PREDICAÇÃO GENÉTICA E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE *COFFEA ARABICA* PARA RESISTÊNCIA À FERRUGEM

Autores: Maíra Silva Cattem[1]. Isabella Sobreira Alexandre Assis[1]. Lucas Rangel Garcia[1]. Lidiane dos Santos Gomes Oliveira[1]. Marcia Flores da Silva Ferreira[1]. Elaine Manelli Riva[2] Adésio Ferreira[1]

[1]Universidade Federal do Espírito Santo/Centro de Ciências Agrárias e Engenharias, Alto Universitário s/n, 29500-000 - Alegre-ES, Brasil, maira_cattem@hotmail.com, isabellasobreira_a_assis@hotmail.com, lrangelgarcia@gmail.com, lidianegomes31@gmail.com, marcia.ferreira@ufes.br, adesioferreira@gmail.com
[2]Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), BR-262, km 110, Viçosinha, São João de Viçosa (Caixa Postal 40), CEP 29378-990, Brasil, elaine.riva@gmail.com

Resumo

A ferrugem, causada pelo fungo *Hemileia vastatrix*, é uma das principais doenças do cafeeiro e pode comprometer o potencial produtivo de *Coffea arabica*. Este estudo teve como objetivo estimar os valores genéticos preditos (BLUPs) e seus intervalos de confiança de 95%, visando identificar genótipos com maior resistência à ferrugem. Os dados foram analisados por modelos lineares mistos, utilizando REML/BLUP no software R, considerando a repetição como efeito fixo e o genótipo como aleatório. Foram estimados componentes de variância, parâmetros genéticos, BLUPs, erros-padrão e intervalos de confiança. A herdabilidade no sentido amplo foi moderada ($h^2 = 0,40$), com CVg de 29,67%, CVe de 36,27% e relação CVg/CVe de 0,82, indicando variabilidade genética. Os menores BLUPs foram observados nos genótipos 3, 9 e 12 (−0,71), indicando menor expressão da severidade e maior potencial de resistência, enquanto os maiores ocorreram nos genótipos 10 (1,11) e 8 (0,92). Os resultados evidenciam variabilidade genética e reforçam o REML/BLUP como ferramenta auxiliar na seleção de genótipos promissores para resistência à ferrugem.

Palavras-chave; *Hemileia vastatrix.* Modelos lineares mistos. REML/BLUP. Melhoramento genético.

Área do Conhecimento: Ciências agrárias, agronomia.

Introdução

O cafeeiro *(Coffea arabica L.*) apresenta elevada importância econômica e social para os países produtores, porém sua produtividade é condicionada por diferentes fatores bióticos e abióticos (Teran *et al*., 2025). Entre os principais problemas fitossanitários da cultura destaca-se a ferrugem do cafeeiro, causada pelo fungo biotrófico *Hemileia vastatrix* Berk. & Br., considerada uma das doenças de maior importância para a produção de café arábica (Almeida *et al*., 2024). A ocorrência da doença pode provocar redução da área foliar, desfolha e comprometimento do desenvolvimento e do potencial produtivo das plantas (Teran *et al*., 2025), tornando seu manejo um dos principais desafios dos sistemas de produção de café. A importância da doença é reforçada pela sua ampla ocorrência e pela capacidade de diferentes raças e patótipos de *H. vastatrix* afetarem materiais com diferentes níveis de resistência (Almeida *et al*., 2024).

A resistência genética constitui uma das estratégias mais importantes para o manejo da ferrugem, por apresentar potencial para reduzir a dependência do controle químico e contribuir para a sustentabilidade da produção (Teran *et al*., 2025). Entretanto, a resistência do cafeeiro à *H. vastatrix* apresenta elevada complexidade, em razão da diversidade do patógeno e da existência de diferentes fontes e mecanismos de resistência (Almeida *et al*., 2024; Teran *et al*., 2025). Nesse contexto, programas de melhoramento têm buscado ampliar a base genética da resistência e utilizar ferramentas

que auxiliem na identificação de genótipos resistentes, incluindo marcadores associados ao gene *SH3* (Silva *et al*., 2023). Abordagens recentes também têm incorporado marcadores moleculares para aumentar a eficiência da seleção de materiais resistentes (Almeida *et al*., 2024; Silva *et al.,* 2023). Almeida *et al*. (2024), por exemplo, desenvolveram um marcador molecular associado a um QTL de resistência à ferrugem e obtiveram eficiência de seleção superior a 97% para genótipos resistentes a três raças ou patótipos de *H. vastatrix*. De forma complementar, Silva *et al*. (2023) demonstraram a utilidade de marcadores ligados ao gene *SH3* na identificação de genótipos resistentes, reforçando o potencial da seleção assistida por marcadores no melhoramento do cafeeiro.

Além da base genética, a expressão da resistência pode ser influenciada pelas condições ambientais (Teran *et al*., 2025). A avaliação de variedades de *C. arabica* em diferentes locais demonstrou efeitos significativos do genótipo e da interação genótipo × ambiente sobre a resistência à ferrugem (Teran *et al*., 2025). Teran *et al*. (2025) também verificaram que algumas variedades altamente resistentes não foram necessariamente as mais estáveis entre os ambientes. Dessa forma, a identificação de genótipos geneticamente superiores requer métodos que permitam estimar a contribuição genética e, posteriormente, confirmar a estabilidade do desempenho em diferentes condições.

Nesse contexto, os modelos lineares mistos associados aos procedimentos de máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viesada (BLUP) constituem importantes ferramentas para o melhoramento de plantas perenes (Resende *et al*., 2001; Petek *et al*., 2008). A metodologia permite estimar componentes de variância e predizer valores genéticos individuais, possibilitando a comparação de genótipos e a seleção de materiais superiores com maior eficiência (Resende *et al*., 2001). Em cafeeiro, a utilização do REML/BLUP já demonstrou aplicabilidade na estimação de parâmetros genéticos e na predição de valores genotípicos (Resende *et al*., 2001). Petek *et al*. (2008) também empregaram essa abordagem especificamente na seleção de progênies de *C. arabica* quanto à resistência à ferrugem, demonstrando sua utilidade para a identificação de indivíduos geneticamente superiores. Diante disso, o objetivo deste estudo foi estimar os valores genéticos preditos (BLUPs) e avaliar a precisão das predições por meio de intervalos de confiança de 95%, visando identificar genótipos de *C. arabica* com maior potencial de resistência à ferrugem e fornecer subsídios para a seleção de materiais promissores em programas de melhoramento genético.

Metodologia

Os dados fenotípicos foram ajustados utilizando a abordagem de modelos mistos implementada no software RStudio, por meio do pacote ‘sommer’. Os componentes de variância e os parâmetros genéticos foram estimados pelo método REML, foi aplicado o seguinte modelo linear misto:

$$y_{ij} = \mu + r_i + g_j + e_{ij}$$

onde em y_{ij} é o valor observado, μ é a média geral, r_i é o efeito fixo da repetição, g_j é o efeito aleatório do genótipo e e_{ij} é o erro residual.

Foram obtidos os BLUPs (Best Linear Unbiased Predictions) para cada genótipo, e calculado o Prediction Error Variance (PEV) para cada BLUP, permitindo estimar o erro padrão e o intervalo de confiança (IC) de 95%, para avaliar a precisão das predições e a confiabilidade da seleção dos genótipos. Os ICs foram obtidos por:

$$IC = BLUP \pm 1.96 \; X \; SE$$

Foram gerados os gráficos dotplot e caterpillar plot para visualização dos valores genéticos preditos e dos intervalos de confiança de 95% (Figura 1-AB), utilizando o pacote ggplot2. O painel A apresenta a distribuição dos valores de BLUP para cada genótipo, enquanto o painel B apresenta os mesmos valores acompanhados dos respectivos intervalos de confiança de 95%. Toda a análise foi conduzida no software R (versão 4.4.2), garantindo a reprodutibilidade do procedimento.

Resultados

Os parâmetros genéticos estimados para o maior potencial de resistência à ferrugem evidenciaram variabilidade expressiva entre os genótipos avaliados. A herdabilidade no sentido amplo apresentou valor moderado ($h^2 = 0.40$). O coeficiente de variação genética (CVg = 29.67%) revelou amplitude de variação entre os genótipos, enquanto o coeficiente de variação residual (CVe = 36.27%). A razão entre CVg e CVe (0.82) indica que a variabilidade genética é expressiva, embora ligeiramente inferior à variação ambiental, o que é comum em características de resistência a doenças (Tabela 1).

Tabela 1- Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para ferrugem.

Va	Ve	h^2	Média	CVg	CVe	CVg/CVe
0.54	0.81	0.40	2.48	29.67	36.27	0.82

Os menores valores genéticos preditos (BLUPs) foram observados nos genótipos 3, 9 e 12, todos com BLUP igual a −0,71. Considerando que a característica avaliada corresponde à severidade da ferrugem, menores valores genéticos preditos estão associados à menor expressão da doença e, consequentemente, indicam maior potencial de resistência. Os genótipos 3, 9 e 12, portanto, destacaram-se como materiais promissores quanto à reação à ferrugem. Entre esses genótipos, o genótipo 9 apresentou intervalo de confiança de 95% totalmente negativo (LI = −1,06; LS = −0,37), enquanto os genótipos 3 e 12 apresentaram intervalos de confiança de −1,54 a 0,11 e de −1,06 a −0,37, respectivamente (Tabela 2). Em contraste, os maiores valores genéticos preditos foram observados nos genótipos 10 (BLUP = 1,11) e 8 (BLUP = 0,92), indicando maior expressão genética da severidade da ferrugem e, portanto, menor potencial de resistência em relação aos genótipos que apresentaram menores BLUPs. O genótipo 10 apresentou intervalo de confiança de 95% totalmente positivo (LI = 0,76; LS = 1,45), assim como o genótipo 8 (LI = 0,58; LS = 1,27), reforçando a distinção desses materiais em relação à direção da característica avaliada (Tabela 2).

Tabela 2- Valores genéticos preditos (BLUP) e intervalos de confiança para resistência à ferrugem

Genótipo	BLUP	Rank	EP	LI	LS
1	-0.17	7	0.17	-0.51	0.17
2	0.38	9	0.17	0.04	0.72
3	-0.71	1	0.42	-1.54	0.11
4	-0.35	5	0.17	-0.69	-0.01
5	-0.35	6	0.17	-0.69	-0.01
6	0.38	11	0.17	0.04	0.72
7	-0.53	4	0.17	-0.87	-0.19
8	0.92	12	0.17	0.58	1.27
9	-0.71	2	0.17	-1.06	-0.37
10	1.11	13	0.17	0.76	1.45
11	0.38	8	0.17	0.04	0.72
12	-0.71	3	0.17	-1.06	-0.37
13	0.38	10	0.17	0.04	0.72

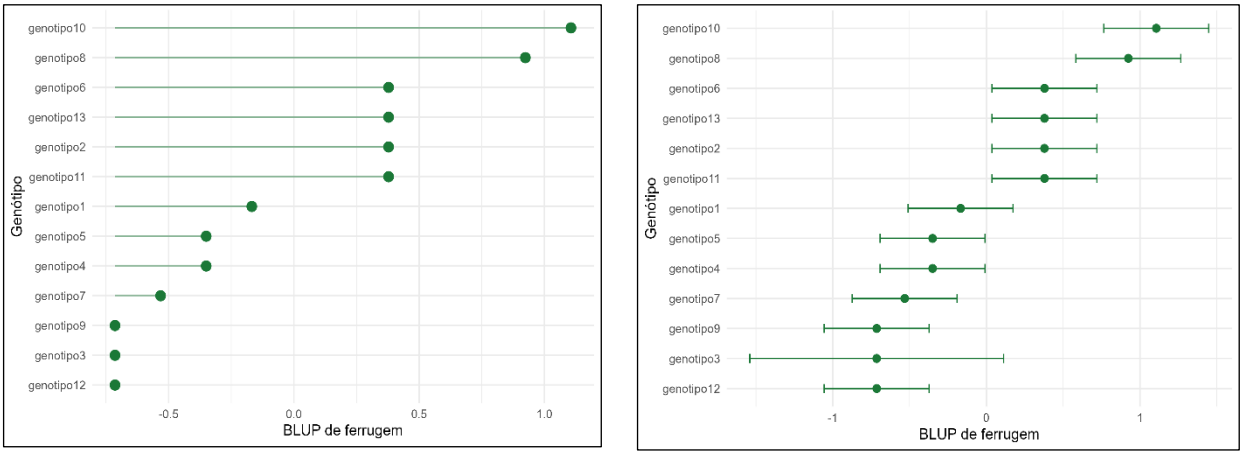
EP: Erro padrão da predição; LI: Limite inferior do intervalo de confiança; LS: Limite superior do intervalo de confiança.

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

Observou-se ampla variação entre os materiais avaliados, com valores de BLUP variando de negativos a positivos, evidenciando diferenças genéticas na expressão da severidade da ferrugem (Figura 1-AB). O painel A apresenta a distribuição dos valores de BLUP entre os genótipos, permitindo visualizar as diferenças na expressão genética da severidade da ferrugem.

Os intervalos de confiança de 95% complementaram a avaliação dos valores genéticos preditos, permitindo visualizar a incerteza associada às estimativas individuais (Figura 1-B). O genótipo 9 apresentou intervalo totalmente negativo, enquanto os genótipos 8 e 10 apresentaram intervalos totalmente positivos. Esses resultados reforçam a distinção entre os materiais quanto à expressão genética da característica avaliada, devendo os intervalos ser interpretados conjuntamente com os respectivos BLUPs e erros-padrão, e não como medida isolada de superioridade ou de influência ambiental.

Figura 1 - Valores genéticos preditos (BLUP) para resistência à ferrugem. (A) Dotplot dos valores de BLUP dos genótipos; (B) Caterpillar plot dos valores de BLUP e respectivos intervalos de confiança de 95%.



A B

Discussão

A variabilidade genética observada entre os genótipos avaliados constitui condição fundamental para a seleção de materiais superiores quanto à resistência à ferrugem. A herdabilidade no sentido amplo foi moderada ($h^2 = 0,40$), indicando contribuição genética relevante para a variação observada, embora parte da variação fenotípica esteja associada a componentes residuais. O CVg de 29,67% evidencia variabilidade genética, enquanto o CVe de 36,27% demonstra maior magnitude da variação residual. A relação CVg/CVe de 0,82 reforça a existência de variabilidade genética aproveitável para seleção, embora as condições experimentais também tenham influenciado a expressão da característica.

A variabilidade genética para resistência à ferrugem é relevante para o melhoramento de *C. arabica*, considerando a capacidade de *H. vastatrix* de apresentar diferentes raças e patótipos e modificar a resposta dos genótipos ao longo do tempo (Almeida *et al*., 2024; Teran *et al*., 2025). Almeida *et al*. (2024) desenvolveram um marcador molecular associado a um QTL de resistência, com eficiência de seleção superior a 97% para genótipos resistentes a três raças ou patótipos de *H. vastatrix*. De forma complementar, Silva *et al*. (2023) verificaram a eficiência de marcadores ligados ao gene SH3 na identificação de genótipos resistentes. Esses resultados reforçam a importância da variabilidade genética e da utilização de ferramentas complementares para aumentar a eficiência da seleção.

Os valores genéticos preditos evidenciaram diferenças entre os genótipos. Como a característica avaliada corresponde à severidade da ferrugem, menores BLUPs representam menor expressão genética da doença e, consequentemente, maior potencial de resistência. Assim, os genótipos 3, 9 e 12, com BLUP de −0,71, destacaram-se como materiais promissores. Em contraste, os genótipos 10 e 8 apresentaram os maiores valores de BLUP, 1,11 e 0,92, respectivamente, indicando maior expressão genética da severidade e menor potencial de resistência.

A identificação desses genótipos contrastantes é coerente com a complexidade genética da resistência à ferrugem, que pode envolver diferentes genes, alelos e mecanismos de defesa (Almeida *et al*., 2024; Silva *et al*., 2023). Nesse contexto, a seleção fenotípica pode constituir uma etapa inicial para identificação de materiais promissores, posteriormente complementada por marcadores moleculares, como os associados ao gene SH3 e a QTLs de resistência descritos por Silva *et al.* (2023) e Almeida *et al.* (2024).

A metodologia REML/BLUP mostrou-se adequada ao estudo por permitir a estimação de componentes de variância e a predição dos valores genéticos individuais. Essa abordagem é particularmente útil em espécies perenes, nas quais a expressão fenotípica pode sofrer influência ambiental (Resende *et al*., 2001). Resende *et al*. (2001) demonstraram sua aplicabilidade no melhoramento do cafeeiro, enquanto Petek *et al.* (2008) empregaram o REML/BLUP na seleção de progênies de *C. arabica* quanto à resistência à ferrugem. Dessa forma, o uso dessa metodologia fornece suporte estatístico para a identificação de genótipos com desempenho genético mais favorável.

Os intervalos de confiança de 95% complementaram a interpretação dos BLUPs ao indicar a incerteza associada às estimativas individuais. Os genótipos 8 e 10 apresentaram intervalos totalmente positivos, enquanto o genótipo 9 apresentou intervalo totalmente negativo (Resende *et al.*, 2001; Petek *et al*., 2008). Entretanto, o intervalo de confiança não deve ser interpretado isoladamente como medida de superioridade genética ou de menor influência ambiental. Sua análise conjunta com os BLUPs e erros-padrão permite uma avaliação mais criteriosa da precisão das estimativas e da seleção dos genótipos (Resende *et al*., 2001; Petek *et al.*, 2008).

Outro aspecto importante é a possibilidade de variação da resistência entre diferentes condições ambientais (Teran *et al*., 2025). Teran *et al*. (2025), avaliando 29 variedades de *C. arabica* em 23 locais, observaram efeitos significativos do genótipo e da interação genótipo × ambiente sobre a resistência à ferrugem. Algumas variedades altamente resistentes não foram necessariamente as mais estáveis entre os ambientes (Teran *et al.*, 2025). Assim, os genótipos identificados no presente estudo devem ser avaliados em diferentes safras e locais antes de uma recomendação definitiva, a fim de verificar a consistência de seu desempenho.

A seleção de materiais resistentes também apresenta importância para a sustentabilidade da produção, pois a resistência genética pode contribuir para reduzir a dependência do controle químico (Teran *et al.,* 2025). Além disso, Sousa e Mondego (2024) demonstraram que a transferência da microbiota da superfície foliar de espécies de *Coffea* resistentes para *C. arabica* suscetível minimizou os danos provocados por *H. vastatrix*, indicando que a interação entre planta, patógeno e microbiota pode constituir uma abordagem complementar no manejo da doença.

Dessa forma, os resultados demonstram que a população avaliada apresenta variabilidade genética suficiente para identificar materiais contrastantes quanto à resistência à ferrugem. Os genótipos 3, 9 e 12, com os menores BLUPs, destacaram-se pelo maior potencial de resistência nas condições avaliadas, enquanto os genótipos 10 e 8 apresentaram maior expressão genética da severidade. A combinação entre REML/BLUP, estimativas de precisão e avaliação fenotípica constitui uma estratégia promissora para apoiar a seleção. Entretanto, a confirmação da superioridade dos materiais requer avaliações adicionais em diferentes safras e ambientes. A integração futura entre dados fenotípicos, modelos estatísticos e marcadores moleculares poderá aumentar a eficiência da seleção e contribuir para o desenvolvimento de genótipos de *C. arabica* com resistência mais consistente e durável à ferrugem.

Conclusão

Os resultados evidenciaram a existência de variabilidade genética entre os genótipos de *C. arabica* avaliados quanto à resistência à ferrugem, conforme indicado pela herdabilidade moderada ($h^2 = 0,40$) e pela amplitude dos valores genéticos preditos. Considerando que menores valores de BLUP correspondem à menor expressão da severidade da doença, os genótipos 3, 9 e 12, com BLUP de −0,71, destacaram-se por apresentar maior potencial de resistência, enquanto os genótipos 10 e 8, com BLUP de 1,11 e 0,92, respectivamente, apresentaram maior expressão da característica avaliada. Os intervalos de confiança de 95% complementaram a interpretação dos BLUPs ao fornecerem informações sobre a incerteza associada às estimativas.

Dessa forma, a metodologia REML/BLUP mostrou-se adequada para a predição dos valores genéticos e como ferramenta auxiliar na seleção de genótipos promissores quanto à resistência à ferrugem. Recomenda-se a continuidade das avaliações em diferentes safras e ambientes, de modo a verificar a consistência do desempenho dos genótipos selecionados e ampliar a segurança da seleção para utilização em programas de melhoramento do cafeeiro.

Referências

ALMEIDA, D. P. de; CARNEIRO, D. G.; CAIXETA, E. T.; ALVES, D. R.; ZAMBOLIM, L. New and efficient AS-PCR molecular marker for selection of *coffee* resistant to *coffee* leaf rust. ***Crop Breeding and Applied Biotechnology***, v. 24, n. 4, e498424410, 2024. DOI: 10.1590/1984-70332024v24n4a47.

PETEK, M. R.; SERA, T.; FONSECA, I. C. B. Predição de valores genéticos aditivos na seleção visando obter cultivares de café mais resistentes à ferrugem. ***Bragantia*, Campinas**, v. 67, n. 1, p. 133-140, 2008. DOI: 10.1590/S0006-87052008000100016.

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*, Campinas**, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001. DOI: 10.1590/S0006-87052001000300005.

SILVA, A. G.; ARIYOSHI, C.; SHIGUEOKA, L. H.; PEREIRA, L. F. P.; SERA, G. H. Assisted selection using molecular markers linked to rust resistance *SH3* gene in *Coffea arabica*. ***Crop Breeding and Applied Biotechnology***, v. 23, n. 4, e445323413, 2023. DOI: 10.1590/1984-70332023v23n4a48.

SOUSA, L. P. de; MONDEGO, J. M. C. Leaf surface microbiota transplantation confers resistance to coffee leaf rust in susceptible *Coffea arabica*. ***FEMS Microbiology Ecology***, v. 100, n. 6, fiae049, 2024. DOI: 10.1093/femsec/fiae049.

TERAN, J. C. B. M. *et al*. Global *Coffea arabica* variety trials reveal genotype-by-environment interactions in resistance to coffee leaf rust (*Hemileia vastatrix*). ***Frontiers in Plant Science***, v. 16, 1583595, 2025. DOI: 10.3389/fpls.2025.1583595.

Agradecimentos

Agradecemos à Universidade Federal do Espírito Santo (UFES) e à Universidade do Vale do Paraíba (UNIVAP) pelo apoio institucional e pelas contribuições para o desenvolvimento deste trabalho. Expressamos também nossa gratidão à Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo incentivo à pesquisa e pelo apoio à formação e ao desenvolvimento científico.