



## Optimising selection in full-sib progeny of the cashew

### Otimização de seleção em progênies de irmãos completos de cajueiro

Francisco das Chagas Vidal Neto<sup>1</sup>, Maria Clideana Cabral Maia<sup>1\*</sup>, Dheyne Silva Melo<sup>1</sup>, Júlio César DoVale<sup>2</sup>, Luís Cláudio de Oliveira<sup>3</sup>, Gilberto Ken Iti Yokomizo<sup>4</sup>

**Abstract:** In Brazil, the productivity and quality of the peduncle and nut of the cashew have increased significantly due to the use of binomial hybridisation-cloning. In the present research, genetic parameters (variance components – individual REML) and genetic values (mean components – individual BLUP) were estimated in a test of full-sib segregating progenies, aiming at the selection of superior cashew progenies and individuals. A controlled-pollination, segregating population from the cashew genetic breeding program of Embrapa Agroindústria Tropical, comprising four different progenies, each represented by 48 full-sib (FS) individuals, were evaluated over six consecutive crops. The following traits were evaluated: nut yield, mean nut weight, reaction to *Anacampsis phytomiella*, and reaction to oidium (powdery mildew). The experimental design was of randomised blocks, with four replications and 12 plants per plot. The REML/BLUP genetic-statistical procedure was used to optimise the selection process. It seems reasonable to opt for a selection limit of 14 individuals with superior behaviour to comprise the recombination unit of the next cycle of recurrent selection using the remaining seeds from this breeding population. Plants 25 and 27 from the progeny identified as having the best performance (FS 13/3) for direct cloning were selected to comprise the local trial of the cashew genetic breeding program.

**Key words:** Optimal selection. REML/BLUP procedure. Genetic improvement. *Anacardium occidentale* L.

**Resumo:** A produtividade e a qualidade do pedúnculo e da amêndoa de caju no Brasil tiveram aumento significativo em decorrência do emprego do binômio hibridação-clonagem. Nesta pesquisa se estimou parâmetros genéticos (componentes de variância – REML individual) e valores genéticos (componentes de média – BLUP individual) em um teste de progênies segregantes, de irmãos completos, visando a seleção de progênies e de indivíduos superiores de cajueiro. Uma população segregante de polinização controlada, do programa de melhoramento genético do cajueiro da Embrapa Agroindústria Tropical, constituída por quatro diferentes progênies, representadas por 48 indivíduos de irmãos completos (IC) cada, foi avaliada considerando-se seis safras consecutivas. Foram observadas as seguintes variáveis: produtividade de castanha; massa média da castanha; e reação à traça-das-castanhas e ao oídio. O delineamento experimental empregado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições e 12 plantas por parcela. Foi empregado o procedimento genético-estatístico REML/BLUP para otimização do processo seletivo. Parece razoável optar pelo limite seletivo de 14 indivíduos com comportamento superior, para compor a unidade de recombinação do ciclo de seleção recorrente seguinte, com sementes remanescentes, desta população de melhoramento. As plantas 25 e 27, da progênie identificada como a de melhor desempenho (IC 13/3) para a clonagem direta, foram selecionadas para compor o ensaio local do programa de melhoramento genético do cajueiro.

**Palavras-chave:** Seleção ótima. Procedimento REML/BLUP. Melhoramento genético. *Anacardium occidentale* L.

\*Corresponding author

Submitted for publication on 10/11/2022, approved on 03/03/2023 and published on 24/03/2023

<sup>1</sup>Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE, Brasil. E-mails: [vidal.neto@embrapa.br](mailto:vidal.neto@embrapa.br); [clideana.maia@embrapa.br](mailto:clideana.maia@embrapa.br); [dheyne.melo@embrapa.br](mailto:dheyne.melo@embrapa.br)

<sup>2</sup>Universidade Federal do Ceará(UFC), Fortaleza, CE, Brasil. E-mail: [juliodovale@ufc.br](mailto:juliodovale@ufc.br)

<sup>3</sup>Embrapa Acre, Rio Branco, AC, Brasil. E-mail: [luis.oliveira@embrapa.br](mailto:luis.oliveira@embrapa.br)

<sup>4</sup>Embrapa Amapá, Macapá, AP, Brasil. E-mail: [gilberto.yokomizo@embrapa.br](mailto:gilberto.yokomizo@embrapa.br)

## INTRODUCTION

Among the tools used in genetic breeding programs for cultivated species, artificial hybridisation allows hybrid seeds to be obtained for setting up progeny tests and selecting the best parents and individuals, and is one of the main drivers behind the growing increase in productivity; gains are maximised, with the superior genotypes from these tests being selected for clonal plantations (SANTOS *et al.*, 2013; ASSIS; SANTOS, 2012).

Testing full-sib progenies is, most of the time, carried out with the purpose of evaluating the performance of both the female and male parents and of the progenies, besides allowing the genetic merit of the individuals to be assessed (RESENDE; HIGA, 1990).

The success of genetic improvement is associated with the ability to correctly choose the best parents for the next improved generations (CRUZ *et al.*, 2012). In order to identify the individuals that carry desirable genes, it is necessary to carry out a genetic evaluation of the candidates for selection. In perennial plants such as the cashew, it is recommended that the selection be made based on the additive genetic values of the individuals that will be used in recombination, and on the genotypic values of the individuals to be cloned (RESENDE, 2002).

In genetic breeding programs for cultivated species, it is essential to know the magnitude of the genetic variation and the heritability coefficients, since genetic variation is the raw material of improvement, and without it, nothing can be done in terms of selection. In turn, the heritability coefficients express how much of the phenotypic variation is of genetic origin, i.e. how much of the variation observed in the traits of interest is under genetic control and can be manipulated by selection (SEBBENN *et al.*, 2008).

The appropriate procedure for predicting the genetic values used in evaluating perennial plants has been the individual BLUP procedure (best linear unbiased prediction), which basically consists in predicting the genetic values of the random effects of the statistical model together with phenotypic observation, adjusting the data to the fixed effects and to the unequal amount of information in the plots, using mixed-model methodology (HENDERSON *et al.*, 1959).

## INTRODUÇÃO

Dentre as ferramentas empregadas em programas de melhoramento genético de espécies cultivadas, a técnica de hibridação artificial permite a obtenção de sementes híbridas para estabelecimento de testes de progênies e a seleção dos melhores genitores e indivíduos, sendo um dos principais propulsores do crescente aumento de produtividade. Assim, os ganhos são maximizados e os genótipos superiores desses testes são selecionados para os plantios clonais (SANTOS *et al.*, 2013; ASSIS; SANTOS, 2012).

O teste de progênies de irmãos completos é, na maioria das vezes, realizado com o propósito de avaliar o desempenho dos genitores femininos, masculinos e das progênies, além de permitir afirmar sobre o mérito genético dos indivíduos (RESENDE; HIGA, 1990).

O êxito do melhoramento genético está associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores genitores para serem os pais das próximas gerações melhoradas (CRUZ *et al.*, 2012). Para a identificação dos indivíduos portadores de genes desejáveis é necessária a avaliação genética dos candidatos à seleção. Em plantas perenes como cajueiro, recomenda-se que a seleção seja feita com base nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação e nos valores genotípicos dos indivíduos que serão clonados (RESENDE, 2002).

Em programas de melhoramento genético de espécies cultivadas é fundamental conhecer a magnitude da variação genética e os coeficientes de herdabilidade, visto que a variação genética é a matéria-prima do melhoramento e sem ela nada pode ser feito, em termos de seleção. Por sua vez, os coeficientes de herdabilidade expressam quanto da variação fenotípica é de origem genética, ou seja, quanto da variação que se observa nos caracteres de interesse está sob controle genético e pode ser manipulada pela seleção (SEBBENN *et al.*, 2008).

O procedimento adequado para a predição dos valores genéticos utilizados na avaliação de plantas perenes tem sido o BLUP (melhor predição linear não viesada) individual que consiste, basicamente, na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico, associadas às observações fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas, por meio de metodologia de modelos mistos (HENDERSON *et al.*, 1959).

As the aim of any genetic breeding program is always dynamic, it is necessary to seek genetic material that surpasses the material used by producers (commercial clones) under the risk of the resulting genotypes becoming obsolete by the end of the breeding cycles. In this case, stable genotypes with exceptional performance included in their characteristics are always sought (YAN, 2011) to obtain the ideotype, which is made possible by precise techniques for estimating additive genetic values (BLUPs) to guarantee that a greater percentage of genetic gain is achieved with significant mathematical certainty.

The aim of this study, therefore, was to select or identify superior individuals using the REML/BLUP procedure as a selection strategy between and within full-sib progenies of the cashew.

## MATERIAL AND METHODS

### Genetic material

Experimental data were used from 48 individuals from four full-sib progenies obtained by artificial hybridisation in the cashew genetic breeding program of *Embrapa Agroindústria Tropical* (Table 1).

Como o objetivo de um programa de melhoramento genético é sempre dinâmico, deve-se buscar material genético que supere aqueles em uso pelos produtores (clones comerciais), sob o risco dos genótipos obtidos se tornarem obsoletos ao fim dos ciclos de melhoramento. No caso, sempre se buscam genótipos estáveis, com excepcional desempenho em suas características (YAN, 2011), obtendo-se o ideótipo, o que é possibilitado por técnicas de estimação de valores gênicos aditivos (BLUP's) precisas de modo a garantir que maior percentual de ganho genético seja alcançado com significativa certeza matemática.

Assim, objetivou-se selecionar ou identificar indivíduos superiores empregando o procedimento REML/BLUP como estratégia de seleção entre e dentro de progênies de irmãos completos de cajueiro.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Material genético

Foram usados dados experimentais de 48 indivíduos provenientes de quatro progênies de irmãos completos obtidos por hibridações artificiais pelo programa de melhoramento genético de cajueiro da *Embrapa Agroindústria Tropical* (Tabela 1).

**Table 1** - Combination of crosses between the commercial clones and controls, and designation of the progenies

*Tabela 1* - Combinação de cruzamentos entre clones comerciais, testemunhas e a designação das progênies

Combination of crosses and controls	Designation of the progenies
CCP 1001 x PRO 555/1	FS 13/1
CCP 1001 x CCP 76	FS 13/2
CCP 1001 x BRS 226	FS 13/3
CCP 76 x BRS 226	FS 13/4
CCP 76	Control 1
BRS 226	Control 2

The evaluations were carried out over six consecutive crops, from 2014 to 2019. The experimental design was of randomised blocks, with four replications. The treatments consisted of four progenies (FS 13/1, FS 13/2, FS 13/3 and FS 13/4) and two controls (CCP 76 and BRS 226).

As avaliações foram realizadas por seis safras consecutivas, no período de 2014 a 2019. O delineamento experimental empregado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. Os tratamentos consistiram em quatro progênies (IC 13/1; IC 13/2; IC 13/3 e IC 13/4) e duas testemunhas (CCP 76 e BRS 226).

Each experimental plot comprised 48 plants per treatment. A number of additional plots were planted in the same area (pre-selected genotypes of interest to the program), which were also included in the analysis (FS 13/1 - 102 plants, FS 13/3 - 18 plants and FS 13/4 - 48 plants).

The experiment was set up in the Pacajus Experimental Area of *Embrapa Agroindústria Tropical*, located in the district of Pacajus, Ceará (CE), at 4°10'22" S and 38°27'39" W, at an altitude of 60 m. The soil in the experimental area is an abruptic A Red-Yellow Argisol of weak sandy/medium texture (Soil Taxonomy: Arenic Kandinstults) (LIMA *et al.*, 2002). According to the Thornthwaite classification, the climate is dry subhumid (THORNTHWAITE, 1948), with an average rainfall of 1,100 mm per year and an average annual temperature of 26.5 °C.

### Traits under evaluation

The following traits were evaluated: total nut yield per plant - YLD (kg ha<sup>-1</sup>); mean nut weight (MNW - g): by calculating the arithmetic mean of the weight of a random sample of 100 healthy nut collected from each plant; reaction to *Anacampsis phytomiella*: from the percentage of punctured nut in a random sample of 100 nut (PPN - %); and reaction to oidium: the severity estimated using a rating scale (0 = no symptoms on the nut; 1 = up to 10% of the surface of the nut damaged; 2 = more than 10% to 25%; 3 = more than 25% to 50%; and 4 = more than 50%) (MELO *et al.*, 2018) in ascending order of severity (RNO). No pest or disease control was used during the experiment, leaving the plants open to attack. An experimental area with a history of natural infestation by the pest and disease under evaluation was used (MELO *et al.*, 2022a; MELO *et al.*, 2022b; MELO *et al.*, 2022c).

A parcela experimental foi composta por 48 plantas por tratamento. Foram plantadas na mesma área algumas parcelas adicionais (genótipos pré-selecionados e de interesse para o programa), que também foram inseridas na análise (IC 13/1 - 102 plantas, IC13/3 - 18 plantas e IC 13/4 - 48 plantas).

O experimento foi instalado no Campo Experimental de Pacajus, pertencente à Embrapa Agroindústria Tropical, localizado no município de Pacajus, CE, de coordenadas geográficas 4°10'22" de latitude Sul e 38°27'39" de longitude Oeste, e 60 m de altitude. O solo da área experimental é um Argissolo Vermelho-Amarelo abruptico A, fraco textura arenosa/média (Soil Taxonomy: Arenic Kandinstults) (LIMA *et al.*, 2002). O clima é do tipo seco subúmido, segundo a classificação climática de Thornthwaite (THORNTHWAITE, 1948). Tem uma precipitação pluvial média de 1.100 mm por ano e temperatura média anual de 26,5 °C.

### Caracteres avaliados

Foram avaliados os seguintes caracteres: produtividade total da castanha por planta-PROD (kg ha<sup>-1</sup>); massa média (g) de castanha (MMC): a partir da pesagem por meio da massa de uma amostra aleatória composta por 100 castanhas sadias coletadas de cada planta, com posterior obtenção da média aritmética; reação à traça-das-castanhas: a partir da porcentagem de castanhas furadas, em uma amostra aleatória de 100 castanhas (PCF - %); e reação ao oídio: severidade estimada por meio de uma escala de notas (nota 0 = ausência de sintomas nas castanhas; nota 1 = até 10% da superfície da castanha lesionada; nota 2 = acima de 10% até 25%; nota 3 = acima de 25% até 50%; e nota 4 = acima de 50%) (MELO *et al.*, 2018), em ordem crescente de severidade (RCO). O controle de pragas e doenças não foi empregado no experimento, possibilitando o livre ataque. Foi considerada uma área experimental com histórico de infestação natural da praga e da doença avaliadas (MELO *et al.*, 2022a; MELO *et al.*, 2022b; MELO *et al.*, 2022c).

## Genetic-statistical analysis

Linear mixed model equations were used to analyse the phenotypic data of the progenies; this included elimination of the outliers, normalisation of the data using the *bestNormalize* package, and verification of normal distribution assumptions using the Shapiro test and *qqplots* with the aid of the R software (R CORE TEAM, 2018). A mixed model was then fitted to obtain the best linear unbiased predictor (BLUP) using the restricted maximum likelihood method (REML) for each trait under study, with the aid of the *asreml* package (BUTLER, 2018). These analyses were carried out using the following model:

$$y = \mathbf{X}r + \mathbf{Z}g + \mathbf{W}p + \mathbf{T}i + \varepsilon$$

Where,  $y$  is the vector of phenotypic values of the progenies;  $\mathbf{X}$  and  $\mathbf{W}$  are incidence matrices for fixed-effect  $r$  and  $p$ ;  $\mathbf{Z}$  and  $\mathbf{T}$  are incidence matrices for random-effect  $g$  and  $i$ ;  $r$  is the repeating fixed-effect vector;  $p$  is the fixed-effect vector for the plot;  $g$  is the random-effect vector for the progeny, where  $g \sim N(0, I\sigma_g^2)$ ;  $i$  is the random-effect vector for the progeny  $\times$  crop interaction, where  $i \sim N(0, I\sigma_{ge}^2)$ ;  $\varepsilon$  is the experimental error, where  $\varepsilon \sim N(0, \sigma_e^2)$ .

With the aim of understanding the correlation between the performance of the progenies over the crops under evaluation, the correlation coefficients ( $r_{\text{sea}}$ ) were estimated between the rankings of the progenies for any one trait during the five years. To achieve this, Spearman's rank correlation coefficient ( $\rho$ ) was used, obtained by the following expression:

$$\rho = \frac{1 - 6 \sum d_i^2}{n(n^2 - 1)}$$

where  $d_i^2$  is the difference between the ranking of each corresponding value in each season, and  $n$  is the number of pairs of values.

## Genetic selection index (GSI)

To order and select the best progenies, as well as the best individuals within each progeny based on simultaneous evaluation of the traits, a GSI that was established for the cashew breeding program was used. This index takes into account the economic weight of each of the evaluated traits and the mean value of each BLUP.

$$\text{GSI} = 0.5x_1 + 0.2x_2 + 0.2x_3 + 0.1x_4 = \sum b_i x_i$$

## Análises genético-estatísticas

Equações de modelos lineares mistos foram usadas para analisar os dados fenotípicos das progênes. Para isso, realizou-se a eliminação dos *outliers* seguida da normalização dos dados pelo pacote *bestNormalize* e da verificação de pressupostos da distribuição normal via teste de Shapiro e *qqplots* com o auxílio do *software* R (R CORE TEAM, 2018). Em seguida, foi ajustado um modelo misto para obter o melhor preditor linear não-viesado (BLUP) pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) para cada caráter estudado pelo pacote *asreml* (BUTLER, 2018). Essas análises foram realizadas usando o seguinte modelo:

Em que,  $y$  é o vetor de valores fenotípicos das progênes;  $\mathbf{X}$  e  $\mathbf{W}$  são matrizes de incidência para  $r$  e  $p$  de efeito fixo;  $\mathbf{Z}$  e  $\mathbf{T}$  são matrizes de incidência para  $g$  e  $i$  de efeito aleatório;  $r$  é o vetor de efeito fixo de repetição;  $p$  é o vetor de efeito fixo de parcela;  $g$  é o vetor de efeito aleatório de progênie, em que  $g \sim N(0, I\sigma_g^2)$ ;  $i$  é o vetor de efeito aleatório da interação progênie  $\times$  safra, em que  $i \sim N(0, I\sigma_{ge}^2)$ ;  $\varepsilon$  é o erro experimental, em que  $\varepsilon \sim N(0, \sigma_e^2)$ .

Visando conhecer a correlação entre o desempenho das progênes ao longo das safras avaliadas, foram estimados os coeficientes de correlação ( $r_{\text{saf}}$ ) entre ranqueamentos das progênes para um mesmo caráter nos cinco anos. Para isso, utilizou-se o coeficiente de correlação de postos de *Spearman* ( $\rho$ ), obtido pela seguinte expressão:

em que  $d_i^2$  é a diferença entre o posto de cada valor correspondente em cada safra e  $n$  o número de pares de valores.

## Índice de seleção genético (ISG)

Para ordenar e selecionar as melhores progênes, como também os melhores indivíduos dentro das progênes com base nos caracteres avaliados simultaneamente, foi utilizado um ISG estabelecido para o programa de melhoramento do cajueiro. Esse índice leva em consideração o peso econômico para cada um dos caracteres avaliados e os BLUPs médios.

Where: *GSI* is the index calculated for each progeny/individual; *bi* is the weight of trait *i*; *xi* is the BLUP value for trait *i*. The values of *b* were established based on the selection objectives of the cashew breeding program, as YLD = 0.5, MNW = 0.2, PPN = 0.2 and RNO = 0.1.

The genetic or phenotypic characterisation of a given population of any species is unique and cannot be transferred to other populations of the same or similar species, even if they are related botanically and belong to the same biome (MAIA *et al.* 2018; 2019; 2020; PINHEIRO *et al.*, 2019).

Consequently, comparisons of results between studies of a genetic nature, even considering the same species and using the same quantitative-genetic approach, are specific to the populations being evaluated and are not subject to extrapolation or juxtaposition to other species or populations since they are products of the manifestation of certain alleles, and of their interaction with the soil and climate variables of the environment in which they are inserted, and which influence the heritability of the trait (MAIA *et al.*, 2018; 2019; 2020; PINHEIRO *et al.*, 2019).

However, genetic comparisons can be justified when the comparative analysis includes monogenic traits or those controlled by few genes (oligogenic), including one larger (repetitive) gene, and which show little influence from the external environment (MAIA *et al.* 2018; 2019; 2020; PINHEIRO *et al.*, 2019; MELO *et al.*, 2022a; MELO *et al.*, 2022b; MELO *et al.*, 2022c).

However, even after imposing restrictions and observing the necessary reservations, comparisons can still be made; for example, if evaluations are carried out considering common treatments. The present study, therefore, did not compare results obtained from populations grown in different environments (MELO *et al.*, 2022a; MELO *et al.*, 2022b; Melo *et al.*, 2022c).

## RESULTS AND DISCUSSION

There was a significant effect of the source of variation, progeny, on the four traits considered in the study. As such, phenotypic variability, detected by means of the likelihood ratio test (LRT), exists between and within the progenies, and this can be exploited via a selection process (Table 2).

Em que: *ISG* é o índice calculado para cada progênie/indivíduo; *bi* é o peso do caráter *i*; *xi* é o valor do BLUP para o caráter *i*. Os valores de *b* foram estabelecidos de acordo com os objetivos da seleção para o programa de melhoramento do cajueiro, sendo para PROD = 0,5; MMC = 0,2; PCF = 0,2; e RCO = 0,1.

A caracterização genética ou fenotípica de uma determinada população de qualquer espécie é própria e intransferível para outras populações da mesma espécie ou de espécies similares, mesmo que estas sejam botanicamente relacionadas e ainda pertencentes ao mesmo bioma (MAIA *et al.* 2018; 2019; 2020; PINHEIRO *et al.*, 2019).

Desta forma, as comparações de resultados entre estudos de natureza genética, ainda considerando a mesma espécie e também com emprego da mesma abordagem de genética quantitativa, tornam-se específicas para as populações avaliadas, não sendo passíveis de extrapolações ou justaposições para outras espécies ou populações, uma vez que são produtos da manifestação dos alelos particulares e da sua interação com as variáveis edafo-climáticas do ambiente no qual encontram-se inseridas, as quais influenciam na herdabilidade do caráter (MAIA *et al.*, 2018; 2019; 2020; PINHEIRO *et al.*, 2019).

No entanto, comparações genéticas podem ser justificadas quando as análises comparativas recaem sobre variáveis monogênicas ou controladas por poucos genes (oligogênicas), com um gene maior (repetitivo), que apresentam pequena influência do ambiente externo (MAIA *et al.* 2018; 2019; 2020; PINHEIRO *et al.*, 2019; MELO *et al.*, 2022a; MELO *et al.*, 2022b; MELO *et al.*, 2022c).

Contudo, feitas restrições e guardadas as devidas ressalvas, comparações podem ser feitas, por exemplo, se as avaliações forem realizadas considerando tratamentos comuns. Assim, este trabalho não se reportou comparativamente com resultados obtidos a partir de outras populações cultivadas em ambientes diversos (MELO *et al.*, 2022a; MELO *et al.*, 2022b; Melo *et al.*, 2022c).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve efeito significativo para a fonte de variação progênie, para as quatro variáveis consideradas no estudo. Logo, existe variabilidade fenotípica, detectada por meio do teste da razão de verossimilhança (LRT), entre e dentro das progênie, passível de ser explorada via processo seletivo (Tabela 2).

**Table 2** - Values of the likelihood ratio test (LRT) for the effects of the variation between and within progenies and of the P x S interaction (progenies by season), for the production and quality traits of the cashew. Pacajus, CE, 2022

**Tabela 2** - Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos da variação entre e dentro de progênies e da interação G x E (progênies por safras) para as variáveis de produção e qualidade de cajoeiro. Pacajus, CE, 2022

Effect	YLD2	MNW	PPN	RNO
Progeny <sup>1</sup>				
Within	406.54***	3.57*	118.84***	140.54***
Between	214.56***	443.23***	91.08***	134.89***
Progeny x Season (P x S)	15.7***	0.37 <sup>NS</sup>	11.27***	1.81 <sup>NS</sup>
$r_{sea}$	0.46	0.99	0.40	0.72
$h^2_{ep}$	0.65	0.94	0.53	0.58
$h^2_{dp}$	0.29	0.92	0.11	0.18
<b>Mean</b>	<b>514.3</b>	<b>8.13</b>	<b>8.32</b>	<b>1.62</b>
<b>Accuracy</b>	<b>0.69</b>	<b>0.96</b>	<b>0.57</b>	<b>0.62</b>

<sup>1</sup>Values obtained by the Likelihood Ratio Test – LRT. \*\*\* significant at  $p \leq 0.001$  and \* significant at  $p \leq 0.05$  by the  $\chi^2$  test with 1 degree of freedom. <sup>2</sup>YLD – Nut yield; MNW – Mean nut weight; PPN – Percentage of punctured nut; RNO – Reaction of the nut to oidium.

<sup>1</sup>Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (Likelihood Ratio Test – LRT). \*\*\* significativo a  $p \leq 0,001$  e \* significativo a  $p \leq 0,05$  pelo teste do  $\chi^2$  com 1 grau de liberdade. <sup>2</sup>PROD – Produtividade de castanhas; MMC – Massa média de castanha; PCF – Porcentagem de castanhas furadas; RCO – Reação da castanha ao oídio.

When thinking of a selection, it should be considered how much of the phenotypic variance that coexists in the population is of genetic origin. The heritability coefficients estimate how much of this phenotypic variation is under genetic control, in addition to reflecting in a high potential for selection between genotypes. Resende (2002) classifies individual heritability magnitudes as: low, when varying from 0.01 to 0.15; medium or moderate, when varying from 0.15 to 0.50, and high, when greater than 0.50. The MNW traits showed a high value for heritability, both between (0.94) and within progenies (0.92). The same behaviour was also seen between progenies for the traits YLD (0.65), PPN (0.53) and RNO (0.58).

For YLD, RNO and PPN within progenies, the estimate for mean heritability was moderate (0.29), moderate (0.18) and low (0.11), respectively, indicating a limitation on the selection potential between individuals within these progenies for PPN (Table 2).

Ao se pensar em uma seleção, considera-se quanto da variância fenotípica que coexiste na população é de origem genética. Os coeficientes de herdabilidades estimam quanto dessa variação fenotípica se encontra sob controle genético, além de refletir um alto potencial para seleção entre genótipos. Resende (2002) classifica as magnitudes de herdabilidade individuais em: baixa, quando varia de 0,01 a 0,15; média ou moderada, quando varia de 0,15 a 0,50 e alta, quando se situa acima de 0,50. A variável MMC mostrou alto valor de herdabilidade, tanto entre (0,94) quanto dentro de progênies (0,92). O mesmo comportamento foi verificado também para as variáveis PROD (0,65), PCF (0,53) e RCO (0,58), entre progênies.

Para PROD, RCO e PCF, dentro de progênies, a herdabilidade média apresentou estimativas moderada (0,29), moderada (0,18) e baixa (0,11), respectivamente, o que significa limitação do potencial da seleção, entre indivíduos dentro dessas progênies, para a variável PCF (Tabela 2).

This shows that the full-sib segregating population under study presents favourable conditions for the selection process of these traits, which represent the main diseases and pests of the crop at this time. The resistance/tolerance to oidium and to *Anacamptis phytomiella*, estimated from the number of punctured nut in a random sample of 100 nut per plant, are highly sought after in the cashew genetic breeding program. As expected for this population, these mean values can be reduced by selecting the best families and individuals within these families.

For Vencovsky and Barriga (1994), mean heritability at the progeny level is superior to both the individual heritabilities and those within progenies when the environmental effects of the former are minimised by the number of replications and plants per plot, as can be seen in the present results (Table 2). According to Zanata *et al.* (2011), such results underline the fact that substantial genetic gains can be obtained by selecting the best progenies.

The significant phenotypic variability between families for all variables, potentially exploitable by the selection process between agronomically superior progenies, together with the good genetic control (moderate and high  $h^2_{ep}$ ) that was observed, reveal a great potential for genetic improvement among the averages of each family (Table 2).

The performance of the progenies showed a high correlation ( $>0.70$ ) throughout each season ( $r_{sea}$ ) for MNW (0.99) and RNO (0.72), indicating ranking consistency between the progenies for the period, i.e. classification of the progenies during the seasons changed little or remained unchanged for these attributes. This fact is important, as it shows there is a certain stability between the genetic materials resulting from the crosses.

For YLD (0.46) and PPN (0.40), the correlation of progeny performance between seasons ( $r_{sea}$ ) was average, showing considerable possibility for a change in ranking, i.e. presenting a greater range of variation between measurements (seasons). These results are corroborated by the behaviour of the full-sib progenies based on a linear analysis of the P x S interaction (interaction of full-sib progenies by season). Therefore, for these attributes (YLD and PPN, both significant), there is indication of a strong relationship between genotypic and environmental effects (Table 2).

Isso indica que a população segregante, de irmãos germanos, estudada, apresenta condição favorável ao processo seletivo, para estas variáveis, que representam as principais doenças e pragas da cultura, no momento. A resistência/tolerância ao oídio e, também, à traça das castanhas, estimada a partir do número de castanhas furadas numa amostra aleatória de 100 castanha por planta, são bastante procuradas no programa de melhoramento genético do cajueiro. Como esperado, para esta população, essas médias podem ser alteradas no sentido da sua redução, pela seleção das melhores famílias e indivíduos dentro dessas famílias.

Para Vencovsky e Barriga (1994), a herdabilidade em nível de média de progênes é superior às herdabilidades individuais e dentro de progênes, quando os efeitos ambientais da primeira são minimizados pelo número de repetições e de plantas por parcela, fato que pode ser observado nos resultados aqui obtidos (Tabela 2). Tais resultados, de acordo com Zanata *et al.*, (2011), reforçam que substanciais ganhos genéticos podem ser obtidos pela seleção das melhores progênes.

A significativa variabilidade fenotípica entre famílias, para todas as variáveis, potencialmente explorável pelo processo seletivo entre progênes agronomicamente superiores, e, adicionalmente, o bom controle genético ( $h^2_{ep}$  moderados e altos) observado revelam um ótimo potencial para o melhoramento genético entre médias das famílias (Tabela 2).

O desempenho das progênes teve alta correlação ( $>0,70$ ), ao longo das safras ( $r_{saf}$ ), para MMC (0,99) e RCO (0,72), evidenciando consistência do ranqueamento entre as progênes, ao longo das safras, ou seja, a classificação das progênes durante as safras, pouco ou não se alterou para esses atributos. Este aspecto é importante por demonstrar que há certa estabilidade entre os materiais genéticos oriundos dos cruzamentos.

Para PROD (0,46) e PCF (0,40), a correlação do desempenho das progênes entre safras ( $r_{saf}$ ) foi mediana, evidenciando considerável possibilidade de alteração em seu ordenamento, isto é, apresentando maior amplitude de variação entre as medições (safras). Resultados esses corroborados pelo comportamento das progênes de irmãos completos a partir da análise linear da interação P x S (interação de progênes irmãos completos por safras). Assim, para os atributos (PROD e PCF, ambos significativos), há um indicativo de forte relação entre efeitos genotípicos e ambientais (Tabela 2).



The variance component, selection accuracy, refers to the correlation between the true genotypic value of the genetic material and that estimated or predicted from the information of the field experiments. The accuracy is that much greater, the smaller the absolute deviations between the parametric or true genetic values and the estimated or predicted genetic values (MAIA *et al.*, 2014). As such, accuracy values between 0% and 25% are considered low, 25% and 75%, good (intermediate), and greater than 75%, very good (RESENDE, 2000).

The high accuracy estimate for MNW (0.96), and the average estimates for YLD (0.69), PPN (0.57) and RNO (0.62), show that the data were simultaneously corrected for environmental effects by use of the REML/BLUP methodology, estimating the variance components and genetic parameters, allowing the genetic values to be predicted, and thereby succeeding in maximising the selection accuracy (RESENDE; ALVES, 2021), which is important for proper selection of the best cashew progenies.

According to Nogueira *et al.* (2019), accuracy is not related to the genetic merit of the individuals, which should be measured using the genetic value, but rather to confidence in the selection.

The genetic values shown in Table 3 show the possibility of obtaining genetic gains for these attributes by selecting between progenies. In this case, the outstanding progeny for both YLD and GSI was represented by the FS 13/3 family. This progeny resulted in superior segregation, with potential transgressive individuals, either for reintroduction into the targeted-cross scheme, or for direct cloning (Table 3).

According to Bessalok *et al.* (2007), only the additive effects inspire confidence in the predicted gains of the breeding program, showing that selecting between progenies is efficient and can significantly change the overall mean value; however, according to Resende and Higa (1990), the use of superior hybrid individuals in new crosses is recommended, since the genotypic superiority shown by the individuals is of heterotic origin.

O componente de variância acurácia seletiva refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do material genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos de campo. A acurácia é tanto mais alta quanto menores forem os desvios absolutos entre os valores genéticos paramétricos ou verdadeiros e os valores genéticos estimados ou preditos (MAIA *et al.*, 2014). Assim, valores de acurácia entre 0 e 25% são considerados baixos, 25 e 75%, bons (intermediários), e acima de 75% ótimos (RESENDE, 2000).

A alta estimativa de acurácia para MMC (0,96) e estimativas medianas para PROD (0,69); PCF (0,57) e RCO (0,62) observadas indicam que os dados foram corrigidos, simultaneamente, para os efeitos ambientais, pelo emprego da metodologia REML/BLUP, estimando os componentes de variância e os parâmetros genéticos, permitindo prever os valores genéticos e, conseguindo, com isso, maximizar a acurácia seletiva (RESENDE; ALVES, 2021), importante para adequada seleção das melhores progênies de caju.

De acordo com Nogueira *et al.* (2019), a acurácia não apresenta relação com o mérito genético dos indivíduos, o qual deve ser mensurado via valor genético, mas sim com a confiança na seleção.

Os valores gênicos apresentados na Tabela 3 indicam a possibilidade de se obter ganhos genéticos para esses atributos, por meio da seleção entre progênies. Nesse caso, a progênie destaque para PROD e ISG, simultaneamente, foi representada pela família IC13/3. Essa progênie gerou segregação superior, com indivíduos transgressivos potenciais tanto para retroalimentar o esquema de cruzamentos direcionados ou para serem diretamente clonados (Tabela 3).

De acordo com Bessalok *et al.* (2007), somente os efeitos aditivos conferem segurança aos ganhos preditos no programa de melhoramento, apontando que a seleção entre progênies é eficiente e pode alterar significativamente o valor da média geral, mas, conforme Resende e Higa (1990), a utilização de indivíduos híbridos superiores em novos cruzamentos é recomendada, uma vez que a superioridade genotípica apresentada pelos indivíduos tem origem heterótica.

There is, therefore, a high probability of obtaining genetic gains by selecting the FS 13/3 family. The results of the present research confirm that the material under study has a high potential for ensuring gains with this selection and, consequently, for achieving improvement of the studied population. This shows that there is a higher frequency of favourable alleles in this family, demonstrating the high genetic potential of the progeny for the selection process (Table 3).

Logo pode-se considerar uma probabilidade alta de se obter ganhos genéticos com a seleção da família IC13/3. Os resultados desta pesquisa confirmam que o material pesquisado tem alto potencial para garantir ganhos com a seleção e, conseqüentemente, atingir o melhoramento da população estudada. Este fato evidencia que existe maior frequência de alelos favoráveis nesta família, demonstrando o alto potencial genético da progênie para o processo seletivo (Tabela 3).

**Table 3** - Additive genetic values (BLUPs) and genetic selection index (GSI) of four full-sib progenies of the cashew. Pacajus, CE, 2022

**Tabela 3** - Valores gênicos aditivos (BLUP's) e índice de seleção genético (ISG) de quatro progênies de irmãos-completos de cajueiro. Pacajus, CE, 2022

Progeny	YLD	MNW	PPN	RNO	GSI
FS 13/1	61.42	0.37	1.35	0.03	30.51
FS 13/2	-59.31	-1.51	-0.86	0.12	-29.80
FS 13/3	164.79	-0.38	2.86	0.01	81.75
FS 13/4	17.24	0.00	-0.65	0.15	8.73
CCP 76	-229.76	0.25	-1.84	-0.04	-114.46
BRS 226	45.62	1.27	-0.87	-0.28	23.27

YLD – Nut yield; MNW – Mean nut weight; PPN – Percentage of punctured nut; RNO – Reaction of the nut to oidium and GSI – Genetic selection index.

PROD – Produtividade de castanhas; MMC – Massa média de castanha; PCF – Porcentagem de castanhas furadas; RCO – Reação da castanha ao oídio e ISG – Índice de seleção genética.

The higher additive genetic values (BLUPs) found for the FS 13/3 progeny may have caused an increase in the probability of a greater number of transgressive individuals emerging for YLD and GSI, attributing greater predominance to this family.

Of the 30 best-ranked individuals, based on YLD and GSI (multi-trait), 23 plants belonging to the FS 13/3 progeny stood out (Table 4). The agronomic superiority of the FS 13/3 progeny is reflected in most of the selected individuals. However, for Berti *et al.*, (2011), selecting an entire progeny can cause the crossing of related individuals, resulting in the loss of favourable alleles and a reduction in vigour due to inbreeding. According to Nogueira *et al.* (2019), it is necessary to optimise the selection, seeking to maximise genetic diversity in a population, reduce inbreeding, and maximise genetic gains for the next selection cycle.

Os valores gênicos aditivos (BLUP's) superiores encontrados para a progênie IC 13/3 podem ter ocasionado um incremento da probabilidade de surgimento de uma maior quantidade de indivíduos transgressivos em produtividade e ISG, atribuindo maior predominância desta família.

Dos trinta melhores indivíduos ranqueados com base em PROD e ISG (multi-caráter), vinte e três plantas pertencentes à progênie IC 13/3 se destacaram (Tabela 4). A superioridade agrônômica da progênie IC 13/3 está refletida na maioria dos indivíduos selecionados. Entretanto, para Berti *et al.*, (2011), realizar a seleção de toda uma progênie pode ocasionar o cruzamento de indivíduos aparentados, resultando na perda de alelos favoráveis e na diminuição do vigor devido à endogamia. Assim, segundo Nogueira *et al.* (2019), faz-se necessário realizar a otimização de seleção, que visa maximizar a diversidade genética em uma população, para reduzir a endogamia e maximizar os ganhos genéticos para o próximo ciclo seletivo.

When optimising genetic selection, the best progenies and the best individuals within each progeny are selected, with the aim of maximising genetic gains and minimising the inbreeding coefficient.

Na otimização de seleção genética, seleciona-se as melhores progênie e os melhores indivíduos dentro de cada progênie, com o objetivo de maximizar o ganho genético e minimizar o coeficiente de endogamia.

**Table 4** - Mean BLUPs of the best-ranked individuals based on the genetic selection index, considering the performance of the four full-sib progenies of the cashew. Pacajus, CE, 2022

*Tabela 4* - BLUP's médios dos indivíduos melhor ranqueados com base no índice de seleção genético, considerando-se o desempenho das quatro progênie de irmãos-completos de cajueiro. Pacajus, CE, 2022

Block	Progeny	Plant	YLD	MNW	PPN	RNO	GSI
5	FS 13/3	25	351.094	-1.031	2.314	0.025	174.88
5	FS 13/3	27	300.475	-1.316	2.908	-0.024	149.40
5	FS 13/1	74	278.300	-0.310	1.109	0.122	138.85
5	FS 13/3	21	265.696	-1.551	2.958	0.079	131.94
3	FS 13/3	5	260.379	-1.073	2.680	-0.025	129.44
2	FS 13/3	11	250.204	-1.026	3.131	-0.003	124.27
5	FS 13/3	28	247.360	-0.361	2.884	-0.067	123.04
5	FS 13/3	18	245.724	-1.469	2.542	0.047	122.06
5	FS 13/4	27	237.915	-0.364	-0.731	0.215	119.01
3	FS 13/3	7	232.903	-0.743	2.508	0.117	115.79
1	FS 13/3	7	232.730	-0.405	2.592	0.070	115.76
4	FS 13/3	6	221.446	-1.590	3.080	0.064	109.78
3	FS 13/3	11	219.129	0.750	3.033	-0.019	109.11
5	FS 13/3	15	215.853	-0.774	3.357	0.011	107.10
1	FS 13/3	8	214.939	-0.831	3.267	-0.002	106.65
4	FS 13/3	7	212.049	0.154	2.911	0.019	105.47
2	FS 13/3	12	210.390	-1.399	2.470	0.072	104.41
5	FS 13/4	49	202.276	-1.029	-0.551	0.194	101.02
1	FS 13/3	10	203.533	-1.183	2.636	0.005	101.00
5	FS 13/1	76	200.048	-1.178	1.246	0.035	99.54
5	FS 13/1	108	198.240	-0.701	1.875	0.016	98.60
5	FS 13/3	26	192.093	1.635	3.227	-0.021	95.73
3	FS 13/3	1	191.582	-0.476	3.092	-0.002	95.08
5	FS 13/3	29	191.232	-0.924	2.522	0.061	94.92
4	FS 13/3	8	189.379	0.145	2.680	0.028	94.18
4	FS 13/3	5	188.805	-0.837	2.642	0.073	93.70
2	FS 13/1	4	187.077	0.843	1.150	0.103	93.47
1	FS 13/3	12	187.966	0.054	2.773	-0.034	93.44
2	FS 13/1	2	184.136	-0.038	1.169	0.044	91.82
4	FS 13/3	1	183.640	-0.080	2.842	0.000	91.24

YLD – Nut yield; MNW – Mean nut weight; PPN – Percentage of punctured nut; RNO – Reaction of the nut to oidium and GSI – Genetic selection index.

*PROD* – Produtividade de castanhas; *MMC* – Massa média de castanha; *PCF* – Porcentagem de castanhas furadas; *RCO* – Reação da castanha ao oídio e *ISG* – Índice de seleção genética.

Therefore, to reduce any undesirable effect from inbreeding in the population, it is recommended that the 10 best individuals of the FS 13/3 progeny be selected, the two best-ranked individuals of the FS 13/1 progeny, and then the two best classified plants of the FS 13/4 progeny based on productivity; in order to achieve a balance, the GSI should be used as a reference, considering all of the attributes together. The FS 13/2 progeny did not contribute any individual during the recombination phase nor to obtaining the next cycle of recurrent selection, and does not allow cloning of individuals from within the family, as its performance was inferior to the others.

The non-representativeness of the FS 13/2 progeny, caused by the lowest predominance among the 30 individuals (within a progeny), may have been due to greater genetic proximity between the parental clones (CCP 1001 x CCP 76), resulting in less probability of heterozygosity in relation to the other families (KHA; CUONG, 2000; ASSIS; SANTOS, 2012). Obviously, selecting transgressive individuals from this segregating full-sib population will result in greater gains. This may be due to the probability of heterosis between clones that present greater genetic divergence, i.e. that are genetically more distant. Nevertheless, for Pereira and Vencovsky (1988), it is important to consider their degree of kinship to avoid crossing related individuals.

The cross from which the most promising hybrids were obtained for the recombination generation and extraction of new clones and superior parents was obtained from a combination of the CCP 1001 x BRS 226 commercial clones (Table 1). The latter has excellent production potential, and showed a good base for genome complementation with clone CCP 1001, which may have generated better adaptive conditions relative to the traits of interest (ASSIS; MAFIA, 2007; SANTOS *et al.*, 2016).

Selection at the individual level, including genetic merit, was carried out using the mixed model procedure, which shows optimal properties and maximises selection gains. The cloning of these individuals makes possible the large-scale multiplication of outstanding genotypes. For Nogueira *et al.* (2019), the gains obtained by selecting between progenies may be less than at the individual level, since individual selection capitalises on  $\frac{3}{4}$  of the dominance variance, while selection between progenies capitalises on only  $\frac{1}{4}$ .

Portanto, para reduzir a presença do efeito indesejável da endogamia na população, recomenda-se a seleção dos dez melhores indivíduos da progênie IC13/3, os dois indivíduos mais bem ranqueados da progênie IC 13/1, em seguida as duas plantas mais bem classificadas da progênie IC 13/4, com base na produtividade e, para atingir um equilíbrio, considerando todos os atributos, simultaneamente, emprega-se o ISG como referência. A progênie IC 13/2, por sua vez, não contribuiu com nenhum indivíduo para fase de recombinação e obtenção do ciclo seguinte de seleção recorrente e, também, não possibilita clonagem de indivíduos dentro dessa família, pois seu desempenho foi inferior aos demais.

A não representatividade da progênie IC13/2, por menor predominância entre os trinta indivíduos (dentro de progênie), pode ter ocorrido em decorrência de uma maior proximidade genética entre os clones parentais (CCP 1001 x CCP 76), resultando em menor probabilidade da presença de heterozigosidade, em relação às demais famílias (KHA; CUONG, 2000; ASSIS; SANTOS, 2012). Obviamente, a seleção de indivíduos transgressivos, dessa população segregante de irmãos completos, resultará em maiores ganhos. Isso pode ocorrer devido à probabilidade de heterose entre clones que apresentam maior divergência genética, isto é, sejam geneticamente mais distantes. Todavia, para Pereira e Vencovsky (1988), é importante observar o grau de parentesco destes para evitar o cruzamento de indivíduos aparentados.

O cruzamento pelo qual se obteve os híbridos mais promissores para a geração de recombinação e extração de novos clones e parentais superiores foi obtido a partir da combinação dos clones comerciais CCP 1001 x BRS 226 (Tabela 1). Esse último clone possui excelente potencial produtivo e evidenciou boa base de complementação do genoma, com o clone CCP 1001, o que pode ter gerado melhores condições adaptativas, em relação às características de interesse (ASSIS; MAFIA, 2007; SANTOS *et al.*, 2016).

A seleção em nível individual, com mérito genético, foi realizada a partir do procedimento de modelos mistos, que mostra propriedades ótimas e maximiza os ganhos com seleção. A clonagem desses indivíduos torna possível a multiplicação em grande escala dos genótipos destaques. Para Nogueira *et al.* (2019), os ganhos obtidos pela seleção entre progênies podem ser inferiores ao de nível individual, uma vez que a seleção individual capitaliza  $\frac{3}{4}$  da variância de dominância, enquanto a seleção entre progênies apenas  $\frac{1}{4}$ .

In this way, selection at the individual level using mixed-model methodology as in the present research, shows optimal properties and maximises selection gains. One reasonable suggestion would be to opt for a selection limit of 14 individuals with superior behaviour to comprise the recombination unit of the next cycle of recurrent selection for this breeding population, with plants 25 and 27 from the progeny identified as having the best performance (FS 13/3) being cloned to make up the multi-environmental tests of the cashew genetic breeding program of Embrapa Agroindústria Tropical.

## CONCLUSIONS

The FS 13/3 progeny showed agronomic superiority in relation to the other progenies;

The REML/BLUP methodology proved to be suitable for estimating the variance components and genetic parameters, allowing the genetic values to be predicted and maximising the selection accuracy;

Among 30 individuals, 14 were superior and selected for the traits under study to comprise the recombination unit for the next cycle;

Clones 25 and 27 of the FS 13/3 progeny are the most suitable for cloning and inclusion in multi-environmental experiments.

## ACKNOWLEDGEMENTS

The authors wish to thank Professor Antônio Augusto Franco Garcia of the Luiz de Queiroz School of Agriculture (ESALQ/USP), Professor Cosme Damião Cruz of the Federal University of Viçosa (UFV), and Professor Magno Antônio Pato Ramalho of the Federal University of Lavras (UFLA), for their respective contributions in constructing the information that allows selective permissiveness for comparing the results between genetic studies in the *Results and Discussion* section of this study, and in reviewing this information.

Desta maneira, a seleção em nível individual, feita via metodologia de modelos mistos, na presente pesquisa, apresenta propriedade ótima e maximiza os ganhos com seleção. Um indicativo razoável seria optar pelo limite seletivo dos quatorze indivíduos com comportamento superior para compor a unidade de recombinação do ciclo seguinte de seleção recorrente, desta população de melhoramento e as plantas 25 e 27 da progênie identificada, como melhor desempenho (IC 13/3), seriam clonadas para compor os ensaios multiambientais do programa de melhoramento genético do cajueiro da Embrapa Agroindústria Tropical.

## CONCLUSÕES

A progênie IC 13/3 apresentou superioridade agrônômica em relação às demais;

A metodologia REML/BLUP mostrou-se adequada à estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, permitindo prever os valores genéticos e maximizar a acurácia seletiva;

Entre trinta indivíduos, quatorze foram superiores e selecionados para os caracteres estudados para compor a unidade de recombinação para o ciclo seguinte;

Os clones 25 e 27 da progênie IC 13/3 são os mais indicados para clonagem e inserção nos experimentos multiambientais.

## AGRADECIMENTOS

Ao Professor Antônio Augusto Franco Garcia da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ/USP), Professor Cosme Damião Cruz da Universidade Federal de Viçosa - UFV e o Professor Magno Antônio Pato Ramalho da Universidade Federal de Lavras (UFLA) por sua contribuição na construção da informação que traz a permissividade seletiva para comparação dos resultados entre estudos genéticos no item resultados e discussão deste trabalho e revisão dessas informações, respectivamente.

## CITED SCIENTIFIC LITERATURE

- ASSIS, T. F.; MAFIA, R. G. Híbridação e clonagem. In: BOREM, A. (Ed.). *Biotechnology florestal*. Viçosa: Suprema, 2007, p. 93-121.
- ASSIS, T. F.; SANTOS, G. A. Potencialidade de híbridos com *Eucalyptusbenthamii*. In: SILVA, L. D.; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A., (Coord.) *Silvicultura e melhoramento genético de Eucalyptusbenthamii*. Curitiba: FUPEF, 2012. p.61-75.
- BERTI, C. L. F.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E.; SEBBENN, A. M. Variação genética, herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento e forma em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*. **Revista Instituto Florestal**, v. 23, n. 1, p. 13-26, 2011.
- BESPALHOK F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. Introdução ao Melhoramento de Plantas. In: BESPALHOK F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. *Melhoramento de Plantas*. Curitiba: FUPEF, 2007.
- CARGNELUTTI-FILHO, A.; STORCK, L. Measures of experimental precision degree in corn cultivar competition trials. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 2, p. 111-117, 2009.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2003. v.2. 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biometricos aplicados ao melhoramento genético**. 4ª ed., Vicosa, MG: Ed. UFV, 2012. 514p.
- HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R.; RKOSIGK VON, C. M. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v. 15, n. 6, p. 192-218, 1959. DOI: <http://dx.doi.org/10.2307/2527669>
- KHA, L. D.; CUONG, N. V. Research on hybridization of some *Eucalyptus* species in Vietnam-Hybrid breeding and genetics of Forest Trees. In: DUNGEY, H. S.; DIETERS, M. J.; NIKLES, D. J. (Ed.) *Hybrid breeding and genetics of forest trees*. QFRI/CRC-SPF SYMPOSIUM, Noosa, Queensland, Austrália. Proceedings...Brisbane: Departament of Primary Industries, 2000. p. 139-146.
- LIMA, A. A. C.; OLIVEIRA, F. N. S.; AQUINO, A. R. L. **Classificação e Aptidão Agrícola dos Solos do Campo Experimental de Pacajus, Ceará, para a Agricultura**. Documentos 53. Embrapa, 21p. 2002.
- MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, L. C.; VASCONCELOS, L. F. L.; LIMA NETO, J. F. P. Análise genética em genótipos de manga rosa via REML/BLUP. **Revista Agrotecnologia**, v. 5, p. 1-16, 2014.
- MAIA, M. C. C.; ARAUJO, M. F. C.; ARAÚJO, L. B.; DIAS, C. T. S.; OLIVEIRA, L. C.; CRUZ, C. D.; VASCONCELOS, L. F. L.; MACEDO, L. M.; YOKOMIZO, G. K-I.; LIMA, P. S. C. Genetic divergence among a breeding population of *Hancornia speciosa* Gomes (Mangabeira) as determined by multivariate statistical methods. **European Scientific Journal**, v. 14, n. 15, p. 421-433, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20130722>.
- MAIA, M. C. C.; ALMEIDA, A. S.; ARAUJO, L. B.; DIAS, C. T. S.; OLIVEIRA, L. C.; YOKOMIZO, G. K. I.; ROSADO, R. D. S.; CRUZ, C. D.; VASCONCELOS, L. F. L.; LIMA, P. S. C.; MEDINA-MACEDO, L. Principal component and biplot analysis in the agro-industrial characteristics of *Anacardium* spp. **European Scientific Journal**, v. 15, n. 30, p. 21-31, 2019. DOI: <https://doi.org/10.19044/esj.2018.v14n15p421>.
- MAIA, M. C. C.; ARAÚJO, L. B.; DIAS, C. T. S.; OLIVEIRA, L. C.; VASCONCELOS, L. F. L.; LIMA, P. S. C. Early selection in a population of the mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes). **Revista Agro@ambiente Online**, v. 14, p. 1-13, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v14i0.6022>
- MELO, D. S.; VIDAL NETO, F. C.; BARROS, L. M.; SERRANO, L. A. L.; TEIXEIRA, A. S. Protocolo para avaliações de plantas e de castanhas do programa de melhoramento genético do cajueiro da *Embrapa Agroindústria Tropical*. Fortaleza-CE: *Embrapa Agroindústria Tropical/CLP*, 2018 (Comunicado Técnico, 245).

- MELO, D. S.; MAIA, M. C. C.; VIDAL NETO, F. C.; BARROS, L. M.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, L. C.; ARAUJO, L. B.; MEDINA-MACEDO, L. Seleção em uma população segregante de cajueiro por meio de repetibilidade. Fortaleza: Embrapa, 2022a (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento).
- MELO, D. S.; MAIA, M. C. C.; VIDAL NETO, F. C.; BARROS, L. M.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, L. C.; ARAUJO, L. B.; MEDINA-MACEDO, L. Divergência genética em uma população de melhoramento de cajueiro. Fortaleza: Embrapa, 2022b (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento).
- MELO, D. S.; MAIA, M. C. C.; VIDAL NETO, F. C.; BARROS, L. M.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, L. C.; ARAUJO, L. B.; MEDINA-MACEDO, L.; LIMA, P. S. C.; SERRANO, L. A. L. Análise gráfica biplot na seleção de genótipos de cajueiro. Fortaleza: Embrapa, 2022c (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento).
- NOGUEIRA, T. A. P. C.; NUNES, A. C. P.; SANTOS, G. A.; TAKAHASHI, E. K.; RESENDE, M. D. V. Estimativa de parâmetros genéticos em progênies de irmãos completos de eucalipto e otimização de seleção. **Scientia Forestalis**, v. 47, n. 123, p. 451-462, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.18671/scifor.v47n123.07>
- PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente. I. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 23, n. 7, p. 769-780, 1988.
- PINHEIRO, D. S.; MAIA, M. C. C.; PINTO M. F. E.; OLIVEIRA, L. C.; SILVA R. R. D.; YOKOMIZO, G. K. I. Repeatability estimation for mangaba selection using mixed models. **Revista Agro@ambiente Online**, v. 13, p. 243-255, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v13i0.5758>
- RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Estratégias de melhoramento para *Eucalyptus* visando à seleção de híbridos. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v. 21, n. 1, p. 49-60, 1990.
- RESENDE, M. D. V. Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes. Brasília: Embrapa informações tecnológicas, 2002. 975p.
- RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: an useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.
- RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Genética: estratégias de melhoramento e métodos de seleção. In: OLIVEIRA, E. B.; PINTO JUNIOR, J. E. (Ed.). O eucalipto e a Embrapa: quatro décadas de pesquisa e desenvolvimento. Brasília, DF: Embrapa, 2021. cap. 3. p. 171-202.
- SANTOS, G. A.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, L. D.; HIGA, A.; ASSIS, T. F. Adaptabilidade de híbridos multiespécies de *Eucalyptus* ao estado do Rio Grande do Sul. **Revista Árvore**, v. 37, n. 4, 2013.
- SANTOS, G. A.; NUNES, A. C. P.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, L. D.; HIGA, A.; ASSIS, T.F. An index combining volume and pilodyn penetration to study stability and adaptability of Eucalyptus multi-species hybrids in Rio Grande do Sul, Brazil. **Australian Forestry**, v. 79, n. 4, p. 248-255, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1080/00049158.2016.1237253>
- SEBBENN, A. M.; VILAS BOAS, O.; MAX, J. C. M. Altas herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de polinização aberta de *Pinus elliottii* Engelm var. *elliottii*, aos 25 anos de idade em Assis-SP. **Revista do Instituto Florestal**, v. 20, p. 95-102, 2008.
- THORNTHWAITE, C.W. An approach toward a rational classification of climate. **Revista Geographical**, v. 38, n. 1, p. 55-94, 1948.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. São Paulo: Sociedade Brasileira de Genética, 1994. 496 p.
- YAN, W. GGE Biplot vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis. **Journal of the India Society of Agricultural Statistics**, v. 65, n. 2, p. 181-193, 2011.
- ZANATA, M.; FREITAS, M. L. M.; SILVA, M. T.; MORAES, E.; ZANATTO, A. C. S.; SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos e ganhos esperados na seleção em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus pellita*, em Batatais-SP. **Revista do Instituto Florestal**, v. 22, p. 233-242, 2011.