DISSERTAÇÃO

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE CAFÉ ROBUSTA

MILANA GONÇALVES IVOGLO

Campinas, SP
2007

INSTITUTO AGRONÔMICO

CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA TROPICAL E SUBTROPICAL

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE CAFÉ ROBUSTA

MILANA GONÇALVES IVOGLO

Orientador: Luiz Carlos Fazuoli

Dissertação submetida como requisito parcial para a obtenção de **Mestre** em Agricultura Tropical e Subtropical Área de Melhoramento Genético Vegetal

Campinas, SP
Março 2007

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECÁRIA DO NÚCLEO DE INFORMAÇÃO E DOCUMENTAÇÃO DO INSTITUTO AGRONÔMICO - IAC

I96d Ivoglo, Milana Gonçalves
Divergência genética entre progênies de café robusta/ Milana Gonçalves
Ivoglo. Campinas, 2007.
75fls.

Orientador: Luiz Carlos Fazuoli
Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical)
Instituto Agronômico

1. Café – dissimilaridade genética 2. Café – técnicas multivariadas 3. *Coffea canephora* I Luiz Carlos Fazuoli II.Título

CDD. 633.73

SECRETARIA DE AGRICULTURA E ABASTECIMENTO
AGÊNCIA PAULISTA DE TECNOLOGIA
DOS AGRONEGÓCIOS
INSTITUTO AGRONÔMICO
Pós-Graduação
Av. Barão de Itapura 1481 Caixa Postal 28
13001-970 Campinas, SP - Brasil
(019) 3231-5422 ramal 194
pgiac@iac.sp.gov.br

IAC
INSTITUTO AGRONÔMICO

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

PÓS-GRADUAÇÃO
AGRICULTURA TROPICAL E SUBTROPICAL

TÍTULO: **Divergência genética entre progênies de café robusta**

Aluna: **Milana Gonçalves Ivoglo**
Processo SAA nº. **12047/05**

Orientador(a): **Luiz Carlos Fazuoli**

Aprovado pela Banca Examinadora:

Dr.(a) Luiz Carlos Fazuoli - IAC

Dr.(a) Antônio Carlos Baião de Oliveira - IAC

Dr.(a) Mirian Perez Maluf - EMBRAPA

Campinas, 30 de março de 2007

Visto:

Sueli dos Santos Freitas
Vice - Coordenadora
Pós - Graduação IAC

Aos meus pais Mauro e Maria Izilda
pela oportunidade desta reencarnação e
pelo amor incondicional ofertados a mim

DEDICO

À minha família e amigos verdadeiros,
Pela amizade e torcida incondicional

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

- À Deus, pela vida, saúde e presença constante;

- Aos meus pais, Mauro e Maria Izilda, e familiares, em São José dos Quatro Marcos e Cuiabá, que, mesmo à distância, sempre se preocuparam com o andamento das minhas atividades e pelo estímulo em todos os momentos;

- À Pós-Graduação do Instituto Agronômico de Campinas, pela oportunidade de realização deste curso;

- À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Ensino Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos;

- Ao meu orientador Prof. Dr. Luiz Carlos Fazuoli, pela orientação e ensinamentos na realização deste trabalho;

- Ao pesquisador Antonio Carlos Baião de Oliveira pela eficiente orientação e auxílio nas análises estatísticas, essenciais à conclusão deste trabalho;

- Ao pesquisador Júlio César Mistro pela ajuda na coleta de dados experimentais e pela amizade;

- À bióloga Masako Toma-Braghini pela colaboração prestada;

- Às pesquisadoras Maria Bernadete Silvarolla e Flávia Maria de Melo Bliska, pelas sugestões apresentadas;

- Ao chefe da Estação Experimental do Pólo Regional do Nordeste Paulista (APTA Regional/Mococa-SP), Paulo Boller Gallo e a seus funcionários;

- Aos professores das disciplinas cursadas, em especial, Carlos Eduardo de Oliveira Camargo e Maria Eliza A.G. Zagatto Paterniani, pela experiência e pelos relevantes ensinamentos;

- À professora Marilene Araújo, pelas aulas de francês e incondicional incentivo;

- Aos pesquisadores e funcionários do Centro de Análise e Pesquisa Tecnológica do Agronegócio do Café 'Alcides Carvalho', do IAC;

- Meus sinceros agradecimentos a todos que, direta e indiretamente, colaboraram para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO..... viii

ABSTRACT..... x

1 INTRODUÇÃO..... 1

2 REVISÃO DE LITERATURA..... 3

2.1 Importância Econômica do Café no Brasil..... 3

2.2 História, Origem, Dispersão Geográfica e Taxonomia do Café..... 6

2.3 Biologia da Reprodução e Aspectos Botânicos do Café..... 9

2.4 Melhoramento Genético de *Coffea canephora*..... 11

2.5 Estimativas de Parâmetros Genéticos..... 18

2.6 Divergência Genética..... 22

2.6.1 Análise de agrupamento..... 24

3 MATERIAL E MÉTODOS..... 26

3.1 Material Genético..... 26

3.2 Análises Genético-Estatísticas..... 29

3.2.1 Análise de variância univariada e estimativas de parâmetros genéticos..... 29

3.2.2 Análise de divergência genética entre progênies de meios-irmãos..... 32

3.2.2.1 Análise de agrupamento..... 32

3.2.2.1.1 Distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$)..... 32

3.2.2.2 Métodos de agrupamento..... 33

3.2.2.2.1 Método de otimização de Tocher..... 33

3.2.2.2.2 Método UPGMA (“Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages”)..... 34

3.2.2.2.3 Método de projeção das distâncias no plano 3D..... 35

3.2.2.3 Importância relativa das características na divergência genética pela metodologia de SINGH (1981)..... 35

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO..... 37

4.1 Análise de Variância Univariada e Estimativa do Coeficiente de Variação Ambiental (CVe) e do Coeficiente de Determinação Genotípico (H^2)..... 37

4.2 Comparação de Médias pelo Critério de Scott Knott..... 41

4.3 Análises de Divergência Genética por Técnicas Multivariadas..... 48

4.3.1 Dissimilaridade genética avaliada pela distância generalizada de Mahalanobis entre progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora*..... 48
4.3.2 Análises de agrupamento..... 53
4.3.2.1 Método de otimização de Tocher..... 53
4.3.2.2 Método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages)……... 55
4.3.2.3 Método de projeção das distâncias no plano 3D estimado pela distância generalizada de Mahalanobis..... 57
4.3.3 Importância relativa das características e descarte de variáveis..... 59
5. CONCLUSÕES..... 63
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... 64

IVOGLO, Milana Gonçalves. **Divergência genética entre progênies de café robusta.** 2007. 75f. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético Vegetal) – Pós-Graduação – IAC.

RESUMO

Estudos de divergência genética são de grande importância para o conhecimento da variabilidade genética das populações, e esta é o ponto de partida para qualquer programa de melhoramento genético. A variabilidade genética pode ser melhor explorada por meio da escolha de parentais dissimilares e que apresentem média elevada e complementaridade para características de interesse. Este trabalho teve como objetivo estudar a divergência genética entre 21 progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora*, em relação a 14 características morfo-agronômicas, com o intuito de indicar as progênies mais divergentes para a definição de populações-base para os programas de seleção e produção de híbridos. Os dados amostrais foram obtidos de um experimento instalado no Pólo Regional do Nordeste Paulista (APTA Regional/Mococa,SP), no delineamento de blocos ao acaso, com 21 tratamentos (progênies) e 24 repetições, no espaçamento de 4,0 x 3,0m, com uma planta útil por parcela. A divergência genética foi estudada por procedimentos multivariados empregando-se a distância generalizada de Mahalanobis e os métodos de agrupamento de Tocher, UPGMA e dispersão gráfica no plano tridimensional. Em todos os caracteres estudados verificaram-se diferenças significativas ($P<0,01$ ou $P<0,05$), indicando a existência de variabilidade genética entre as progênies para todas as características avaliadas, que associados a elevado H^2 indicam condições favoráveis para obtenção de ganhos genéticos na seleção. As médias de todas as características foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. No estudo da divergência genética observou-se, pela distância generalizada de Mahalanobis, dissimilaridade entre os genótipos variando de 1,17 a 19,65. O método de Tocher reuniu as 21 progênies em quatro grupos distintos. Os grupos 1 e 2 foram subdivididos em quatro e três subgrupos, respectivamente, para melhor representar a divergência entre as progênies. Nos métodos UPGMA e projeção das distâncias no plano 3D, verificou-se concordância parcial com o método de Tocher. As progênies do grupo Congolês se mostraram mais dissimilares entre si, do que em relação àquelas do grupo Guineano. As progênies mais dissimilares são IAC 2255 e

IAC 2262, que constituíram grupos isolados em todos os métodos. Dentro das seis progênies mais produtivas é possível a seleção de genótipos superiores, em razão de suas elevadas amplitudes de variação e variância. A progênie IAC 2290 apresenta características desejáveis para um programa de melhoramento, pois foi a mais produtiva, com elevada porcentagem de grãos tipo chato e baixa de grãos tipo moca, peneira média e massa de mil sementes elevadas. Podem ser consideradas as hibridações entre IAC 2262 com IAC 2290, IAC 2286, IAC 2292 ou IAC 2291, como as mais promissoras na obtenção de populações segregantes ou híbridos heteróticos. As características DCoA, AltA e AF foram descartadas das análises por não terem contribuído para a divergência genética, pois não alteraram o agrupamento original das progênies. Este fato pode ser justificado pela detecção de elevada correlação genotípica dessas características, com outras avaliadas. Assim, na tomada de decisões deve-se dar preferência à seleção de materiais divergentes e complementares, mas que possuam também, características de interesse para os segmentos ligados à cafeicultura.

Palavras-chave: dissimilaridade genética, *Coffea canephora*, técnicas multivariadas

IVOGLO, Milana Gonçalves. **Genetic divergence among robusta coffee progenies.** 2007. 75f. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético Vegetal) – Pós-Graduação – IAC.

ABSTRACT

Studies of genetic divergence are of great importance for the knowledge of the genetic variability of the populations, and this is the starting point for any program of genetic breeding. The genetic variability can be better explored through the choice of dissimilar parentals exhibiting high average and complementarity for interest traits. This work aimed at studying the genetic divergence among 21 half-sibs *Coffea canephora* progenies, in relation to 14 morph-agronomic traits with the intention of indicating the most divergent progenies for the definition of basis-population for the programs of hybrid selection and production. The sampling data had been obtained from an experiment installed in the Pólo Regional do Nordeste Paulista (APTA Regional/Mococa,SP), in the randomized blocks, with 21 treatments (progenies) and 24 replicates, in the spacing of 4,0 x 3,0m, with an useful plant per plot. The genetic divergence was studied by multivariate procedures being used the generalized Mahalanobis distance and the grouping methods of Tocher, UPGMA and graphic dispersion in the three-dimensional plan. In all of the studied traits significant differences were verified ($P < 0,01$ or $P<0,05$), indicating the existence of genetic variability among the progenies that, associated to a high H^2 indicate favorable conditions to obtain genetic gain in the selection. The averages of all the traits were compared through the Scott-Knott test at 5% of probability. In the study of the genetic divergence it was observed, through the generalized Mahalanobis distance, dissimilarity among the genotypes varying from 1,17 to 19,65. The Tocher method gathered the 21 progenies in four different groups. The groups 1 and 2 were subdivided in four and three subgroups, respectively, to better represent the divergence among the progenies. In the methods UPGMA and projection of the distances in the 3D plan, partial agreement was verified with the Tocher´s method. The progenies of the Congolese group were shown to be more dissimilar amongst themselves, than in relation to those of the Guineano group. The most dissimilar progenies are IAC 2255 and IAC 2262, which constituted isolated groups in all of the methods. Within the six more productive progenies it is possible the selection of superior genotypes, by virtue of their high widths of variation

and variance. The progeny IAC 2290 presents desirable traits for an breeding program, because it was the most productive, with high percentage of flat beans and low of peaberry grains and elevated average sieve and thousand-seed mass. The hybridizations can be considered among IAC 2262, IAC 2290, IAC 2286, IAC 2292 and IAC 2291, as the most promising in the obtention of segregating populations or heterotic hybrids. The DCoA, AltA and AF traits were discarded of the analyses for not having contributed to the genetic divergence, once they did not alter the original grouping of the progenies. This fact can be justified by the detection of high genotypic correlation of those traits, with others evaluated. Thus, in making decisions one should prefer the selection of divergent and complementary materials, but that also possess traits of interest for the segments linked to the coffee growing.

Key words: genetic dissimilarity, *Coffea canephora*, multivariate techniques

1 INTRODUÇÃO

O agronegócio do café está entre as atividades de maior importância sócio-econômica, quando comparadas as diferentes atividades ligadas ao comércio agrícola mundial, sendo uma grande "*commodity"* mundial. As espécies de maior importância no mercado econômico internacional são *Coffea arabica* L. (café arábica) e *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner. (café robusta). Cerca de 70% do café negociado no mundo é do tipo arábica e 30% do robusta. No contexto da cafeicultura mundial, o Brasil é um país estrategicamente melhor situado, por apresentar uma produção, em larga escala, das duas espécies mais importantes.

O Brasil é o maior produtor mundial de café, ocupando atualmente uma área cultivada de 2.309.741 hectares, dos quais 92,4% estão em produção e 7,6%, em formação (CONAB, 2006). A cafeicultura está presente em quinze Estados da Federação, possibilitando uma diversificada disposição espacial da produção nacional. A média de produção, na safra 2006/2007, está estimada em 41.573 mil sacas de café beneficiado, das quais 77,1% são de café arábica e 22,9% são de café robusta (variedade Conilon) (CONAB, 2006). No Brasil, a quase totalidade das lavouras de café, conhecido como café robusta, é da variedade Conilon, sendo o Espírito Santo o maior produtor, seguido pelos Estados de Rondônia e Bahia.

A importância econômica do café robusta se deve, principalmente, ao fato de entrar como matéria–prima básica na indústria de solubilização e como componente importante na composição dos "blends" com café arábica nas indústrias de torrado e moído (INÁCIO, 2005). Isso proporciona ao produto final expressiva capacidade de competição no mercado, tendo em vista o maior rendimento industrial, por ter principalmente mais sólidos solúveis, e menores preços médios em sua comercialização, devido ao menor custo de produção.

A espécie *C. canephora* é alógama, com 100% de fecundação cruzada, diplóide (2n = 2x = 22) e apresenta auto-incompatibilidade genética do tipo gametofítica (BERTHAUD, 1980; CONAGIN & MENDES, 1961; LASHERMES et al., 1996a). Em razão de sua forma natural de reprodução, através de sementes, e conseqüente heterogeneidade das populações, as lavouras de café robusta apresentam plantas muito distintas quanto a arquitetura da parte aérea, formato e tamanho dos grãos, época e

uniformidade de maturação dos frutos, suscetibilidade a pragas e doenças, tolerância à seca, vigor vegetativo, capacidade produtiva, entre outros, sendo difícil a caracterização de variedades dentro da espécie. Por outro lado, as condições básicas para que um programa de melhoramento genético obtenha sucesso é a existência dessa variabilidade genética na população, associada à média elevada das características avaliadas. Esses atributos permitem a seleção de genótipos superiores e possibilitam o incremento da freqüência de genes favoráveis através de métodos de seleção adequados, proporcionando a obtenção de materiais genéticos adaptados às condições ambientais predominantes para cada região produtora.

A espécie *C. canephora* é originada das florestas tropicais úmidas, de baixas altitudes, que se estendem desde a costa oeste até a região central do continente africano, apresentando ampla adaptação às condições edafoclimáticas tropicais, de baixas altitudes e temperaturas elevadas. O primeiro registro da ocorrência de café robusta no Brasil foi em 1920, no Espírito Santo. Os cultivos tradicionais se estabeleceram a partir da utilização de materiais provenientes do continente africano, por meio de multiplicação sexuada de plantas matrizes, selecionadas pelos próprios agricultores ao longo dos anos, proporcionando o estabelecimento de populações com ampla variabilidade genética, devido ao seu modo de reprodução.

Em um programa de melhoramento, o estudo da diversidade genética através de técnicas multivariadas é de primordial importância, principalmente em início de programas, na definição de estratégias de trabalhos. O estudo da diversidade genética por intermédio de análises biométricas tem como objetivos: definição de populações-base para efeito de seleção, identificação de genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que também proporcionem maior segregação em recombinações, agrupamento de materiais genéticos similares para a formação de variedades sintéticas e caracterização da variabilidade de recursos genéticos em bancos de germoplasma “in situ” e “ex situ”. Bons genitores são aqueles que apresentam variabilidade genética, que possuam bom comportamento “per se” e que apresentem médias elevadas das características avaliadas, com alta adaptabilidade e estabilidade de comportamentos.

Vários métodos preditivos podem ser utilizados no estudo da divergência genética, dentre eles estão a análise multivariada, pela utilização das medidas de dissimilaridade envolvendo a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis, métodos hierárquicos de agrupamento, como UPGMA e o do vizinho

mais próximo e o método de otimização de Tocher, além de técnicas de dispersão gráfica envolvendo análises por componentes principais e por variáveis canônicas. A escolha do método mais adequado tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos.

Apesar de as técnicas multivariadas serem conhecidas a longo tempo, sua utilização em maior escala só se tornou possível com a disponibilidade dos recursos computacionais, que possibilitaram a avaliação simultânea de vários características e permitiram que inúmeras inferências pudessem ser feitas a partir do conjunto de dados existentes.

Este trabalho teve como propósito a obtenção de um conjunto de informações genéticas, capazes de fornecer subsídios importantes para o adequado planejamento e execução de um programa eficaz de melhoramento de *C. canephora*, no IAC. Primeiramente, utilizou-se a estimativa de parâmetros genéticos, buscando conhecer a estrutura genética de uma população constituída de 21 progênies de meios-irmãos de *C. canephora* do Programa de Melhoramento Genético do IAC. Posteriormente, estudou-se a diversidade genética dessas progênies com base em procedimentos multivariados, buscando a identificação das progênies mais divergentes para a definição de populações-base para posterior seleção e produção de híbridos.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Importância Econômica do Café no Brasil

A história econômica do Brasil está estreitamente ligada ao desenvolvimento da cadeia agroindustrial do café, por ter tido grande influência na colonização e desenvolvimento do país, exclusivamente devido à produção e à exportação desse produto. A produção mundial de café não depende mais significativamente do Brasil como ocorria até o passado recente. Com o ingresso de novos produtores, diminuiu bastante o poder de influência de que o país dispunha, mesmo considerando que nas últimas safras tenha apresentado um grande aumento da produção no mercado internacional.

De acordo com as estatísticas disponíveis, atualmente, o Brasil é o maior produtor mundial de café com 31% da produção, seguido pelo Vietnã com 12% e pela Colômbia com 11% (BRADESCO, 2006). A produção nacional no ano de 2006 foi de 41.573 mil sacas de café beneficiado, representando um crescimento significativo de 26,2%. Ocupa uma área de aproximadamente 2,3 milhões de hectares, dos quais 92,4% são áreas produtivas e 7,6% são áreas em formação. O café está presente em quinze Estados da Federação, o que possibilita uma diversificada disposição espacial da produção. Os principais Estados produtores são Minas Gerais (50,9%), Espírito Santo (21,7%), São Paulo (10,8%), seguidos pelos Estados do Paraná, Bahia, Rondônia, Mato Grosso, Pará e Rio de Janeiro (CONAB, 2006).

O café é uma grande *commodity* no mercado mundial de produtos agrícolas e agroindustriais. O Brasil é considerado o maior exportador de café em grãos do mundo, com 26% das exportações totais, seguido pelo Vietnã com 13,5% e Colômbia com 12,5% (BRADESCO, 2006). A média das exportações brasileiras entre os anos de 1992 a 1996 foi de 22,7%, subindo para 23,6% no período de 1997 a 2001 (SAES & NAKAZONE, 2002). Segundo MATIELLI & RUGGIERO (2005), as exportações brasileiras chegaram a representar 80% do total mundial na década de 1920 e cerca de 70% na década de 1950.

Devido a essa substancial redução, o agronegócio café tem que continuar a merecer atenção especial pela geração de, aproximadamente, nove milhões de empregos e, apenas na agricultura, por uma riqueza anual de 10 bilhões de reais (FREITAS, 2006). Esse envolvimento, direto ou indireto, com o café abrange todos os segmentos do setor, envolvendo uma complexa cadeia que vai desde a produção até sua comercialização e industrialização.

Estima-se que o Brasil exportou, em 2006, US$ 100 milhões de café industrializado (PSI, 2006). O volume ainda é pequeno, estando longe de alcançar a Itália (US$ 269,7 milhões/ano), Alemanha (US$ 203,8 milhões/ano) e EUA (US$ 164 milhões/ano), maiores exportadores do mundo, quando se trata de café industrializado (SINDICAFÉ, 2006).

Quanto ao café solúvel, o Brasil além de ser o segundo maior produtor, com 20% do mercado, ficando atrás dos Estados Unidos, que detém 30% do mercado, é também o maior exportador, com 45% das exportações mundiais (BRADESCO, 2006). Segundo O ESTADO DE SÃO PAULO (2006), no período de janeiro a setembro de

2006, a receita cambial com exportação de café solúvel cresceu 7,27%, comparado ao mesmo período de 2005.

Segundo Miarelli, presidente do Conselho Nacional do Café, o Brasil, que é o segundo maior consumidor mundial de café, tende a ser o maior consumidor do mundo dentro de 10 anos, com a estimativa de consumo de 21 milhões de sacas, ultrapassando os Estados Unidos, que hoje lideram o consumo da bebida (ABIC, 2006). O consumo de café torrado e moído cresceu 2,93%, no período de maio de 2005 a abril 2006, em relação ao mesmo período do ano anterior e atingiu a marca de 15,95 milhões de sacas, representando 13% de todo consumo mundial de café.

As espécies de maior importância no mercado econômico internacional são *C. arabica* (arábica) e *C. canephora* (robusta). Cerca de 70% do café negociado no mundo é do tipo arábica e 30% do robusta (FAZUOLI, 2004). No contexto da cafeicultura mundial, o Brasil é um país estrategicamente melhor situado, por apresentar uma produção, em larga escala, das duas espécies mais importantes.

No que se refere ao cultivo do café robusta no Brasil, a variedade Kouilou, mais conhecida como Conilon, é a mais plantada no país, sendo o Estado do Espírito Santo o maior produtor. O robusta tem atraído produtores de muitos Estados, principalmente nas regiões de fronteira, por ser uma variedade mais resistente e rústica (INÁCIO, 2005).

O crescimento da produção tem ocorrido de forma assimétrica entre os cafés arábica e robusta. No início da década de 90, o robusta representava menos de 30% do total produzido no mundo, ante a participação de 40% em 2001 (SAES & NAKAZONE, 2002), acarretando um deslocamento da média mundial de consumo a favor desse tipo de café.

Segundo a CONAB (2006), da totalidade de produção nacional de café na safra 2006/07, o café robusta (variedade Conilon) teve uma participação de 22,9%, correspondendo à produção de 9.512 mil sacas. O maior produtor é o Estado do Espírito Santo que, da produção total de 9.011 mil sacas de café, 76,5% correspondem ao café robusta (variedade Conilon). Este Estado é seguido pelos Estados de Rondônia, que representa 3,2 % da produção nacional de robusta (1.310 mil sacas), e Bahia com participação de 23,4% da sua produção.

Segundo SAES & NAKAZONE (2002), as exportações nacionais de café robusta, nos anos de 1997 a 2001, tiveram crescimento médio significativo e chegaram a 8,9%, ficando atrás do Vietnã, Indonésia, Costa do Marfim e Uganda. Destaca-se

também o crescimento da receita de exportações de café robusta de 113,7%, na safra de 2005 (CARVALHO & OLIVEIRA, 2006).

Devido ao aumento de sua oferta em relação ao café arábica e ao aumento de deságios entre eles, as torrefadoras internacionais passaram a substituir o café arábica pelo robusta nos "blends". É importante ressaltar que, nos últimos anos, a quantidade de café robusta nesses "blends" tem aumentado significativamente, passando de 15 a 25% para 30 a 45% (MATIELLI & RUGGIERO, 2005). Para a produção de café solúvel, é usada proporção média de 30% de café arábica e 70% de café robusta, porque este apresenta maior rendimento para o processo e o arábica tem o sabor mais apreciado.

Portanto, a importância econômica do café robusta é devido, principalmente, ao fato de entrar como matéria–prima básica na indústria de solubilização e como componente importante na composição dos "blends" com café arábica, nas indústrias de torrado e moído (INACIO, 2005). Essas ações vêm proporcionando ao produto final expressiva capacidade de competição no mercado, tendo em vista o maior rendimento industrial, por ter, principalmente, mais sólidos solúveis e menores preços médios em sua comercialização, devido ao menor custo de produção.

Embora até o presente produza exclusivamente café arábica, o Estado de São Paulo é responsável por cerca de 49% do café torrado consumido e por 80% do café solúvel produzido na Brasil (PLANO DIRETOR, 2003).

A maior parte das indústrias de torrefação e moagem está concentrada na região Sudeste, especialmente em São Paulo, que torra quase 50% do total de café produzido no país (SAES & NAKAZONE, 2002). A importância da industrialização do café em São Paulo é muito evidente, quando se verifica o volume significativo de cafés da espécie *C. canephora* processado pelas solubilizadoras paulistas. Além disso, essa indústria gera cerca de 1.000 empregos diretos e destina sua produção para os mercados internos e externos, como Rússia, Estados Unidos, União Européia e Ásia (PLANO DIRETOR, 2003).

2.2 História, Origem, Dispersão Geográfica e Taxonomia do Café

O café originou-se em Kaffa, na Abissínia – hoje chamada Etiópia – no continente africano. Apesar de existir a aproximadamente mil anos, o primeiro registro comprovado da existência do café é datado do século XV (SMITH, 1985).

A história do cultivo de café começou no Yemem com a espécie *C. arabica*, e se desenvolveu rapidamente após sua introdução na América, por volta de 1720. Com o aparecimento da ferrugem, causada por *Hemileia vastatrix*, no sudeste da Ásia em 1870, uma segunda espécie passou a ser utilizada, *C. canephora*, uma vez que a maior parte dos cafeeiros dessa espécie é resistente a esta doença (CHARRIER & BERTHAUD, 1988; LASHERMES et al., 1999; MONTAGNON et al., 1998a). Após várias décadas, o cultivo foi expandido para África, América e Ásia.

Foi através da Holanda e de seu intenso comércio marítimo que o café chegou ao novo mundo, ou seja, à América, no ano de 1718. No Brasil, ele chegou pela Guiana Francesa, em 1727, através de mudas e sementes, trazidas pelo sargento-mor Francisco de Mello Palheta, que estabeleceu uma modesta lavoura no Pará, posteriormente se expandindo para o Maranhão, regiões Sudeste e Sul. No ano de 1985, o Brasil passou a ser considerado o maior exportador deste produto (FERRÃO, 2004).

Os cafeeiros pertencentes à família Rubiaceae e à tribo *Coffeeae* abrangem mais de 10.000 espécies agrupadas em 630 gêneros. As classificações mais recentes (BRIDSON & VERDCOURT, 1988; BRIDSON, 1994) agrupam os cafeeiros da tribo *Coffeeae* em dois gêneros: o *Coffea* L. e o *Psilanthus* Hook. f., sendo distintos por suas particularidades nas estruturas florais. Estes gêneros, por sua vez, são divididos em dois subgêneros: o *Psilanthus,* nos subgêneros *Psilanthus* (uma espécie) e *Afrocoffea* (18 espécies), e o *Coffea*, nos subgêneros *Coffea* (80 espécies) e *Baracoffea* (7 espécies) (CROSS, 1994).

De acordo com BERTHAUD & CHARRIER (1988) e CARVALHO et al. (1969) o subgênero *Coffea* é dividido em duas seções: *Mascarocoffea* e *Eucoffea*, sendo que esta última compreende cinco subseções: *Erythrocoffea, Melanocoffea, Pachycoffea, Nanocoffea* e *Mozambicoffea*, das quais na subseção *Erythrocoffea* encontram-se *C. arabica* e *C. canephora.* Embora as demais espécies não sejam cultivadas economicamente, constituem em importante germoplasma para o programa de melhoramento do cafeeiro, em vista de uma grande variabilidade genética que existe entre e dentro delas.

Mesmo após numerosas revisões bibliográficas, há controvérsias em relação à taxonomia das espécies de *Coffea* e muitas, apesar de serem oriundas de regiões asiáticas e descritas como pertencentes a este gênero, não são mais consideradas como espécies verdadeiras de *Coffea*. As verdadeiras espécies de *Coffea* são nativas da região

central e equatorial da África, de Madagascar e de ilhas próximas ao Oceano Índico (CROSS, 1994; FAZUOLI, 2004).

As dificuldades de classificação das espécies de *Coffea* decorrem do fato de não existirem coleções com essas espécies descritas, por isso, o estabelecimento de Bancos de Germoplasma tão completos quanto possível seria de extrema importância para estudos filogenéticos e para o conhecimento e avaliação da variabilidade genética disponível no gênero e seu potencial para o melhoramento (CRUZ et al., 1991; EIRA et al., 2006; FAZUOLI et al., 1999). Bancos de Germoplasma de *Coffea* existem na Costa do Marfim, Madagascar, Costa Rica, Colômbia, Brasil, Camarões, Tanzânia, Etiópia, Índia, Quênia, Congo e outros países (CHARRIER & ESKES, 2004; FAZUOLI, 2006). A mais importante coleção do país está localizada no Instituto Agronômico de Campinas – IAC, onde foi possível reunir, até o presente, 16 das principais espécies do gênero *Coffea,* três do gênero *Psilanthus* e dentro de *C. arabica* mais de 200 introduções (progênies) da Etiópia e de *C. canephora* introduções de vários países africanos através do CATIE/Costa Rica (EIRA et al., 2006; FAZUOLI et al., 1999; FAZUOLI, 2006).

Geograficamente, a espécie *C. canephora* tem distribuição bastante ampla, sendo proveniente das áreas equatoriais e tropicais, que se estende desde a costa oeste até a região central do continente africano, compreendendo a faixa que vai da República de Guiné, Uganda e Angola (CHARRIER & BERTHAUD, 1988). É originária de uma região quente, úmida e de baixa altitude, geralmente com estação seca moderada a acentuada, o período hibernal, com precipitações pluviométricas de 1500 a 1800 mm anuais (CARVALHO et al., 1984), embora também existam formas que aparecem, espontaneamente, em altitudes elevadas (CARVALHO & MONACO, 1967).

Segundo CHEVALIER (1944) dentre as variedades originadas de *C. canephora*, conhecido como café robusta, pode-se encontrar: 'Robusta', 'Kouilou', 'Laurette', 'Oka', 'Bukobensis', 'Uganda', 'Crassifólia' , 'Sankutu', 'Bakaba', 'Nana', dentre outras.

Entre as décadas de 1900 a 1930, os cafeeiros vindo de populações de *C. canephora* silvestres, do tipo Robusta e Kouilou, foram cultivados no Congo Belga – hoje República Democrática do Congo – e em Costa do Marfim, na África, respectivamente (LASHERMES et al., 1999, MONTAGNON et al., 1998a; SMITH, 1985).

Nos anos 80, graças às técnicas de eletroforese de enzimas, dois grupos genéticos bastante distintos foram identificados de populações silvestres de *C. canephora*: 'a' Guineano, que contém os cafeeiros derivados da variedade 'Kouilou,' que engloba plantas da Guiné, Libéria e Costa do Marfim; 'b' o grupo Congolês, originário da África Central, que é dividido em dois subgrupos: '1' subgrupo 1 (SG1), que contém também os cafeeiros tipo Kouilou ou intermediários; '2' sub-grupo 2 (SG2), que contém cafeeiros derivados da variedade Robusta (MONTAGNON et al.,1998a).

A população inicialmente introduzida no Brasil foi a de cafeeiros tipo Kouilou, aqui denominada de Conilon, e que tem sido explorada mais expressivamente no Espírito Santo, Rondônia e Bahia. O café Conilon, da espécie *C. canephora*, passou a ser explorado comercialmente a partir dos anos 60, com o objetivo inicial do cultivo em áreas consideradas marginais para *C. arabica*. Ele pertence ao grupo Guineano ou pode ser constituído de intercruzamentos entre cafeeiros do subgrupo 1 (SG1) e 2 (SG2) Congolês ou, mesmo, híbridos entre os grupos Guineano e Congolês, tendo como efeito uma grande segregação de formas observadas nas sementes. Atualmente, cafeeiros da variedade Robusta, do grupo Congolês, vêm se mostrando muito produtivos em experimentos no Estado de São Paulo, Mato Grosso e Rondônia (FAZUOLI et al., 2001; VENEZIANO & FAZUOLI, 2000; VENEZIANO et al., 2003).

O IAC desenvolve, desde 1970, um programa de melhoramento de *C. canephora* e já selecionou mais de 200 plantas matrizes e algumas progênies de meios-irmãos do grupo Congolês muito produtivas, resistentes à ferrugem e a outras doenças e de sementes grandes, semelhantes às cultivares de *C. arabica*. Selecionou, também, várias progênies do grupo Guineano ou Kouilou em São Paulo na década de 40, provenientes de Castelo, no Espírito Santo, ou híbridos entre esses dois grupos (AGUIAR et al., 2005a,b; FAZUOLI, 1986; FAZUOLI et al., 2000b; FAZUOLI et al., 2001).

2.3 Biologia da Reprodução e Aspectos Botânicos do Café

Estudos sobre número de cromossomos em café vêm sendo realizados desde a década de 30 por SYBENGA (1960). Na seção *Coffea,* todas as espécies são diplóides com 2n = 22 cromossomos, exceto para a espécie tetraplóide *C. arabica*, com 2n = 44 cromossomos.

Uma característica comum das cultivares de café, que pertencem à espécie *C. canephora,* é possuir flores hermafroditas e um sistema de auto-incompatibilidade,

multiplicando-se exclusivamente por fecundação cruzada. Segundo estudos feitos em Java por Ferwerda e citado por CARVALHO et al. (1969), não houve pegamento de frutos em ramos autopolinizados, enquanto que em ramos com polinização cruzada houve pegamento de frutos de 50% ou mais.

De acordo com estudos já realizados, a incompatibilidade encontrada nesta espécie é do tipo gametofítica, indicando um único loco S com, pelo menos, três alelos interagindo num sistema gametofítico (BERTHAUD, 1980; CONAGIN & MENDES, 1961; LASHERMES et al., 1996a). Por ser uma planta alógama, devido a sua incompatibilidade gametofítica, apresenta variabilidade genética significativa, sendo as cultivares constituídas de mistura de progênies de meios-irmãos (MONTAGNON et al., 1998a).

A espécie *C. canephora* é tratada e conhecida genericamente como 'café robusta', devido ao seu alto vigor vegetativo, tolerância às doenças e adaptação a uma ampla faixa de condições edafoclimáticas tropicais, de baixas altitudes e temperaturas elevadas. As áreas de origem e cultivo são normalmente bastante quentes, com temperaturas médias anuais superiores a 22ºC. Seu crescimento apresenta dimorfismo, onde o caule principal (ortotrópico) cresce verticalmente e, no geral, os ramos laterais (plagiotrópicos) crescem quase horizontalmente. Apresenta porte maior que o café arábica, tem um sistema radicular bastante volumoso e eficiente na absorção de nutrientes e água, sendo menores os problemas com carências nutricionais. É multicaule, o que facilita a produção de estacas (MONTAGNON et al.,1998a). As flores são maiores e em grande número por axila e pode florescer uma ou várias vezes por ano, após uma chuva de pelo menos 10 milímetros que seguiu um período de estresse hídrico (DUSSERT et al., 1999).

As diferenças fenotípicas entre o grupo Guineano (Kouilou) e o grupo Congolês (Robusta) foram estudadas por CHARRIER & BERTHAUD (1988) e MONTAGNON et al. (1998a), que as resumiu da seguinte forma:

- Grupo Guineano: folhas pequenas e arredondadas, frutos pequenos, sementes pequenas com alto teor de cafeína, caules ramificados, crescimento arbustivo, maturação precoce dos frutos, resistência à seca e maior suscetibilidade à ferrugem. Qualidade de bebida inferior ao grupo Congolês.
- Grupo Congolês SG1 (subgrupo 1): folhas de tamanho médio e alongada, sementes grandes com forte teor de cafeína, caules

geralmente bem ramificados, produção tardia, média resistência à ferrugem e muito tolerante à seca. A bebida combina aroma, corpo, amargor e, algumas vezes, baixa acidez.

- Grupo Congolês SG2 (subgrupo 2): folhas grandes e largas, sementes grandes (salvo os representantes selvagens) e fraco teor de cafeína, caule pouco ramificado, produção com maturação tardia, cafeeiros muito resistentes à ferrugem e sensíveis à seca. A bebida apresenta características típicas do café robusta: bom aroma, baixa acidez, corpo e amargor médio.

Em razão de sua forma natural de reprodução, através de sementes, e conseqüente heterogeneidade das populações, as lavouras de café robusta apresentam plantas muito distintas quanto a arquitetura da parte aérea, formato e tamanho dos grãos, época e uniformidade de maturação dos frutos, suscetibilidade a pragas e doenças, tolerância à seca, vigor vegetativo, capacidade produtiva, entre outros, sendo difícil a caracterização de variedades dentro da espécie (CHARRIER & BERTHAUD, 1988). Por outro lado, a ampla variabilidade genética existente constitui-se em importante matéria–prima para a realização do melhoramento genético da espécie, proporcionando a obtenção de materiais genéticos adequados às condições ambientais predominantes para cada região produtora (FONSECA, 1999).

2.4 Melhoramento Genético de *Coffea canephora*

A variabilidade genética do gênero *Coffea* está sendo conservada em Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) “in situ”, “ex situ” e “in vitro”. O Brasil destaca-se no meio científico por possuir um banco de germoplasma de café com muitos representantes. De acordo com FAZUOLI et al. (2002), estão sendo mantidos e caracterizados 7.179 acessos no Instituto Agronômico de Campinas, no Estado de São Paulo.

O uso de cultivares melhoradas é um dos fatores necessários para o sucesso da cafeicultura mundial, portanto, o principal objetivo de um programa de melhoramento é a obtenção de cultivares adaptadas às diferenças de ecossistemas presentes nas regiões cafeeiras, permitindo assim uma maior exploração da cultura. Os critérios de melhoramento estão envolvidos com o tempo, lugar e práticas culturais, principalmente

quando o melhoramento genético das espécies *C. canephora* e *C. arabica* são comparados.

A obtenção de materiais geneticamente superiores, pelo melhoramento de plantas, envolve estudos de características agronômicas, que na maioria são quantitativas e complexas, tornando a seleção difícil, em razão do grande número de genes envolvidos e suas interações e, também, devido a influência ambiental que interfere em suas expressões (MARQUES et al., 2001).

Pesquisas visando o melhoramento do cafeeiro vêm permitindo substituições de variedades de menor valor, por outras mais vantajosas. O Brasil é considerado líder no desenvolvimento de variedades melhoradas de café, que produzem três vezes mais que as variedades antigas, e foi a partir desses trabalhos de melhoramento, que a cultivar inicialmente introduzida 'Típica' foi substituída por outras cultivares com maiores médias de produtividade, como Mundo Novo e Catuaí (BORÉM & MIRANDA, 2005). O mesmo vem ocorrendo com o café Conilon no Espírito Santo, onde novas variedades clonais são produzidas e plantadas (FONSECA et al., 2006).

Os primeiros cultivos e trabalhos de melhoramento com *C. canephora* foram realizados em Java, na Indonésia, por volta de 1900, com a finalidade de estabelecer bases biológicas fundamentais ao melhoramento da espécie. De modo geral, os programas de melhoramento genético nessa espécie têm se concentrado na obtenção de variedades ou clones altamente produtivos, com ótimas características agronômicas e tecnológicas e que proporcionem principalmente um produto de boa qualidade. Além disso, é importante associar o alto potencial de produção à adaptabilidade e estabilidade de produção a ambientes diversos e bons níveis de tolerância a doenças e pragas (CHARRIER & BERTHAUD, 1988).

Assim, os programas de melhoramento de *C. canephora* visam melhorar várias características, prioritariamente, alta produtividade, precocidade da primeira colheita, estabilidade de produção em diferentes ambientes, menor variação bienal e qualidade do produto. Características do fruto, tais como: maior tamanho e uniformidade de maturação dos frutos, maior tamanho dos grãos, menor percentual de grãos tipo moca, maior conversão entre café cereja e beneficiado, maior teor de sólidos solúveis totais e menor teor de cafeína também devem ser considerados. Quanto às características gerais, são selecionadas plantas de porte mais baixo e de arquitetura adequada ao sistema de adensamento, com resistência à ferrugem, tolerância à seca, boa qualidade de bebida,

dentre outras características agronômicas e tecnológicas (FAZUOLI, 2006; FERRÃO, 2004; FONSECA, 1999; FONSECA et al., 2001).

O Instituto Agronômico de Campinas (IAC) desenvolve um extenso programa de genética e melhoramento do cafeeiro desde 1932, onde grande número de cultivares foram selecionadas, lançadas e recomendadas para plantio nas mais diversas regiões cafeeiras do Brasil. As cultivares de *C. canephora*, obtidas até o presente, foram desenvolvidas após estudos de populações e vários ciclos de seleção individuais para produção, maturação dos frutos, resistência à ferrugem e a nematóides, tamanho das sementes e outras características agronômicas e tecnológicas (FAZUOLI, 1986; FAZUOLI et al., 2000a; FAZUOLI, 2006).

Em razão de sua alogamia, que limita a fixação de características quando o material é propagado por via sexuada, essa espécie apresenta populações altamente polimórficas e os materiais a serem melhorados são altamente heterozigotos, apresentando elevada variabilidade genética para a maioria das características de interesse.

Para que o melhoramento genético seja eficiente, é preciso que seja fundamentado em bases genéticas sólidas da espécie em questão, bem como a herdabilidade das características a serem melhoradas. Informações sobre a biologia da reprodução são fundamentais para a estratégia de melhoramento e para a técnica e o planejamento das autopolinizações, dos tratos culturais, do tipo de delineamento adequado e do planejamento das hibridações artificiais necessárias para as análises genéticas (CARVALHO et al*.,* 1991; CHARRIER & BERTHAUD, 1988). Além disso, é necessária a existência de variabilidade genética na população, associada à média elevada das características avaliadas, permitindo a seleção de genótipos superiores e possibilitando o incremento na freqüência de alelos favoráveis. A taxa de elevação das freqüências gênicas depende de outros fatores como: a freqüência gênica original da população base, o método de seleção empregado, o tamanho efetivo da população, influência do ambiente, interação com o ambiente (locais e anos), entre outros (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1986).

Os métodos empregados no melhoramento de uma espécie são definidos basicamente em função dos objetivos do programa, da variabilidade genética disponível, da forma de reprodução e das formas alternativas possíveis de propagação. As estratégias tradicionais utilizadas nos programas de melhoramento de *C. canephora,* estabelecidas na primeira metade do século 20, são: obtenção de variedades sintéticas,

seleção clonal e a obtenção de híbridos interespecíficos. Mais recentemente, definição de população-base para seleção recorrente intra e interpopulacional (LEROY et al., 1991, 1993a, 1994, 1997) e haplodiploidização (LASHERMERS et al., 1994) vem sendo empregada com sucesso em muitos trabalhos, visando explorar a variabilidade genética natural da espécie, através de plantas-elite e formação de população-base.

Para CHARRIER & BERTHAUD (1988), os métodos de melhoramento genético via processos assexuado e sexuado devem ser conduzidos paralelamente, pois, enquanto o primeiro leva ao estreitamento da base genética dos materiais obtidos, o segundo permite a recomposição da base genética através da recombinação dos melhores materiais, com alta freqüência de genes.

A manutenção das características selecionadas é permitida pela multiplicação vegetativa de plantas-elite, que é relativamente fácil em *C. canephora*. A seleção clonal consiste na identificação e avaliação fenotípica, comportamentais e de produtividade, de indivíduos superiores em populações naturais segregantes. Trata-se de efetuar uma triagem entre eles, que nos fornece uma primeira idéia sobre o potencial do material vegetal. As plantas selecionadas são avaliadas por no mínimo três anos, onde são observadas e anotadas as características de interesse. Essas plantas matrizes são multiplicadas assexuadamente e avaliadas em ensaios de competição, por no mínimo quatro colheitas e em diferentes locais, devido à interação genótipo x ambiente, em que são estudadas as diferentes características de interesse. Nessa oportunidade, avalia-se também a compatibilidade genética entre as plantas eleitas, visando determinar com boa precisão o valor relativo dos clones estudados. (BOUHARMONT & AWEMO, 1979; CAPOT, 1977; CHARRIER & BERTHAUD, 1988; FAZUOLI et al., 2000b; FERRÃO et al., 1999; FONSECA, 1999). Os clones eleitos são agrupados de acordo com os objetivos da pesquisa, sendo utilizados para a formação de uma variedade clonal, para serem mantidos em BAGs, ou para o melhoramento intra e interpopulacional (FERRÃO, 2004).

Para a propagação vegetativa são selecionados clones com potencial de produção elevado, que condicionam café com qualidade comercial, estimados por um período não inferior a quatro colheitas, uniformidade de maturação dos frutos e tamanho e maturação dos grãos, visando à diminuição dos custos de exploração e o aumento da rentabilidade da cultura, resistência à ferrugem, resistência à seca e adaptação a diferentes ambientes (BOUHARMONT & AWEMO, 1979; FONSECA, 1999).

Devido a seu modo de reprodução e as preocupações com o estreitamento excessivo da base genética dos materiais cultivados, uma vez que as variedades clonais recomendadas apresentam um número reduzido de representantes, é de fundamental importância que os clones componentes de cada variedade clonal sejam geneticamente distintos, embora apresente características fenotípicas semelhantes, com o objetivo de conferir-lhes maior estabilidade (CAPOT, 1977; CARVALHO et al., 1969). Segundo FONSECA et al. (2006), o INCAPER vem desenvolvendo e lançando variedades formadas pelo agrupamento de no mínimo 10 clones com características homogêneas, mas geneticamente distintas, para diminuir os riscos da vulnerabilidade genética. No entanto, é possível plantar variedades biclonais (CHARRIER & ESKES, 2004).

O custo de produção de uma planta proveniente de semente é inferior àquela proveniente de estaca. Apesar disso, os níveis de produtividade alcançados por variedades clonais são, em geral, superiores àquelas obtidos por variedades híbridas ou sintéticas (BOUHARMONT & AWEMO, 1979; CAPOT, 1977; MONTAGNON et al., 1998a). Entretanto, o INCAPER desenvolveu uma variedade melhorada de Conilon, propagada por semente, para o Estado do Espírito Santo, EMCAPER 8151 – Robusta Tropical, a qual foi obtida por meio da recombinação de 53 clones elite de seus programas de melhoramento, que apresentou média alta de produção (FERRÃO et al., 2000). LEROY et al. (1993a) e MONTAGNON et al. (1998b), também observaram híbridos com produtividades superiores, de até 40%, às melhores variedades clonais. Esses dois autores observaram que as plantas que se apresentaram superiores às melhores variedades clonais eram de híbridos entre os grupos Guineano e Congolês. A existência de dois grupos genéticos de origem geográfica diferentes, com características complementares, e o grande vigor híbrido natural entre esses dois grupos conduziram à aplicação de um programa de melhoramento baseado na investigação de uma heterose de grupo, através do método de Seleção Recorrente Recíproca (SSR).

A seleção recorrente recíproca (SRR) é um método de melhoramento interpopulacional utilizado em programas de melhoramento de plantas alógamas, que visa ao melhoramento de duas populações simultaneamente por meio de modificações de suas freqüências gênicas, de forma complementar, mantendo-as geneticamente distintas (COMSTOCK et al., 1949). Essas duas populações são usadas em esquemas de cruzamentos como “top crosses” ou cruzamentos dialélicos, que determinam a capacidade geral de combinação (CGC) para a combinação intergrupo, e o

conhecimento da variabilidade genética permite a escolha de plantas-elite para programas de melhoramento vegetativo (CHARRIER & BERTHAUD, 1988).

FAZUOLI et al. (2006), efetuaram cruzamentos dialélicos entre genitores de *C. canephora* pertencentes à variedade Conilon e de progênies descendentes de diferentes Robustas. Observaram que as melhores combinações foram entre cafeeiros da variedade Robusta, sendo várias destas combinações superiores aos genitores de polinização aberta. Quando comparada a produção desses cruzamentos, observaram que algumas combinações entre Conilon x Conilon foram também superiores aos genitores, entretanto mostraram-se inferiores às combinações de Robusta com Robusta. Os híbridos de Robusta x Conilon mostraram-se bem produtivos, com peso de mil sementes elevado e resistentes à ferrugem. Esses resultados evidenciaram a possibilidade de obtenção de novos clones de *C. canephora* com características das variedades Conilon e Robusta, separadas ou agrupadas, para a realização da síntese de híbridos, que seriam geneticamente semelhantes a híbridos duplos, com a finalidade de distribuição de sementes.

Um intenso programa de hibridação e seleção de progênies de *C. arabica* vem sendo realizado pelo Instituto Agronômico de Campinas (IAC), desde a década de 30. Como já foi relatado anteriormente, o programa de melhoramento de café robusta iniciou-se no IAC a partir de 1970. Inúmeras linhagens das diferentes variedades de café já foram selecionadas, assim como hibridações seguidas de seleção. A hibridação natural ou artificial, intra e interespecífica, tem sido de grande importância no melhoramento, pois características de interesse, que não se encontram em uma espécie cultivada podem ser encontradas em outras espécies cultivadas ou selvagens.

De acordo com BERTHAUD (1978), a realização de hibridações intraespecíficas de *C. canephora* é facilitada pelo mecanismo de auto-incompatibilidade, sendo relativamente simples o controle e realização dos cruzamentos. Atualmente, existem diversas variedades de polinização aberta e clonais derivadas principalmente do grupo Guineano (Kouilou). Existem também algumas do grupo Congolês (Robusta), mas que ainda não foram colocadas à disposição dos produtores (FAZUOLI, 1986; FAZUOLI et al., 2000a).

Grande atenção tem sido dada às hibridações entre *C. arabica* e *C. canephora,* com o principal objetivo de melhorar a qualidade de *C. canephora* e introduzir o vigor e resistência a doenças desta espécie em *C. arabica* (CARVALHO et al., 1984; CARVALHO et al., 1991; FAZUOLI, 2004). Em razão da diferença de ploidia entre

essas espécies, é muito raro o cruzamento natural entre elas. Porém, a duplicação do número de cromossomos de *C. canephora* permitiu a transferência de genes favoráveis de *C. canephora* para *C. arabica.* (KRUG & CARVALHO, 1951). Um exemplo significativo desse aproveitamento foi o desenvolvimento no IAC das cultivares Icatu Vermelho, Icatu Amarelo e Icatu Precoce, todas apresentando resistência a *H. vastatrix* (FAZUOLI et al., 2002; FAZUOLI, 2004).

A utilização da espécie *C. canephora* tem sido indiretamente efetuada por meio do Híbrido do Timor, por possuir resistência a várias raças do agente da ferrugem. São denominados 'Hibrido do Timor', cafeeiros selecionados na ilha do Timor português, possivelmente resultados do cruzamento natural de *C. arabica* e *C. canephora*, retrocruzados com *C. arabica*. Alguns exemplos dessa utilização são as cultivares Obatã IAC 1669-20, Tupi IAC 1669-33 e IAPAR 59 (derivada do IAC 1669), que apresentam elevada resistência à ferrugem proveniente do Híbrido do Timor, e indiretamente de *C.* canephora (FAZUOLI et al., 1996; FAZUOLI, 2004).

Em *C. canephora* também existem plantas com resistência aos nematóides *M. exigua, M. incognita, M. paranaensis e Pratylenchus coffeae*. O porta-enxerto Apoatã (IAC 2258), utilizado como pé franco da espécie *C. canephora* e como porta-enxerto para as cultivares de *C. arabica,* foi e está sendo importante para viabilizar o retorno da cafeicultura às regiões da Alta Paulista, Noroeste e Alta Araraquarense e pode ser importante no oeste do Estado de São Paulo e no Vale do Ribeira, com finalidade de produzir diretamente para a indústria de café solúvel (FAZUOLI et al., 2002).

Em todos os projetos de melhoramento há necessidade de se realizarem provas de qualidade de bebida para fins de seleção, pois apenas *C. arabica* produz bebida considerada de ótima qualidade. As cultivares de *C. canephora* apresentam qualidade de bebida típica da espécie e deve ser melhor analisada, pois esta qualidade melhora consideravelmente quando o produto é processado despolpando os frutos maduros (COFFEEBREAK, 2005). Deste modo, *C. canephora* é uma espécie amplamente utilizada no programa de melhoramento do Instituto Agronômico de Campinas.

Um dos grandes desafios para os melhoristas é, portanto, superar as produtividades das melhores variedades atuais, com um café de boa qualidade organoléptica, resistência a doenças e pragas, boas características agronômicas e tecnológicas e custos de produção baixos. O melhoramento do café apresenta alguns problemas que dificultam a sua realização, devido a muitos fatores como: ciclo longo, período juvenil longo, cultura perene de grande diâmetro de copa, acentuada oscilação

anual de produção, altos custos e pequeno, e não significativo, progresso genético anual. Apesar disso, os programas de seleção executados em vários centros de pesquisas têm levado a grandes progressos genéticos.

2.5 Estimativas de Parâmetros Genéticos

Sendo a variabilidade genética o ponto de partida de qualquer programa de melhoramento genético de uma espécie, sua manipulação pelos métodos adequados pode levar à obtenção de genótipos superiores com relação às características de interesse. Portanto, para o estabelecimento de programas eficazes de melhoramento genético de *C. canephora*, são de grande importância a quantificação da variabilidade genética e a estimativa de parâmetros genéticos, por ter grande significância na inferência sobre o controle genético das diferentes características e comparação de métodos de seleção, permitindo ao melhorista obter o conhecimento da estrutura genética da população.

As características avaliadas durante as etapas de um programa de melhoramento genético do cafeeiro são aquelas que, direta ou indiretamente, interferem na produtividade, sendo características muito afetadas pelas condições ambientais, como é o caso do vigor vegetativo, porte da planta, uniformidade e maturação dos frutos, resistência a doenças e pragas (CARVALHO, 1988), taxa fotossintética, área foliar da planta, manejo da cultura, bienalidade da produção, entre outras.

O desenvolvimento de técnicas quantitativas permitiu considerar estratégias de seleção de acordo com métodos mais precisos. Os programas de melhoramentos de plantas utilizam amplamente esses novos conceitos com objetivo de uma seleção racional em diferentes espécies cultivadas. As estimativas de parâmetros genéticos, como: variância genética, variância fenotípica, variância ambiental, interação genótipo x ambiente, coeficiente de variação genotípica, herdabilidade, correlações genotípica, fenotípica e ambiental, permitem conhecer a estrutura genética da população e o potencial da mesma para o melhoramento. Para a estimativa desses parâmetros genéticos são necessários planos de melhoramentos bem definidos, como: planejamento e execução adequados, definição de métodos e locais para experimentação, definição de características a serem melhoradas e predição de ganhos de seleção. De acordo com VENCOVSKY (1987), as diferenças observadas entre as estimativas dos parâmetros genéticos em uma determinada espécie são em função dos diferentes métodos utilizados

na sua determinação, materiais genéticos analisados, das diferentes condições ambientais, épocas de avaliação e idade do material, entre outras.

Os diferentes métodos utilizados para estimar os parâmetros genéticos de *C. canephora,* disponíveis na literatura, são difíceis de serem comparados devido à utilização de materiais de origem variada, sendo os principais estudos dessa espécie realizados em países africanos e com grupos de materiais genéticos distintos das variedades brasileiras.

O conhecimento da variabilidade fenotípica, resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e ambientais, é de grande importância para o melhorista na escolha do método de melhoramento, dos locais para condução dos experimentos, do número de repetições, anos que serão feitas as observações e na predição dos ganhos de seleção (BORÉM & MIRANDA, 2005), pois esses fatores podem influenciar significativamente na magnitude das estimativas.

FERRÃO (2004) obteve as estimativas de parâmetros genéticos referentes a 14 características de diferentes clones de café Conilon e verificou diferenças significativas na maioria das características avaliadas. O mesmo foi observado por FONSECA (1999), que estudando clones de *C. canephora,* observou a ocorrência de diferenças significativas entre os tratamentos, em todas as 11 características avaliadas. Essas verificações indicativas da existência de variabilidade genética entre as plantas matrizes de Conilon avaliadas, possibilitaram aos autores o emprego de técnicas multivariadas na avaliação da divergência genética entre os clones estudados.

Um dos parâmetros genéticos de maior utilidade para os melhoristas é a estimativa da herdabilidade, semelhante ao coeficiente de determinação genotípico (H^2), e indica a confiabilidade com que o valor fenotípico representa o valor genotípico, determinando a proporção do ganho obtido com a seleção (FALCONER, 1989). Devido a sua grande importância na predição de ganhos genéticos, é de fundamental importância que ela seja a mais real possível, de modo a reduzir a contribuição da variação ambiental para a variação fenotípica total. De acordo com RAMALHO & VENCOVSKY (1978), características que apresentam baixa herdabilidade exigem métodos de seleção mais rigorosos que aquelas com herdabilidade alta, para se obterem ganhos genéticos satisfatórios. Essas características devem ser selecionadas em gerações mais avançadas, devido ao fato de que há um aumento da herdabilidade durante as gerações de melhoramento, que possibilita um aumento da variância genética aditiva e um decréscimo da variância dominante.

Segundo BORÉM & MIRANDA (2005), uma das teorias da herdabilidade é que as características que se desenvolvem em um curto período estariam menos sujeitas ao ambiente e apresentariam maior herdabilidade do que as sujeitas por maior período. LEROY et al. (1994), estudando a herdabilidade no sentido restrito em *C. canephora*, observaram valores elevados de herdabilidade para as características arquitetura de planta (0,22 – 1,00) e herdabilidade média para o vigor das árvores em estado juvenil (0,13 – 0,48). O valor da herdabilidade de produtividade de plantas jovens foi elevado (>0,7), sendo menor nas colheitas das árvores mais velhas (<0,2). O mesmo resultado foi obtido por LEROY et al. (1993b), onde observaram valores de herdabilidade superiores a 0,75 nas primeiras colheitas (estado juvenil), mas quando analisada em plantas adultas obtiveram valor de herdabilidade de 0,36.

FERRÃO et al. (2003), verificaram através da análise de variância de genótipos de café Conilon, diferenças significativas (P<0,01) em todas as características analisadas, indicando existência de variabilidade genética entre os materiais analisados; coeficiente de determinação genotípico (H^2) superior a 70% para todas as características, caracterizando a maior variância genética em relação à ambiental da maioria das características, indicando condições favoráveis ao melhoramento.

A estimativa de correlação entre características é de fundamental importância em programas de melhoramento genético, principalmente se a seleção em uma delas apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade e, ou, tenha problemas de mensuração (CRUZ et al., 2004a), pois permite efetuar seleção indireta dessas características com base em outras mais facilmente avaliadas e de alta herdabilidade, proporcionando maiores progressos genéticos com economia de tempo, mão-de-obra e recursos (FERRÃO, 2004; FONSECA, 1999). Com base nesses estudos podem-se eliminar características redundantes e efetuar seleção precoce, levando à obtenção de resultados mais rápidos. Além da seleção indireta, as estimativas de correlações são essenciais para manutenção ou eliminação de características em estudos de divergência genética.

As correlações apresentam-se como ferramenta auxiliar em estudos que visam a diminuição de características utilizadas em análises, como em estudos de divergência genética, em que características disponíveis são aquelas redundantes, por estarem associadas com outras de mais fácil mensuração, ou que demandam menor custo ou tempo de avaliação (CRUZ et al., 2004a).

A correlação que pode ser diretamente mensurada entre duas características, em determinado número de indivíduos que representa a população, é denominada correlação fenotípica sendo, portanto, necessário a distinção de duas causas nessa correlação: genética e ambiental. Somente a correlação genética envolve associações de natureza herdável, sendo esta de real interesse em programas de melhoramento (FALCONER, 1989).

A causa de correlação genética é, principalmente, a pleiotropia. Quando duas características apresentam correlações genéticas favoráveis, é possível obter ganho para uma delas por meio da seleção indireta na outra característica associada, em alguns casos podendo levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta da característica desejada (CRUZ et al., 2004a).

FERRÃO (2004), estudando 14 características, e FONSECA (1999 e 2003), oito características de clones de café Conilon, observaram que as magnitudes das correlações genotípicas tenderam a superar as variações fenotípicas, mostrando que os fatores genéticos tiveram maior influência que os ambientais nesses estudos, caracterizando condições favoráveis ao melhoramento para as referidas características.

A produtividade é o principal critério de seleção de cafeeiros e, devido a isso, trabalhos têm sido desenvolvidos com o objetivo de estabelecer métodos que permitam realizar seleção antecipada com maior grau de segurança e, por conseguinte, torna-se de fundamental importância a identificação de características correlacionadas com a produção, pois a sua identificação torna a seleção para a produção mais eficiente (BONONO, 2002).

Segundo CARVALHO et al. (1959), CASTILLO & QUICENO (1981) e FAZUOLI (1977), o aspecto vegetativo é uma das características mais importantes relacionada com a produção, por ser bom indicador do potencial produtivo do ano seguinte, sendo avaliado em época que antecede a colheita. Vários estudos considerando o vigor vegetativo em diferentes cultivares de café mostraram que as progênies mais produtivas apresentam-se também como as mais vigorosas (BONONO, 2002; FAZUOLI, 1977; TEDESCO, 2003). FAZUOLI (1977) estimou o coeficiente de correlação entre vigor vegetativo e produção de 0,97, entre progênies de café 'Mundo Novo'. Neste caso, este vigor foi avaliado correlacionando rusticidade, enfolhamento, produção pendente e futura e fitossanidade.

SERA (1987), estudando a possibilidade de emprego de seleção nas colheitas iniciais de café, avaliou a produção e outras características de 72 progênies do cultivar

Acaiá, na geração F_5. O autor concluiu que a produção e as demais características avaliadas nos três anos iniciais de colheita foram suficientes para predizer 79% da variação total após oito anos de produção.

Tendo em mãos um conjunto de dados experimentais, seguindo os princípios da estatística e da biometria, é possível obter estimativas de diferentes parâmetros genéticos, que são de fundamental importância para o planejamento e execução de programas de melhoramento.

2.6 Divergência Genética

Em um programa de melhoramento, o estudo da diversidade genética por meio de análises biométricas é de primordial importância, principalmente no início, para a definição de estratégias de trabalho.

A divergência genética entre um grupo de genitores tem sido, em muitos casos, avaliada com o objetivo de identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico, de tal forma que, em suas gerações segregantes, se tenha maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores. (CRUZ et al., 2004a; FALCONER, 1989). Para a seleção dos genitores para o cruzamento, deve-se aliar o bom desempenho destes com a divergência genética entre eles.

Estudos de divergência genética são de grande importância para o conhecimento da variabilidade genética das populações e, também, por possibilitar o monitoramento dos bancos de germoplasma, pois geram informações úteis para preservação e o uso de acessos (CRUZ & CARNEIRO, 2003). Essa variabilidade genética, espontânea ou criada, é o ponto de partida para qualquer programa de melhoramento, podendo ser alcançada por meio da escolha da dissimilaridade dos parentais, associado com média alta e variabilidade para as características de interesse. A população segregante, então, teria alta probabilidade de apresentar média elevada para as características de interesse, reduzindo, deste modo, o tempo e os custos gastos em programas de melhoramento (CRUZ, et al., 2004b).

Para determinar quão distante geneticamente uma população é de outra, são utilizados métodos biométricos, os quais são analisados pela estatística multivariada permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de características extraídas das unidades experimentais, oferecendo ao melhorista maior oportunidade de escolha de genitores divergentes (SUDRÉ, et al., 2005).

O estudo da diversidade genética através de análises biométricas tem como objetivos: definição de população-base para seleção recorrente recíproca, identificação de genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que também proporcionem maior segregação em recombinações, agrupamento de materiais genéticos similares para a formação de variedades sintéticas e caracterização da variabilidade de recursos genéticos em bancos de germoplasma “in situ” e “ex situ”.

A divergência genética tem sido avaliada por meio de técnicas biométricas, baseadas na quantificação da heterose, como nas análises dialélicas, e por processos preditivos (CRUZ et al., 2004a); através da análise izoenzimática (BOUHARMONT et al., 1986; MONTAGNON et al., 1992; OLIVEIRA et al., 2002) e, pelo emprego de marcadores moleculares (ALVARENGA et al., 2005; CABRAL, 2001; LASHERMES et al., 1996b; OROZCO-CASTILLO et al., 1994; SILVESTRINI et al., 2005).

Os primeiros trabalhos que utilizaram marcadores moleculares para o estudo da diversidade genética foram realizados em *C. arabica* através de marcadores RAPD (LASHERMES et al., 1996b), e um dos primeiros estudos em *C. canephora* foi realizado por DUSSERT et al. (1999), através de marcadores RFLP.

Por meio das técnicas de eletroforese de enzima, MONTAGNON et al. (1998a), observou que os grupos Guineano e Congolês tem alelos fixado em três loci (PGD1, ICD e PAC), e que os dois subgrupos Congoleses são discriminantes pelos loci ESTB, PGI e PGH.

Com o desenvolvimento de metodologias de marcadores moleculares baseados em polimorfismo ao nível de seqüência de DNA, os estudos de genética de população ganharam uma importante ferramenta para caracterizar e avaliar recursos genéticos, especialmente para entender a estrutura e a organização das diversidades genéticas das populações e seu monitoramento ao longo do tempo (ALVES, 2002). No melhoramento vegetal, os marcadores são utilizados tanto para o mapeamento genômico quanto para a avaliação da diversidade genética inter e intra espécies.

Para a utilização das análises dialélicas, é necessária a avaliação de cada genitor em todas as combinações possíveis, o que pode inviabilizar o estudo no caso de muitos genitores. Já os métodos preditivos da divergência entre genitores, por dispensarem a obtenção prévia das combinações híbridas, têm merecido considerável ênfase. Esses métodos tomam por base diferenças morfológicas, fisiológicas, moleculares e ecogeográficas apresentadas pelos genitores na determinação da divergência genética, que é geralmente quantificada por uma medida de dissimilaridade.

Vários métodos preditivos podem ser utilizados no estudo da divergência genética, dentre eles estão a análise multivariada, por meio das medidas de dissimilaridade envolvendo a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis; métodos de agrupamentos envolvendo os métodos hierárquicos, como UPGMA e do vizinho mais próximo e o método de otimização de Tocher; e técnicas de dispersão gráfica envolvendo análise por componentes principais e por variáveis canônicas (CRUZ et al., 2004a). A escolha do método mais adequado tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos (CRUZ & CARNEIRO, 2003; CRUZ et al., 2004a).

Apesar de as técnicas multivariadas serem conhecidas a longo tempo, sua utilização em maior escala só se tornou possível com a disponibilidade dos recursos computacionais, que possibilitaram a avaliação simultânea de várias características e permitiram que inúmeras inferências pudessem ser feitas a partir do conjunto de dados existentes (CURI, 1983).

2.6.1 Análise de agrupamento

A análise de agrupamento tem como objetivo discriminar geneticamente os indivíduos, e permite separá-los em grupos pela análise de um conjunto de características inerentes a cada indivíduo, agrupando-os por algum critério de classificação, de modo que haja homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos. Estes métodos dependem da estimativa prévia de medidas de dissimilaridade como a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), entre outras. A primeira distância é mais utilizada para a caracterização de germoplasmas mantidos em coleções, em que o banco de dados é sem repetições. A utilização da distância generalizada de Mahalanobis é recomendada para dados provenientes de ensaios com delineamento experimental (CRUZ et al., 2004a).

A utilização da distância Euclidiana apresenta o inconveniente de ser alterada, quando medida a partir de variáveis originais, com a mudança da escala de medições, com o número de características e pela correlação entre elas. Para solucionar os dois primeiros problemas a utilização da distância Euclidiana média e a padronização dos dados foram indicadas por CRUZ et al. (1994), embora não resolva o problema de correlações entre as características analisadas. Dessa forma, quando se dispõe de várias

características, a distância generalizada de Mahalanobis tem a vantagem, em relação à distância Euclidiana, pois leva em consideração as correlações entre as características consideradas, que podem ser estimadas a partir das médias dos dados originais e da matriz de covariâncias residuais, ou a partir dos dados transformados (CRUZ & CARNEIRO, 2003; CRUZ et al., 2004a).

Dentre os métodos de agrupamento mais comumente utilizados no melhoramento de plantas, citam-se os hierárquicos e os de otimização. Nos métodos hierárquicos, o agrupamento dos genitores é realizado por meio de um processo que se repete em vários níveis até que seja construído o dendrograma, que permitirá estabelecer a relação entre esses genitores (CRUZ et al., 2004a). O método UPGMA ("Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages") não considera a estrutura de subdivisão do grupo, dando pesos iguais a cada indivíduo do grupo e calcula a similaridade média de um indivíduo que pretende se juntar aos grupos já existentes, ou seja, é um método de agrupamento com base na média aritmética (MEYER, 2002).

Entre os métodos de otimização, o método de Tocher é o mais empregado pelos melhoristas. Esse método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, onde se assume que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que a distância média entre os grupos, sobre o qual é identificado o par de genitores mais similar, que constituirá o grupo inicial. Após a formação desse grupo inicial, é avaliada a possibilidade de inclusão dos outros genitores, adotando-se o critério anteriormente citado (CRUZ & REGAZZI, 1997; CRUZ et al., 2004a). Neste método, um indivíduo ainda não agrupado só é incluído em determinado grupo em formação se sua distância média em relação a esse grupo não ultrapassar determinado valor pré-estabelecido. Tal valor é geralmente tomado como a maior amplitude do conjunto das menores estimativas de distâncias que envolvem cada um dos indivíduos em agrupamento. A inclusão de um genitor em um grupo aumenta o valor médio da distância dentro do grupo. Assim, pode-se desse modo, tomar a decisão de incluir o genitor em um grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido, que pode ser obtido arbitrariamente, ou adotar o valor máximo da medida de dissimilaridade encontrada no conjunto das menores distâncias envolvendo cada genitor (CRUZ et al., 2004a).

Quando não se tem informação sobre a relação genética entre a maioria dos genótipos, não se pode determinar que método de agrupamento é mais acurado. Assim,

ao se comparar resultados de diferentes métodos pode-se evitar inferências errôneas. ARRIEL et al. (2006), comparando a formação de grupos de 35 genótipos de gergelim pelos métodos hierárquico do vizinho mais próximo, UPGMA e pelo método de otimização de Tocher, verificaram que a hierarquização dos genótipos é alterada em função dos diferentes métodos utilizados, sendo que o UPGMA apresentou o melhor ajuste para as distâncias originais e estimadas e juntamente com o método de otimização de Tocher apresentou complementaridade na formação dos agrupamentos.

ALVES (2002), comparando a formação de grupos de cupuaçuzeiros pelos métodos UPGMA e método de otimização de Tocher, verificou que os dois métodos apresentam similaridade, à semelhança do que foi também encontrado por FRANCO et al. (2001), ao fazer a caracterização da diversidade genética em feijão, por OLIVEIRA et al. (2000), ao avaliar a variabilidade genética em batata doce, e por SUDRÉ et al. (2005), na avaliação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão.

Outro método de agrupamento também utilizado é a projeção das distâncias em um plano. Neste procedimento as medidas de dissimilaridade são convertidas em escores relativos a duas variáveis X e Y, que, quando apresentadas em gráficos de dispersão, irá refletir, no espaço bi ou tridimensional as distâncias originalmente obtidas a partir do espaço n-dimensional (CRUZ, 2001).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material Genético

Foram utilizados, neste trabalho, dados referentes a 21 progênies de meios-irmãos, sendo 19 do grupo Congolês e duas do grupo Guineano, de introduções do germoplasma robusta (*C.* canephora), que está presente em um campo experimental (EP189) localizado no Pólo Regional do Nordeste Paulista (APTA Regional/Mococa-SP). Estas introduções estão relacionadas a uma seleção de plantas matrizes efetuada na coleção do CATIE (Centro Agronómico Tropical de Investigacíon e Enseñanza), Turrialba/Costa Rica, por Lourival Carmo Mônaco, em 1975. Na tabela 1, encontra-se a relação das progênies introduzidas da Costa Rica e suas respectivas identificações.

Tabela 1 – Relação das 21 progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora* de introduções do germoplasma robusta, plantadas no Pólo Regional do Nordeste Paulista (APTA/Mococa-SP)

N° Tratamento	N° Registro da Progênie	Tipo	N° Tratamento	N° Registro da Progênie	Tipo
1	IAC 2255	R	12	IAC 2266	R
2	IAC 2256	R	13	IAC 2286	R
3	IAC 2257	R	14	IAC 2290	R
4	IAC 2258	R	15	IAC 2291	R
5	IAC 2259	R	16	IAC 2292	R
6	IAC 2260	R	17	IAC 2284	K
7	IAC 2261	R	18	IAC 2285	K
8	IAC 2262	R	19	IAC 2287	R
9	IAC 2263	R	20	IAC 2288	R
10	IAC 2264	R	21	IAC 2289	R
11	IAC 2265	R			

R: Tipo Robusta ou Congolês; **K:** Tipo Kouilou ou Guineano

A Estação Experimental de Mococa, onde se encontra o experimento, está localizada entre as coordenadas geográficas 21°28'S e 47°01'W. Sua altitude é de aproximadamente 665 metros, com temperatura média anual de 21,8°C. O tipo de clima é Aw, definido como tropical úmido, com estação chuvosa no verão e seca no inverno. Apresenta solo do tipo Latossolo Vermelho-Escuro Distrófico (CARVALHO et al., 2004).

O experimento foi implantado em novembro de 1975, no delineamento experimental em blocos ao acaso, composto por 21 tratamentos, referentes às 21 progênies, e em 24 repetições. O espaçamento utilizado foi de 4,0 m entre linhas e 3,0 m entre covas, apresentando uma área útil de 7.200 m^2, com uma planta útil por parcela.

As adubações, os tratos culturais, as podas, o manejo e as colheitas das plantas desse experimento foram realizados de acordo com as necessidades da cultura. O experimento foi conduzido sem irrigação.

Para este trabalho, utilizaram-se dados coletados no período de 1977 a 2005, conforme descrito a seguir: área foliar (AF), comprimento (CF) e largura da folha (LF),

medidas no ano de 2005; produção média de café cereja de 15 colheitas (PrMe), sendo oito antes da poda e sete após; altura de planta e diâmetro de copa antes (AltA e DCoA) e depois (AltD e DCoD) da poda; massa de mil sementes (MMil), densidade de sementes (Dens), peneira média (PeMe), porcentagem de grãos do tipo chato (PCha), do tipo moca (PMoc) e do tipo concha (PCon), avaliados na quinta colheita.

As características foram avaliadas conforme segue:

1. Produção média por planta (**PrMe**): avaliada por meio da pesagem, em quilogramas de café cereja de cada planta, utilizando 15 colheitas.
2. Altura média da planta (**AltA** e **AltD**): medida pela distância, em metros, a partir do nível do solo até o ápice da haste principal (m).
3. Diâmetro médio da copa (**DCoA** e **DCoD**): determinado pela distância entre uma extremidade à outra da copa, em centímetros (cm) a um metro do solo.
4. Comprimento foliar (**CF**): determinado pela distância da base de inserção da folha adulta até o seu ápice, em centímetros (cm).
5. Largura foliar (**LF**): determinada pela distância no terço médio da folha, em centímetros (cm).
6. Área foliar (**AF**): medida pelo equipamento *Li-Cor – 3100 Area Meter, Lincoln, Nebrascka, USA*, em centímetros quadrados (cm^2).
7. Porcentagem de grãos tipo chato (**PCh**): é o grão normal (plano-convexo) que ocorre com o desenvolvimento normal de uma semente em cada loja, determinado em uma amostra com cerca de 300 gramas de café beneficiado, sendo a porcentagem obtida pelo peso total da amostra e o peso dos grãos tipo chato.
8. Porcentagem de grãos tipo moca (**PMo**): é o grão arredondado, formado quando somente uma semente desenvolve-se normalmente no fruto. É determinado na mesma amostra de grãos tipo chato, sendo sua porcentagem obtida pelo peso total da amostra e o peso de grãos tipo moca.
9. Porcentagem de grãos tipo concha (**PCon**): origina-se quando mais de um óvulo se desenvolve em uma loja do ovário. A porcentagem de grãos tipo concha é obtida pelo peso total da amostra e o peso de grãos tipo concha.
10. Peneira média (**PeMe**): determinada nas amostras de café tipo chato utilizando máquina com jogo de peneiras com orifícios circulares para separação quanto ao tamanho, variando de 12/64 a 26/64 polegadas. Para o cálculo da peneira média é aplicada a fórmula:

$$\text{Peneira Média} = \frac{\Sigma \text{ (número de peneira x massa de grãos retidos)}}{\text{Peso total da amostra}}$$

11. Massa de 1000 sementes (**MMil**): após a determinação da peneira média, determinou-se a massa, em gramas, de 1000 sementes do tipo normal ou chato, com umidade em torno de 11%.
12. Densidade das sementes (**Den**) = após a determinação do peso de mil sementes determinou-se a densidade destas.

3.2 Análises Genético-Estatísticas

Realizaram-se as análises de variância de todas as características avaliadas das progênies individualmente, seguida da estimativa de alguns parâmetros genéticos.

Numa segunda etapa, a divergência genética entre as progênies foi determinada pelas técnicas multivariadas, baseadas nas análises de agrupamento e por fim, avaliou-se a importância relativa das características para a divergência genética, com o propósito de descartar aquelas irrelevantes para o agrupamento.

Todas as análises foram realizadas utilizando o aplicativo computacional em genética e estatística "Programa GENES" (CRUZ, 2001).

3.2.1 Análise de variância univariada e estimativas de parâmetros genéticos

A análise de variância para as 21 progênies foi realizada com base nas médias das parcelas, considerando as características agronômicas avaliadas, visando avaliar a existência de variabilidade genética significativa entre os tratamentos. O seguinte modelo estatístico foi utilizado:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} = valor fenotípico da ij-ésima observação referente ao i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ = média geral do caráter;

G_i = efeito do i-ésimo genótipo (i = 1, 2, 3, ... , g; g = 21);

β_j = efeito do j-ésimo bloco (j = 1, 2, ... , r; r = 24); e

ε_{ij} = efeito do erro experimental, sendo $\varepsilon_{ij} \sim NID (\Phi, \sigma^2)$.

Como os genótipos que foram avaliados não representam uma amostra da variabilidade de *C. canephora* existente, sendo os resultados válidos apenas para os materiais genéticos em questão, o efeito de genótipo será considerado fixo no modelo. Assim, a hipótese testada pela estatística F é H_0: $G_i = 0$ para todo i.

O esquema da análise de variância, com as esperanças dos quadrados médios [E(QM)], considerando-se o efeito de genótipo como fixo, segundo STEEL & TORRIE (1960), é apresentado na tabela 2. Os grupos de médias de progênies homogêneas foram estabelecidos pelo critério de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 2 - Esquema de análise da variância e esperanças de quadrados médios de um modelo em blocos casualizados, com efeito de genótipo fixo

FV	GL	QM	E(QM)	F
Blocos	r – 1	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
Genótipos	G – 1	QMG	$\sigma^2 + r\,\Phi_g$	QMG/QMR
Resíduo	(r – 1) (g – 1)	QMR	σ^2	

em que:

σ^2 = componente de variância devido ao erro experimental;

σ_b^2 = componente de variância devido ao bloco; e

Φ_g = componente quadrático associado ao efeito fixo de genótipos.

sendo:

$$\phi_g = \frac{\sum_{i=1}^{g} G_i^2}{g-1}$$

As estimativas dos componentes da variância associados aos efeitos aleatórios, dos componentes quadráticos, associados aos efeitos fixos e dos parâmetros genéticos e

não-genéticos, foram obtidos com informações das esperanças de quadrados médios da análise de variância, segundo as expressões apresentadas por CRUZ et al. (2004a):

a) Coeficiente de variação ambiental

$$CV_e = \frac{100\sqrt{QMR}}{\hat{\mu}}$$

b) Coeficiente de determinação genotípico

$$H^2 = \frac{\hat{\Phi}_g}{QMT / r}$$

c) Correlação genotípica

$$r_g = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}^2_{gx}\,\hat{\sigma}^2_{gy}}}$$

sendo:

$$\hat{\sigma}_{gxy} = \frac{PMT_{xy} - PMR}{r}$$

$$\hat{\sigma}^2_{gx} = \frac{QMT_x - QMR_x}{r}$$

$$\hat{\sigma}^2_{gy} = \frac{QMT_y - QMR_y}{r}$$

em que:

$\hat{\sigma}_{gxy}$ = estimador da covariância genotípica entre as características X e Y;

$\hat{\sigma}^2_{gx}$ e $\hat{\sigma}^2_{gy}$ = estimadores das variâncias genotípicas das características X e Y, respectivamente;

PMT_{xy} e PMR_{xy} = produtos médios associados a tratamentos e resíduos;

QMT_x e QMR_x = quadrados médios associados a tratamentos e resíduos da característica X;

QMT_y e QMR_y = quadrados médios associados a tratamentos e resíduos da característica Y.

O coeficiente de correlação é uma medida linear de correlação entre duas variáveis, ou, ainda, mede a intensidade de associação que indica a mudança em uma variável sempre que existir mudança constante em outra variável. Esse coeficiente varia de -1 a +1, é positivo quando o aumento em uma variável implica em elevação da outra, e negativo quando o aumento em uma variável implica em diminuição da outra (BONONO, 2002; STEEL et al., 1997).

3.2.2 Análises de divergência genética entre progênies de meios-irmãos

No estudo da divergência genética entre as progênies de meios-irmãos de *C. canephora* utilizou-se a distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), como medida de dissimilaridade e, para, delimitação dos grupos, utilizou-se o método UPGMA, a técnica de otimização de Tocher, citado por RAO (1952), e o método de projeção das distâncias entre as progênies no plano 3D.

Foi realizado também o estudo da importância relativa das características na predição da divergência genética, com base no método proposto por SINGH (1981).

3.2.2.1 Análise de agrupamento

A análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, as unidades amostrais em vários grupos, com base nas medidas das características mensuradas, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Este processo de agrupamento envolve basicamente duas etapas, onde a primeira relaciona-se com a estimativa de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os materiais a serem amostrados e a segunda, com a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos (CRUZ et al., 2004a).

3.2.2.1.1 Distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$)

Para estimar a divergência genética pela distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), é necessário levar em consideração a correlação residual entre as características. Assim, $D^2_{ii'}$ pode ser estimada a partir dos dados originais e da matriz de covariâncias

residuais (matriz de dispersão) ou a partir dos dados transformados, via condensação pivotal aplicada à matriz de dispersão.

Para o estudo da diversidade genética entre progênies, a estimativa de $D^2_{ii'}$ foi realizada a partir de variáveis transformadas, onde a estatística $D^2_{ii'}$ é definida por:

$$D^2_{ii'} = \delta' \, I \, \delta = \delta' \delta = \sum_j \left(z_{ij} - z_{i'j} \right)^2$$

em que:

$z_{ij} = \frac{1}{r} \sum_k z_{ijk}$: média do i-ésimo genitor em relação à j-ésima variável, com variância residual igual a um;

I : matriz identidade (n x n) que expressa a matriz de dispersão entre as variáveis transformadas;

$\delta' = [d_1 d_2 ... d_n]$; e

$d_j = z_{ij} - z_{i'j}$: diferença entre genitores i e i' em relação à j-ésima variável

Para se obter um conjunto de variáveis não-correlacionadas a partir de um conjunto de variáveis originais, utilizam-se os coeficientes de ponderação fornecidos pelo processo de condensação pivotal aplicado na matriz de dispersão ψ (CRUZ et al., 2004a).

3.2.2.2 Métodos de agrupamento

3.2.2.2.1 Método de otimização de Tocher

O método de Tocher requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de genótipos mais similares, que formarão o grupo inicial. A partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério de que a distância média dentro dos grupos deve ser menor que a distância entre os grupos.

A inclusão de um genótipo em um grupo aumenta o valor médio dentro desse grupo. Assim, pode-se tomar a decisão de incluir o genótipo em um grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido, que pode ser estabelecido arbitrariamente, ou adotado, como tem

sido geralmente realizado, o valor máximo da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada indivíduo (CRUZ et al., 2004a).

Uma vez formado o grupo, calcula-se a distância entre um indivíduo (k) entre esse grupo e os demais grupos:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

Assim, a inclusão ou não do indivíduo k no grupo é realizada da seguinte maneira:

Se $\frac{D^2_{(grupo)i}}{\eta} \leq \alpha \Rightarrow$ inclui-se o genitor i no grupo

Se $\frac{D^2_{(grupo)i}}{\eta} > \alpha \Rightarrow$ o genitor i não deve ser incluído no grupo

em que:

η = número de genitores que constituem o grupo original

3.2.2.2.2 Método UPGMA ("Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages")

O método de UPGMA é baseado em distâncias genéticas, que considera a similaridade geral no agrupamento das unidades taxonômicas.

No método UPGMA, para o cálculo dos valores médios atribui-se sempre o mesmo peso aos dois elementos que estão sendo integrados. Como cada membro adicionado ao agrupamento tem o mesmo peso, isso traz como efeito que os últimos elementos a se integrarem tem maior influência que os primeiros.

Sendo d a função da distância entre as espécies, a distância $D_{i,j}$ é definida entre dois grupos de espécies C_i e C_j da seguinte maneira:

$$D_{i,j} = \frac{1}{n_i - n_j} \sum_{p \in Gi} \sum_{q \in Gj} d(p,q)$$

onde:

$n_i = |C_i|$ e $n_j = |C_j|$

Para calcular a distância de um novo grupo para todos os outros grupos, é necessário computá-las como um peso médio da distância de seus componentes:

$$D_{(ij),k} = \left(\frac{n_i}{n_i + n_j}\right) D_{i.k} + \left(\frac{n_j}{n_i + n_j}\right) D_{j,k}$$

3.2.2.2.3 Método de projeção das distâncias no plano 3D

Neste procedimento as medidas de dissimilaridade são convertidas em escores relativos a três variáveis X, Y e Z, que, quando apresentadas em gráficos de dispersão, refletirá no espaço tridimensional as distâncias originalmente obtidas a partir do espaço n-dimensional (n = número de características utilizados para obtenção das distâncias) (CRUZ, 2001)

A análise foi feita a partir de um arquivo de dados contendo a matriz de dissimilaridade, obtida pela distância generalizada de Mahalanobis, entre as progênies que foram agrupadas. Esse procedimento baseia-se em princípios gráficos de triangulação, assim, algumas vezes torna-se mais apropriado fazer projeções a partir de distâncias transformadas por raiz quadrada. Neste estudo não foi utilizada a transformação das distâncias originais.

3.2.2.3 Importância relativa das características na divergência genética pela metodologia de SINGH (1981)

Identificam-se as características de menor importância para a divergência genética entre o grupo de genitores avaliados como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação são de maior magnitude, em valor absoluto, pois estas são responsáveis pela explicação de uma fração mínima da variância total disponível.

Para definir a importância relativa das características na divergência genética foi utilizada a metodologia de SINGH (1981), onde a distância entre dois genótipos pela distância de Mahalanobis é expressa como a seguir:

$$D^2_{ii'} = \sum W_{jj'} d_j d_{j'}$$

em que:

$W_{jj'}$ = elemento da matriz ψ^{-1}

Assim, a estimativa da distância entre um par de genótipos, denotado por m, pode ser realizada partindo de uma matriz n x n, cujos elementos medem a distribuição de cada variável para aquela distância.

O total de colunas dessa matriz é dado por S_{m1}, S_{m2},...S_{mp}, em que m é um par de genótipos de uma população com p genótipos, tendo p(p-1)/2=q pares de genótipos. Desse modo a expressão anterior pode ser expressa como a seguir:

$$D^2_{ii'} = D^2_m = \sum S_{mj}$$

Uma comparação entre os diferentes valores de S_{m1} para determinado m mostrará a contribuição das diferentes características X_j, para determinação de $D^2_{ii'}$.

Os valores de $D^2_{ii'}$ entre os prováveis pares de genótipos podem ser somados, obtendo-se o valor total da divergência genética, expressa como a seguir:

$$j\sum\sum D^2_{ii'} = \sum D^2_m = \sum\sum S_{mj} = \sum S_{.j}$$

em que:

$S_{.j}$ = valor total sob todos os n valores para a característica Xj

Os n valores de $S_{.j}$ oferecem adequada importância relativa das diferentes características na expressão da divergência total. A importância relativa da característica j para o estudo de divergência genética pode ser estimada e representada por valores percentuais de S.j, conforme a seguir:

$$\frac{S_{.j}}{\sum\sum D^2_{ij'}}$$

A cada identificação da variável passível de descarte foi realizada outra análise do conjunto remanescente. O processo de descarte se repetiu até o limite de definição, quando nenhuma distorção na análise de agrupamento pelo método de Tocher foi admitida.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise de Variância Univariada e Estimativas do Coeficiente de Variação Ambiental (CVe) e do Coeficiente de Determinação Genotípico (H^2)

Os resultados da análise de variância univariada (ANOVA) das características área foliar (AF), comprimento foliar (CF), largura foliar (LF), produção média (PrMe), altura da planta (AltA e AltD), diâmetro da copa (DCoA e DCoD), peso de mil sementes (MMil), densidade das sementes (Den), peneira média (PeMe), porcentagem de grão tipos chato (PCh), moca (PMo) e concha (PCon) avaliadas em 21 progênies de meios-irmãos de *C. canephora*, são apresentados na tabela 3, juntamente com a estimativa do coeficiente de variação ambiental (CVe) e coeficiente de determinação genotípico (H^2).

Pode-se observar, pelo teste F, diferença significativa ($P<0,01$ ou $P<0,05$) entre as progênies para todas as características avaliadas. Alguns trabalhos obtiveram resultados semelhantes aos observados nesse estudo. FONSECA (1999), estudando 80 genótipos de *C. canephora*, observou a ocorrência de diferenças significativas ($P<0,01$), entre os clones de café Conilon para todas as características avaliadas. FERREIRA (2003), estimando parâmetros genéticos de 40 genótipos de *C. canephora*, detectou diferenças significativas ($P<0,01$) para 13 das 14 características avaliadas. VENEZIANO (1993) estudando 18 progênies de *C. canephora* de polinização aberta observou diferenças significativas ($P<0,01$) para todas as características estudadas. VENEZIANO et al. (2003), estudando 36 clones de café Conilon observaram diferenças significativas ($P<0,01$) de seis entre sete características avaliadas, caracterizando assim a existência de variabilidade genética entre os materiais estudados.

Tabela 3 - Análise de variância, estimativas do coeficiente de variação ambiental (CVe) e do coeficiente de determinação genotípico (H^2) de 14 características morfo-agronômicas[1] avaliadas em 21 progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora* de introduções de germoplasma robusta plantadas no Pólo Regional do Nordeste Paulista (APTA/Mococa-SP) (Continua)

		Quadrados Médios						
F.V.	G.L	AF	CF	LF	PrMe	AltA	DCoA	AltD
Blocos	23	408,064	7,886	0.985	19,238	0.540	0,386	0,609
Progênies	20	1442,247**	9,728**	5,028**	67,440**	0,760**	0,492**	1,609**
Resíduos	460	183,020	2,066	0,544	7,955	0,158	0,161	0,263
CVe (%)	-	17,69	8,80	10,80	46,76	12,05	15,74	14,70
H^2	-	87,31	78,76	89,17	88,20	79,26	67,36	83,65

[1]**AF:** área foliar; **CF:** comprimento foliar; **LF:** largura foliar; **PrMe:** produção média; **AltA e AltD:** altura da planta antes e depois da poda, **DCoA e DCoD:** diâmetro da copa antes e depois da poda; **MMil:** massa de mil sementes; **Den:** densidade da semente; **PeMe:** peneira média; **PCh:** porcentagem de grãos tipo chato; **PMoc:** porcentagem de grãos tipo moca; **PCon:** porcentagem de grãos tipo concha.

* e ** significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 3.... Continuação

Quadrados Médios								
F.V.	G.L	DCoD	MMil	Den	PeMe	PCh	PMoc	PCon
Blocos	23	3,567	407,035	0,003	0,876	142,853	135,605	0,434
Progênies	20	3,887*	2702,075**	0,007**	4,646**	1749,827**	1710,612**	5,166**
Resíduos	460	2,401	391,769	0,002	0,689	110,620	112,700	0,474
CVe (%)	-	49,53	14,68	4,04	5,00	13,29	52,98	68,42
H^2	-	38,22	85,50	70,16	85,16	93,67	93,41	90,83

[1]**AF:** área foliar; **CF:** comprimento foliar; **LF:** largura foliar; **PrMe:** produção média; **AltA e AltD:** altura da planta antes e depois da poda, **DCoA e DCoD:** diâmetro da copa antes e depois da poda; **MMil:** massa de mil sementes; **Den:** densidade da semente; **PeMe:** peneira média; **PCh:** porcentagem de grãos tipo chato; **PMoc:** porcentagem de grãos tipo moca; **PCon:** porcentagem de grãos tipo concha.
* e ** significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

De acordo com os resultados obtidos na tabela 3, pode-se inferir que a presença de variabilidade genética significativa dos genótipos, para as diferentes características avaliadas, é provavelmente atribuída ao modo de reprodução da espécie, por ser oriunda de polinização aberta e de materiais genéticos altamente heterozigotos, sendo compatíveis com a literatura, que cita a grande variabilidade genética em *C. canephora* (CHARRIER & BERTHAUD, 1985; CHARRIER & BERTHAUD, 1988, CONAGIN & MENDES, 1961; FAZUOLI, 2006). Verifica-se que há indicativos favoráveis para a realização do melhoramento para as características avaliadas, além disso, essa condição mostra-se favorável ao estudo da divergência genética.

O coeficiente de variação ambiental (CVe) oscilou entre 4,04 para a característica Den a 68,42% para a característica PCon, indicando uma influência menor do ambiente sobre a primeira característica e maior sobre a segunda. Para a produção média (PrMe), o coeficiente de variação ambiental foi 46,76%, valor um pouco alto, mas comum em café robusta (FERRÃO, 2004). Coeficientes de variação ambiental elevados, entre 20% a 77%, foram observados em experimentos de progênies e clones de café por BONONO et al. (2004), FERRÃO (2004), FERREIRA (2003), FONSECA (1999), MEDINA FILHO (2005) e MISTRO et al. (2004). A ocorrência de CVe elevado pode ser devido, principalmente, ao longo ciclo da cultura, respostas diferenciadas dos materiais a altas temperaturas, secas, incidência de doenças e pragas e podas.

Todas as características avaliadas, com exceção do DCoD, apresentaram o coeficiente de determinação genotípico (H^2), estimado a partir das médias dos tratamentos, superior a 67,36%, chegando a 93,67%, para PCh. Resultados semelhantes foram encontrados por FERRÃO et al. (2003), FERRÃO (2004), FERREIRA (2003), FONSECA (1999), FONSECA et al. (2003), em *C. canephora* para algumas características. Essas estimativas, para diferentes características avaliadas, caracterizam a predominância de variabilidade genética em relação a ambiental. Desta forma, os resultados indicam condições favoráveis ao melhoramento, pois H^2 é um parâmetro relativo de confiabilidade com o qual o valor fenotípico representa o valor genotípico, ou seja, características com alto H^2 refletem a menor influência do ambiente, o que aumenta o poder discriminatório dos mesmos.

O termo coeficiente de determinação genotípico foi utilizado por FALCONER (1989) para designar o quociente entre as variações genotípicas e fenotípicas e tem sido utilizado por muitos autores para caracterizar a variabilidade de um conjunto fixo de genótipos. A utilização do coeficiente de determinação genotípico, semelhante ao da

herdabilidade no sentido amplo, deve ser criteriosa, pois ambas medem a variação total e nem todas são aproveitáveis na seleção. O H^2 pode ser aumentado pela introdução de maior variação genética e, ou, pelo maior controle do erro experimental, pois esse coeficiente não é apenas propriedade da característica em análise, mas também do material genético trabalhado e das condições ambientais.

A quantificação da variabilidade genética e a estimativa de parâmetros genéticos são de fundamental importância em programas de melhoramento, mas o melhorista deve ficar atendo ao fato de que as diferenças nas estimativas de parâmetros na mesma espécie são devido aos diferentes métodos, materiais genéticos, condições ambientais adversas, época e idade da avaliação, entre outros (VENCOVSKY, 1987).

4.2 Comparação de Médias pelo Critério de Scott Knott

Os genótipos foram agrupados pelo critério de Scott Knott no nível de 5% de probabilidade, para todas as características estudadas. Este método é utilizado como alternativa em procedimentos de comparação múltipla, com a característica de não apresentar ambigüidade nos dados (BENIN et al., 2003) sendo, portanto, facilmente interpretados. Este teste visa a separação de médias de tratamentos em grupos distintos, através da minimização da variação dentro e da maximização da variação entre grupos, resultando em maior objetividade e clareza (BORGES & FERREIRA, 2003).

Na tabela 4, é apresentada a comparação de médias pelo critério de Scott Knott a 5% de probabilidade para as 14 características avaliadas. A progênie de destaque com maior produtividade média foi IAC 2290, seguida por IAC 2291, IAC 2286, IAC 2292, IAC 2261 e IAC 2262, com rendimento de grãos estatisticamente iguais e superiores à média geral (PrMe=6,03 kg/cova). Dentre esses materiais, as progênies IAC 2261 e IAC 2262 tiveram portes mais baixos no primeiro ano de avaliação (antes da poda), ficando abaixo da média geral, e na segunda avaliação (depois da poda), não foram observadas diferenças estatísticas entre as progênies para a altura dos cafeeiros. Ainda entre as progênies mais produtivas, IAC 2286 e IAC 2292 apresentaram menores diâmetros de copa antes da poda, embora não apresentassem diferenças estatísticas na avaliação de campo depois da poda. As progênies IAC 2261, IAC 2286, IAC 2290, IAC 2291 e IAC 2292 exibiram maior área e comprimento foliar; enquanto, IAC 2286, IAC 2290, IAC 2291 e IAC 2292 exibiram maior largura foliar, dentre aquelas progênies de maiores

Tabela 4 – Médias de 14 características morfo-agronômicas avaliadas em 21 progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora* de introduções de germoplasma robusta plantados no Pólo Regional do Nordeste Paulista (APTA/Mococa-SP).

Trat	Progêmies	Características													
		AF (cm^2)	CF (cm)	LF (cm)	PrMe (Kg)	AltA (m)	DCoA (m)	AltD (m)	DCoD (m)	MMil (g)	Den	PeMe	PCh (%)	PMoc (%)	PCon (%)
1	IAC 2255	77,31b	16,84ª	6,76b	6,23b	3,55a	2,35b	3,78a	3.18a	152,95a	1,08b	16,92a	73,67b	23,75b	0,74d
2	IAC 2256	70,22c	15,85b	6,50c	6,02b	3,41a	2,58a	3,70a	3,33a	131,91c	1,04c	16,46b	65,20c	33,64a	1,52b
3	IAC 2257	89,65a	16,80ª	7,73a	6,18b	3,27a	2,35b	3,62a	2,72a	144,20b	1,09b	17,19a	87,02a	11,92c	1,08c
4	IAC 2258	71,99c	15,73b	6,55c	6,67b	3,39a	2,65a	3,41a	3,06a	139,37b	1.10b	16,95a	83,00a	16,24c	0,82c
5	IAC 2259	64,34d	15,80b	6,14c	6,02b	3,06b	2,45b	3,08b	2,67a	137,25b	1,09b	16,64a	83,90a	15,52c	0,74d
6	IAC 2260	74,86b	15,91b	6,82b	4,08c	2,78c	2,42b	2,67b	2,45a	121,25c	1,12a	15,95c	87,23a	12,96c	0,60d
7	IAC 2261	81,63a	16,48ª	7,07b	7,08a	3,13b	2,63a	3,43a	3,24a	138,04b	1,08b	16,97a	83,03a	16,12c	1,12c
8	IAC 2262	56,45e	14,99c	5,61d	7,10a	3,10b	2,70a	3,51a	3,06a	124,20c	1,11a	16,73a	80,75a	19,53c	0,71d
9	IAC 2263	78,96b	16,87ª	6,86b	5,67b	3,46a	2,81a	3,60a	4,54a	136,12b	1,12a	16,40a	68,13c	31,45a	0,63d
10	IAC 2264	77,58b	16,11b	7,05b	6,10b	3,47a	2,57a	3,56a	3,14a	120,50c	1,09b	15,83c	72,40b	27,16b	0,82c
11	IAC 2265	79,10b	17,29ª	6,91b	6,18b	3,20b	2,60a	3,15b	3,15a	143,25b	1,10b	16,92a	82,85a	15,37c	1,89a
12	IAC 2266	79,94b	16,32ª	6,97b	5,37b	3,28a	2,43b	3,46a	3,29a	113,58c	1,11a	15,66c	73,55b	25,40b	1,02c
13	IAC 2286	82,75a	16,49ª	7,16a	7,76a	3,25a	2,32b	3,43a	2,79a	153,95a	1,10b	17,12a	83,21a	15,89c	0,89c
14	IAC 2290	84,03a	16,33ª	7.72a	9,11a	3,39a	2,51a	3,51a	3,07a	139,25b	1,09b	17,25a	86,10a	12,41c	1,45b
15	IAC 2291	83,87a	16,67ª	7,45a	7,97a	3,45a	2,53a	3,77a	3,12a	138,37b	1,09b	16,56a	87,42a	12,15c	0,54d
16	IAC 2292	83,88a	16,97ª	7,23a	7,34a	3,39a	2,29b	3,65a	2,87a	143,66b	1,09b	16,94a	85,21a	14,26c	0,62d
17	IAC 2284	81,89a	17,52ª	6,82b	2,85c	3,45a	2,56a	3,76a	3,33a	127,16c	1,11a	16,28b	67,23c	31,40a	2,01a
18	IAC 2285	76,40b	16,46ª	6,75b	2,28c	3,18b	2,66a	3,37a	3,10a	139,91b	1,12a	16,72a	66,02c	33,61a	0,50d
19	IAC 2287	70,49c	16,06b	6,60c	3,50c	3,19b	2,70a	3,61a	3,13a	127,16c	1,10b	16,46b	67,02c	31,94a	1,79a
20	IAC 2288	68,22c	15,15c	6,55c	6,55b	3,37a	2,60a	3,56a	3,00a	134,54b	1,10b	16,67a	88,70a	10,50c	0,90c
21	IAC 2289	71,79c	16,14b	6,56c	6,50b	3,30a	2,67a	3,53a	3,42a	122,83c	1,10b	16,22b	89,95a	9,45c	0,61d
	Médias	**76,45**	**16,32**	**6,80**	**6,03**	**3,29**	**2,54**	**3,48**	**3,12**	**134,74**	**1,14**	**16,61**	**79,12**	**20,03**	**1,00**

Médias seguidas pelas mesmas letras na vertical pertencem a um mesmo grupo de similaridade pelo teste de Scott e Knott a 5% probabilidade

produtividades. A área foliar é um parâmetro importante no crescimento da planta por ser um parâmetro indicativo de produtividade, pois o processo fotossintético depende da interceptação da energia luminosa e a sua conversão em energia química, as quais são influenciadas pelas características da arquitetura da copa e da dimensão do sistema fotoassimilador (FAVARIN et al., 2002; TAVARES JR et al., 2002; TAVARES JR., 2004). Assim sendo, a superfície foliar de uma planta é a base do rendimento potencial da cultura.

Considerando apenas as seis progênies mais produtivas, a IAC 2286 exibiu maior média para a característica MMil, seguida pelas progênies IAC 2261, IAC 2290, IAC 2291 e IAC 2292, que apresentaram peso médio acima da média geral (MMil=134,74). A progênie IAC 2262 apresentou a maior densidade de sementes, com valor de 1,11, mas não atingiu a média geral (Den=1,14). Não houve diferenças estatísticas entre as progênies IAC 2261, IAC 2262, IAC 2286, IAC 2290, IAC 2291 e IAC 2292 para a característica PeMe, mas apresentaram-se superiores à média (PeMe=16,61). Essas mesmas progênies apresentaram PCon iguais e inferiores a 1,45%; PCh estatisticamente iguais e superiores à média geral (PCh=79,12); e PMoc iguais estatisticamente e inferiores à media geral (PMoc=20,03).

A progênie IAC 2262 apresentou a menor área foliar, comprimento foliar e largura foliar entre as progênies mais produtivas. Essas características são atributos comuns de plantas do grupo Guineano, podendo indicar ao melhorista que essa progênie pode ser proveniente de hibridações do grupo Guineano com o grupo Congolês.

Para as progênies IAC 2257, IAC 2258 e IAC 2259 dados semelhantes para as características altura de planta, diâmetro da copa, tipos de sementes, massa de mil sementes e peneira média foram obtidos por BERGO et al. (2005), GALLO et al. (1986) e VENEZIANO & FAZUOLI (2000).

Baseando-se nas médias das 14 características, as progênies IAC 2261, IAC 2262, IAC 2286, IAC 2290, IAC 2291, IAC 2292 são materiais genéticos potenciais para serem utilizados no Programa de Melhoramento Genético de *C. canephora* do Instituto Agronômico (IAC), tanto na seleção de plantas matrizes e avaliação clonal, como na produção de híbridos ou melhoramento visando obter cultivares de polinização aberta e que possam ser propagadas por sementes.

Para uma discussão geral a respeito do aproveitamento de genótipos para serem avaliados como clones foi elaborada a tabela 5, onde estão representados os dados relativos às médias de produção (PrMe), massa de mil sementes (MMil), porcentagem

de grãos tipo chato e moca (PCh e PMoc), peneira média (PeMe) e suas respectivas amplitudes de variação e variância de todas as 21 progênies de meios-irmãos de *C. canephora* analisadas.

Verifica-se que a progênie IAC 2290 apresentou média de produção mais elevada (PrMe = 9,11 kg/cova), com amplitude de variação dentro da progênie de 13,38 kg, sendo a produção da planta menos produtiva de 1,90 kg/cova e da mais produtiva de 15,28 kg/cova. Quando comparada à média da própria progênie (PrMe=9,11), pode-se observar que existem plantas que quase duplicam essa produção e quando comparada à média geral do experimento (Tabela 4), pode-se observar que existem plantas, dentro dessa progênie, que produziram acima dessa média geral. Tal fato indica a possibilidade de seleção de plantas promissoras para aumento de produtividade, dentro dessa progênie. Quando analisada a característica MMil, pode-se observar que houve amplitude de variação de 78g entre as plantas dentro da progênie, sendo que a planta que apresentou o menor valor de MMil obteve massa de 92g e a de maior valor massa de 170g. Para a característica PeMe, a progênie apresentou tamanho de grãos variando de 15,89 a 18,38, com uma pequena amplitude de variação de 2,49. Isso é muito promissor, uma vez que as variedades derivadas do café Conilon, plantadas no Brasil, apresentam peneira média em torno de 15 ou menos (FERRÃO, 2004; FONSECA, 1999; VENEZIANO, 1993). Para a característica PCh, a progênie apresentou uma amplitude de variação de 37,3%, onde o valor mínimo observado para o experimento foi de 57,7% e o valor máximo foi de 95%. Para a característica PMoc a progênie apresentou uma amplitude de variação de 4,8 a 41,3.

A massa de mil sementes variou entre as progênies de 113,58 a 153,95g, sendo de 139,25g para a progênie IAC 2290, de maior produção. A variação individual para essa progênie foi de 92 a 170g, enquanto que, para a progênie IAC 2286 com peso médio maior, a variação individual das plantas foi de 98 a 206. A peneira média variou, entre as progênies, de 15,66 a 17,25, sendo que a progênie IAC 2290, a mais produtiva, apresentou a maior média para essa característica. Nessa progênie a variação individual foi de 15,89 a 18,38, indicando que algumas plantas são muito promissoras para esta característica. Resultados semelhantes foram obtidos por GALLO et al. (1986), estudando essas mesmas progênies (IAC 2290 e IAC 2286), em Mococa.

Tabela 5 – Médias de cinco características morfo-agronômicas[1] e suas respectivas amplitudes de variação e variância, avaliadas em 21 progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora* de introduções de germoplasma robusta plantadas no Pólo Regional do Nordeste Paulista (APTA/Mococa-SP) (Continua).

Tratamentos	Progênies	PrMe (Kg)	Amplitude de variação (Kg)	Variância	MMil (g)	Amplitude de variação (g)	Variância	PCh (%)	Amplitude de variação (%)
1	IAC 2255	6,24	1,30 –14,61	10,58	152,95	130 – 194	288,73	73,67	53,3 – 86,5
2	IAC 2256	6,02	2,30 – 15,75	10,38	131,91	96 – 176	284,68	65,20	28,3 – 92,4
3	IAC 2257	6,20	1,43 – 13,66	10,38	144,20	98 – 182	427,99	87,02	66,5 – 95,2
4	IAC 2258	6,94	0,63 – 11,85	6,13	139,37	100 – 198	680,41	83,00	57,6 – 91,5
5	IAC 2259	6,02	1,06 – 11,83	10,47	137,25	82 – 204	712,89	83,90	67,6 – 94,5
6	IAC 2260	4,75	0,41 – 11,27	9,09	121,25	84 – 164	332,89	87,23	5,4 – 95,6
7	IAC 2261	7,08	1,81 - 14,63	9,53	138,04	104 – 174	280,91	83,03	63,3 – 95,8
8	IAC 2262	7,10	1,45 – 12,27	6,12	124,20	94 – 168	301,04	80,75	52,3 – 98,2
9	IAC 2263	5,64	0,64 – 12,23	11,71	136,12	96 – 178	357,67	68,13	13,0 – 92,3
10	IAC 2264	6,10	1,84 – 10,74	7,09	120,50	96 – 154	442,52	72,40	23,51 – 88,3
11	IAC 2265	6,41	0,99 – 12,37	10,43	143,25	106 – 180	366,71	82,85	13,0 – 96,4
12	IAC 2266	5,37	1,98 – 10,46	4,99	113,58	86 – 164	334,34	73,55	34,9 – 87,7
13	IAC 2286	7,76	2,78 – 13,84	8,70	153,95	98 – 206	684,91	83,21	62,8 – 96,8
14	IAC 2290	9,11	1,90 – 15,28	10,26	139,25	92 – 170	287,76	86,10	57,7 – 95,0
15	IAC 2291	7,97	3,97 – 11,81	6,16	138,37	88 – 166	397,11	87,42	56,9 – 95,5
16	IAC 2292	7,95	0,58 – 13,81	13,30	143,66	112 – 186	357,44	85,21	50,0 – 94,9
17	IAC 2284	3,17	0,36 – 6,43	3,21	127,16	96 – 158	249,44	67,23	28,1 – 90,5
18	IAC 2285	3,19	0,05 – 13,26	7,69	139,91	122, 194	167,47	66,02	40,1 – 86,4
19	IAC 2287	3,63	0,51 – 7,04	3,12	127,16	58 – 160	477,27	67,02	38,3 – 92,3
20	IAC 2288	6,80	0,79 – 13,00	8,74	134,54	98 – 162	367,56	88,70	73,3 – 94,9
21	IAC 2289	6,50	1,56 – 15,51	10,16	122,83	76 - 164	442,57	89,95	66,4 – 96,2

[1] **PrMe:** produção média; **MMil:** massa de mil sementes; **PCh:** porcentagem de grãos tipo chato; **PMo:** porcentagem de grãos tipo moca; **PeMe:** peneira média.

Tabela 5.... Continuação

Tratamentos	Progênies	Variância	PMoc (%)	Amplitude de variação (%)	Variância	PeMe (%)	Amplitude de variação (%)	Variância
1	IAC 2255	69,18	23,75	11,9 – 44,9	69,43	16,92	16,10 – 18,84	0,66
2	IAC 2256	201,07	33,64	6,9 – 70,8	200,3	16,46	14, 89 – 18,18	0,51
3	IAC 2257	30,88	11,92	3,9 – 33,1	34,00	17,19	14,71 – 18,89	0,80
4	IAC 2258	54,36	16,24	8,5 – 42,0	54,51	16,95	15,39 – 19,69	1,05
5	IAC 2259	29,96	15,52	3,6 – 32,2	29,68	16,64	15,35 – 18,63	1,07
6	IAC 2260	26,78	12,96	4,9 – 28,0	27,98	15,95	15,00 – 17,88	0,69
7	IAC 2261	44,93	16,12	4,0 – 36,7	45,41	16,97	15,55 – 18,87	0,54
8	IAC 2262	116,7	19,53	1,8 – 47,7	119,72	16,73	15,27 – 18,52	0,72
9	IAC 2263	491,98	31,45	5,7 – 87,0	504,52	16,40	14,07 – 19,04	1,09
10	IAC 2264	147,22	27,16	11,7 – 58,5	147,24	15,83	14,61 – 17,50	0,58
11	IAC 2265	282,45	15,37	3,6 – 87,0	299,59	16,92	15,21 – 18,19	0,48
12	IAC 2266	173,88	25,40	11,8 – 64,2	177,85	15,66	14,25 – 17,76	0,87
13	IAC 2286	91,96	15,89	2,7 – 36,4	91,99	17,12	15,00 – 18,64	0,82
14	IAC 2290	76,08	12,41	4,8 – 41,3	78,70	17,25	15,89 – 18,38	0,42
15	IAC 2291	56,21	12,15	4,1 – 43,1	56,67	16,56	14,60 – 17,58	0,45
16	IAC 2292	70,59	14,26	4,5 – 49,3	70,22	16,94	15,58 – 18,09	0,45
17	IAC 2284	141,78	31,40	8,2 – 67,3	126,63	16,28	15,04 – 18,06	0,47
18	IAC 2285	49,24	33,61	13,1 – 59,9	50,45	16,72	15,89 – 18,76	0,23
19	IAC 2287	144,28	31,94	7,7 – 60,9	149,59	16,46	13,05 – 18,14	1,14
20	IAC 2288	22,42	10,50	5,1 – 25,8	21,55	16,67	14, 83 – 18,05	0,87
21	IAC 2289	33,20	9,45	3,3 – 33,1	33,43	16,22	14,25 – 18,22	0,71

[1] **PrMe:** produção média; **MMil:** massa de mil ssementes; **PCh:** porcentagem de grãos tipo chato; **PMo:** porcentagem de grãos tipo moca; **PeMe:** peneira média.

A porcentagem de grãos tipo chato apresentou amplitude de variação, entre as progênies, de 65,20 a 89,95%, em que a progênie IAC 2289 apresentou a maior porcentagem para essa característica. Entretanto, quando comparado o maior valor com as seis progênies mais produtivas não houve diferenças estatísticas entre as suas médias para tal característica (Tabela 4). Para a característica PMoc a amplitude de variação, entre as progênies, foi de 9,4% (IAC 2289) a 33,64% (IAC 2256). As progênies mais produtivas, embora apresentem porcentagem de grãos tipo moca superiores a 9,45%, suas médias não diferem estatisticamente da progênie IAC 2289 (Tabela 4). A elevada quantidade de sementes tipo moca é desfavorável por contribuir para redução do rendimento do café. VENEZIANO (1993), estudando 18 progênies de *C. canephora,* observou que nove se destacaram para a característica PCh por apresentarem valores superiores a 90%. Destas progênies, oito pertenciam à variedade Robusta.

FAZUOLI et al. (1986), avaliando progênies de café Robusta, constataram grande variabilidade dentro das progênies e a ocorrência de plantas com frutos e sementes grandes, de grande interesse na comercialização. GALLO et al. (1986), caracterizando 21 introduções de café Robusta, observaram a presença de plantas com sementes grandes, com peneira média 18, mostrando-se bastante promissoras em relação a estas características.

Quando comparada as médias das características PrMe, MMil, PCh e PeMe com sua respectiva média geral do experimento (Tabela 4), pode-se observar que existem plantas, dentro de todas as progênies, que apresentaram valores acima desta média geral. Já para a característica PMoc as médias das progênies não alcançou a média geral do experimento. Isso indica a possibilidade de seleção de plantas promissoras, dentro dessas progênies, para tais características. É importante frisar que os cafeeiros das variedades clonais e de polinização aberta derivados do café Conilon, plantados no Brasil, apresentam grãos pequenos, com peneira média baixa (14), porcentagem de grãos tipo chato e moca em torno de 74 a 85% e 15 a 30%, respectivamente (FERÃO, 2004; FONSECA, 1999; GALLO et al., 1986; VENEZIANO & FAZUOLI, 2000; VENEZIANO et al., 2003).

Além da progênie IAC 2290, mostraram-se também produtivas pelo teste de médias as progênies IAC 2291, IAC 2292, IAC 2286, IAC 2262 e IAC 2261. Comparando a média das características PrMe, MMil, PCh e PeMe, dessas progênies, com a média geral do experimento, verifica-se que todas as características estão acima dessa média geral, com exceção da progênie IAC 2262 que apresentou média para

MMil (124,20g) abaixo da média geral (MMil = 134,74g). Para a característica PMoc, todas se mostraram abaixo dessa média.

Embora as outras progênies não apresentem produção média elevada, as progênies IAC 2255, IAC 2257, IAC 2258, IAC 2259, IAC 2265 e IAC 2288, apresentaram para as características PrMe, MMil, PCh e PeMe média de cada progênie acima da média do experimento, e para a característica PMoc, média das progênies abaixo da média do experimento. Isso indica a possibilidade de seleção de plantas superiores dentro dessas progênies para tais características, com grandes possibilidades de ganhos genéticos para o programa de café Robusta do IAC.

De modo geral, os programas de melhoramento genético de café robusta têm se concentrado na obtenção de variedades ou clones altamente produtivos, com alto valor para massa de mil sementes, peneira média alta, elevada porcentagem de grãos tipo chato e baixa porcentagem de grãos tipo moca e concha. Recomenda-se que sejam feitas análises de qualidade de bebida, uma vez que já há o conhecimento de que plantas do grupo Congolês apresentam qualidade de bebida superior e características típicas do café robusta, como bom aroma, baixa acidez, corpo e amargor médio (MONTAGNON, 1998a; CHARRIER & BERTHAUD, 1988). Seria necessário, ainda, efetuar cruzamentos entre os genótipos mais dissimilares, por meio de cruzamentos dialélicos, com o objetivo de avaliar a capacidade geral de combinação, e também entre as mais produtivas, com a possibilidade de identificação de genótipos heteróticos para produção de campos biclonais.

4.3 Análises de Divergência Genética por Técnicas Multivariadas

4.3.1 Dissimilaridade genética avaliada pela distância generalizada de Mahalanobis entre progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora*

Na tabela 6 são apresentadas as medidas de dissimilaridade genética entre os pares de progênies, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis. Os pares de genótipos mais dissimilares foram: IAC 2255 e IAC 2260 (18,57), IAC 2255 e IAC 2262 (19,01), IAC 2255 e IAC 2284 (15,40), IAC 2256 e IAC 2260 (15,70), IAC 2257 e IAC 2284 (15,37), IAC 2259 e IAC 2284 (15,52), IAC 2260 e IAC 2284 (19,65), IAC 2262 e IAC 2284 (17,14), IAC 2286 e IAC 2284 (16,21), IAC 2290 e IAC 2284 (16,99), IAC 2291 e IAC 2284 (17,47) e IAC 2284 e IAC 2288 (15,05), com $D^2_{ii'}$ variando de 15,05 a 19,65. Os pares de genótipos mais similares foram: IAC 2258 e

IAC 2261 (1,75), IAC 2258 e IAC 2288 (1,17), IAC 2258 e IAC 2289 (1,89), IAC 2264 e IAC 2266 (1,48), IAC 2286 e IAC 2292 (1,25), IAC 2291 e IAC 2292 (1,51) e IAC 2288 e IAC 2289 (1,44), com $D^2_{ii'}$ variando de 1,17 a 1,89.

As progênies IAC 2260 (tratamento 6) e IAC 2284 (tratamento 17) mostraram-se como os mais dissimilares entre todos os demais pares estudados, com $D^2_{ii'}$ igual a 19,65 e as progênies IAC 2258 (tratamento 4) e IAC 2288 (tratamento 20), como as mais similares, com $D^2_{ii'}$ igual a 1,17.

As progênies IAC 2255, IAC 2260, IAC 2262, IAC 2284 destacaram-se como as mais dissimilares entre as 21 progênies, com as seguintes distâncias de Mahalanobis médias (DMM): 16,99, 16,95, 15,34 e 17,81. A progênie IAC 2284 destacou-se como uma das mais dissimilares de todas, com DMM = 17,81, estando envolvida em 15 das 21 maiores distâncias registradas, além de apresentar, também, a distância de magnitude mais elevada, verificada com a progênie IAC 2260. A progênie IAC 2255 apresentou-se como a segunda mais dissimilar, com DMM = 16,99, estando envolvida em 14 das 21 distâncias registradas, apresentando a segunda maior distância, observada com a progênie IAC 2262. As progênies IAC 2258 e IAC 2292 mostraram-se como as mais similares, com DMM de 1,73 e 1,75, respectivamente, em razão de ter exibido a menor distância média entre os pares de distâncias estimadas (Tabela 7).

A dissimilaridade exibida pela progênie IAC 2284 pode ser justificada em parte por sua origem. A espécie *C. canephora* é dividida, segundo a sua origem, em dois grupos bastante distintos, denominados Congolês e Guineano (BERTHAUD, 1986). A progênie em questão, juntamente com a IAC 2285, diferente das demais, pertencem ao grupo Guineano, que inclui a cultivar Kouilou ou Conilon, apresentam sementes menores e folhas também menores e estreitas. As progênies IAC 2258 e IAC 2291, pertencentes ao grupo Congolês, apesar de terem apresentado baixa diversidade genética, têm grande interesse do ponto de vista de seu aproveitamento nos programas de melhoramento, pois se constituem em excelentes fontes de resistência aos nematóides do gênero *Meloidogyne*, que causam aos materiais suscetíveis enormes prejuízos em locais onde ocorrem (FAZUOLI, 1986).

Apesar de a progênie IAC 2284 mostrar-se como uma das mais divergentes em relação às demais, deve-se ter cuidado para elegê-la em um programa de melhoramento, por apresentar características desfavoráveis, como baixo potencial de produção, alto potencial de grãos concha, grãos pequenos e elevada altura e diâmetro da copa. No entanto, a progênie IAC 2255, apesar de não estar entre as mais produtivas, embora

Tabela 6 - Medidas de dissimilaridade entre pares de 21 progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora* , em relação a 14 características morfo-agronômicas, com base na distância generalizada de Mahalanobis. (Continua)

Trat	Progênies	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
		IAC 2256	IAC 2257	IAC 2258	IAC 2259	IAC 2260	IAC 2261	IAC 2262	IAC 2263	IAC 2264	IAC 2265
1	IAC 2255	10,70	10,56	8,14	9,12	18,57	11,30	19,01	8,14	10,06	10,55
2	IAC 2256		10,22	6,94	8,36	15,70	6,65	10,36	6,45	4,88	7,62
3	IAC 2257			3,61	7,15	7,69	2,42	13,19	9,47	5,95	6,70
4	IAC 2258				2,14	5,75	1,75	5,45	5,18	4,18	5,05
5	IAC 2259					4,81	3,86	5,11	7,35	6,48	4,93
6	IAC 2260						5,82	10,98	10,58	7,02	8,86
7	IAC 2261							6,92	6,57	5,08	4,14
8	IAC 2262								10,55	10,56	12,04
9	IAC 2263									3,43	7,72
10	IAC 2264										7,58
11	IAC 2265										
12	IAC 2266										
13	IAC 2286										
14	IAC 2290										
15	IAC 2291										
16	IAC 2292										
17	IAC 2284										
18	IAC 2285										
19	IAC 2287										
20	IAC 2288										

Tabela 6.... Continuação

Trat.	Progênies	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
		IAC 2266	IAC 2286	IAC 2290	IAC 2291	IAC 2292	IAC 2284	IAC 2285	IAC 2287	IAC 2288	IAC 2289
1	IAC 2255	9,88	7,20	12,71	9,82	7,03	15,40	9,03	14,98	10,48	11.06
2	IAC 2256	7,02	9,08	9,58	10,24	8,26	7,21	8,96	4,23	8,65	10,17
3	IAC 2257	6,87	2,84	2,50	2,34	2,07	15,37	9,93	11,16	3,48	5,43
4	IAC 2258	5,18	2,95	3,38	3,28	2,17	13,04	6,33	8,66	1,17	1,89
5	IAC 2259	7,52	4,10	7,21	5,41	3,55	15,52	8,16	10,34	3,23	2,78
6	IAC 2260	6,77	6,95	9,53	6,77	7,34	19,65	10,50	13,88	5,56	4,90
7	IAC 2261	5,69	2,79	2,06	3,38	2,55	13,22	8,43	8,46	3,05	3,28
8	IAC 2262	11,37	11,93	11,06	11,47	9,54	17,14	11,24	9,98	6,66	5,54
9	IAC 2263	4,18	7,50	11,02	7,14	6,85	7,73	2,79	5,91	7,51	6,51
10	IAC 2264	1,48	5,75	6,96	3,79	4,78	9,42	6,33	5,96	4,27	4,87
11	IAC 2265	7,42	5,57	5,71	7,81	6,09	8,58	10,65	7,46	6,68	6,48
12	IAC 2266		6,63	7,38	6,20	6,22	8,05	6,41	6,34	5,78	5,44
13	IAC 2286			3,78	2,76	1,25	16,21	9,44	12,96	4,28	5,89
14	IAC 2290				4,40	3,56	16,99	14,37	12,60	4,27	5.88
15	IAC 2291					1,51	17,47	10,37	12,52	2,45	3,06
16	IAC 2292						14,92	8,78	11,85	3,14	3,67
17	IAC 2284							8,80	3,31	15,05	14,84
18	IAC 2285								5,90	8,88	8,86
19	IAC 2287									9,23	10,10
20	IAC 2288										1,44

Tabela 7 – Medidas de dissimilaridade média (DMM) e relação das 21 progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora* mais e menos similares, com base nas distâncias generalizadas de Mahalanobis, envolvendo 14 características morfo-agronômicas.

Trat.	Progênies	Menos dissimilares					Mais dissimilares				
		Tratamentos				Médias	Tratamentos				Médias
1	IAC 2255	16	13	4	9	7,62	8	6	17	19	16,99
2	IAC 2256	19	10	9	7	5,55	6	1	8	15	11,75
3	IAC 2257	16	15	7	14	2,33	17	8	19	1	12,57
4	IAC 2258	20	7	21	5	1,73	17	19	1	2	9,19
5	IAC 2259	4	21	20	16	2,92	17	19	1	2	10,83
6	IAC 2260	5	21	20	4	5,25	17	19	1	2	16,95
7*	IAC 2261	4	14	3	16	2,19	17	1	19	18	10,35
8*	IAC 2262	5	4	21	20	5,69	1	17	3	11	15,34
9	IAC 2263	18	10	12	4	3,89	14	6	8	3	10,40
10	IAC 2264	12	9	15	4	3,22	8	1	17	11	9,40
11	IAC 2265	7	5	4	13	4,92	8	18	1	6	10,52
12	IAC 2266	10	9	4	21	4,07	8	1	17	5	9,20
13*	IAC 2286	16	15	7	3	2,41	17	19	8	18	12,63
14*	IAC 2290	7	3	4	16	2,87	17	18	1	19	14,10
15*	IAC 2291	16	3	20	13	2,26	17	19	8	18	12,95
16*	IAC 2292	13	15	3	4	1,75	17	19	8	18	11,27
17	IAC 2284	19	2	9	12	6,57	6	15	8	14	17,81
18	IAC 2285	9	4	10	19	5,33	14	8	11	6	11,69
19	IAC 2287	17	2	18	9	4,83	1	6	13	14	13,60
20	IAC 2288	4	21	15	7	2,02	17	1	19	18	10,91
21	IAC 2289	20	4	5	15	2,29	17	1	2	19	11,54

***** Progênies mais produtivas

apresente produção média acima da média geral, apresenta alta divergência genética, associada a outras características de interesse agronômico, como grãos grandes, alta porcentagem de grãos tipo chato e média alta para a característica massa de mil sementes (MMil).

A progênie IAC 2290 (grupo Congolês), a mais produtiva do experimento, apresentou maior dissimilaridade com as progênies IAC 2284 e IAC 2285 (grupo Guineano) e boa dissimilaridade com as progênies IAC 2287, IAC 2255, IAC 2261 e IAC 2262, do grupo Congolês. O mesmo ocorre para os pares das outras três progênies mais produtivas (IAC 2291, IAC 2286 e IAC 2292), do grupo Congolês, com a progênie IAC 2284, do grupo Guineano. Entretanto, o mesmo não ocorre, de modo geral, em comparação semelhante dessas progênies com a IAC 2285. Esta progênie pode ter indivíduos híbridos dos dois grupos e, portanto, pertencer a um grupo intermediário.

As progênies IAC 2292, IAC 2290, IAC 2291 e IAC 2286 mesmo apresentando baixas dissimilares genéticas entre os outros pares, são progênies promissoras em programas de melhoramento genético pela alta produtividade, alto porcentagem de grãos tipo chato, apresentar grãos grandes e média relativamente alta para as características MMil, AF, CF e LF. A progênie IAC 2262 apresentou-se também promissora para ser incluída em programas de melhoramento genético, por apresentar alta divergência genética, elevada produtividade e alta densidade de sementes, grãos grandes, baixa porcentagem de grão tipo concha e alta porcentagem de grãos tipo chato.

FERRÃO (2004), estudando a dissimilaridade genética entre clones de café Conilon em dois locais, encontrou $D^2_{ii'}$ máximo de 211,70 e $D^2_{ii'}$ mínimo de 1,28. FONSECA (1999), estudando clones componentes de três variedades clonais do INCAPER, estimou distâncias $D^2_{ii'}$ de magnitudes variando de 0,67 a 87,74.

4.3.2 Análises de agrupamento

4.3.2.1 Método de otimização de Tocher

Na tabela 8, encontra-se o agrupamento obtido pelo método de otimização de Tocher, a partir da distância generalizada de Mahalanobis. Observa-se a formação de quatro grupos, sendo o primeiro deles subdividido em 4 subgrupos e o grupo 2, em três subgrupos, de forma a facilitar a visualização dos resultados. A progênie IAC 2262 mostrou-se como uma das mais divergentes, constituindo o grupo 4. O mesmo ocorreu com a progênie IAC 2255, que formou isoladamente o grupo 3.

As progênies IAC 2265 e IAC 2260 mostraram-se como as mais divergentes no grupo 1, formando os subgrupos 1c e 1d, respectivamente. Ainda nesse grupo, as progênies IAC 2264 e IAC 2266 se destacaram, sendo incluídas em subgrupo separado (subgrupo 1b). No grupo 2, a progênie mais divergente foi IAC 2256, que formou um subgrupo individual.

As progênies, IAC 2255, IAC 2260, IAC 2262 e IAC 2284, mais dissimilares pela distância generalizada de Mahalanobis (Tabela 7) encontram-se, respectivamente, nos grupos 3, 1 (subgrupo 1d), 4 e 2 (subgrupo 2b). As progênies IAC 2258 e IAC 2288, entre as quais foi observada a menor distância genética, aparecem no subgrupo 1a, juntamente com as progênies IAC 2289, IAC 2261, IAC 2291, IAC 2292, IAC 2257, IAC 2286, IAC 2290 e IAC 2259.

Tabela 8 - Agrupamento, pelo método de Tocher, de 21 progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora* de introduções de germoplasma Robusta, com base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis estimada a partir de 14 características morfo-agronômicas.

Grupos	Subgrupo	Progênies
1	1a	IAC 2258, IAC 2288, IAC 2289, IAC 2261, IAC 2292, IAC 2291, IAC 2257, IAC 2286, IAC 2290, IAC 2259
	1b	IAC 2264, IAC 2266
	1c	IAC 2265
	1d	IAC 2260
2	2a	IAC 2263, IAC 2285
	2b	IAC 2284, IAC 2287
	2c	IAC 2256
3		IAC 2255
4		IAC 2262

CRUZ et al. (2004a) sugerem o não envolvimento de indivíduos de mesmo padrão de dissimilaridade nos cruzamentos, de modo a não restringir a variabilidade genética e assim evitar reflexos negativos nos ganhos a serem obtidos para seleção. Isso

é ainda mais recomendado, em relação à *C. canephora*, em razão da existência de genes para auto-incompatibilidade nesta espécie.

O número de grupos formados pelo método de Tocher demonstra a ampla variabilidade entre as progênies avaliadas. ARAUJO et al. (2002), trabalhando com clones de cupuaçuzeiros, FERRÃO (2004) e FONSECA (1999), com clones de *C. canephora* variedade Conilon e SHIMOYA (2002), com acessos de capim-elefante, obtiveram resultados semelhantes aos aqui citados.

4.3.2.2 Método UPGMA ("Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages")

As 21 progênies de meios-irmãos *C. canephora* analisadas, foram também agrupadas pelo método hierárquico UPGMA, cujo dendrograma ou diagrama em forma de árvore encontra-se na figura 1. Essa metodologia apresentou resultados similares aos observados pelo método de Tocher, principalmente quando se estabeleceu o limite mínimo de 45% de similaridade entre as progênies, para que as mesmas fossem incluídas em um mesmo grupo.

Adotando esse critério, pode-se constatar correspondência perfeita entre os noves grupos/subgrupos formados pelo método de Tocher (Tabela 8) e os nove grupos exibidos pelo método UPGMA. Assim, o grupo 1 do método UPGMA, foi composto exatamente pelas mesmas progênies constituintes do subgrupo 1a do método de otimização de Tocher. Dentre as 10 progênies constituintes desse grupo/subgrupo, estão cinco entre as seis que apresentaram as maiores médias de produção nas 15 colheitas, sendo elas: IAC 2261, IAC 2286, IAC 2290, IAC 2291 e IAC 2292. A progênie IAC 2262, que também apresentou média de produção elevada, formou um grupo isolado, mostrando-se bastante divergente em relação às anteriores.

Em concordância com o método de Tocher, a técnica de agrupamento UPGMA identificou as progênies IAC 2255 e IAC 2262 como as mais divergentes entre todas avaliadas. A progênie IAC 2255 também apresentou uma das maiores estimativas médias da distância generalizada de Mahalanobis

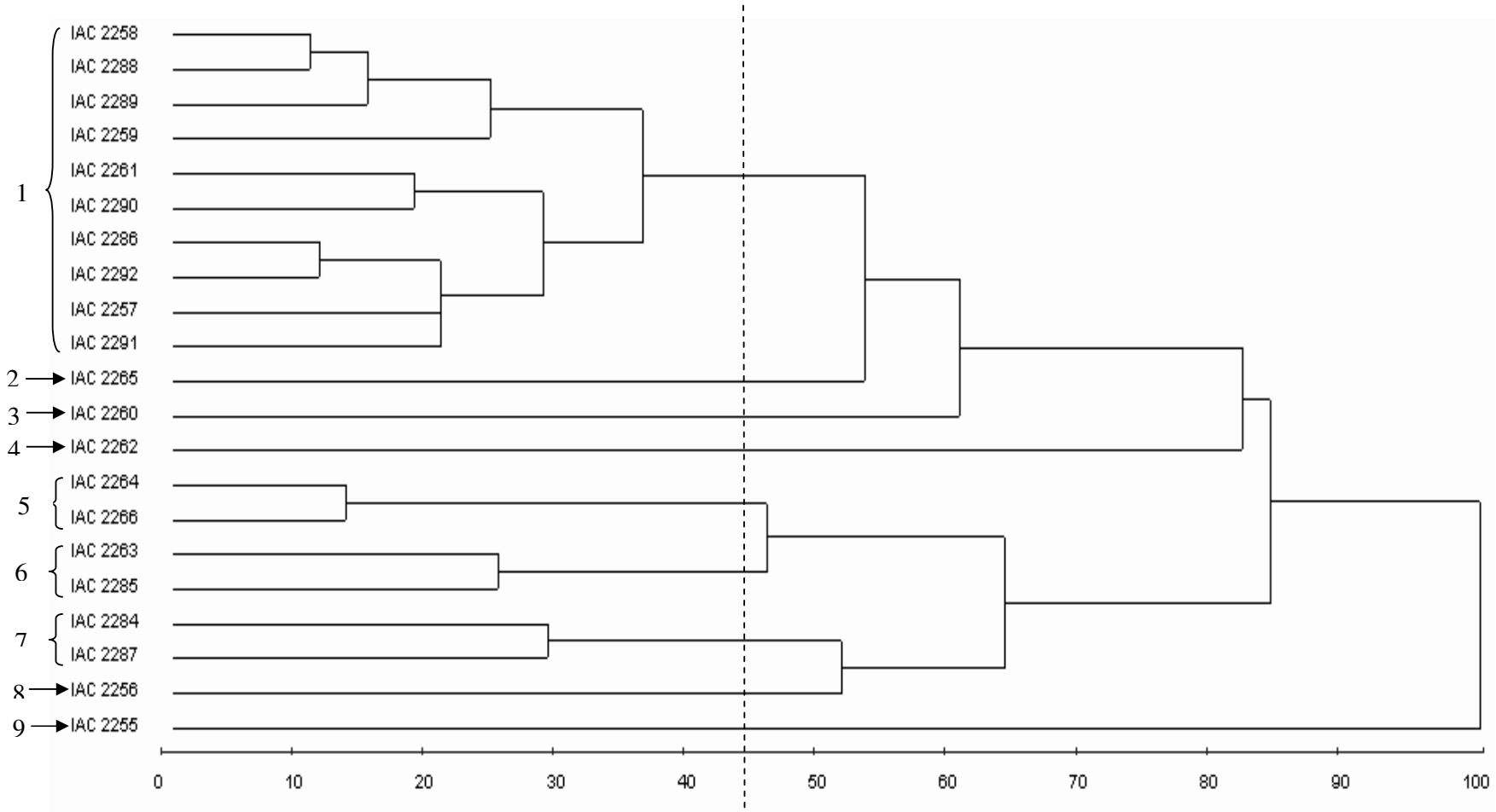

Figura 1 - Dendrograma ilustrativo mostrando o agrupamento de 21 progênies de meios-irmãos de *Coffea canephora* pelo método hierárquico UPGMA, obtido a partir da distância generalizada de Mahalanobis, estimada com base em 14 características morfo-agronômicas.

4.3.2.3 Método de projeção das distâncias no plano 3D estimado pela distância generalizada de Mahalanobis

A utilização da metodologia das projeções das distâncias no plano cartesiano 3D no estudo da divergência genética teve como propósito a identificação de progênies mais dissimilares em gráficos de dispersão tridimensionais, buscando simplificação na interpretação dos resultados, em adição aos métodos anteriormente comentados.

As 21 progênies de meios-irmãos de *C. canephora* foram agrupadas pelas projeções das suas distâncias em um plano cartesiano tridimensional (Figura 2), estimada pela distância generalizada de Mahalanobis.

Distingue-se visualmente, com suficiente clareza, o distanciamento das progênies IAC 2255 (tratamento 1) e IAC 2262 (tratamento 8), pertencentes aos dois últimos grupos de Tocher e UPGMA, bem como a proximidade entre os tratamentos 4 (IAC 2258), 20 (IAC 2288), 21 (IAC 2289), 7 (IAC 2261), 16 (IAC 2292), 15 (IAC 2291), 3 (IAC 2257), 13 (IAC 2286), 14 (IAC 2290) e 5 (IAC 2259), incluídos no subgrupo 1a de Tocher. Apesar da complementaridade das técnicas de agrupamento pelo método de Tocher e projeções de distâncias em plano 3D, verificou-se que as progênies IAC 2284 e IAC 2287, que se encontravam agrupadas no subgrupo 2b pelo método de Tocher, por esse método formaram grupos distintos.

Como mencionado anteriormente, os resultados das análises de agrupamento são de grande importância no planejamento de programas direcionados a obtenção de híbridos heteróticos e na formação de população-base para futuros programas de melhoramento, pois ajudam na indicação de grupos e, ou, subgrupos distintos a serem incluídos nestes programas de seleção.

É importante frisar que os estudos da divergência genética servem para auxiliar o melhorista na tomada de decisões em um programa de melhoramento. Como exemplo, citam-se as progênies IAC 2284 e IAC 2255, que se mostraram entre as mais divergentes, mas deve-se ter cuidado ao elegê-las, pois apresentam baixíssimo potencial de produção, peso das sementes baixo, altura da planta elevada, grãos pequenos e baixa porcentagem de grãos tipo chato. Deste modo, o melhorista precisa tomar cuidado ao eleger os genótipos para integrar os programas de melhoramento, dando preferência à seleção de materiais divergentes, mas que apresentem características de interesse para o produtor, a indústria e o consumidor.

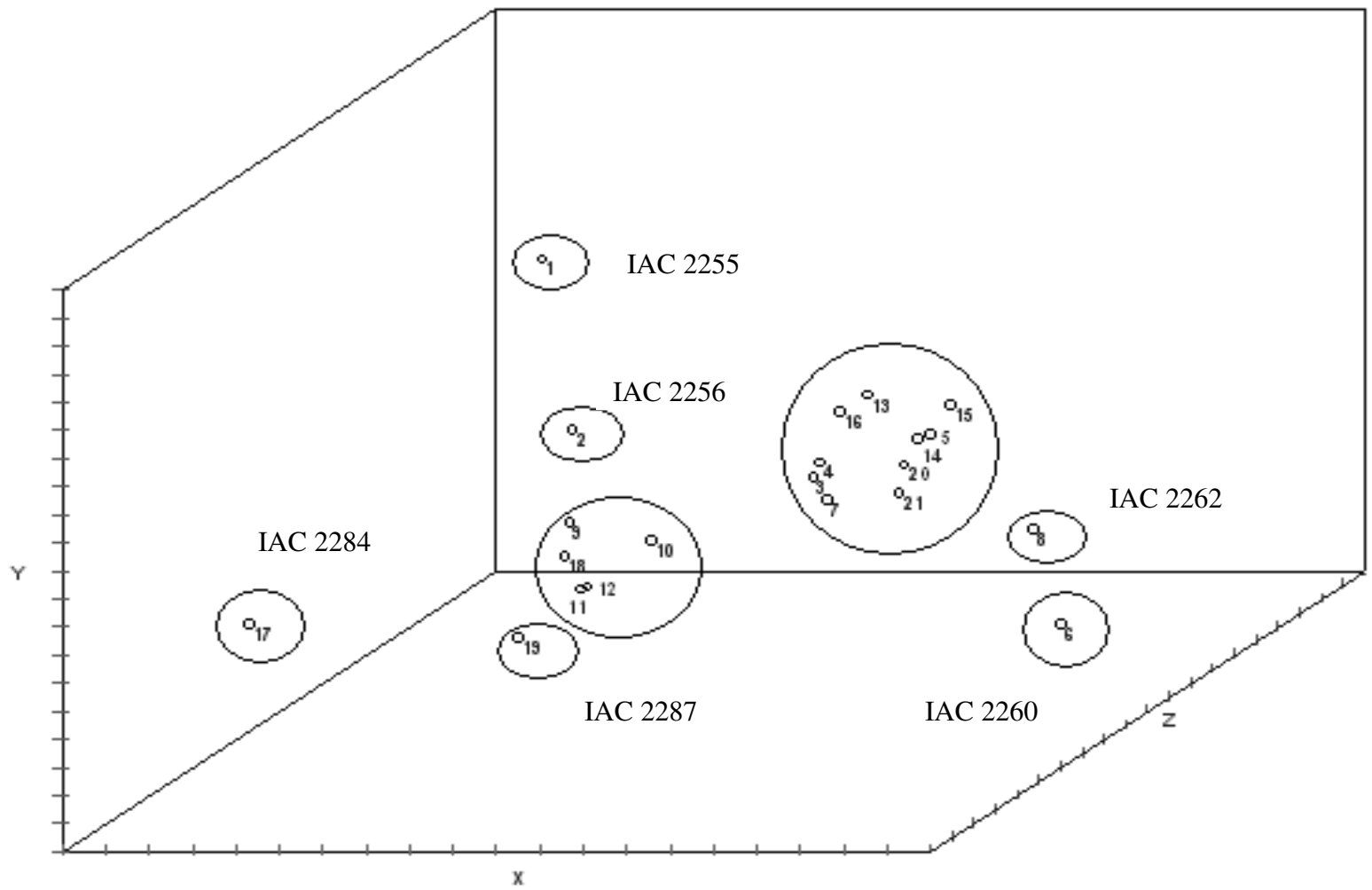

Figura 2 – Dispersão gráfica 3D de 21 progênies de meios-irmãos de *C. canephora* estimada pela distância generalizada de Mahalanobis, utilizando dados originais.

O estudo da divergência genética pelos métodos de agrupamento empregados possibilitou a discriminação da progênie IAC 2262, que se destacou como uma das mais produtivas, porte mais baixo que as outras progênies estudadas, elevada densidade das sementes, grãos grandes, alta porcentagem de grãos tipo chato e baixíssima porcentagem de grãos tipo moca e concha. Essa progênie foi uma das mais divergentes em todos os métodos utilizados, sendo, neste caso, a mais indicada para integrar os planos de cruzamentos. As progênies IAC 2290, IAC 2286, IAC 2291 e IAC 2261, igualmente produtivas à IAC 2262 e com ótima divergência, poderão ser indicadas para a produção de híbridos com elevada chance de serem heteróticos. Os cafeeiros híbridos obtidos, assim que avaliados, poderão constituir-se em novos clones. A progênie IAC 2255, por ter apresentado boa divergência pode ser incluída nestes cruzamentos.

CHARRIER & BERTHAUD (1985) afirmaram que é possível ao melhorista obter híbridos de *C. canephora* com produtividade semelhantes ou, até mesmo superiores, àquelas obtidas pelos melhores clones. A existência de variabilidade genética entre certos materiais estudados, possibilita ao melhorista boa oportunidade de ganho heterótico e manifestação de genótipos superiores nas gerações segregantes em programas de melhoramento de *C. canephora*, sendo que novas introduções de germoplasma possam vir a contribuir em trabalhos de hibridação.

A utilização de genitores próximos reduz as chances de se obter progressos com a seleção, pois se perde tempo com as hibridações e na condução de populações segregantes, em condições de campo, com pouca probabilidade de darem origem a uma nova cultivar com características competitivas para um mercado cada vez mais exigente. Por isso, faz-se necessário avaliar a diversidade genética, pois as chances de se obter populações segregantes com variabilidade superior serão maiores quanto mais diferentes geneticamente e complementares forem os genitores.

4.3.3 Importância relativa das características e descarte de variáveis

Identificaram-se as características de menor importância para a divergência genética entre o grupo de genitores avaliados como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação são de maior magnitude, em valor absoluto, pois estas são responsáveis pela explicação de uma fração mínima da variância total disponível (CRUZ & REGAZZI, 1997; CRUZ et al., 2004a).

Para CRUZ & CARNEIRO (2003), as características dispensáveis em estudos de divergência genética compreendem as que são relativamente não variantes entre os indivíduos estudados, apresentam instabilidade com a mudança das condições experimentais ou são redundantes, por estarem correlacionadas com outras características. O interesse na avaliação de um menor número de variáveis, que contribuem pouco para a discriminação dos materiais avaliados, possibilita a economia de tempo, economia de mão-de-obra, tanto na tomada de dados quanto na experimentação, além de reduzir os custo em análises futuras.

Alguns autores relatam a viabilidade de descarte de variáveis pela utilização de análises multivariadas, entre eles ABREU et al. (2004) em feijão-de-vagem, DIAS et al. (1997) em cacau, FERRÃO (2004) e FONSECA (1999) em café Conilon, OLIVEIRA et al. (2000 e 2004), estudando a divergência genética em batata-doce e alface, respectivamente, e PEREIRA et al. (2004) em mandioca.

A primeira análise de agrupamento foi feita pelo método de Tocher, utilizando todas as características e a contribuição relativa das mesmas foi estimada. Em seguida, foram feitos agrupamentos sucessivos pelo mesmo método, com eliminação daquelas características que não afetaram o agrupamento original.

Com base no critério proposto por SINGH (1981), as características que contribuíram para a divergência genética entre as progênies foram registrados na tabela 9. De acordo com os resultados obtidos as características que proporcionaram maiores contribuições relativas foram PCon com 14,54%, PMo com 14,58% e PrMe com 10,53%, enquanto as menores contribuições foram DCoD com 1,52%, CF com 2,73%, DCoA com 3,39%.

As características foram descartadas, de acordo com suas contribuições relativas, até que o agrupamento original fosse alterado. A característica DCoD, mesmo apresentando o menor valor de contribuição relativa para a divergência genética não pode ser descartada, pois foi observada alteração significativa nos agrupamentos, havendo a formação de 5 grupos pelo método de Tocher. As características descartadas que não alteraram a formação original dos grupos são DCoA, AltA e AF. Quando se descartou as características DCoA e AltA, não houve alteração na formação dos grupo 2, 3 e 4, e no grupo 1, foi alterada apenas a ordem das progênies dentro do grupo. Quando foram descartadas as características AF, DCoA e AltA modificou-se apenas a ordem das progênies dentro dos grupos 1 e 2.

Tabela 9 – Contribuição relativa de 14 características morfo-agronômicas para a divergência de 21 progênies de meios-irmãos de *C. canephora* de introduções de germoplasma de Robusta, pelo método de Singh (1981), estimada através de médias não padronizadas.

Características	S.j	Valor em %
AF	116,11	7,27
CF	43,63	2,73
LF	137,60	8,62
PrMe	168,23	10,53
AltA	67,22	4,21
DCoA	54,16	3,39
AltD	95,43	5,97
DCoD	24,38	1,52
MMil	111,66	6,99
Den	65,56	4,10
PeMe	105,041	6,58
PCh	142,26	8,91
PMo	232,75	14,58
PCon	232,24	14,54

As três características descartadas apresentaram elevados índices de correlação genotípico (Tabela 10) com outras características avaliadas neste estudo, como AF e CF = 0,79, AF e LF = 0,97; AltA e AltD = 0,93; AltA e DCoD = 0,88 e DcoA e DCoD = 1,00, indicando a pouco importância para a diversidade genética entre as progênies e que seria redundante tomar essas medidas em futuros trabalhos de divergência genética em café, nestas condições testadas.

Destaque deve ser dado às características agronômicas de maior importância econômica para a cultura e que sejam relevantes para o estudo da divergência genética, como exemplo PrMe, MMil, PCh, PMoc e PeMe.

Nos trabalhos apresentados por FERRÃO (2004) e FONSECA (1999), não foram descartadas características de menor importância, por apresentarem baixa correlação com outras características relacionadas à produção, ou por alterarem o agrupamento dos genótipos pelo método de Tocher

Tabela 10 - Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica correspondentes a 14 características morfo-agronômicas de 21 progênies de meios-irmãos de *C. canephora.*

Características	CF	LF	PrMe	AltA	DCoA	AltD	DCoD	MMil	Den	PeMe	PCh	PMo	PCon
AF	0,79	0,97	0,14	0,36	-0,56	0,22	0,05	0,42	-0,03	0,23	0,09	-0,12	0,17
CF		0,64	-0,18	0,40	-0,33	0,26	0,42	0,45	0,09	0,17	-0,24	0,20	0,39
LF			0,24	0,32	-0,57	0,20	-0,10	0,37	-0,10	0,21	0,21	-0,23	0,08
PrMe				0,24	-0,38	0,15	-0,20	0,37	-0,56	0,51	0,68	-0,70	-0,22
AltA					-0,07	0,93	0,88	0,28	-0,45	0,10	-0,31	0,27	0,13
DCoA						0,07	1,00	-0,51	0,24	-0,29	-0,41	0,44	0,15
AltD							0,71	0,19	-0,47	0,17	-0,37	0,35	0,18
DCoD								-0,23	0,16	-0,39	-0,83	0,83	0,09
MMil									-0,39	0,86	0,21	-0,24	-0,08
Den										-0,43	-0,01	0,04	-0,31
PeMe											0,37	-0,40	0,06
PCh												-1,00	-0,35
PMo													0,32

5 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos permitem concluir que:

a) Há divergência genética entre as progênies de café robusta.
b) As progênies mais dissimilares são IAC 2255 e IAC 2262, constituindo-se como grupos isolados em todos os métodos.
c) As progênies do grupo Congolês se apresentam como as mais dissimilares entre elas, sendo mais dissimilares que as progênies do próprio grupo Guineano.
d) Podem ser consideradas as hibridações entre IAC 2262 e IAC 2290, IAC 2286, IAC 2292 ou IAC 2291, como as mais promissoras na obtenção de populações segregantes ou híbridos heteróticos.
e) Dentro as seis progênies mais produtivas (IAC 2261, IAC 2262, IAC 2286, IAC 2290, IAC 2291 e IAC 2292) é possível a seleção de genótipos superiores, apresentados por suas amplitudes de variação e variância.
f) Dentro de todas as progênies é possível a seleção de genótipos associados às características agronômicas desejáveis
g) A progênie IAC 2290 apresenta características desejáveis em um programa de melhoramento, sendo a mais produtiva, com elevada porcentagem de grãos tipo chato e baixa de grãos tipo moca, peneira média e massa de mil sementes elevadas.
h) As características DCoA, AltA e AF são descartadas por apresentarem baixa importância relativa para a divergência genética, por não alterarem o agrupamento original das progênies e por apresentar correlação genotípica elevada com outras características.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABIC – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DA INDÚSTRIA DO CAFÉ. Consumo de café cresce no Brasil**.** http://www.abic.com.br/asp/noticias, (19 de outubro 2006).

ABREU, F.B.; LEAL, N.R.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; SILVA, D.J.H. Divergência genética entre acessos de feijão de vagem de hábito de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, v.22, n.3. 2004.

AGUIAR, A.T.E.; FAZUOLI, L.C.; SALVA, T.J.G.; FAVARIN, J.L. Diversidade química do cafeeiro da espécie *Coffea canephora.* **Bragantia**, Campinas, v.64, n.4, p.577-582, 2005a.

AGUIAR, A.T.E.; FAZUOLI, L.C.; SALVA, T.J.G.; FAVARIN, J.L. Chemical diversity in coffee species of genebank of Instituto Agronômico do Estado de São Paulo. **Crop Breeding and Applied Boitechnology**, v.5, n.4, p.460-466, 2005b.

ALVARENGA, S.M.; CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B.; RUFINO, R.J.N.; BRITO, G.G.; PEREIRA, A.A.; ZAMBOLIM, L.; SAKIYAMA, N.S. Análise da diversidade genética de cafeeiros do banco de germoplasma da UFV/EPAMIG utilizando marcadores RAPD. In: Simpósio de pesquisas dos cafés do Brasil, 4. Londrina,PR, 2005.

ALVES, R.M. Caracterização genética de populações de cupuaçuzeiros, *Theobroma grandiflorum* (Willd. ex. Spreng) Schum., por marcadores microssatélites e descritores botânicos-agronômicos. 2002. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Piracicaba. 2002.

ARAUJO, D.G.; CARVALHO, S.P.; ALVES, R.M. Divergência genética entre clones de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* willd ex Spreng Schum). **Cienc. Agrotec**, v.26, n.1, p.13-21, 2002.

ARRIEL, N.H.C.; DI MAURO, A.C.; DI MAURO, S.M.Z.; BAKKE, O A.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.;COSTA, M.M.; CAPELOTO, A.; CORRADO, A.R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.5, p.801-809, 2006.

BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; MARCHIORO, V.S.; LORENCETTI, C.; KUREK, A.J.; SILVA, J.A.G.; CRUZ, P.J.; HARTWIG,I.; SCHMIDT, D.A.M.

Comparações entre médias de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, v.33, n.4, p.657-662, 2003.

BERGO, C.L.; PEREIRA, R.C.A.; SALES, F. Avaliação de genótipos dos cafeeiros arabica e robusta no Estado do Acre. In: Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil,4.,2005, Londrina Anais. Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ – Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, p.217-221, 2005.

BERTHAUD, J. L'hibridation interspécifique entre *Coffea arabica* e *C. canephora*. Obtencion et comparaison dês hybrides triploides, arabusta et hexaploides. **Café Cacao Thé**, v.22, n.1, p.1-11, 1978.

BERTHAUD, J. L'incompatibilité chez *Coffea canephora*. Méthode de test et déterminisme génétique. **Café Cacao Thé**, n. 24, p.267-274, 1980.

BERTHAUD, J. Les ressources génétiques pour l'amériolations des caféiers africains diploids. Evaluation de la recherse génétique des populations sylvestres et ses mécanismes organisateures. Consequences pour l'application, Montpellier,France,, ORSTOM, 379p, 1986.

BERTHAUD, J.; CHARRIER, A. Genetic resources of *Coffea.* In: R.J. Clarke e R. Macrae (eds). *Coffe: Agronomy.* London, v. 4, cap.1, p. 1 – 42, 1988.

BONONO, P. Metodologias biométricas para a seleção de progênies no melhoramento do cafeeiro. 2002. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2002.

BONONO, P.; CRUZ, C.D.; VIANA, J.M.S.; PEREIRA, A.A.; OLIVEIRA, V.R.; CARNEIRO, P.C.S. Avaliação de progênies obtidas de cruzamentos de descendentes do Híbrido do Timor com as cultivares Catuaí vermelho e Catuaí Amarelo. **Bragantia**, Campinas, v.63, n.2, p.217-219, 2004.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. Melhoramento de plantas. In: Melhoramento de plantas. 4.ed – Viçosa:UFV, 525p., 2005.

BORGES, L.C.; FERREIRA, D.F. Poder e taxas de erro tipo I dos testes Scott Knott, Tukey e Student-Newman-Keuls sob distribuição normal e não normais dos resíduos. **Revista Matemática e Estatística,** v.21, n.1, p.67-83, 2003.

BOUHARMONT, P.; AWEMO, J. La selection vegetative du caféier au Cameroun. Prèmier partie. Programme de selection. **Café Cacao Thé**, v.23, n.4, p.227-254, 1979.

BOUHARMONT, P.; LOTODÉ, R.; AWEMO, J.; CASTAING, X. La séletion générative du caféier robusta au Cameroun. Analyse des résultats d'un essai d'hybrides dialléle partiel implanté en 1973. **Café Cacao Thé**, v.30, n.2, p.93-112, 1986.

BRADESCO. Departamento em Pesquisas e Estudos Econômicos. Oferta apertada no mercado internacional garante nova alta de preços para o café em 2006. http://www.conab.gov.br/dep./pesquisa-economicos.pdf, (16 de outubro 2006).

BRIDSON, D.M. Additional note on *Coffea* (Rubiaceae) from tropical East Africa. **Kew Bulletin**, v.49, n.1, p.331-342, 1994.

BRIDSON, D.M.; VERDCOURT, B. Flora of tropical East Africa (Parte 2). In: Polhill, R.M. (eds). Rubiaceae. 727p, 1988.

CABRAL, T.A.T. Padrões moleculares, diversidade genética e mapa parcial de ligação do cafeeiro. 2001. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2001.

CAPOT, J. L' amélioration du caféier robusta en côte D'Ivoire. **Café Cacao Thé.** Vol.XXI, n.4, oct.-déc., 1977.

CARVALHO, A. Principles and praticed coffee plant breeding for productivity and quality factores: *Coffea arabica* . In. CLARKE, R.J.; MACRAE, R. (eds). Coffee: Agronomy.London, v.4, 334p., 1988.

CARVALHO, A.; FERWERDA, F.P.; FRAHM-LELIVELD, J.A.; MEDINA, D.M.; MENDES, A.J.T.; MONACO, L.C. Coffee (*Coffea arabica* L. and *Coffea canephora* Pierre ex Froehner). In: Ferwarda, F.P.; Wit, F. (eds). Coffee : *Coffea arabica* L. and *Coffea canephora* Pierre ex Froehner. The Netherlands: Agricultural University. p. 189–192, 1969.

CARVALHO, A.; MEDINA FILHO, H.P.; FAZUOLI, L.C. Evolução e melhoramento do cafeeiro. In: Colóquio sobre citogenética e evolução, 1**. Revista Brasileira de Genética**, p.215 – 234, 1984.

CARVALHO, A.; MEDINA FILHO, H.P.; FAZUOLI, L.C.; GUERREIRO FILHO, O.; LIMA, M.N.A. Aspectos genéticos do cafeeiro. **Revista Brasileira de Genética**, v.14, n.1, p.135-183, 1991.

CARVALHO, A. MONACO, L. C. Genetic relationship of selected *Coffea* species. **Ciência e Cultura**. v.91, p.161-165, 1967.

CARVALHO, A.; MONACO, L. C.; ANTUNES, H. Melhoramento do cafeeiro: XV. Variabilidade observada em progênies de café.**Bragantia**, Campinas, v.18, n.26, p.373–386, 1959.

CARVALHO, G.R.; OLIVEIRA, C. O mercado de café em perspectiva. Circular Técnica, 9., Campinas: Embrapa Monitoramento por satélite.13p. 2006.

CARVALHO, M.P.; FREDDI, O.S.; VERONESE JUNIOR, V. Critérios de classificação de chuva individual erosiva para o Estado de São Paulo. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.26, n.2, p.175-183, 2004.

CASTILLO, J., QUICENO, G. Estúdios de la producción de seis variedades comerciales de café. **Cenicafé**, p.37–53, 1981.

CHARRIER, A.; BERTHAUD, J. Botanical classification of Coffee. In:Clifforf, M.N. e willson, K.C. Coffee: bontany, biochemistry, and production of beans and beverage. New York, p.13-47, 1985.

CHARRIER, A.; BERTHAUD, J. Principles and Methods in Coffee Plant Breeding: *Coffea canephora* Pierre. In: Clarke,R.J. and Macrae, R.(eds). Coffe: Agronomy. London, v. 4, p. 167-197,1988.

CHARRIER, A; ESKES, A.B. Botany and genetics of coffee. In: Wintgens, J.N.(ed). Coffee: growing, processing, sustainable production, p.25-56, 2004.

CHEVALIER, A. Ern le café In: Paris, Preses Universitaires de France, 124p, 1944.

COOFEEBREAK. O cafezal – Bahia: café despolpado garante melhor qualidade. http://www.coffeebreak.com.br/ocafezal.asp?SE=6&ID=42 (10 agosto 2006)

COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F.; HARVEY, P.H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining. **Agron. Journal**, v.41, p.360-367, 1949. .

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. http:// www.conab.gov.br, (21 novembro 2006).

CONAGIN, C.H.T.M.; MENDES, A.J.T. Pesquisas citológicas e genéticas de três espécies de *Coffea* – autoincompatibilidade em *C. canephora*. **Bragantia**, v.20, p.787-804, 1961.

CROSS, J. Impications phylogénétiques des variations de l'ADN chloroplastique chez les Caféiers (genres *Coffea* L. et *Psilanthus* Hook f.). 1994. Thèse (Doctorat) - Université de Montpellier, Montpellier, Paris.1994.

CRUZ, C.D. Programa Genes: versão Windows – Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Editora UFV, 648p., 2001.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, v.2, 585p, 2003.

CRUZ, C.D.; PEREIRA, V.; VENCOVSKY, R. A proposal analysis of genetic divergence among germoplasma bank accessions. **Revista Brasileira Genética**, v.14, n.4, p.991-999, 1991.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2 ed. Viçosa, MG: UFV, 390p, 1997.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Vol. 1,Viçosa: UFV, cap. 5.,p. 171, 201., 2004a.

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R.; CARVALHO, S.P. Estudos sobre divergência genética. III. Comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres**, v.41, p.191-201, 1994.

CRUZ, P.J.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A.; SILVA, J.A.G.; VALÉRIO, I.P.; HARTWIG, I.; BUSATO, C.C. Genetic dissimilarity among wheat genotypes for lodging-associates traits. **Crop Breeding and Applied Biotechonology.** n.4, v.4, p.427-433, 2004b.

CURI, P.R. Análise de agrupamento: métodos seqüenciais, aglomerativos e hierárquicos. **Ciência e Cultura,** São Paulo, v.35, n.10, p.1416-1429, 1983.

DIAS, L.A.S.; KAGEYAMA, P.Y.; CASTRO, G.C.T. Divergência genética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Teobroma cacao L.*). **Agrotrópica**, v.9, n.1, p.29-40, 1997.

DUSSERT, S.; LASHERMES, P.; ANTHONY, F.; MONTAGNON, C.; TROUSLOT, P.; COMBES, M.C.; BERTHAUD, J.; NOIROT, M.; HAMON, S. *Coffee* (*Coffea canephora).* In: Genetic diversity of cultivated tropical plants. In: Hamon, Seguin, Perrier & Glaszmann (eds.). CIRAD, France. p.239-258, 1999.

EIRA, M.; FAZUOLI, L.C.; GUERREIRO FILHO, O.; SILVAROLLA, M.B.; DANTAS, M.; REIS, R. Aumento da variabilidade genética de café no Brasil. http://www.coffeebreak.com.br/i-ocafezal.asp?SE=&&ID=309, (17 outubro 2006).

FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. London: Longman, 438p. 1989.

FAVARIN, J.L.; DOURADO NETO, D.; GARCIA, A.G.; VILLA NOVA, N.A.; FAVARIN, M.G.G.V. Equações para estimativa do índice de área foliar do cafeeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.6, p.769-773, 2002.

FAZUOLI, L.C. Avaliação de progênies de café 'Mundo Novo' (*Coffea arabica* L.). 1977. Tese Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba. 1977.

FAZUOLI, L.C. Genética e melhoramento do cafeeiro. In: RENA, A.B.; MALAVOLTA, E.; ROCHA, M.; YAMADA, Y.(eds). Cultura do cafeeiro. Piracicaba. **Patafos**, p.87-113, 1986.

FAZUOLI, L. C. Melhoramento genético do cafeeiro. In: Anais Reunião Itinerante de Fitossanidade do Instituto Biológico, 10., Mococa-Pólo Regional de Desenvolvimento Tecnológico do Agronegócio do Nordeste Paulista. p. 1-15, 2004.

FAZUOLI, L.C. Experiências em pré-melhoramento de café. In: Curso internacional de pré-melhoramento de plantas, Anais.(Documento 185). p.74-87, 2006

FAZUOLI, L.C.; CARVALHO, A.; COSTA, W.M.; LIMA, M.M.A. Observações sobre a seleção de cafeeiros robusta em Campinas. In: Congresso Brasileiro de Pesquisas Cafeeiras, 13., 1986, São Lourenço. p.189-29. 1986.

FAZUOLI, L.C; MEDINA FILHO, H.P.; GUERREIRO FILHO, O.; GONÇALVES, W.; SILVAROLLA, M.B.; GALLO, P.B.; COSTA, W.M. Obatã (IAC 1669-20) e Tupi (Iac 1669-33), cultivares de café de porte baixo e resistentes à ferrugem. In:Congresso Brasileiro de Pesquisas Cafeeiras, 22, Águas de Lindóia, SP, p.149-150, 1996.

FAZUOLI, L.C.; MALUF, M.P.; GUERREIRO FILHO, O.; MEDINA FILHO,H.P.; SILVAROLLA, M.B. Melhoramento clássico do cafeeiro relacionado com a biotecnologia moderna. In: Seminário Internacional sobre Biotecnologia na Agroindústria Cafeeira, Londrina, PR, p. 217-229, 1999.

FAZUOLI, L.C; MEDINA FILHO, H.P.; GUERREIRO FILHO, O.; LIMA, M.M.A.; SILVAROLLA, M.B.; GALLO, P.B. Cultivares de café selecionadas pelo Instituto

Agronômico de Campinas. In: Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil ,1.. Poços de Caldas, MG. Anais. Brasília, D.F.: EMBRAPA CAFÉ/MINASPLAN, p.488-493, 2000a.

FAZUOLI, L.C.; GUERREIRO FILHO, O.; MEDINA FILHO, H.P.; SILVAROLLA, M.B. Avaliação antecipada de progênies e de plantas matrizes no café Robusta. In: Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil, 1. Poços de Caldas, MG. Anais. Brasília, D.F.: EMBRAPA CAFÉ/MINASPLAN, p.462-464, 2000b.

FAZUOLI, L.C.; BRAGHINI, M.T.; CONCEIÇÃO, A.S.; SILVAROLLA, M.B.; GUERREIRO FILHO, O, GONÇALVES, W.; MEDINA FILHO, H.P. Avaliação de híbridos de *Coffea canephora*. In: Simpósio de Pesquisas dos Cafés do Brasil, 2, Vitória – ES. Anais. Brasília:DF. EMBRAPA CAFÉ – Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, p.1259-1264. 2001.

FAZUOLI, L.C; MEDINA FILHO, H.P.; GONÇALVES, W.; GUERREIRO FILHO, O.; SILVAROLLA, M.B. Melhoramento do cafeeiro: variedades tipo arábica obtidas no Instituto Agronômico de Campinas. In: ZAMBOLIM, L. O estado da arte de tecnologias na produção de café. Viçosa, MG: UFV/DFT, p.163-215, 2002.

FAZUOLI, L.C.; SILVAROLLA, M.B.; GUERREIRO FILHO, O.; MEDINA FILHO, H.P. Avaliação de híbridos de *Coffea canephora*. http://www.cofeebreak.com.br/ocafezal.asp. (17 outubro 2006).

FERRÃO, R.G. Biometria aplicada ao melhoramento genético do café conilon. 2004. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2004.

FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, M. A. G. Programa de melhoramento do café robusta no Brasil. In: Simpósio de Atualização em genética e melhoramento de plantas.Genética melhoramento do cafeeiro, 3.Anais. Lavras, MG:UFLA,1999.

FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da.; FERRÃO, M. A. G.; BRAGANÇA, S. M.; FERRÃO, L. M. V. EMCAPER 8151 – Robusta tropical: variedade melhorada de café Conilon de propagação por sementes para o Estado do Espírito Santo. In: Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil, 1., 2000, Poços de Caldas, MG. Anais. Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ/MINASPLAN, p. 413-416, 2000.

FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, A.F.A. Comportamento e estimativas de parâmetros genéticos em clones de café conilon. In: Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil,3.,2003, Porto Seguro. Anais. Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ – Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, p.230, 2003.

FERREIRA, A. Índice de seleção e análise de fatores na predição de ganho genético em *Coffea canephora* var. Conilon. Tese Dissertação (de Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2003.

FONSECA, A.F.A. Análise biométrica em café conilon (*Coffea canephora* Pierre). 1999. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 1999.

FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; SANTOS, L.P.; BRAGANÇA, S.M.; MARQUES, E.M.G. Melhoramento de *Coffea canephora* no Estado do Espírito Santos. In: Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil, 2. Vitória, p.1379-1384, 2001.

FONSECA, A.F.A.; SEDIYAMA, T.; FERRÃO, M.A.G.; FERRÃO, R.G.; CRUZ, C.D.; SAKIYAMA, N.S. Estimativas de parâmetros genéticos em café conilon. In: Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil, 3.,2003, Porto Seguro. Anais.Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ – Consorcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, p.236, 2003.

FONSECA, A.F.A.;FERRÃO, R.G.; BRAGANÇA, S.M. Variedades derivadas de café conilon. http://www.coffeebreak.com.br/i-ocafezal.asp?SE=8&ID=209 (17 outubro 2006)

FRANCO, M.C.; CASSINI, S.T.A.; OLIVEIRA, V.R.; TSAI, S.M. Caracterização da diversidade genética em feijão por meio de marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n.2, p.381-385, 2001.

FREITAS, F.N. Situação do café em Rondônia e no Brasil. http:// www.coffebreak.com.br, (17 outubro 2006).

GALLO, P.B.; FAZUOLI, L.C.; CARVALHO, A. Caracterização do café robusta em Mococa. In: Congresso Brasileiro de Pesquisas cafeeiras, 13, São Lourenço, MG, Trabalhos apresentados, Rio de Janeiro: IBC, p.24-25, 1986.

INÁCIO, A. Fronteiras agrícolas apostam no robusta. Gazeta Mercantil. http://www.gazetamercantil.com.br/especiais, (28 março 2005).

KRUG, C.A.; CARVALHO, A. The genetic of *Coffea.* **Advanc. Genet.**, v.4, p. 127-158, 1951.

LASHERMES, P.; COUTURON, E.; CHARRIER, A. Doubled haploids of *Coffea canephora:* development, fertility in *Coffea canephora* Pierre. **Theoretical and Applied Genetics**, v.74, n.2, p.149-157, 1994

LASHERMES, P.; COUTURON, E.; MOREAU, N.; PAILLARD, M.; LOUARN, J. Inheritance and genetic mapping of self – incompatibility in Coffea *canephora* Pierre. ***Theoretical and Applied Genetics***, v.93, n.3, p.458–462, 1996a.

LASHERMES, P.; TROUSLOT, F.; COMBES, M. C., CHARRIER, A. Genetic diversity for RAPD markers between cultivated and wild accession of *C. arabica.* **Euphytica**, n.87, n.1 p.59-64, 1996b.

LASHERMES, P.; CAMBES, M.C.; ROBERT, J.; TROUSLOT, P.; D'HONT, A.; ANTHONY, F.; CHARRIER, A. Molecular characterisation and origin of the *Coffea arabica* L. Genome. **Mol. Gen. Genetics**, n.261, p.259-266, 1999.

LEROY, T.; CHARMETANT, P.; YAPO, A. Application de la selection récurrente réciproque au caféier *Coffea canephora* Pierre: premiers resultants du programme réaliséen Cotê d'Ivoire. **Café Cacao Thé**, v.35, n.2, p.95-103, 1991.

LEROY, T.; MOTAGNON, C.; CHARRIER, A.; ESKES, A.B. Reciprocal recorrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. I. Caracterization and evoluation of breeding and valuer of intergroups hybrids. **Euphytica**, v.67, n.1, p.113-125, 1993a.

LEROY T.; MOTAGNON, C.; CILAS, C. Estimation de paramétres génétiques chez *Coffea canephora* Pierre. In. Colloque, ASIC,15º.Montpellier, p.191–198, 1993b.

LEROY, T.; MOTAGNON, C.; CILAS, C.; CHARRIER, A.; ESKES, A.B. Reciprocal recorrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre.III. Genetic gains and results of first cycle intergroup crosses. **Euphytica**, v.95, n.3, p.347-354, 1997.

LEROY, T.; MOTAGNON, C.; CILAS, C.; YAPO, A.; ESKES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. II. Estimation of genetics parameters. **Euphytica**, v.74, n.1-2, p.121-128, 1994.

MARQUES, E.M.G.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, A.F.A; ARLEU, R.J.Comportamento de cultivares de café conilon no sul do Estado do Espírito Santo. In. Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil.,2.,2001, Vitória. Anais. Vitória, ES: EMBRAPA, p.1307-1311,2001.

MATIELLI, A.; RUGGIERO, S.S. Agronegócio café: Histórico e Tendências. Newscafeicultura.. http://www.newscafeicutura.com.br/news, (11 abril 2005).

MEDINA FILHO, H.P. Influência da variabilidade genética de porta-enxertos em copas do café robusta. In. Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil.,4.,2005,Londrina, PR: EMBRAPA, 2005.

MEYER, A.S. Comparação de coeficientes de similaridade usados em análise de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes. 2002. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba. 2002.

MISTRO, J.C.; FAZUOLI, L.C.; GONÇALVES, P.S., GUERREIRO FILHO, O. Estimatives of genetic parameters and expected genetic gains with selection in robust coffee. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, n.4, p.86-91, 2004.

MONTAGNON, C., LEROY, T., YAPO, A. Diversité génotypique et phénotypique de quelques groupes de caféiers (*Coffea canephora* Pierre) en collection. **Café Cacao Thé,** v.36, n.3, p.187-197, 1992

MONTAGNON, C.; LEROY, T.; ESKES, A.B. Amélioration variétale de *Coffea canephora.*I. Critères et méthodes de sélection. **Plantation, recherche, développement**. v.5, p.18-33, 1998a.

MONTAGNON, C.; LEROY, T.; ESKES, A.B. Amélioration variétale de *Coffea canephora.*II. Les programmes de selection et leurs résultats. **Plantation, recherche, développement**, v.6, p.89-98, 1998b.

O ESTADO DE SÃO PAULO. Agroindústria: Receita com café solúvel cresce 7%. http://www.estadao.com.br, (11 outubro de 2006).

OLIVEIRA, A.C.B.; SEDIYAMA, M.A.N.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Avaliação da divergência genética em batata-doce por procedimentos multivariados. **Acta Scientiarum**, v.22, n.4, p.895-900, 2000.

OLIVEIRA, A.C.B.; SEDIYAMA, M.A.N.; SEDIYAMA, T.; FINGER, F.L.; CRUZ, C.D. Variabilidade genética em batata doce com base em marcadores izoenzimáticos. **Horticultura Brasileira**, v.20, n.4, p.576-582, 2002.

OLIVEIRA, A.C.B.; SEDIYAMA, M.A.N.; PEDROSA, M.W.; GARCIA, N.C.P.; GARCIA, S.L.R. Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico. **Acta Scientiarum**, v.26, n.2, p.211-217, 2004.

OROZCO-CASTILLO, C.; XHALMERS, K.J.; WAUGH, R.; POWELL, W. Detection of genetic diversity and selective gene introgression in coffee using RAPD markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.87, n.8, p.934-940, 1994.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E., VIEGAS, G.P. (eds). Belo Horizonte. Campinas, SP: Fundação Cargill, cap.6, p. 217- 265, 1986.

PEREIRA, F.H.F.; PUIATTI, M.; MIRANDA, G.V.; SILVA, D.J.H. da; FINGER, F.L. Divergência genética entre acessos de taro. **Horticultura Brasileira**, v.22, n.1, 2004.

PLANO DIRETOR do Centro de Café 'Alcides Carvalho'. Instituto Agronômico de Campinas – IAC, 2003.

PSI – PROGRAMA SETORIAL INTEGRADO DA APEX BRASIL – SINDCAFÉ-SP. Da matéria prima ao produto industrializado. http://www.cafesdobrasil.com.br/apoio, (18 outubro 2006).

RAMALHO, M.A.P.; VENCOVSKY, R. Estimação dos componentes de variância genética em plantas autógamas.**Ciência e Prática**, n.2, p.117-140, 1978

RAO, R.C. Advanced statistical methods in biometric research. New York. John Willey and Sons, 390p., 1952.

SAES, M.S.M.; NAKAZONE, D. Estudo da competitividade de cadeias integradas no Brasil: impacto das zonas de livre comércio. Cadeia: Café. Campinas: UNICAMP – IE – NEIT/MDIC. http://www.desenvolvimento.gov/cadeiasprodutivas. (17 setembro 2002).

SERA, T. Possibilidade de emprego de seleção nas colheitas iniciais de café (*Coffea arabica* L.. cv. Acaiá). 1987. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba. 1987.

SHIMOYA, A.; CRUZ, C.D.; FERREIRA, R.P.; PEREIRA, A.V.; CARNEIRO, P.C.S. Divergência genética de acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.7, p.971-980, 2002.

SILVESTRINI, M.; JUNQUEIRA, M.G.; FAVARIN, A.C.; GUERREIRO FILHO, O.; MALUF, M.P.; SILVAROLLA, M.B.; COLOMBO, C. Diversidade genética da espécie *Coffea arabica* avaliada por marcadores microssatélites. In: Simpósio de pesquisas dos cafés do Brasil, 4. Londrina,PR, 2005.

SINDCAFÉ – SINDICATO DA INDÚSTRIA DE CAFÉ DO ESTADO DE SÃO PAULO. Programa de exportação de café. Programa vai incrementar exportação do café industrializado. http://www.sindicafesp.com.br/psi_intro.html, (17 julho 2006).

SINGH, D. The relative importance of characteres affecting genetic divergence.**The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, p.237-245, 1981.

SMITH, R.F. A history of Coffee. In: Clifford, M.N. and. Wilson, K.C. (eds). Coffee: botany, biochemistry, and productions of beans and beverage. New York, p. 01-12, 1985.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. Principles and procedures of statistics. . New York: McGraw-Hill, 428p, 1960.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H; DICKEY, A. Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. 3 ed. New York: McGraw-Hill, 666p, 1997.

SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; AMARA-JUNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v.23, n.1, p.22-27, 2005.

SYBENGA, J. Genetics and citology of coffee: a literature review. **Bibliographia Genetica**, n.19, p. 217-316, 1960.

TAVARES JR, J.E. Volume e granulometria do substrato na formação de mudas de café. 2004. Tese Dissertação (de Mestrado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

TAVARES JR, J.E.; FAVARIN, J.L.; DOURADO NETO, D.; MAIA, A.H.N.; FAZUOLI, L.C.; BERNADES, M.S. Análise comparativa de métodos de estimativas de área foliar em cafeeiro. **Bragantia**, Campinas, v.61,n.2, p.199-203, 2002.

TEDESCO, N.S. Análises biométricas em cafeeiros (Coffea arabica L.) derivados do Híbrido de Timor. 2003. Tese Dissertação (de Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2003.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGA, G.P. (eds). Melhoramento de milho. Campinas, SP: fundação Cargill, 1987.

VENEZIANO, W. Avaliação de progênies de cafeeiros (*Coffea canephora* Pierre ex. Froehner) em Rondônia.1993. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba. 1993.

VENEZIANO, W.; FAZUOLI, L.C. Avaliação de cultivares de cafeeiros Robusta (*Coffea canephora*) em Rondônia. In: Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil, 1. Poços de Caldas, MG. EMBRAPA CAFÉ/MINASPLAN, p.459-461, 2000.

VENEZIANO, W. FONSECA, A.F.A.; FAZUOLI, L.C. Avaliação de clones de café conilon em Rondônia. In: Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil, 3. Porto Seguro, BA. Anais.Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ - Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, p.219, 2003.