

## GANHO GENÉTICO EM UMA POPULAÇÃO DE CAFÉ ROBUSTA SUBMETIDA A SELEÇÃO CLONAL<sup>1</sup>

Júlio César Mistro<sup>2,3</sup>, Luiz Carlos Fazuoli<sup>3</sup>, Marcos Deon Vilela de Resende<sup>4</sup>, Roland Vencovsky<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Parte da tese de doutorado do primeiro autor e financiado pela Secretaria de Agricultura e Abastecimento do Estado de São Paulo (SAA-SP) e pelo Consórcio Pesquisa Café

<sup>2</sup>Doutorando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - ESALQ/USP, Piracicaba (SP). Pesquisador científico no Centro de Café do Instituto Agrônomo (IAC/APTA), Campinas (SP); e-mail: mistrojc@usp.br

<sup>3</sup>Pesquisador científico no Centro de Café do Instituto Agrônomo (IAC/APTA), Campinas (SP); e-mail: mistrojc@iac.sp.gov.br; fazuoli@iac.sp.gov.br

<sup>4</sup>Pesquisador da Embrapa Florestas - Colombo, PR. e-mail: marcos.deon@gmail.com

<sup>5</sup>Professor Titular Sênior do Departamento de Genética - ESALQ/USP, Piracicaba (SP). e-mail: rvencovs@usp.br  
Trabalho parcialmente suportado pelo CNPq.

**RESUMO:** Este trabalho teve como objetivo verificar o ganho genético esperado com a seleção, por via assexuada, em uma população de *Coffea canephora*, introduzida da Costa Rica, para a clonagem de indivíduos promissores e que possam ser, num futuro próximo, cultivares a serem disponibilizadas à cafeicultura paulista e nacional. O experimento, instalado no Pólo Regional de Mococa (SP), segue o delineamento em látice balanceado 5x5 quadruplicado, com seis repetições por experimento (por látice). Analisaram-se seis colheitas utilizando a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) estimando-se individualmente o efeito genotípico, o valor genotípico livre de efeitos de interação e o ganho genético esperado na seleção clonal. Foram observados elevados ganhos genéticos, que variaram conforme as intensidades de seleção utilizadas. A seleção de dez indivíduos gerou um ganho de 193%, enquanto que 50 plantas selecionadas proporcionariam um ganho esperado de 136%. A média populacional passaria dos atuais 8,26 kg de café da roça/planta para esperados 24,26 kg de café da roça/planta (10 plantas) e para 19,54 kg de café da roça/planta (50 plantas), na população melhorada. As plantas selecionadas para clonagem também são promissoras para inter cruzamento numa seleção recorrente sexuada.

**PALAVRAS CHAVE:** *Coffea canephora*, clone, REML/BLUP e efeito genotípico.

## GENETIC GAIN IN A POPULATION OF ROBUSTA COFFEE POSTED CLONAL SELECTION

**ABSTRACT:** This study aimed at determining the genetic gain expected with asexual selection in a population of *Coffea canephora*, introduced from Costa Rica, for the cloning of promising individuals and which may, in the near future, become available cultivars for the State of São Paulo or nationwide. The experiment was conducted in the Southern Regional Mococa (SP) Experimental Station and was set up in a 5 x 5 quadruple balanced lattice design with six replications per lattice. We considered six harvests using a mixed model approach (REML/BLUP) for estimating the genotypic effect of each individual, free from interaction effects, and the expected gain from clonal selection. We obtained high estimates of genetic gain, which varied according to the selection intensity considered. A selection of the ten superior individuals resulted in a gain of 193%, while for a selection of the superior 50 the expected gain was of 136%. With these gains the base-population mean of 8.26 kg/plant is expected to increase to 24.26 kg/plant and 19.54 kg/plant, respectively, in the improved population. Selected plants for cloning are also promising for intercrossing in sexual recurrent selection.

**KEY WORDS:** *Coffea canephora*, clone, REML/BLUP and genotypic effect.

## INTRODUÇÃO

O cultivo comercial da espécie *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner (café robusta), alógama e auto-incompatível, dá-se preferencialmente por via assexuada, pois o plantio de mudas oriundas de sementes (possível também nessa espécie) acarreta vários problemas ao cafeicultor, principalmente aqueles relacionados à desuniformidade fenotípica das plantas, tais como porte, época de maturação dos frutos, vigor vegetativo, entre outros. Essa heterogeneidade das plantas na lavoura dificulta o manejo e a condução, bem como a colheita (Ferrão, 2004).

Nesse sentido os programas de melhoramento do café robusta devem priorizar o desenvolvimento de cultivares clonais, pois assim há garantia de uniformidade das plantas, facilitando os tratamentos culturais, maximizando a produção e minimizando os custos da lavoura, resultando em maior retorno econômico ao produtor.

Comparando-se com espécies propagadas sexualmente, como é o caso do próprio café arábica (*Coffea arabica* Linnaeu), o melhoramento do café robusta permite obter ganhos genéticos maiores com a seleção, pois todos os componentes da variância genética são explorados na seleção, ao passo que no primeiro caso apenas a variância genética aditiva é o componente de maior importância para o processo seletivo (Souza Júnior, 1995; Cruz & Carneiro, 2006).

O processo inicia-se com a seleção de plantas numa população-base desenvolvida, ou introduzida, pelo melhorista; classificação dos melhores genótipos; clonagem destes indivíduos; estabelecimentos de experimentos seguindo delineamentos estatísticos apropriados para as avaliações e seleções de plantas promissoras; testes de compatibilidade genética entre os clones; ensaios regionais e lançamento da cultivar clonal (FERRÃO et al., 2007).

Souza-Júnior (1995) recomenda que as seleções sejam feitas de forma seqüencial ou em etapas. Numa primeira etapa tem-se a população, geralmente constituída por plantas provenientes de sementes, onde é feita uma seleção fenotípica individual e as selecionadas são clonadas para passar à segunda fase; nessa primeira etapa é comum ter-se muitos genótipos e poucos propágulos (estacas) por genótipo, o que dificulta o uso de um delineamento experimental. Na segunda etapa, com um menor número de genótipos e maior número de propágulos por genótipo, o uso de delineamento já é possível; após as avaliações e análises as plantas selecionadas são novamente clonadas e passa-se para a fase seguinte, que poderá ser ou não a última, conforme o planejamento do programa e a experiência do melhorista com a cultura. Nessa nova etapa o experimento poderá ser instalado em outros locais; além disso, uma menor intensidade de seleção deverá ser utilizada, principalmente se o caráter sob seleção possuir baixa herdabilidade. Numa última fase, as plantas selecionadas anteriormente são novamente clonadas para realizar os ensaios regionais (Souza Júnior, 1995). A fim de otimizar o programa, durante o processo, alguns ajustes poderão ser feitos entre as etapas, até acrescentando novas fases, conforme a percepção do melhorista.

Várias são as vantagens listadas por Ferrão et al. (2007), entre elas:

- capitaliza de forma rápida os ganhos genéticos e a fixação dos alelos favoráveis;
- fixa o genótipo a qualquer tempo, sem a necessidade de avançar muitas gerações para atingir a homozigose;
- permite o surgimento da variabilidade genética já na primeira geração após as hibridações, pois os clones genitores são heterozigóticos, possibilitando efetuar a seleção em  $F_1$ ;
- as plantas apresentam grande vigor vegetativo por manter a heteroziguidade;
- os descendentes são uniformes;
- menor tempo para desenvolver uma cultivar clonal, em torno de 25 anos (no café arábica pode-se chegar até a 40 anos).

Devido à auto-incompatibilidade genética, uma cultivar clonal de robusta é formada por um conjunto de vários genótipos clonais, ao contrário do café arábica, em que apenas um genótipo constitui toda a lavoura cafeeira. O Instituto Capixaba de Pesquisa e Extensão Rural (INCAPER), pioneiro na pesquisa da espécie no Brasil, preconiza que uma cultivar seja constituída por no mínimo oito genótipos diferentes, pois isso garante a polinização entre as plantas e diminui os riscos de prejuízos no caso de uma infestação de alguma praga e/ou doença (Ferrão et al., 2007).

O objetivo do presente trabalho foi verificar o ganho genético esperado com a seleção, por via assexuada, em uma população de *Coffea canephora* para a clonagem de indivíduos promissores e que possam vir a ser, num futuro próximo, cultivares a serem disponibilizadas à cafeicultura paulista e nacional.

## MATERIAL E MÉTODOS

Uma população de progênies de polinização livre (meio-irmãos) pertencentes à espécie *Coffea canephora* (café robusta), introduzida do Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE) com sede na cidade de Turrialba - Costa Rica, foi avaliada no Pólo Regional do Nordeste Paulista - Mococa (SP), da APTA (Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios) pertencente à Secretaria de Agricultura do Estado de São Paulo, localizado na latitude 21°28'S, longitude 47°01'W e altitude de 665 metros.

O experimento foi instalado em látice balanceado 5 x 5 quadruplicado, com seis repetições por experimento (por látice), contendo 21 progênies de *C. canephora* (sementes) e quatro cultivares de *C. arabica*, com uma planta por parcela, no espaçamento de 4,00 metros entre fileiras x 3,00 metros entre plantas, correspondendo a 833 plantas.ha<sup>-1</sup>.

Foram analisadas seis colheitas tomando-se as produtividades individuais, expressas em kg.planta<sup>-1</sup> de café da roça.

A análise conjunta foi realizada considerando a abordagem de modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP) por meio do software Selegen (RESENDE, 2007), em que os componentes de variância são estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos preditos pela melhor predição linear não viesado (BLUP), através da matriz de parentesco. Essa metodologia foi adotada uma vez que nos modelos matemáticos utilizados há presença de efeitos fixos e aleatórios concomitantemente e/ou as avaliações realizadas durante vários anos (repetidas no tempo) nos mesmos indivíduos possibilitam a correlação entre si destas medidas. O modelo misto permite modelar as matrizes de variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios bem como do resíduo, e conseqüentemente, avaliar a correlação no tempo e também outras possíveis estruturas de correlação presente entre os efeitos aleatórios do modelo, o que não seria possível utilizando-se o método de estimação por quadrados mínimos, o qual torna-se viesado em medidas dependentes (Resende, 2002; Bueno Filho; Gilmour, 2003; Piepho; Büchse; Emrich, 2003).

O modelo estatístico adotado foi:

$$y = Xm + Za + Wc + Qp + Tb + Kgc + e$$

em que:

$y$  = vetor de dados de dimensões  $n \times 1$ , em que  $n$  é o número de observações;

$X$  = matriz de incidência dos efeitos das avaliações dos indivíduos no tempo (medidas repetidas no tempo, isto é, as colheitas) formada por valores 0 e 1, de dimensões  $n \times 6$ ;

$m$  = vetor dos efeitos das combinações das avaliações dos indivíduos no tempo, assumidos como fixos somados à média geral;

$Z$  = matriz de incidência dos efeitos genéticos aditivos individuais, formadas por valores 0 e 1, de dimensões  $n \times 21$ ;

$a$  = vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais, assumidos como aleatórios de dimensões  $21 \times 1$ , em que,  $a \sim N(0, G)$ , sendo  $G = A\sigma_a^2$  onde  $G$  refere-se à matriz de variâncias e covariâncias genéticas entre os indivíduos, de efeito aleatório,  $A$  é a matriz dos coeficientes de parentesco,  $\sigma_a^2$  a variância genética aditiva entre os indivíduos e 0 o vetor nulo.

$W$  = matriz de incidência dos efeitos de parcelas dentro de blocos, formadas por valores 0 e 1, de dimensões  $n \times 5$ ;

$c$  = vetor dos efeitos de parcelas dentro de blocos, assumidos como aleatórios;

$Q$  = matriz de incidência dos efeitos permanentes, formadas por valores de 0 e 1;

$p$  = vetor dos efeitos permanentes dentro da parcela, assumidos como aleatórios;

$T$  = matriz de incidência dos efeitos de blocos dentro de repetições, formadas por valores 0 e 1, de dimensões  $n \times 5$ ;

$b$  = vetor dos efeitos de blocos dentro de repetições, assumidos como aleatórios;

$K$  = matriz de incidência dos efeitos da interação genótipos x colheitas, formadas por valores de 0 e 1;

$gc$  = vetor dos efeitos da interação genótipos x colheitas, assumidos como aleatórios;

$e$  = vetor de erros, assumidos como aleatórios.

As predições dos valores genotípicos (componentes de médias) e o ganho genético esperado na seleção para cada clone foram propostas por Resende (2002, 2007), em que

.  $\hat{g}$  = efeito genotípico, incluindo todos os efeitos genéticos;

.  $\hat{a}$  = efeito aditivo;

.  $\hat{d}$  = efeito de dominância;

.  $\hat{u} + \hat{g}$  = valor genotípico livre da interação, onde  $\hat{u}$  = média geral;

.  $\bar{X}_m$  = média melhorada esperada do conjunto de plantas selecionadas, dada por:

$$\bar{X}_m = \frac{\sum(\hat{u} + \hat{g})}{n}, \text{ onde } n = \text{número de plantas selecionadas.}$$

.  $G_s$  = ganho genético esperado na seleção clonal, obtido por  $G_s = \frac{\sum \hat{g}}{n}$

.  $G_s(\%)$  = ganho genético esperado na seleção clonal, em porcentagem, estimado por  $G_s(\%) = \frac{G_s}{\bar{X}}$ .

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Quando se avaliam progênies com a intenção de clonar os melhores indivíduos faz-se necessária a predição dos valores genotípicos totais de cada planta, ao contrário do que ocorre na seleção recorrente, ou numa propagação de uma espécie por sementes, onde o conhecimento dos efeitos aditivos ganha maior importância do que os efeitos de dominância e epistáticos. Neste contexto, é apresentada na Tabela 1, a classificação parcial dos indivíduos mais promissores com base nos efeitos genotípicos totais ( $\hat{g}$ ) da população de *C. canephora* avaliada em Mococa (SP).

Tabela 1. Classificação parcial das plantas ordenadas com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais ( $\hat{g}$ ), suas médias melhoradas ( $\bar{X}_m$ ) e os seus ganhos genéticos esperados ( $G_s$ ) do conjunto de plantas selecionadas no experimento de progênies de *C. canephora* em Mococa, SP

Pos.	Planta	Prog	$\hat{g}$	$\hat{a}$	$\hat{d}$	$\hat{u}+\hat{g}$	$\bar{X}_m$	$G_s$	$G_s$ (%)
1º	83	21	18,11	10,94	7,17	26,37	26,37	18,11	219,25
2º	129	14	18,02	12,16	5,86	26,28	26,32	18,06	218,64
3º	72	1	16,90	10,36	6,54	25,16	25,94	17,68	214,04
4º	23	2	16,57	9,76	6,81	24,83	25,66	17,40	210,65
5º	350	16	16,52	10,57	5,95	24,78	25,48	17,22	208,47
6º	215	14	16,09	11,00	5,09	24,35	25,30	17,03	206,17
7º	175	14	15,35	10,56	4,80	23,61	25,05	16,79	203,27
8º	141	1	15,04	9,24	5,80	23,30	24,84	16,57	200,61
9º	249	14	13,92	9,69	4,22	22,18	24,54	16,28	197,09
10º	210	8	13,51	9,05	4,46	21,77	24,26	16,00	193,70
11º	195	1	13,46	8,29	5,17	21,72	24,03	15,77	190,92
12º	46	11	13,44	7,99	5,45	21,70	23,84	15,58	188,62
13º	196	7	13,41	8,41	5,00	21,67	23,67	15,41	186,56
14º	128	13	13,38	8,74	4,64	21,64	23,53	15,26	184,75
15º	123	9	12,45	7,45	5,00	20,71	23,34	15,08	182,57
16º	43	3	12,38	7,34	5,05	20,64	23,17	14,91	179,51
17º	293	5	12,03	7,46	4,56	20,29	23,00	14,74	178,45
18º	360	18	12,01	5,57	6,44	20,27	22,85	14,59	176,63
19º	201	7	11,36	7,18	4,18	19,62	22,68	14,42	174,58
20º	581	16	10,79	7,13	3,66	19,05	22,50	14,24	172,40
21º	47	16	10,70	7,08	3,62	18,96	22,33	14,07	170,34
22º	26	11	10,69	6,34	4,35	18,95	22,17	13,91	168,40
23º	270	6	10,65	5,68	4,97	18,91	22,03	13,77	166,71
24º	74	14	10,63	7,72	2,91	18,89	21,90	13,64	165,13
25º	51	13	10,08	6,76	3,32	18,34	21,76	13,50	163,44
30º	574	9	9,47	5,66	3,81	17,73	21,13	12,87	155,81
50º	35	2	8,21	4,75	3,46	16,47	19,54	11,28	136,56
75º	279	10	6,79	4,12	2,67	15,05	18,27	10,01	121,19
100º	467	8	5,50	4,24	1,26	13,76	17,33	9,07	109,81
150º	584	14	1,82	2,44	-0,62	10,08	15,60	7,34	88,86

$\hat{g}$  = efeitos genotípicos totais;  $\hat{a}$  = efeitos aditivos;  $\hat{d}$  = efeitos de dominância;  $\hat{u}+\hat{g}$  = valores genotípicos totais;  $\bar{X}_m$  = média melhorada esperada do conjunto de plantas selecionadas;  $G_s$  = ganho genético esperado na seleção.

A escolha do número de indivíduos que serão clonados para uma próxima etapa vai depender principalmente se os resultados (entende-se aqui desenvolvimento de novas cultivares) a serem obtidos serão a curto, médio ou longo prazos, além das condições físicas e financeiras do programa.

Imaginando-se resultados a médio-longo prazos poder-se-ia utilizar uma intensidade de seleção mais branda, talvez 20%, o que resultaria em 100 indivíduos passíveis de clonagem. Nessa hipótese passaríamos de uma média de 8,26 kg para 17,33 kg, com um ganho genético esperado ( $G_s$ ) de 109,81%. Caso o objetivo do programa exija resposta no curto prazo pode-se aumentar a pressão de seleção para, por exemplo, 25 indivíduos (5%), que resultariam em uma média melhorada ( $\bar{X}_m$ ) de 21,76 kg com um valor de  $G_s$  de 163,44%. Na necessidade de se obter resultados no curto prazo a seleção de um menor número de indivíduos propiciaria também a não execução de um ciclo de seleção, isto é, seis anos

a menos de experimentação. É óbvio também que uma seleção mais branda é a mais aconselhável, devido a todos os benefícios que isto traz à população em estudo.

Verificou-se que as cinco primeiras posições foram ocupadas pelas plantas 83 (18,11 kg), 129 (18,02 kg), 72 (16,90 kg), 23 (16,57 kg) e 350 (16,52 kg), todas de progênies diferentes: 21, 14, 1, 2 e 16, respectivamente. Esse conjunto de plantas resultou em uma média melhorada ( $X_m$ ) de 25,48 kg e um valor do ganho genético esperado ( $G_s$ ) de 208,47%. Leroy et al. (1997) obtiveram ganhos genéticos de 120% num experimento conduzido na Costa do Marfim e Ramalho et al. (2011) alcançaram 60% de ganho em uma população avaliada em Rondônia. É espantoso quando estes valores são comparados com os ganhos genéticos de outras espécies que já possuem um nível mais avançado de melhoramento, tais como o milho, a soja ou o trigo, em que ganhos atuais são bem mais modestos. Provavelmente as causas desses excepcionais ganhos podem ser atribuídos a alguns fatores, entre eles: por se estar numa fase inicial de melhoramento de *C. canephora* no estado de São Paulo (foi o primeiro ciclo de seleção), o próprio modo de reprodução e a auto-incompatibilidade genética da espécie.

Como  $g$  é em função principalmente dos efeitos genéticos  $a$  e  $d$ , a classificação de cada indivíduo foi influenciada por uma maior ou menor grandeza desses efeitos. Na classificação com base nos valores genotípicos totais, nem sempre um alto valor de  $a$  ou de  $d$  gerou as primeiras posições. Nesse sentido, as cinco primeiras posições foram ocupadas pelas plantas 83 (apresentou o maior valor de  $\hat{g}$ , 18,11 kg), seguida da 129 ( $\hat{g} = 18,02$  kg) e 72 ( $\hat{g} = 16,90$  kg); a planta 571, 24ª colocada pelo efeito aditivo, apresentou praticamente metade do valor de  $\hat{g}$  da primeira colocada ( $\hat{g} = 9,68$  kg).

Uma outra abordagem que poderia ser feita é em relação aos ordenamentos realizados por  $\hat{a}$  e  $\hat{g}$ . Verificou-se que os 14 melhores indivíduos ordenados por  $\hat{g}$  (83, 129, 72, 23, 350, 215, 175, 141, 249, 210, 195, 46, 196 e 128) são os mesmos do ordenamento feito por  $\hat{a}$ , alterando-se apenas o posicionamento entre os mesmos. As plantas 83 (progênie 21) e 129 (progênie 14) destacaram-se nas duas formas de efeitos genéticos. O indivíduo 83 apresentou o maior  $\hat{g}$  (18,11 kg) e o terceiro maior  $\hat{a}$  (10,94 kg); já a planta 129 apresentou o segundo melhor valor de  $\hat{g}$  (18,02 kg) e o primeiro valor de  $\hat{a}$  (12,16 kg). A planta 215 (progênie 14) apresentou a maior queda dentre as “top 14”, passando de segundo (ordenada por  $\hat{a}$ ) para sexto lugar (ordenada por  $\hat{g}$ ). Queda semelhante registrou o indivíduo 72 (progênie 1), porém em relação à classificação por  $\hat{g}$ ; já a planta 23 (progênie 2) ascendeu de três posições, passando da sétima (ordenada por  $\hat{a}$ ) para o quarto lugar (ordenada por  $\hat{g}$ ).

## CONCLUSÕES

1. A população em estudo apresentou potencial genético para a clonagem;
2. A seleção de 50 indivíduos proporcionou uma média melhorada de 19,54 kg de café da roça/planta, praticamente o dobro da média original;
3. As plantas selecionadas para clonagem também são promissoras para inter cruzamento numa seleção recorrente sexuada.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BUENO FILHO, J.S.S.; GILMOUR, S.G. Planning incomplete block experiments when treatments are genetically related. *Biometrics* 59: 375-381. 2003.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.S.C. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. v. 2, 586 p.
- FERRÃO, R.G. *Biometria aplicada ao melhoramento genético do café conilon*. 2004. 256p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2004.
- FERRÃO, R.G.; FONSECA, A.F.A.; BRAGANÇA, S.M.; FERRÃO, G.M.A.G.; MUNER, L.H. *Café Conilon*. Vitória: Incaper, 2007. 702 p.
- PIEPHO, H.P.; BÜCHSE, A.; EMRICH, K. A hitchhiker's guide to the mixed model analysis of randomized experiments. *Journal of Agronomy and Crop Science* 189: 310-322. 2003.
- RESENDE, M.D.V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RESENDE, M.D.V. *SELEGEN - REM/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007. 360 p.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. *Melhoramento de espécies de reprodução vegetativa*. Piracicaba: ESALQ, Departamento de Genética, 1995. 41 p. (Apostila).