhoramento com germoplasma reduzido.

Palavras-chave: Endogamia. Mate Selection. Melhoramento.

Área do Conhecimento: Ciências Agrárias - Agronomia

Introdução

Em programas de melhoramento genético de espécies perenes como o café, a definição dos cruzamentos entre genitores é etapa determinante para o ganho genético das gerações futuras (Akpertey *et al*., 2022; Hallahan, 2024). O café conilon (*Coffea canephora*) ocupa posição de destaque nesse cenário por sua tolerância a estresses térmicos e hídricos frente ao café arábica, o que amplia o interesse por estratégias de seleção capazes de maximizar o progresso genético sem comprometer a base genética do programa (Huded & Umesha, 2026).

A seleção genômica permite estimar o valor genético genômico (GEBV) de cada genótipo com maior precisão, mas quando usada isoladamente tende a concentrar os acasalamentos entre os genótipos de maior valor genético, que frequentemente compartilham parentesco elevado, aumentando a endogamia da progênie. Em *C. canephora*, efeitos de dominância respondem por parcela expressiva da variação fenotípica, sobretudo para produtividade (Pokou *et al*., 2025), o que reforça a importância de considerar também a complementaridade genética entre genitores, e não apenas seu valor aditivo. Estratégias como mate selection têm sido propostas nesse sentido, segundo Rocha *et al*. (2025) demonstraram sua viabilidade para dirigir cruzamentos em *C. canephora*. No entanto, sua aplicação permanece pouco explorada em grupos reduzidos de genótipos, cenário comum em fases iniciais de programas de melhoramento.

Diante disso, este trabalho teve como objetivo aplicar uma estratégia de mate selection a um painel grupo pequeno de genótipos de café conilon, integrando parentesco genômico, dominância e complementaridade alélica na definição do plano de cruzamentos, e avaliar em que medida essa abordagem permite conciliar ganho genético e controle de endogamia em relação à seleção baseada exclusivamente no GEBV médio.

Metodologia

O conjunto de dados genômicos correspondeu a cinco genótipos de café conilon (A1, G59_4, 290_4_6, 173_7_5 e 173_8_5) pertencentes a um banco de germoplasma do grupo de pesquisa em Genética e Melhoramento da UFES. Os valores genéticos (GEBV) foram estimados via GBLUP. O coeficiente de endogamia de cada cruzamento foi obtido:

$$F_{ij} = \frac{G_{ij}}{2}$$

F_{ij} é o coeficiente de endogamia entre o par de genótipos i e j, G_{ij} é o valor correspondente na matriz de parentesco genômico G. Para cada uma das dez combinações de cruzamento possíveis entre os cinco genótipos avaliados, foram calculados o GEBV médio esperado da progênie, o coeficiente de endogamia estimado a partir da matriz G, uma matriz de dominância genômica (D), obtida segundo Vitezica *et al*. (2013) a partir dos efeitos de dominância dos marcadores, e um índice de complementaridade genética, definido como o percentual de marcadores em que os genitores apresentam genótipos homozigotos opostos. Como o número de combinações possíveis era reduzido, a identificação do plano de cruzamento ótimo foi por comparação direta entre todas as combinações possíveis, sem necessidade de métodos aproximados de otimização, considerando elegíveis apenas os pares com coeficiente de endogamia igual ou inferior a um limite máximo pré-estabelecido (1,0):

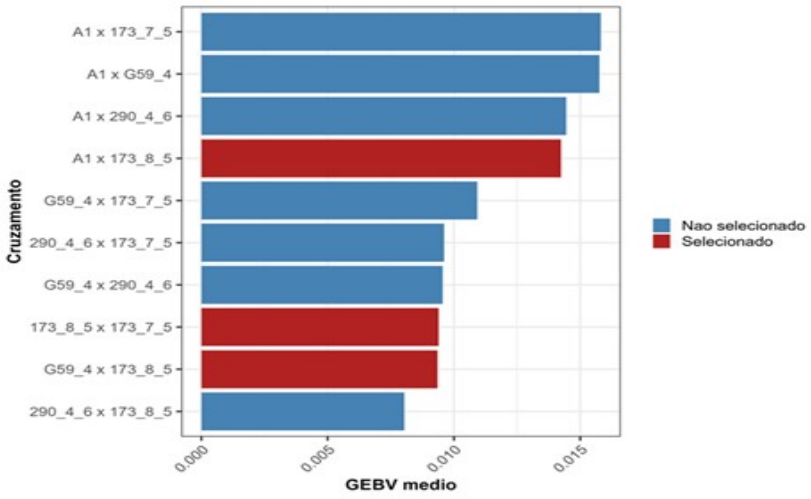
$$máx \ \Sigma \ GEBV_{ij}, \text{ sujeito a } G_{ij} \leq 1{,}0, \ \forall \ (i,j) \in S$$

em que S representa o subconjunto de três cruzamentos aptos que compõem o plano de cruzamento. Entre os subconjuntos formados por pares aptos, foi selecionado aquele que maximizou a soma dos GEBV médios esperados, o que garante a obtenção do ótimo para o critério estabelecido sem necessidade de heurísticas de otimização, dado o número reduzido de combinações possíveis. O plano de cruzamentos obtido foi comparado ao conjunto completo das dez combinações possíveis entre os cinco genótipos, quanto ao GEBV médio, à endogamia, à matriz de dominância e ao índice de complementaridade genética. Todas as análises foram conduzidas utilizando o software R (R CORE TEAM, 2025).

Resultados

Das dez combinações possíveis entre os cinco genótipos avaliados (Figura 1), os cruzamentos de maior GEBV médio foi o genótipo A1 (A1×173_7_5, GEBV = 0,01581; A1×G59_4, GEBV = 0,01576; A1×290_4_6, GEBV = 0,01445), apresentando endogamia elevada, entre 2,50 e 2,72, e valores elevados na matriz de dominância genômica (entre 7,39 e 7,75), superiores aos observados nos cruzamentos envolvendo o genótipo 173_8_5.

Figura 1 - GEBV médio por cruzamento.



Fonte: elaborado pelo próprio autor (2026).

Foi selecionado três cruzamentos para o plano ótimo de acasalamento (Tabela 1). Os três cruzamentos selecionados envolvem o genótipo 173_8_5, que apresentou parentesco negativo entre -0,147 e -0,121, valores baixos na matriz de dominância genômica e o índice de complementaridade genética do conjunto.

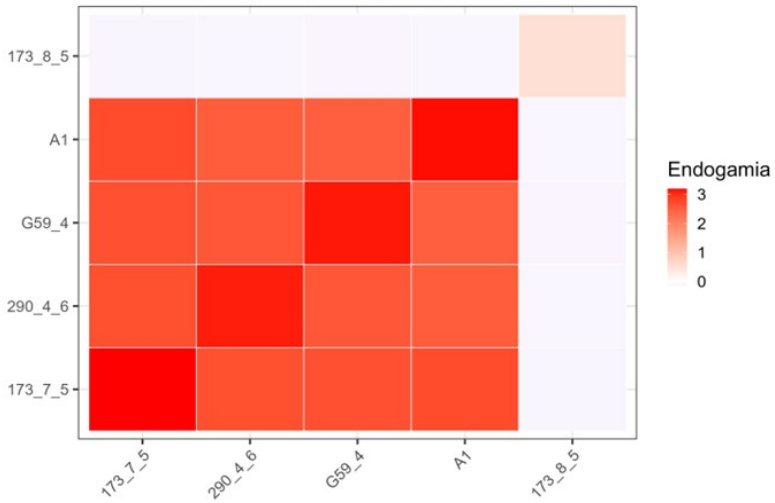
Tabela 1 - Cruzamentos selecionados no plano ótimo de acasalamento.

Pai	Mãe	GEBV médio	Endogamia	Dominância	Complementaridade (%)
A1	173_8_5	0,01423	-0,1214	0,1948	14,52
173_8_5	173_7_5	0,00939	-0,1388	0,1824	11,96
G59_4	173_8_5	0,00934	-0,1470	0,1348	14,48

Fonte: elaborado pelo próprio autor (2026).

A Figura 2 mostra a matriz de parentesco (endogamia) entre os cinco genótipos, indicando que o genótipo 173_8_5 é o único com parentesco negativo em relação a todos os demais.

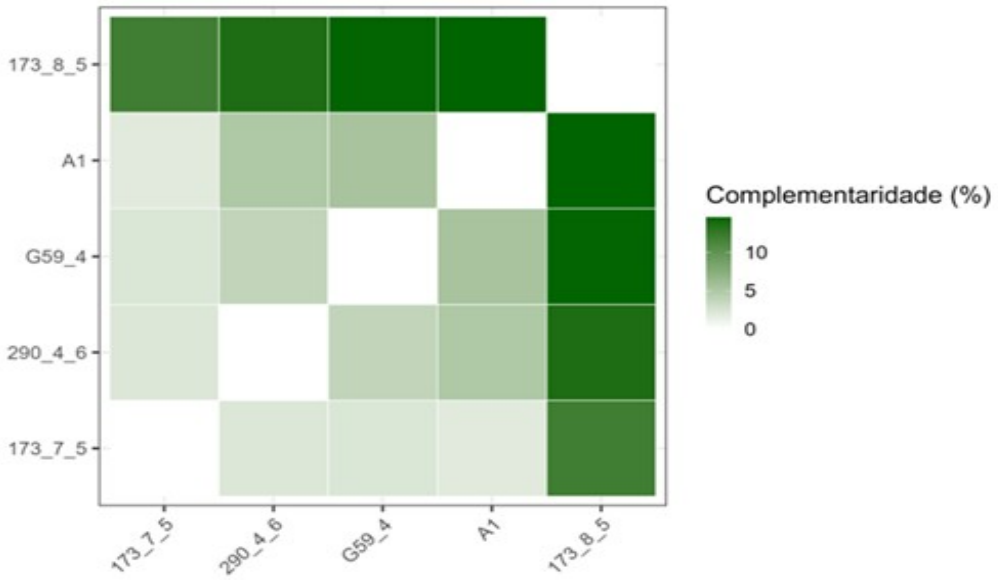
Figura 2 - Parentesco (endogamia) entre os cinco genótipos avaliados.



Fonte: elaborado pelo próprio autor (2026).

A matriz de complementaridade genética entre os genótipos, na qual os pares envolvendo 173_8_5 apresentam os maiores valores do conjunto (Figura 3).

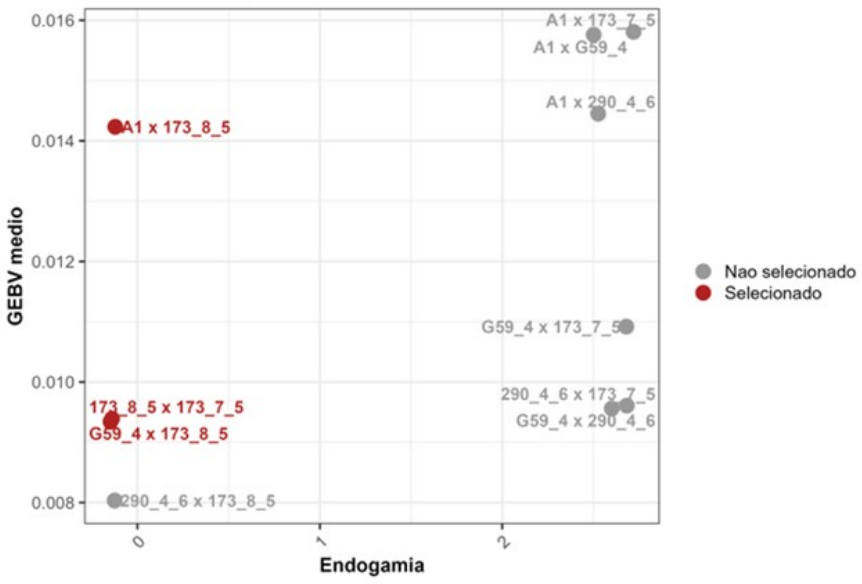
Figura 3 - Complementaridade genética entre os cinco genótipos avaliados.



Fonte: elaborado pelo próprio autor (2026).

A Figura 4 relaciona o GEBV médio de cada cruzamento à sua endogamia, indicando que os cruzamentos selecionados mantiveram GEBV competitivo associado a endogamia próxima de zero, enquanto os cruzamentos de maior GEBV apresentaram a maior endogamia do conjunto.

Figura 4 - Relação entre GEBV médio e endogamia dos cruzamentos avaliados.



Fonte: elaborado pelo próprio autor (2026).

Discussão

Os resultados mostraram que a seleção de cruzamentos baseada só no GEBV médio pode favorecer combinações entre genótipos de maior valor genético e geneticamente próximos, elevando a endogamia da progênie. Segundo Rocha *et al*. (2025), a seleção genômica pode direcionar os acasalamentos em *C. canephora* explorando o vigor híbrido sem descartar a diversidade do

germoplasma, sobretudo quando genótipos de diferentes grupos genéticos são combinados. A identificação dos três cruzamentos envolvendo o genótipo 173_8_5 exemplifica esse princípio, por ser o único genótipo com parentesco negativo em relação aos demais, ele representa a maior distância genética do conjunto, refletida em seu elevado índice de complementaridade e nos baixos valores de dominância genômica nos cruzamentos em que participa, o que confere com o conceito de complementaridade alélica do critério ECV (valor esperado do cruzamento) segundo Ahadi *et al*. (2024) e com a proposta Fernández-González *et al*. (2026), que associa o ganho de curto prazo à perda de variância aditiva. Estudos realizados por Pokou *et al*. (2025) em café conilon, demonstraram que efeitos de dominância respondem por parcela expressiva da variância fenotípica da espécie, sobretudo para produtividade, com híbridos entre grupos divergentes apresentando ganho médio de até 30% sobre os grupos parentais.

O equilíbrio entre ganho genético e controle de endogamia observado neste estudo explica por que a restrição de parentesco (G≤1,0) atuou de forma mais restritiva do que o limite estabelecido, uma vez que os três cruzamentos selecionados apresentaram endogamia entre -0,147 e -0,121, bem abaixo do teto imposto, indicando disponibilidade real de complementaridade genética no conjunto, e não apenas descarte dos pares mais próximos. Esse padrão é compatível com o observado por Goda e Isik (2024) em Pinus taeda e por Yadav *et al*. (2023) em cana-de-açúcar, nos quais a seleção por complementaridade, e não apenas por valor genético individual, reduziu a endogamia da progênie sem perda expressiva de ganho. Esse mecanismo explica por que o cruzamento A1×173_8_5 manteve GEBV médio próximo ao maior valor isolado do conjunto (perda de apenas 10% frente a A1×173_7_5), enquanto A1×G59_4 e A1×290_4_6, que também envolvem o genótipo de maior valor individual mas não 173_8_5, apresentaram endogamia entre 2,50 e 2,72, evidenciando que é a proximidade entre o restante do painel, e não o valor genético em si, que penaliza esses cruzamentos alternativos.

Essa diferença de comportamento foi descrita por Endelman (2025), que separa a Seleção por Contribuição Ótima (OCS), focada na contribuição isolada de cada candidato, da Alocação Ótima de Cruzamentos (OMA), que avalia cada par conjuntamente, explicando por que a solução obtida substitui os pares de maior GEBV isolado por 173_8_5×173_7_5 e G59_4×173_8_5, com perda de 10% a 41% de GEBV, mas maior divergência genética. Vale destacar que a distância genética do 173_8_5 não foi, isoladamente, suficiente para garantir seleção, o par 290_4_6×173_8_5 também apresentou endogamia baixa, mas foi excluído por ter o menor GEBV médio do conjunto (0,008), reforçando que o critério só recompensa a divergência genética quando acompanhada de complementaridade suficiente para sustentar o ganho, consistente com o conceito de ECV, no qual o mérito de um par depende da combinação entre distância genética e contribuição alélica favorável.

Conclusão

A aplicação da mate selection, integrando parentesco genômico, dominância e complementaridade alélica, mostrou-se mais eficiente do que a seleção baseada exclusivamente no GEBV médio para definir cruzamentos em painéis reduzidos de café conilon, permitiu conciliar ganho genético competitivo com controle efetivo da endogamia da progênie. Esses resultados reforçam a relevância de critérios de decisão que vão além do valor genético aditivo isolado em programas de melhoramento com germoplasma limitado.

Referências

AHADI, P.; BALASUNDARAM, B.; BORRERO, J. S.; CHEN, C.Development and optimization of expected cross value for mate selection problems. **Heredity**, v. 133, p.113–125 2024.

AKPERTEY, A.; ANIM-KWAPONG. E; ADU-GYAMFI, PKK; OFORI, A. Genetic variability for vigor and yield of robusta coffee (*Coffea canephora*) clones in Ghana. **Heliyon**, v. 8, n. 8, 2022.

ENDELMAN, J. B. Genomic prediction of heterosis, inbreeding control, and mate allocation in outbred diploid and tetraploid populations. **Genetics**, v. 229, n. 2, p.193, 2025.

FERNÁNDEZ-GONZÁLEZ, J.; METWALLY, S. M.; ISIDRO Y SÁNCHEZ, J. MateR: a novel genomic mating framework. **Genetics**, v. 232, n. 4, 2026.

GODA, K.; ISIK, F. Optimal mating of Pinus taeda L. under different scenarios using differential evolution algorithm. **Forest Science**, v. 70, n. 2, p. 123-131, 2024.

HALLAHAN, B.F. One Hundred Years of Progress and Pitfalls: Maximising Heterosis through Increasing Multi-Locus Nuclear Heterozygosity. Biology (Basel), v.13, n. 10, p.817, 2024.

HUDED, A. K. C., & Umesha, S. Molecular marker applications and functional genomics of drought tolerance in *Coffea canephora*: a comprehensive review. **Molecular biology reports**, v.53, n.340, 2026.

POKOU, N. D.; GBA, K. M. K.; LEGNATE, H.; SUELA, M. M.; MONTAGNON, C.; FERRÃO, L. F. V. Genomic insights into population structure and predictive breeding for climate-resilient coffee. **Heredity**, v. 134, p. 695-704, 2025.

ROCHA, R. B.; SUELA, M. M.; COMÉRIO, M. *et al*. Genomic-assisted selection to guide mate allocation and leverage hybrid vigor in Coffea canephora. **Tree Genetics & Genomes**, v. 21, n. 20, 2025.

VITEZICA, Z. G.; VARONA, L.; LEGARRA, A. On the additive and dominant variance and covariance of individuals within the genomic selection scope. **Genetics**, v. 195, n. 4, p. 1223-1230, 2013.

YADAV, S.; ROSS, E. M.; WEI, X.; POWELL, O. *et al*. Optimising clonal performance in sugarcane: leveraging non-additive effects via mate-allocation strategies. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, 1260517, 2023.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001. À Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Universidade Federal do Espírito Santo (UFES) e aos Laboratórios de Biometria e de Genética da UFES por todo o apoio.