

HUMBERTO FANELLI CARVALHO

**PARÂMETROS GENÉTICOS INTERPOPULACIONAIS E SELEÇÃO
RECORRENTE EM COFFEA CANEPHORA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Magister Scientiae.

**VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2015**

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

C331p
2015
Carvalho, Humberto Fanelli, 1988-
Parâmetros genéticos interpopulacionais e seleção
recorrente em *Coffea Canephora* / Humberto Fanelli Carvalho. –
Viçosa, MG, 2015.
ix, 28f. : il. ; 29 cm.

Inclui anexo.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.24-27.

1. Café - Melhoramento genético. 2. Café - Seleção.
3. Parâmetros genéticos. 4. *Coffea canephora*. I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Biologia Geral. Programa
de Pós-graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 633.73

HUMBERTO FANELLI CARVALHO

**PARÂMETROS GENÉTICOS INTERPOPULACIONAIS E SELEÇÃO
RECORRENTE EM COFFEA CANEPHORA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Magister Scientiae.

APROVADO: 03 de junho de 2015

Felipe Lopes da Silva
(Coorientador)

Marcos Deon Vilela de Resende
(Coorientador)

Antônio Carlos Baião de Oliveira

Leonardo Lopes Bhering
(Orientador)

Aos meus avós Anna Maria M. C. Fanelli e Humberto Fanelli (em memória)
Ao meu irmão Vanderlei Cabral Carvalho Jr
À toda minha família e amigos
Dedico

AGRADECIMENTOS

À minha família que apesar de longe sempre estiveram na torcida e mandando boas energias, minha avó Anna Maria e meu irmão Vanderlei Jr.

À Universidade Federal de Viçosa e ao programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, pela disponibilidade de um curso de alto nível e pela estrutura.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Ensino Superior (CAPES) pelo financiamento.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e a Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), pelo projeto e parceria.

Ao meu orientador Leonardo Lopes Bhering pela orientação e conselhos.

Aos meu coorientadores, Felipe Lopes da Silva e Marcos Deon Vilela de Resende por todo apoio, conselhos, estímulo e conversas que me fizeram acreditar que seria possível.

Aos meus amigos do GenMelhor, do laboratório de Biometria e do Labtec, Vínicius, Nadson, Janeo, Edinho, André, Vanessa, Darlene, Renata, Leonardo, Leonardo.

Aos amigos de Viçosa, Bruno, Talita, Lorena, Mariana e todo o pessoal da república.

Aos meus amigos de Limeira, que mesmo distantes sempre me apoiaram.

Aos funcionários da secretaria do programa de Genética e Melhoramento, Marco Tulio e Odilom.

Aos membros da banca de avaliação.

À todos os professores que tive aula que de maneira direta ou indiretamente me proporcionaram esse momento.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	v
RESUMO	vi
ABSTRACT	viii
INTRODUÇÃO	1
MATERIAL E MÉTODOS	2
Análise dos caracteres agronômicos.....	2
Análises genético-estatísticas	4
RESULTADOS E DISCUSSÃO	11
Análise das estimativas dos parâmetros genéticos, CGC e CEC	11
Obtenção de população base para o programa de seleção recorrente intrapopulacional.	17
Seleção de plantas baseado no valor genotípico total.....	21
CONCLUSÕES.....	23
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	24
ANEXO	28

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Estimativa dos parâmetros genéticos.....	13
Tabela 2. Capacidade geral de combinação - CGC.....	14
Tabela 3. Capacidade específica de combinação - CEC.	14
Tabela 4. Seleção das melhores famílias, segundo índice aditivo.....	17
Tabela 5. Seleção de possíveis genitores, segundo índice aditivo.....	19
Tabela 6. Análise de agrupamento de Tocher, segundo distância genética de Mahalanobis.	20
Tabela 7. Seleção de clones, segundo índice aditivo.....	22

RESUMO

CARVALHO, Humberto Fanelli, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2015 **Parâmetros genéticos interpoblacionais e seleção recorrente em *Coffea canephora***. Orientador: Leonardo Lopes Bhering. Coorientadores: Felipe Lopes da Silva e Marcos Deon Vilela de Resende.

O presente trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos interpoblacionais para vários caracteres de importância econômica em *Coffea canephora*, visando delinear a melhor estratégia de seleção recorrente, recíproca ou intrapoblacional em população híbrida. Para isso, foram utilizadas famílias de irmãos germanos oriundas de um dialelo parcial entre os dois grupos varietais. Utilizou-se para este trabalho famílias de irmãos germanos obtidas via dialelo parcial composto por cinco genitores de *Coffea canephora* var. kouillou, como machos, e cinco genitores de *Coffea canephora* var. robusta, como fêmeas. Esse dialelo faz parte do Programa de Melhoramento de *Coffea canephora* da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) em parceria com a Universidade Federal de Viçosa (UFV) e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Café (Embrapa Café). O ensaio contendo as 20 famílias de irmãos germanos foi instalado, em janeiro de 2011, na Fazenda Experimental Vale do Piranga, localizada no município de Oratórios (20°25'51"S, 42°48'21"O), Minas Gerais, e pertencente à EPAMIG. O delineamento estatístico utilizado foi o de blocos com tratamentos casualizados, com 35 repetições e parcela experimental composta por uma planta com espaçamento entre fileiras de 3,0 metros e entre plantas 1,5 metros. Os caracteres avaliados foram: vigor vegetativo (VIG), reação a ferrugem (FER), altura de planta (APL), diâmetro da projeção da copa (DCOP), época de maturação (MAT) e produtividade em sacas de 60 kg por hectare (PROD). A metodologia de análise foi via modelos mistos, através do software SELEGEN-REML/BLUP. A falta de variância genética aditiva para os grupos de macho e fêmea e para a variância devido a capacidade específica de combinação dos cruzamentos, entre as características avaliadas não permitiu promover seleção dentro dos grupos de genitores, impossibilitando a condução de um programa de melhoramento via seleção recorrente recíproca. Assim a estratégia foi explorar variância genética das famílias interpoblacionais nas famílias híbridas por seleção recorrente intrapoblacional. O índice aditivo, feito à partir dos valores genéticos aditivos, proporcionou um ganho de 5,12% na seleção de 28 plantas, das dez melhores famílias híbridas, com intuito de compor a população base para o próximo ciclo de seleção. O ganho de seleção para esses indivíduos para as características de maior interesse como PROD e VIG foram 12,13% e 18,57% respectivamente. O índice aditivo,

feito à partir dos valores genéticos totais, entre os 20% melhores indivíduos das famílias híbridas para compor os testes clonais proporcionou um ganho de 39,33%. Concluímos que baseado na estimação dos parâmetros genéticos interpopulacionais a estratégia viável para dar sequência ao programa de melhoramento genético de *Coffea canephora* é a seleção recorrente intrapopulacional em população híbrida ou sintética. Os indivíduos selecionados para compor os testes clonais apresentaram elevada capacidade produtiva, tendo potencialidade para compor futuras variedades clonais de *Coffea canephora*.

ABSTRACT

CARVALHO, Humberto Fanelli, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2015
Genetic parameters interpopulation and recurrent selection in *Coffea canephora*.
Advisor: Leonardo Lopes Bhering. Co-Advisors: Felipe Lopes da Silva e Marcos Deon Vilela de Resende.

This study aimed to estimate interpopulation genetic parameters for multiple traits of economic importance in *Coffea canephora*, aiming to outline the best recurrent selection strategy, reciprocal or intrapopulation in hybrid population. For this, families of full sibs coming from a partial diallel between the two varietal groups were used. It was used for this work sib families obtained via partial diallel composed of five *Coffea canephora* var. Kouillou parents as males, and five parents of *Coffea canephora* var. robust as females. This partial diallel of *Coffea canephora* was conducted by the Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) in partnership with the Universidade Federal de Viçosa (UFV) and the Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Café (Embrapa Café). The test containing 20 families sib was installed in January 2011 at the experimental farm of Vale do Piranga, located in the city of Oratórios (20 ° 25'51 "S, 42 ° 48'21" W), Minas Gerais, and belongs to EPAMIG. The statistical design was randomized blocks with treatments with 35 repetitions and experimental unit consisting of a plant with row spacing of 3.0 meters and 1.5 meters between plants. The characters evaluated were: vegetative vigor (VIG), rust reaction (FER), plant height (APL), diameter of the canopy projection (DCOP), ripening time (MAT) and productivity in bags of 60 kg per hectare (PROD). The analysis by mixed models was made in SELEGEN-REML / BLUP software. The lack of additive genetic variance for the male and female groups and the variance due to specific combining ability of the crossings between the traits not allowed selection within the parents groups, making it impossible to conduct a breeding program via selection reciprocal recurrent. So the strategy was to explore genetic variance of interpopulation families in hybrid families by intrapopulation recurrent selection. The additive index, made from the additive genetic values, provided a gain of 5.12% in the selection of 28 plants, of the top ten hybrid families, aiming to compose the base population for the next selection cycle. The gain selection for these individuals to the characteristics of greatest interest as PROD and VIG were 12.13% and 18.57% respectively. The additive index, made from the total genetic values, among the top 20% of individuals hybrid families to compose the clonal tests provided a gain of 39.33%. We conclude that based on the estimation of interpopulation genetic parameters viable strategy to sequence the genetic improvement program of *Coffea canephora* is the

intrapopulation recurrent selection on hybrid or synthetic population. The individuals selected to compose the clonal tests showed high productive capacity, and capability to compose future clonal varieties of *Coffea canephora*.

INTRODUÇÃO

O cafeeiro é uma planta perene, originária da África, pertencente à família Rubiaceae e ao gênero *Coffea*. Dentre as inúmeras espécies do gênero, apenas duas têm importância econômica: *Coffea arabica* L., conhecida como “café arábica” e *Coffea canephora* Pierre, conhecida como “café robusta”. Devido à sua superioridade na qualidade de bebida, *C. arabica* responde por mais de 70% do café produzido no mundo (CONAB, 2015).

A espécie *C. canephora* é diplóide ($2n=2x=22$), alógama e autoincompatível. Em geral, ela difere da espécie *C. arábica* pelas seguintes características: arbusto multicaule; folhas maiores, bem onduladas, com coloração verde mais claro; flores auto incompatíveis de forma que a multiplicação ocorre por intermédio da polinização cruzada; frutos pouco mais esféricos, menores, com coloração vermelha, alaranjada e amarela, quando maduros e exocarpo mais fino; sementes de tamanho variável, com película prateada bem aderente, endosperma de cor verde e maior teor de cafeína (CARVALHO, 1946). Dentro deste contexto, Smith (1985) constatou que, ao analisar uma amostra de *C. canephora*, o conteúdo de cafeína era superior a 2% enquanto o de *C. arábica* estava em torno de 1%, além disso o *C. canephora* possui alto conteúdo de sólidos solúveis, que poderia ser de grande interesse para as indústrias de café solúvel.

As principais técnicas de melhoramento genético empregadas para espécie *Coffea canephora* são: introdução e avaliação de germoplasma; seleção de plantas individuais com testes clonais e hibridação intra e intervarietal, visto que existe dois grupos heteróticos representados por genótipos pertencentes ao grupo varietal *Coffea canephora* var. *kouillou* e ao grupo varietal *C. canephora* var. *robusta*.

A espécie *Coffea canephora* é comumente conhecida como “café robusta” e pode ser dividida em dois grupos genéticos distintos, separados por seus centros de origem. O grupo Guineano é caracterizado fenotipicamente por folhas longas, porte baixo, entrenós curtos, tolerância a seca e suscetibilidade à ferrugem da folha, causada pelo fungo *Hemileia vastatrix*. O segundo grupo é conhecido por grupo Congolês, é dividido em quatro subgrupos, SG1, SG2, B e C. Os genótipos do grupo SG1 apresentam características morfológicas semelhantes às do grupo Guineano. Os genótipos dos grupos SG2, B e C apresentam folhas grandes e largas, grãos grandes, alta resistência à ferrugem da folha e não toleram longos períodos de estiagem, não sendo tolerantes à seca (CUBRY et al. 2008; MUSOLI et al. 2009). O grupo Guineano manteve-se restrito à sua área de origem (Guiné e

Costa do Marfim), e não há registros de genótipos deste grupo em outras regiões ou outros países. No entanto, há relatos que o grupo Congolês foi introduzido no Brasil, em várias ocasiões, o primeiro relato em 1920, quando foi introduzido em áreas marginais de *Coffea arábica* (FERRÃO et al. 2007). Outros eventos de introdução do grupo ocorreram na década de 1970, quando os acessos do continente Africano foram enviados a diversos países (FAZUOLI et al. 2009). O subgrupo SG1 é conhecido popularmente como *Coffea canephora* var. *kouillou* (no Brasil como Conilon), enquanto os grupos SG2, B e C são conhecidos como *Coffea canephora* var. *robusta* (FERRÃO et al., 2013).

Evidencia-se que hibridações envolvendo os genótipos dos grupos citados favoreceriam a implementação de características de interesse agrônomo contidas em ambos os grupos. Trabalhos de seleção recorrente recíproca (SRR) envolvendo os grupos Congolês e Guineano iniciaram-se em 1984, na Costa do Marfim (BERTHAUD, 1985). Primeiramente foi avaliada a capacidade de combinação dos genótipos de cada grupo, cruzando com vários testadores do grupo recíproco (LEROY et al., 1993), uma vez que há predominância da capacidade geral de combinação (CHARRIER E BERTHAUD, 1988). Os melhores híbridos e as variedades clonais plantadas na Costa do Marfim são derivados do melhoramento envolvendo os cruzamentos dos grupos citados (LEROY et al., 1993, 1994, 1997).

Outra estratégia que pode ser adotada no melhoramento de *Coffea canephora* é a seleção recorrente intrapopulacional, desenvolvida a partir da determinação de população base, que pode ser oriunda de famílias intervarietais envolvendo os grupos de *C. canephora* var. *kouillou* e *C. canephora* var. *robusta*.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos interpopulacionais para vários caracteres de importância econômica em *Coffea canephora*, visando delinear a melhor estratégia de seleção recorrente, recíproca ou intrapopulacional em população híbrida. Para isso, foram utilizadas famílias de irmãos germanos oriundas de um dialelo parcial entre os dois grupos varietais.

MATERIAL E MÉTODOS

Análise dos caracteres agrônômicos

Utilizou-se para este trabalho famílias de irmãos germanos obtidas via dialelo parcial composto por cinco genitores de *Coffea canephora* var. *kouillou*, como machos, e cinco genitores de *Coffea canephora* var. *robusta*, como fêmeas. Esse dialelo faz parte do Programa de Melhoramento de *Coffea canephora* desenvolvido pela Empresa de Pesquisa

Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) em parceria com a Universidade Federal de Viçosa (UFV) e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Café (Embrapa Café).

Devido à autoincompatibilidade gametofítica presente nesta espécie, das 25 famílias possíveis de serem obtidas, foram obtidas apenas 20. O ensaio contendo as 20 famílias de irmãos germanos (ANEXO 1) foi instalado, em janeiro de 2011, na Fazenda Experimental Vale do Piranga, localizada no município de Oratórios (20°25'51"S, 42°48'21"O), Minas Gerais, e pertencente à EPAMIG. O delineamento estatístico utilizado foi o de blocos com tratamentos casualizados, com 35 repetições e parcela experimental composta por uma planta com espaçamento entre fileiras de 3,0 metros e entre plantas 1,5 metros.

As avaliações de seis caracteres agrônômicos foram realizadas de maio a junho dos anos de 2013 e de 2014, sendo eles:

- Vigor vegetativo (VIG)

O vigor vegetativo foi avaliado pelo aspecto geral da planta, observando-se o enfolhamento, a coloração das folhas, o estado nutricional e a sanidade dos cafeeiros. Foi adotada escala de notas de 1 (planta totalmente depauperada) a 10 (planta altamente vigorosa).

- Avaliação da reação à ferrugem no campo (FER)

A reação à ferrugem (*Hemileia vastatrix* Berk. & Br.) no campo foi realizada nos meses de pico da doença no campo (entre março e julho), conforme critérios de avaliação preconizados por Fazuoli (1991), descritos abaixo.

Nota	Tipo de Reação	Características
1	Imune	Imune, sem qualquer sinal de infecção (sem reação de resistência visível).
2	Resistente	Flecks (reação de hipersensibilidade) visíveis macroscopicamente; lesões cloróticas; pequenas tumefações. Não ocorre esporulação.
3	Moderadamente Resistente	Flecks; lesões cloróticas geralmente esporulando na borda; pequenas tumefações. Início da esporulação (lesões pequenas pouca esporulação).
4	Moderadamente Suscetível	Flecks; lesões cloróticas, tumefações. Em geral as lesões estão associadas com tumefações e pústulas características dos tipos de reação 2 e 4 (com pouca, média ou maior esporulação). Ocorre portanto mistura de lesões. Ocorre média esporulação.
5	Suscetível	Lesões com esporulação intensa e presença de muitas pústulas grandes.

- Altura das plantas (APL)

O cafeeiro teve sua altura determinada em centímetros (cm), pela medida da ramificação ortotrópica mais desenvolvida, do nível do solo até o último ponto apical do cafeeiro.

- Diâmetro da projeção da copa (DCOP)

O diâmetro da projeção da copa das plantas, foi determinado em centímetros (cm) por meio de régua no sentido perpendicular à linha de plantio.

- Época de maturação dos frutos (MAT)

Na época da atribuição de notas ao vigor vegetativo, a maturação dos frutos do cafeeiro foi classificada em precoce, média e tardia, recebendo notas de 1 a 3 para esses atributos, respectivamente.

- Produtividade em sacas de 60 kg café beneficiado por hectare (PROD)

A produtividade do cafeeiro em todo o experimento foi avaliada colhendo todos os frutos da parcela experimental que, posteriormente, foi determinada o volume total em litros (Vol) e por meio da expressão $PROD = [(n^\circ \text{ de plantas/ha}) \cdot \text{Vol}] / 360$, foi determinado a produtividade em sacos de 60 kg de café beneficiado por hectare. Para obtenção dessa expressão convencionou-se que para cada saco de café beneficiado seriam necessários 360 litros de frutos de café recém colhidos.

Análises genético-estatísticas

A metodologia dos Modelos Mistos, proposta por Henderson em 1949, foi adotada neste trabalho visto que houveram três tipos de desbalanceamento experimental. O primeiro refere-se à perda de cinco famílias de irmãos germanos oriundas das análises dialélicas; o segundo refere-se a não obtenção de 35 plantas para cada família avaliada; e, o terceiro refere-se à morte de plantas nas parcelas experimentais ao longo dos anos em avaliação.

Assim, as estimações dos parâmetros genéticos foram realizadas por dois modelos, via metodologia de modelos mistos, REML/BLUP, segundo modelos propostos por Resende (2007).

O primeiro modelo teve por finalidade estimar os componentes genéticos referente aos efeitos aditivos e de dominância dos cruzamentos, sendo:

$$y = Xb + Z_m g_m + Z_f g_f + W_s + T_p + Q_c + e$$

em que:

y, b, g_m, g_f, s, p, c, e: vetores dos dados observados, vetor dos efeitos de bloco (assumidos como fixos), vetor dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores na população utilizada como masculina (assumidos como aleatórios), vetor dos

efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores na população utilizada como feminina (assumidos como aleatórios), vetor dos efeitos da capacidade específica (CEC) de combinação entre os genitores das duas populações (assumidos como aleatórios), vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), vetor dos efeitos de ambiente permanente (assumidos como aleatório), erros aleatórios, respectivamente.

X, Z_m, Z_f, W, T e Q: matrizes de incidência para b, g_m, g_f, s, p e c, respectivamente.

Sob esse modelo, os efeitos de g_m e g_f estão associados aos efeitos aditivos interpopulacionais nas duas populações. Os efeitos s referem-se aos efeitos de dominância associados ao cruzamento entre as duas populações.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g_m \\ g_f \\ s \\ p \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ g_m \\ g_f \\ s \\ p \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{g_m}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{g_f}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_s^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_p^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Em que: $V = Z_m \sigma_{g_m}^2 Z_m' + Z_f \sigma_{g_f}^2 Z_f' + W \sigma_s^2 W' + T \sigma_p^2 T' + Q \sigma_c^2 Q' + I \sigma_e^2$

As estimativas da variância aditiva e de dominância e dos coeficientes de herdabilidade foram obtidos por meio dos seguintes estimadores:

$\hat{\sigma}_a^2 = 2(\hat{\sigma}_{g_m}^2 + \hat{\sigma}_{g_f}^2)$: estimador da variância aditiva interpopulacional.

$\hat{\sigma}_d^2 = \frac{4\hat{\sigma}_s^2}{\hat{\sigma}_y^2}$: estimador da variância de dominância interpopulacional.

$\hat{\sigma}_y^2 = \hat{\sigma}_{g_m}^2 + \hat{\sigma}_{g_f}^2 + \hat{\sigma}_s^2 + \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2$: estimador da variância fenotípica interpopulacional.

$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_y^2}$: estimador da herdabilidade individual no sentido restrito.

$\hat{h}_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2}{\hat{\sigma}_y^2}$: estimador da herdabilidade individual no sentido amplo.

$\hat{h}_d^2 = \frac{\hat{\sigma}_d^2}{\hat{\sigma}_y^2}$: estimador do coeficiente de determinação individual dos efeitos de dominância.

$$\hat{\sigma}_{gm}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gm}^2}{\hat{\sigma}_y^2} : \text{estimador do coeficiente de determina\c{c}o dos efeitos da capacidade geral}$$

de combina\c{c}o na popula\c{c}o usada como masculina.

$$\hat{\sigma}_{gf}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gf}^2}{\hat{\sigma}_y^2} : \text{estimador do coeficiente de determina\c{c}o dos efeitos da capacidade geral}$$

de combina\c{c}o na popula\c{c}o usada como feminina.

$$\hat{\sigma}_s^2 = \frac{\hat{\sigma}_s^2}{\hat{\sigma}_y^2} : \text{estimador do coeficiente de determina\c{c}o dos efeitos da capacidade}$$

espec\c{f}ica de combina\c{c}o interpopulacional.

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_y^2} : \text{estimador do coeficiente de determina\c{c}o dos efeitos de parcela.}$$

$$\hat{\sigma}_{gmgf}^2 = \frac{(\hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_{gf}^2)}{\hat{\sigma}_y^2} : \text{estimador do coeficiente de determina\c{c}o dos efeitos da}$$

capacidade geral de combina\c{c}o interpopulacional.

$$\hat{\sigma}_c^2 = \frac{(\hat{\sigma}_c^2 + \frac{1}{2}\hat{\sigma}_a^2 + \frac{3}{4}\hat{\sigma}_d^2)}{\hat{\sigma}_y^2} : \text{estimador do coeficiente de determina\c{c}o dos efeitos}$$

permanentes dentro de fam\c{f}lia.

$$\hat{r} = \frac{\hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_{gf}^2 + \hat{\sigma}_s^2 + \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_c^2}{\hat{\sigma}_{gm}^2 + \hat{\sigma}_{gf}^2 + \hat{\sigma}_s^2 + \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2} : \text{estimador do coeficiente de repetibilidade}$$

individual.

As equa\c{c}oes de modelos mistos para a predi\c{c}o dos efeitos aditivos e de domin\c{a}ncia pelo procedimento BLUP sob modelo individual equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g}_m \\ \hat{g}_f \\ \hat{s} \\ \hat{p} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z_m & X'Z_f & X'W & X'T & X'Q \\ Z_m'X & Z_m'Z_m + A_m^{-1}\lambda_1 & Z_m'Z_f & Z_m'W & Z_m'T & Z_m'Q \\ Z_f'X & Z_f'Z_m & Z_f'Z_f + A_f^{-1}\lambda_1 & Z_f'W & Z_f'T & Z_f'Q \\ W'X & W'Z_m & W'Z_f & W'W + D^{-1}\lambda_2 & W'T & W'Q \\ T'X & T'Z_m & T'Z_f & T'W & T'T + I\lambda_3 & T'Q \\ Q'X & Q'Z_m & Q'Z_f & Q'W & Q'T & Q'Q + I\lambda_4 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z_m'y \\ Z_f'y \\ W'y \\ T'y \\ Q'y \end{bmatrix}$$

A e D: matrizes de parentesco gen\c{e}tico aditivo e de domin\c{a}ncia, respectivamente.

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h_a^2 - h_d^2 - c_p^2 - c_c^2}{h_a^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_d^2} = \frac{1 - h_a^2 - h_d^2 - c_p^2 - c_c^2}{h_d^2};$$

$$\lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1 - h_a^2 - h_d^2 - c_p^2 - c_c^2}{c_p^2}; \lambda_4 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1 - h_a^2 - h_d^2 - c_p^2 - c_c^2}{c_c^2}$$

Para a obtenção das soluções, os componentes de variância genéticos e não genéticos serão estimados pelo método da máxima verossimilhança residual (REML). Como o método REML é um processo iterativo, será então utilizado o algoritmo numérico denominado de EM (por alternar etapas de esperança e maximização), caracterizando o algoritmo como EM-REML:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{g}_m'Z_m'y - \hat{g}_f'Z_f'y - \hat{s}'W'y - \hat{p}'T'y - \hat{c}'Q'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_{gm}^2 = [\hat{g}_m' \hat{g}_m + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{22})] / m$$

$$\hat{\sigma}_{gm}^2 = [\hat{g}_f' \hat{g}_f + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{33})] / f$$

$$\hat{\sigma}_s^2 = [\hat{s}' \hat{s} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{44})] / mf$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = [\hat{p}' \hat{p} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{55})] / p$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}' \hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{66})] / c$$

Em que $C^{22}, C^{33}, C^{44}, C^{55}, C^{66}$ advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} & C_{15} & C_{16} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} & C_{25} & C_{26} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} & C_{35} & C_{36} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} & C_{45} & C_{46} \\ C_{51} & C_{52} & C_{53} & C_{54} & C_{55} & C_{56} \\ C_{61} & C_{62} & C_{63} & C_{64} & C_{65} & C_{66} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} & C_{15} & C_{16} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} & C_{25} & C_{26} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} & C_{35} & C_{36} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} & C_{45} & C_{46} \\ C_{51} & C_{52} & C_{53} & C_{54} & C_{55} & C_{56} \\ C_{61} & C_{62} & C_{63} & C_{64} & C_{65} & C_{66} \end{bmatrix}$$

Em que:

m: número de machos

f: número de fêmeas

p: número de parcelas

c: número de parcelas por safra

C^{-1} : matriz de coeficientes da equação de modelos mistos

O segundo modelo teve por finalidade estimar os componentes dos efeitos genéticos aditivos individuais e a interação genótipo por colheita, dado por:

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e$$

em que:

y, r, g, p, i, e : vetor de dados, vetor de efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), vetor dos efeitos de ambiente permanente de indivíduos (assumidos como aleatórios), vetor de efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e vetor de erros ou resíduos (aleatórios), respectivamente.

X, Z, W, T : são as matrizes de incidência para os vetores r, g, p e i , respectivamente.

O vetor r contempla todas as repetições de todas as colheitas (ajusta combinações repetição – local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ p \\ i \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ g \\ p \\ i \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_g^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_p^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_i^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Onde temos, $V = Z\sigma_g^2Z' + W\sigma_p^2W' + T\sigma_i^2T' + I\sigma_e^2$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'T \\ T'X & T'Z & T'H & T'T + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \\ \hat{p} \\ \hat{i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_p^2 - c_i^2}{h_g^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_p^2 - c_i^2}{c_p^2}; \quad \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_i^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_p^2 - c_i^2}{c_i^2}$$

$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_e^2}$: estimador da herdabilidade individual no sentido restrito de parcelas individuais na repetição;

$c_p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_e^2}$: estimador do coeficiente de determinação devido ao ambiente permanente de indivíduo;

$$c_i^2 = \frac{\sigma_i^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_e^2} : \text{estimador do coeficiente de determinação dos efeitos da interação}$$

genótipos por colheitas

σ_g^2 : variância genética aditiva;

σ_p^2 : variância ambiental entre parcelas;

σ_i^2 : variância da interação G x A;

σ_e^2 : variância residual;

$$r_{\text{gcolh}} = \frac{\sigma_i^2}{\sigma_g^2 + \sigma_i^2} = \frac{h_g^2}{h_g^2 + c_i^2} : \text{estimador da correlação genotípica dos materiais genéticos}$$

através dos ambientes.

Estimadores de componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{r}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{p}' W'y - \hat{i}' T'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}' A^{-1} \hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} (A^{-1} C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = [\hat{p}' p + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} (C^{33})] / s$$

$$\hat{\sigma}_i^2 = [\hat{i}' i + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} (C^{44})] / n \text{ em que } C^{22}, C^{33} \text{ e } C^{44} \text{ advém de:}$$

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

Em que:

q: número de genótipos

s: número de plantas

n: número de famílias por colheita

C^{-1} : matriz de coeficientes da equação de modelos mistos

Na análise de modelos mistos, os efeitos do modelo não são testados via testes F, assim como se faz no método da análise de variância (ANOVA), pois sob desbalanceamento não é possível fazer o quadro da ANOVA, portanto não é possível aplicar o teste F. Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o teste recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que, um quadro similar ao quadro da análise de variância pode ser elaborado. Este quadro pode ser denominado de análise de deviance (ANADEV) e é estabelecido

segundo os seguintes passos: i) obtenção do ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obtenção da deviance $D = -2 \text{ Log L}$ para modelos com e sem o efeito a ser testado; iii) fazer a diferença entre as deviances para modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR); iv) testar, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, pois estas estimativas tendem a ter este tipo de distribuição (RESENDE, 2007a).

A população base pode ser desenvolvida ou introduzida pelo melhorista, possui estrutura com elevada variância genética o que possibilita explorar maiores ganhos com a seleção. Para a determinação da população base do programa de seleção recorrente intrapopulacional foram realizadas duas análises de seleção, entre e dentro de famílias, baseadas no índice aditivo, onde foram fornecidas as importâncias econômicas relativas ou pesos dos caracteres, exceto para o caráter MAT, para os valores genéticos aditivos. Assim soma-se ou subtrai-se esses valores de acordo com a direção de seleção, aumentando ou reduzindo a média para o caráter em questão, respectivamente. Para os caracteres FER e ALT a direção de seleção foi no sentido de diminuir os valores genéticos, assim subtraiu-se os valores, para as características DCOP, VIG e PROD o sentido de seleção foi para aumentar o caráter, assim somou-se os valores para formar o índice.

O peso econômico foi estabelecido conforme proposto por Viana e Resende (2014), à partir das correlações genóticas entre as características, em que, a característica principal adotada no programa de melhoramento foi a PROD. O estimador do peso econômico é dado por:

$$W_i = \frac{r_{g_{ij}}}{\sum_{j=1}^n r_{g_{ij}}}; \text{ em que } i \text{ é o caráter; } j \text{ é o caráter objetivo a ser melhorado e } n \text{ é o}$$

total de caracteres em estudo.

Paralelamente foram selecionadas as melhores plantas por meio do índice aditivo expresso anteriormente, utilizando para tal os valores genéticos totais preditos. Essa seleção teve como objetivo avançar, precocemente, os melhores clones para comporem a primeira avaliação clonal em regiões produtoras e com potencial produtivo no estado de Minas Gerais.

Por fim para propor o bloco de recombinação entre as famílias selecionadas, visando obtenção da população do próximo ciclo de seleção recorrente, foi feito o agrupamento de Tocher, (RAO, 1952) por meio da matriz de distâncias genéticas de Mahalanobis modificada

por Resende (2007a). A determinação da matriz de distâncias genéticas de Mahalanobis é baseada em valores genéticos preditos e utilizando uma matriz de variância e covariâncias desses valores genéticos, sendo:

$$D_{ii'}^2 = \delta' G \delta$$

Onde:

$D_{ii'}^2$: distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

G : matriz de variância e covariâncias genotípicas;

δ : $[d_1, d_2, \dots, d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Y_{ij} : média do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima variável.

Para a resolução das equações de modelos mistos, obtenção dos valores genéticos e componentes de variância genéticos e não genéticos, além dos índices aditivos e da análise de agrupamento, foi utilizado o pacote estatístico computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007b).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise das estimativas dos parâmetros genéticos, CGC e CEC

As estimativas dos componentes de variância, herdabilidades, coeficientes de determinação, acurácia (r_{aa}), coeficiente de repetibilidade (r), correlação genotípica (r_{gcolh}) e média geral estimados para cada característica estão apresentadas na Tabela 1. Os efeitos de genótipos e genótipos x medições, relativos aos componentes de variância foram testados via significância do teste da razão de verossimilhança (LRT) e análise de deviance (ANADEV), para as características: reação a ferrugem (FER), altura de planta (APL), diâmetro da projeção da copa (DCOP), vigor vegetativo (VIG), época de maturação (MAT) e produtividade (PROD).

Através dos testes de LRT, observamos para os valores de variância genotípica de macho (σ_{gm}^2) com efeito significativo ($p \leq 0,01$) apenas para a variável MAT e herdabilidade com magnitude média no sentido restrito, que representa alta porcentagem do efeito genético total o que evidencia que a característica sofre alta influência dos efeitos genéticos aditivos. Valores significativos para a variância genotípica de fêmea (σ_{gf}^2) foram encontrados apenas para a característica VIG ($p \leq 0,05$), com valor de magnitude média da herdabilidade no

sentido restrito, que também representa alta porcentagem do efeito genético total, assim com grande influência dos efeitos genéticos aditivos. Os valores de herdabilidade com magnitudes médias indicam influência moderada do ambiente nas características, de acordo com sua magnitude. Resende (2002) classificou este coeficiente em magnitudes: baixa ($0,01 \leq h^2 \leq 0,15$), média ($0,15 \leq h^2 \leq 0,50$) e alta ($0,50 \leq h^2$). Para essas características, devido controle genético ser predominantemente aditivo, é possível empregar o método de seleção que capitalize a porção de variância herdada por cada indivíduo, como a seleção recorrente intrapopulacional. Foi possível identificar diferenças nas contribuições dos genitores para os híbridos apenas para as características VIG e MAT, conforme resultados de LRT e ANADEV determinados em σ_{gm}^2 e σ_{gf}^2 . Essas são as únicas características com variabilidade possíveis de serem exploradas entre os genitores das famílias híbridas.

Observamos que para os componentes de variância da capacidade específica de combinação (σ_{fm}^2), composto pelos valores genéticos de dominância preditos, Tabela 1, apenas a variável ALT foi significativa ($p \leq 0,01$), e que a magnitude da herdabilidade do efeito devido a dominância foi alta, indicando baixa influência ambiental e complementariedade alélica dos genitores. Assim para essa característica temos que nos atentar para um processo de seleção que busque enfatizar os efeitos de interação alélica, como a seleção recorrente interpopulacional, com prioridade em formação de híbridos.

Tabela 1. Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres reação a ferrugem (FER), altura (ALT), diâmetro da projeção da copa (DCOP), vigor vegetativo (VIG), época de maturação (MAT) e produtividade (PROD) em delineamento de cruzamento dialélico em *Coffea canephora*, no município de Oratórios - MG

	FER	ALT	DCOP	VIG	MAT	PROD
σ^2_g	0,1961 ^{**}	154,8481 ^{**}	167,1993 ^{**}	0,1228 ^{ns}	0,1529 [*]	64,6279 ^{ns}
σ^2_{parc}	0,5437 ^{**}	553,4609 ^{**}	958,8029 ^{**}	0,4292 ^{**}	0,1513 ^{**}	172,6746 ^{**}
σ^2_{int}	0,0698 ^{**}	16,3883 ^{**}	10,7489 ^{**}	0,0560 [*]	0,0492 [*]	67,6435 ^{**}
σ^2_{gm}	0,0032 ^{ns}	11,6712 ^{ns}	1,6771 ^{ns}	0,0003 ^{ns}	0,1729 ^{**}	70,1726 ^{ns}
σ^2_{gf}	0,1395 ^{ns}	1,0068 ^{ns}	83,4546 ^{ns}	0,1286 [*]	0,0043 ^{ns}	68,8013 ^{ns}
σ^2_{fm}	0,0536 ^{ns}	150,7904 ^{**}	66,5658 ^{ns}	0,0096 ^{ns}	0,0024 ^{ns}	2,0834 ^{ns}
σ^2_e	0,3844	56,5753	225,4255	0,4704	0,407	571,7715
σ^2_f	1,1985	788,8582	1351,4309	1,0817	0,781	925,8014
c^2_{parc}	0,4555	0,7083	0,7045	0,3994	0,1992	0,1982
c^2_{int}	0,0585	0,0209	0,0078	0,0521	0,0647	0,0776
r_{aa}	0,7214	0,7478	0,6677	0,6637	0,7502	0,589
r_{gcolh}	0,7373	0,9042	0,9395	0,7000	0,7565	0,4886
r	0,6792	0,9282	0,8331	0,5651	0,4787	0,3824
h^2_a	0,2381	0,0321	0,1259	0,2383	0,4539	0,3002
h^2_{dom}	0,179	0,7646	0,197	0,0357	0,0123	0,009
h^2_g	0,4171	0,7967	0,323	0,2741	0,4663	0,3092
Média geral	1,6102	163,1044	174,2163	5,9934	2,059	30,5131

^{**} P < 0,01, ^{*} P < 0,05 e ^{ns} não-significativo a 1 g.l. pelo teste de χ^2 (1% = 6,63 e 5% = 3,84), via teste de LRT (Likelihood Ratio Test) dos efeitos aleatórios.

σ^2_g = variância genética, σ^2_{parc} = variância entre parcelas, σ^2_{int} = variância da interação genótipos por ambiente, σ^2_{gm} = variância da CGC do grupo de conilon, σ^2_{gf} = variância da CGC do grupo de robusta, σ^2_{fm} = variância da CEC, σ^2_e = variância do erro, σ^2_f = variância fenotípica, c^2_{parc} = coeficiente de determinação de parcela, c^2_{int} = coeficiente de determinação da interação, r_{aa} = acurácia, r_{gcolh} = correlação genotípica de colheita, r = repetibilidade, h^2_a = herdabilidade no sentido restrito, h^2_{dom} = herdabilidade dos valores devido a dominância, h^2_g = herdabilidade no sentido amplo.

Na Tabela 2 encontra-se os valores de capacidade geral de combinação (CGC), composta pelos valores genéticos aditivos preditos (efeito aditivo somado à média geral), para os genitores dos dois grupos, *Coffea canephora* var. kouillou (como machos) e *C. canephora* var. robusta (como fêmeas). Observamos que os genitores mais promissores para o aumento da característica VIG são o 2 e o 3, pertencentes ao grupo de fêmeas (*C. canephora* var. robusta), assim famílias híbridas que os contêm em sua genealogia são preferíveis para a seleção, desde que possuam valores elevados de capacidade específica de combinação (CEC), o que garante boa complementariedade entre os alelos envolvidos e o aumento da frequência dos mesmos no genótipo (CRUZ et al 2012). Isso foi possível constatar por meio dos valores de CEC (Tabela 3) em que, os maiores valores de CEC para a característica VIG são aqueles compostos por genitores de maior CGC (genitores do grupo de fêmeas, *C. canephora* var. robusta).

Tabela 2. Estimativas da capacidade geral de combinação – CGC, para os grupos de robusta e conilon respectivamente, para as características reação a ferrugem (FER), altura de planta (ALT), diâmetro da projeção da copa (DCOP), vigor vegetativo (VIG), época de maturação (MAT) e produtividade (PROD).

Grupos	Genitores	FER	ALT	DCOP	VIG	MAT	PROD
Robusta	1	1,2482	162,9420	166,0074	5,4858	2,0353	31,1021
	2	2,116	163,1184	181,3894	6,2407	2,0461	39,0356
	3	1,5682	163,1600	178,6456	6,2784	2,0974	34,0074
	4	1,6113	163,1664	177,5153	5,9624	2,0459	28,1726
	5	1,5077	163,1356	167,5242	6,0000	2,0706	20,2482
Conilon	6	1,6162	163,7414	174,0571	5,9932	1,5560	37,6665
	7	1,6262	164,715	174,5107	5,9951	1,8078	37,8732
	8	1,5919	162,1473	174,1992	5,9932	2,0741	29,239
	9	1,6093	163,4965	174,2375	5,9932	2,4019	24,7187
	10	1,6077	161,4222	174,0776	5,9926	2,4554	23,0685

Tabela 3. Estimativas das capacidades específica de combinação – CEC, para as características reação a ferrugem (FER), altura de planta (ALT), diâmetro da projeção da copa (DCOP), vigor vegetativo (VIG), época de maturação (MAT) e produtividade (PROD).

Híbrido	Cruz.	FER	ALT	DCOP	VIG	MAT	PROD
2	2x6	1,6638	156,2975	5,9506	5,9506	2,0562	30,5040
3	2x9	1,7188	168,4253	6,0200	6,0200	2,0632	30,6338
4	3x6	1,6781	171,7328	5,9863	5,9863	2,0638	30,7301
5	2x7	1,8960	168,2946	6,0159	6,0159	2,0476	30,7644
7	5x7	1,4820	153,7582	5,9971	5,9971	2,0725	30,2754
8	1x9	1,5256	151,3251	5,9424	5,9424	2,0528	30,3446
9	1x6	1,5389	168,3462	6,0464	6,0464	2,0602	30,7307
10	3x9	1,6063	167,7319	6,0143	6,0143	2,0723	30,5645
11	3x8	1,5623	162,4014	5,9944	5,9944	2,0588	30,4084
12	2x8	1,3569	161,4749	6,0059	6,0059	2,0621	30,4098
13	1x8	1,6434	154,1434	5,9775	5,9775	2,0527	30,5638
14	5x6	1,6835	162,1618	5,9853	5,9853	2,0565	30,4357
15	4x8	1,5685	162,0400	5,9886	5,9886	2,0629	30,6327
16	3x10	1,5782	158,8274	6,0002	6,0002	2,0630	30,4560
17	1x10	1,5940	154,3914	5,9694	5,9694	2,0572	30,4315
18	4x6	1,5879	165,2077	5,9892	5,9892	2,0517	30,3787
19	4x9	1,5590	155,0747	5,9831	5,9831	2,0572	30,3340
20	4x10	1,6148	154,3739	5,9802	5,9802	2,0626	30,4300
21	5x9	1,6259	178,0266	5,9985	5,9985	2,0547	30,5162
22	4x7	1,7216	188,0552	6,0237	6,0237	2,0536	30,7193

Analisando a característica MAT, que apresentou variabilidade apenas para os genitores do grupo de machos (C. canephora var. kouillou), os valores obtidos de CGC evidenciam a contribuição desses genitores para a formação de híbridos precoces e

intermediários, o que seria vantajoso em cruzamentos envolvendo genótipos de *C. canephora* var. robusta, que no germoplasma utilizado possuem época de maturação mais tardia que genótipos de *C. canephora* var. kouillou.

Para todas as outras características não houve variabilidade significativa para os valores de CGC. Assim não é possível realizar a seleção recorrente recíproca interpopulacional, pois os grupos *C. canephora* var. kouillou e *C. canephora* var. robusta não possuem variabilidade suficiente.

A falta de variância genética para as características de maior interesse como reação a ferrugem e produção não permitiu promover seleção dentro dos grupos de genitores, impossibilitando a condução de um programa de melhoramento via seleção recorrente recíproca, conforme preconizado por Charrier e Berthaud (1988) e Leroy et al. (1993, 1994, 1997). Isso evidencia que, apesar da grande variabilidade genética presente em *C. canephora*, como citado por Fazuoli et al. (2009) e Ferrão et al. (2013) há necessidade de se fazer estudo prévio de diversidade genética para a escolha de genitores com características agrônomicas desejáveis e divergentes, visando estabelecer populações base de *C. canephora* var. kouillou e *C. canephora* var. robusta que farão parte do programa de seleção recorrente recíproca.

A variância genética entre famílias de irmãos completos (σ^2_g) foi significativa para as características FER, ALT, DCOP e MAT. Assim as famílias híbridas se mostram com variabilidade suficiente para ser explorada em seleção e para compor a população base para o programa de seleção recorrente intrapopulacional.

Houve significância, em todas as características, para a variância ambiental entre parcelas (σ^2_{parc}) (Tabela 1). As magnitudes para este parâmetro em relação a variância fenotípica se mostraram de média a alta, e, juntamente com o coeficiente de determinação entre parcelas (c^2_{parc}), indicam forte influência do ambiente sobre os genótipos.

A variância da interação genótipos por ambientes (σ^2_{int}) foi significativa para todas as características. Os coeficientes de determinação da interação (c^2_{int}) foram baixos para todas as características, revelando pequena proporção da variabilidade fenotípica explicada pela interação.

Os valores de correlação genotípica entre o comportamento de famílias nas duas colheitas (r_{gcolhe}) foram de altas magnitudes, acima de 0,70, para todas as características exceto para PROD. Segundo Resende (2007a), estimativas desse parâmetro iguais ou maiores que 0,70 indicam que a interação genótipos por ambientes é do tipo simples ao passo que, valores menores que 0,70 refletem em interação do tipo complexa. Baseado nas

informações de interação e correlação genotípica, foi possível evidenciar que cada genótipo ao longo dos anos se comportaram de maneira parecida, indicando que, apesar de ocorrer interação entre genótipos e ambientes, esta é do tipo simples, o que não influencia na classificação dos genótipos em diferentes ambientes. Já para a característica PROD, a interação foi classificada como sendo do tipo complexa. Vencovsky e Barriga (1992) relata que em situações que a interação é do tipo complexa há dificuldade em selecionar genótipos mais estáveis e de maior amplitude de adaptação. É importante ressaltar, que para a característica PROD a necessidade de mais anos de avaliação para uma seleção mais eficiente, conforme Fonseca et al. (2004).

Em espécies perenes, é desejado que a performance de um dado genótipo perdure através dos anos. Um alto coeficiente de repetibilidade (r) indica que o fenótipo permanente de um dado indivíduo pode ser corretamente determinado com um número mínimo de medições. Fonseca et al. (2004) estudaram a repetibilidade em clones de café conilon, para a característica produção, os autores concluíram que quatro colheitas seriam o suficiente para selecionar genótipos promissores e a partir da sexta colheita o aumento do coeficiente passa a ser irrelevante. Resende (2002) classificou a repetibilidade em alta ($r \geq 0,60$), média ($0,30 \leq r \leq 0,60$) e baixa ($r \leq 0,30$). O coeficiente de repetibilidade (r), observado no presente trabalho, variou entre 0,38 a 0,93 caracterizado entre médio (VIG, MAT e PROD) a alto (FER, ALT e DCOP), assim é possível que os genótipos se comportem de maneira previsível, porém para as características VIG, MAT e PROD seriam necessárias avaliações subsequentes para aumentar a acurácia seletiva.

Resende (2002, 2007a) enfatiza que uma boa medida para se avaliar a qualidade do experimento é a acurácia (r_{aa}), e, de maneira geral, os valores preditos não são iguais aos valores genéticos verdadeiros. A proximidade entre esses valores é traduzida pela acurácia, que demonstra o grau de confiabilidade dos resultados na avaliação genética do caráter. Este mesmo autor propôs a classificação deste parâmetro em: alto ($r_{aa} \geq 0,70$), médio ($0,40 \leq r_{aa} \leq 0,70$) e baixo ($0,10 \leq r_{aa} \leq 0,40$). Assim observamos altos valores de acurácia (Tabela 1), para FER, ALT e MAT e valores intermediários para DCOP, VIG e PROD, o que caracteriza boa qualidade do experimento. Esta alta qualidade é reflexo da utilização de parcelas experimentais de uma planta e do maior número de repetições no experimento. Segundo vários autores (LAMBERTH e GLADSTONE, 1983; GOMES, 2000; RESENDE, 2002), parcelas contendo um único indivíduo e com maior número de repetições melhoram as análises estatísticas em espécies perenes. Por outro lado, Resende (2002) alerta ainda que o uso de uma planta pode acarretar problemas de perda de parcela, fato esse indesejável para

análises estatísticas, o que pode tornar as comparações genéticas viesadas, se não for adotado o procedimento BLUP.

Obtenção de população base para o programa de seleção recorrente intrapopulacional

O índice aditivo via BLUP (RESENDE,2007b), foi utilizado para selecionar as melhores famílias, permitindo predizer o ganho com a seleção das mesmas (Tabela 4). A utilização da teoria de índice de seleção parece ser uma boa alternativa, pois permite combinar as múltiplas informações das características avaliadas em um complexo de variáveis que reúna vários atributos econômicos (CRUZ et al 2012).

Tabela 4. Índice de seleção aditivo para as características reação a ferrugem (FER), altura de planta (ALT), diâmetro da projeção da copa (DCOP), vigor vegetativo (VIG) e produtividade (PROD), com seleção das 50% melhores famílias de *Coffea canephora*.

Ordem	Família	Índice	Ganho *	Ganho ** (%)	MAT
1	5	6,2934	6,2934	8,3712	2,0591
2	9	6,2386	6,266	7,8994	2,0647
3	22	6,1992	6,2437	7,5158	2,061
4	4	6,1792	6,2276	7,2379	2,0696
5	12	6,156	6,2133	6,9914	2,0653
6	2	6,0477	6,1857	6,5161	2,062
7	10	6,0314	6,1636	6,1367	2,0724
8	15	6,0217	6,1459	5,8312	2,0663
9	11	5,9677	6,1261	5,4903	2,0641
10	16	5,914	6,1049	5,125	2,067
11	3	5,9016	6,0864	4,8067	2,068
12	13	5,6953	6,0538	4,2454	2,0601
13	18	5,5779	6,0172	3,615	2,0597
14	7	5,5074	5,9808	2,988	2,0725
15	20	5,4947	5,9484	2,43	2,0658
16	17	5,4737	5,9187	1,9191	2,0635
17	21	5,4633	5,8919	1,4578	2,0615
18	19	5,4251	5,866	1,0112	2,063
19	14	5,3723	5,84	0,5638	2,0625
20	8	5,1852	5,8073	0	2,0606

* ganho acumulado ; ** ganho acumulado em porcentagem

Para a confecção do índice o peso econômico para cada característica foi baseado na correlação genotípica entre as características, como proposto por Viana e Resende (2014), sendo a característica PROD a de maior interesse na seleção de famílias. Assim obteve-se

os pesos econômicos para as características FER (0,1916), ALT (0,1653), DCOP (0,20), VIG (0,14) e PROD (0,2972). A característica MAT não fez parte do índice pois é de interesse em um programa de melhoramento que tenhamos cultivares, que atendam às necessidades do produtor, de maturação precoce, médio e tardio, com finalidade de explorar de forma mais abrangente o período da safra e estratificar a produção.

Com o objetivo de estabelecer a população base para o programa de seleção recorrente intrapopulacional, 50% das melhores famílias foram selecionadas (Tabela 4), com base no índice de seleção, para posterior seleção das melhores plantas dentro de cada uma dessas famílias. A utilização de baixa intensidade de seleção foi necessária para manter variabilidade genética na população e, principalmente, evitar problemas futuros devido a autoincompatibilidade gametofítica, que está relacionada à uma série alélica no loco S com pelo menos três alelos (BERTHAUD, 1986; FERRÃO et al, 2007).

Na Tabela 4 observa-se que houve ganho genético de 5,12% com a seleção das dez melhores famílias. Os melhores híbridos dessas famílias irão compor a população base para o programa de seleção recorrente intrapopulacional, explorando a variabilidade dentro da população. Para que o processo de seleção recorrente tenha sucesso é necessário que, a cada ciclo de seleção, a média populacional seja maior que a do ciclo anterior e que a variabilidade genética aditiva remanescente seja mantida num nível adequado a fim de extrair genótipos superiores. Os processos de seleção truncada baseados no BLUP tendem a selecionar muitos indivíduos aparentados e reduzir o tamanho efetivo populacional (N_e). Uma forma de manter o N_e adequado sem reduzir a intensidade de seleção e o ganho genético seria por meio da restrição do número máximo de indivíduos selecionados por família, proposto em torno de cinco (RESENDE e BARBOSA, 2005). Para famílias de irmão germanos, o tamanho efetivo de família (N_{ef}) é dado por $N_{ef} = (2n) / (n+1)$, onde n é o número de indivíduos por família (RESENDE e BARBOSA, 2005).

Baseado nessa informação, neste estudo considerou-se a seleção de três plantas por família, baseando-se no índice aditivo construído a partir dos valores genéticos aditivos e com os mesmos pesos econômicos determinados para a seleção entre famílias. Vale ressaltar que para a família 22 foi selecionado apenas uma planta, totalizando 28 plantas selecionadas para comporem a população-base do programa de seleção recorrente intrapopulacional (Tabela 5).

Tabela 5. Índice de seleção aditivo para as características reação a ferrugem (FER), altura de planta (ALT), diâmetro da projeção da copa (DCOP), vigor vegetativo (VIG) e produtividade (PROD), com seleção dos três melhores indivíduos dentro das famílias selecionadas de *Coffea canephora*.

Ordem	Família	REP	FER	ALT	DCOP	VIG	MAT	PROD
1	5	4	2,3646	169,1767	191,9543	6,3668	1,3423	45,2083
2	5	1	2,5596	168,1779	189,8559	6,3510	1,3391	46,2377
3	5	29	2,4418	172,4067	192,0614	6,3886	1,3381	44,8668
4	9	8	1,1713	171,4450	175,4814	6,0886	1,3381	41,5211
5	9	14	1,2149	174,1501	176,4470	6,0760	1,3350	42,2980
6	9	6	1,1886	174,3228	176,0117	6,0770	1,3362	40,3706
7	22*	1	2,1295	202,3158	207,9170	6,4918	1,3348	42,3879
8	4	12	1,5490	176,5813	179,6080	6,2391	1,3438	42,0399
9	4	14	1,5964	173,2149	177,7007	6,2858	1,3441	41,6059
10	4	35	1,6993	175,8818	180,9832	6,2531	1,3410	41,8357
11	12	6	1,2639	159,8750	175,8324	6,2436	1,3439	33,5253
12	12	4	1,3296	160,6887	177,2004	6,2304	1,3400	33,6449
13	12	7	1,3109	161,1684	174,7017	6,2647	1,3446	34,6183
14	2	31	1,9899	161,1051	177,8766	6,1177	1,3390	43,4762
15	2	27	2,0732	161,2881	180,1604	6,1410	1,3427	43,3394
16	2	8	2,0296	161,1210	176,0664	6,0977	1,3379	42,3477
17	10	3	1,5893	171,7831	186,9052	6,3679	1,3467	33,7953
18	10	2	1,5360	167,1534	182,9529	6,3412	1,3514	32,6808
19	10	6	1,4772	165,2845	183,0121	6,3621	1,3461	30,9165
20	15	2	1,4868	161,6508	183,0690	6,0920	1,3413	35,6895
21	15	5	1,5125	164,0195	183,0639	5,9990	1,3331	34,3990
22	15	1	1,4888	160,5949	181,8904	5,9910	1,3363	33,1042
23	11	2	1,5189	162,4498	179,1305	6,1330	1,3315	33,7938
24	11	3	1,4389	165,6155	181,1701	6,2987	1,3379	31,5812
25	11	8	1,3762	161,7624	177,8006	6,2118	1,3318	31,7571
26	16	4	1,4976	158,8975	178,0628	6,2327	1,3498	31,6336
27	16	1	1,4927	157,2332	176,6671	6,2169	1,3504	30,2115
28	16	2	1,5574	156,2926	175,4645	6,1787	1,3442	29,2289
GS%			0,0894	2,1897	3,4183	18,5721	-31,1622	12,1262
Média			1,6387	166,9877	181,3945	6,2192	1,3407	37,4327

* família com apenas um indivíduo representante.

As 28 plantas selecionadas estão associadas a um Nef de 15, que vem a ser o número equivalente de indivíduos não aparentados. Quanto ao coeficiente de endogamia [$F = 1/(2*Nef)$], este foi de 0,033, valor próximo ao encontrado por Mistro (2013) que selecionou plantas para o programa de seleção recorrente intrapopulacional em *C. canephora*.

Observa-se os ganhos genéticos para cada característica baseados em valores genéticos aditivos (Tabela 5). Para a característica FER o ganho genético foi próximo a zero, visto que o intuito da seleção é reduzir a incidência de ferrugem. Para a característica MAT, não incluída no índice, o ganho foi no sentido de diminuir a característica (-31,16), sendo os indivíduos selecionados de maturação precoce.

Para a característica PROD houve ganho de aproximadamente 12,13%, valor este considerado alto quando comparado a outras culturas mais domesticadas

Este valor de ganho genético aditivo pode estar relacionado ao processo de obtenção das famílias, utilizando genitores de *C. canephora* var. kouillou cruzados com genitores de *C. canephora* var. robusta. Os melhores híbridos e as variedades clonais atualmente plantados na Costa do Marfim são derivados do melhoramento envolvendo os cruzamentos dos citados grupos (LEROY et al., 1993, 1994, 1997), sendo que a superioridade dos híbridos descendentes desses cruzamentos em relação aos cruzamentos intragrupos foi constatada. Valores altos de ganho genético para produtividade também foram encontrados por Leroy et al. (1997), com ganho de 65% e por Mistro (2013), com ganho de 116,59 %, considerando que os autores selecionaram apenas em uma característica, produção, e não em um índice multicaracterística.

A pouca variabilidade encontrada, para a característica MAT, permitiu a seleção de apenas indivíduos com época de maturação de frutos precoce. A inclusão de futuros genitores no programa de seleção recorrente intrapopulacional com época de maturação de frutos mais intermediários é recomendada visando a ampliação da variabilidade genética para a característica em questão.

A análise de agrupamento das famílias nos permite montar de maneira estratégica o novo cruzamento dialélico para recombinação. Os grupos do dialélio parcial serão compostos por indivíduos de famílias selecionadas, que se encontram em diferentes grupos de acordo com a análise (Tabela 6). Assim poderemos explorar a divergência genética dentro da população e evitar a auto incompatibilidade entre os cruzamentos.

Tabela 6. Análise de agrupamento pelo método de Tocher, das 20 famílias híbridas de *Coffea canephora* pela dissimilaridade expressa pela distância genética de Mahalanobis, com base nas características reação a ferrugem (FER), altura de planta (ALT), diâmetro da projeção da copa (DCOP), vigor vegetativo (VIG), época de maturação (MAT) e produtividade (PROD).

Grupo	Genótipos													
1	16	20	7	3	15	14	13	18	12	11	17	10	19	
2	4	2	5											
3	21	22												
4	8													
5	9													

Seleção de plantas baseado no valor genotípico total

Nos programas de melhoramento genético de espécies perenes em que as duas formas de propagação vegetativa, como em *C. canephora*, são viáveis, a seleção de plantas superiores poderá basear-se tanto nos efeitos aditivos, para propagação sexuada, como nos efeitos genotípicos totais, para propagação assexuada. Quando se avaliam progênies com a intenção de clonar os melhores indivíduos faz-se necessário a predição dos valores genéticos totais.

A escolha do número de indivíduos que serão clonados para uma próxima etapa vai depender principalmente se as novas cultivares a serem obtidas serão a curto, médio ou longo prazo, além das condições físicas e financeiras do programa.

As melhores plantas selecionadas independentemente da seleção das melhores famílias, com base no índice aditivo, foram selecionadas, utilizando os mesmos pesos econômicos determinados para a seleção entre famílias e valores genotípicos totais (Tabela 7).

Tabela 7. Índice de seleção aditivo para as características reação a ferrugem (FER), altura de planta (ALT), diâmetro da projeção da copa (DCOP), vigor vegetativo (VIG) e produtividade (PROD), com seleção dos 20% melhores indivíduos para obtenção de clones de *Coffea canephora*.

Ordem	REP	Familia	FER	ALT	DCOP	VIG	MAT	PROD	Ganho	Ganho%
1	4	5	2,32	168,95	193,01	6,40	1,34	45,80	5,46	46,24
2	1	5	2,59	167,55	190,07	6,38	1,34	47,24	5,41	45,07
3	28	5	2,24	168,30	190,62	6,27	1,34	45,17	5,39	44,55
4	9	5	2,36	172,10	189,66	6,29	1,34	47,57	5,38	44,28
5	27	5	2,17	171,66	190,95	6,37	1,34	44,40	5,37	44,08
6	29	5	2,43	173,48	193,16	6,43	1,34	45,32	5,37	43,87
7	30	5	2,24	167,16	191,14	6,32	1,34	42,95	5,36	43,61
8	25	2	2,06	163,07	182,53	6,20	1,34	44,41	5,35	43,38
9	25	5	2,15	167,23	187,56	6,32	1,34	43,02	5,34	43,15
10	29	2	1,94	162,81	179,34	6,16	1,34	44,60	5,33	42,97
11	8	9	1,14	172,48	176,14	6,13	1,34	42,48	5,33	42,78
12	14	9	1,20	176,27	177,49	6,11	1,33	43,57	5,32	42,58
13	22	5	2,17	167,19	188,51	6,24	1,34	42,87	5,31	42,40
14	15	5	2,47	164,74	185,23	6,22	1,34	45,54	5,30	42,19
15	1	22	2,20	207,50	212,25	6,55	1,33	43,59	5,35	43,31
16	32	5	2,36	171,18	188,54	6,28	1,34	44,50	5,34	43,05
17	24	5	2,57	170,68	191,04	6,33	1,34	44,59	5,33	42,82
18	14	5	2,36	165,99	187,50	6,22	1,34	43,64	5,32	42,61
19	14	4	1,56	173,54	177,73	6,33	1,34	42,12	5,31	42,42
20	7	9	1,23	170,40	173,66	6,07	1,34	42,52	5,31	42,25
21	11	2	1,86	121,19	162,58	5,69	1,34	39,21	5,27	41,30
22	12	4	1,49	178,25	180,40	6,26	1,34	42,73	5,29	41,94
23	10	5	2,27	169,50	187,64	6,28	1,34	43,27	5,29	41,80
24	2	15	1,47	161,60	183,93	6,14	1,34	36,40	5,28	41,66
25	7	5	2,66	168,88	190,82	6,32	1,34	44,28	5,28	41,52
26	19	2	1,99	159,81	178,50	6,18	1,34	41,69	5,27	41,39
27	31	5	2,61	174,29	192,67	6,33	1,34	44,75	5,27	41,26
28	35	4	1,70	177,27	182,33	6,28	1,34	42,45	5,26	41,14
29	23	5	2,57	171,98	189,62	6,25	1,34	45,36	5,26	41,02
30	4	4	1,70	175,39	179,31	6,25	1,34	43,21	5,26	40,90
31	17	5	2,54	169,69	189,30	6,32	1,34	43,65	5,25	40,80
32	5	5	2,53	169,09	187,45	6,26	1,34	44,61	5,25	40,69
33	13	5	2,69	172,79	193,40	6,32	1,34	44,26	5,24	40,59
34	6	4	1,61	172,76	177,50	6,20	1,34	42,34	5,24	40,48
35	9	9	1,30	170,55	178,18	6,11	1,33	39,53	5,24	40,39
36	11	3	2,05	173,43	190,95	6,44	1,35	38,45	5,23	40,29
37	2	4	1,60	178,17	181,19	6,24	1,34	42,20	5,23	40,20
38	19	5	2,44	167,33	191,22	6,24	1,34	41,63	5,23	40,11
39	8	2	2,00	162,83	176,80	6,14	1,34	43,02	5,22	40,03
40	6	9	1,17	176,51	176,88	6,11	1,34	40,87	5,22	39,95
41	10	9	1,21	173,91	176,76	5,97	1,33	41,60	5,22	39,87

42	15	4	1,67	176,95	178,47	6,26	1,34	42,79	5,21	39,79
43	1	12	1,32	164,81	177,05	6,21	1,34	36,65	5,21	39,71
44	31	2	1,99	159,89	177,36	6,12	1,34	41,47	5,21	39,63
45	23	4	1,67	170,96	178,60	6,23	1,34	40,78	5,21	39,55
46	1	4	1,60	168,21	175,61	6,22	1,34	40,36	5,20	39,47
47	5	4	1,64	175,61	178,45	6,17	1,34	42,63	5,20	39,40
48	9	3	2,03	170,26	192,56	6,37	1,35	36,51	5,20	39,33

Com a intensidade de seleção de 20%, ou seja 48 plantas, foi possível obter um ganho genético de 39,33%, baseado no índice de seleção proposto.

As plantas selecionadas pertencem a sete diferentes famílias (5, 9, 22, 4, 12, 2, 15). Isso é importante no melhoramento de *C. canephora*, visto que há a necessidade de agrupar em futuras variedades comerciais genótipos de diferentes genealogias devido à autoincompatibilidade gametofítica presente na espécie. Ferrão et al. (2007) sugere que uma variedade clonal seja composta por no mínimo oito clones diferentes, o que garante boa sustentabilidade da atividade e evita riscos de vulnerabilidade genética.

Após a identificação dos indivíduos superiores, a clonagem dos mesmos se faz necessária, sendo esses genótipos introduzidos em ensaios alocados em um maior número de ambientes e avaliados por pelo menos quatro colheitas de frutos, conforme preconizado por Fonseca et al. (2004). Contudo, vale ressaltar que essa estratégia adotada no presente estudo seria uma maneira de otimizar e acelerar o processo de seleção, visto que se faz necessário a avaliação de pelo menos mais duas colheitas para melhorar a eficiência da seleção. Neste processo adotado há um ganho de tempo para o lançamento de uma variedade clonal de pelo menos dois anos.

CONCLUSÕES

Baseado na estimação dos parâmetros genéticos interpopulacionais a estratégia que se mostrou viável para dar sequência ao programa de melhoramento genético de *Coffea canéfora* é a seleção recorrente intrapopulacional em população híbrida ou sintética.

Os indivíduos selecionados para compor os testes clonais apresentaram boa capacidade produtiva, tendo potencialidade para compor futuras variedades clonais de *Coffea canéfora*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BELING, R. R. (Ed.) **Anuário brasileiro do café 2005**. Santa Cruz do Sul: Gazeta Santa Cruz, 2005. 136p.

BERTHAUD, J. **Les ressources génétiques pour l'amélioration des caféiers africains diploïdes. Evaluation de la richesse génétique des populations sylvestres et de ses mécanismes organisateurs. Conséquences pour l'application**. Thèse de doctorat, Paris, France, ORSTOM. Travaux et Documents, 188, 379 p. 1985.

BERTHAUD, J. **Les ressources génétiques pour L'améliorations des caféiers africains diploïdes. Evaluation de la richesse génétique des populations sylvestres et de ses mécanismes organisateurs. Conséquences pour l'application**. Paris: ORSTOM, 1986. 379 p. (Collection Trauvaux at Documents, 188).

CARVALHO, A. **Distribuição geográfica e classificação botânica do gênero Coffea com referência especial à espécie arábica. Separata dos boletins da superintendência de serviços de café**. Campinas, SP: IAC, dez. 1945 a abr. 1946.

CARVALHO, A. **Histórico do desenvolvimento do cultivo do café no Brasil**. Campinas, Instituto Agrônomo de Campnias. 1993. 7p. (Documentos IAC, 34).

CHARRIER, A.; BERTHAUD, J. Principles and methods in coffee plant breeding: Coffea canephora Pierre. In: CLARKE, R. J.; MACRAE, R. (Eds.) **Coffe: agronomy**. London: Elsevier Applied Science, p. 167-195, 1988.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4ª ed. Viçosa: UFV, 2012. v. 1, 390 p.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira Café Safra 2015**, segundo levantamento. Brasília, 2015. 64p. ISSN 2318-7913.

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

CUBRY, P., DE BELLIS, F., POT, D., MUSOLI, P., AND LEROY, T. Global analysis of Coffea canephora Pierre ex Froehner (Rubiaceae) from the Guineo-Congolese region reveals impacts from climatic refuges and migration effects. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 2012.

EMBRAPA CAFÉ. **Consórcio brasileiro de pesquisa e desenvolvimento do café**. Brasília, 2004. 148 p.

FAZUOLI, L.C. **Metodologias, critérios e resultados da seleção em progênies do café Icatu com resistência a Hemileia vastatrix**. Campinas, 322p. 1991. (Tese de Doutorado- Universidade Estadual de Campinas - UNICAMP).

FAZUOLI, L.C.; MISTRO, J.C.; BRAGHINI, M.T. Melhoramento do café robusta no Instituto Agrônomo de Campinas. In: ZAMBOLIM, L (Ed.). **Tecnologias para produção do café conilon**. Viçosa: UFV, 2009. cap. 8, p. 201-248.

FERRÃO, R. G. **Biometria aplicada ao melhoramento genético do café Conilon**. 2004. 256f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 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.

FERRÃO, L. F. V. F.; **DIVERSIDADE DE MARCADORES MICROSSATÉLITES EM ESTUDOS**. 2013. Tese de Doutorado. Universidade Federal de Viçosa.

FONSECA, A.F.A.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D.; SAKIYAMA, N.S.; FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; BRAGANCA, S.M. Repeatability and number of harvests required for selection in robusta coffee. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, n. 3, p. 325-329, out./dez. 2004.

GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. Piracicaba: ESALQ, 2000. 478 p.

HENDERSON, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Arlington, v. 31, p. 423-447, June 1975.

INTERNATIONAL COFFEE ORGANIZATION, 2014 – **Domestic consumption**. Disponível em < <http://www.ico.org/>>.

LAMBERTH, C.C.; GLADSTONE, W.I. Statistical efficiency of row and non contiguous family plots in genetic test of Loblolly pine. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 32, n. 1/2, p. 24-28, Jan. 1983.

LEROY, T.; MONTAGNON, C.; CHARRIER, A.; ESKES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. I. Characterization and evaluation of breeding populations and value of intergroup hybrids. **Euphytica**, (1993) 67:113-125.

LEROY, T.; MONTAGNON, C.; CILAS, C.; CHARRIER, A.; ESKES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. II. Estimation of genetic parameters. **Euphytica**, (1994) 71:121-128.

LEROY, T.; MONTAGNON, C.; CILAS, C.; YAPO, A.; CHARMETANT, P.; ESKES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. III. Genetic gains and results of first cycle intergroup crosses. **Euphytica**, (1997) 95:347-354.

MISTRO, J. C. **Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner)**. 2013. Tese de Doutorado. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz.

MUSOLI, P., CUBRY, P., ALUKA, P., BILLOT, C., DUFOUR, M., DE BELLIS, F., POT, D., BIEYSSE, D., CHARRIER, A., AND LEROY, T. Genetic differentiation of wild and cultivated populations: diversity of *Coffea canephora* Pierre in Uganda. **Genome** 52, 2009, 634-46.

RAMALHO, A.R.; ROCHA, R.B.; SOUZA, F.F.; TEIXEIRA, A.L; VENEZIANO, W. Progresso genético com a seleção de clones de conilon no estado de Rondônia. In: **SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL**, 7, 2011, Araxá. Anais... Araxá: Embrapa Café, 2011. 1 CD ROM.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. 1952. New York: J. Wiley, 1952. 390 p.

RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Estratégias de melhoramento para eucalipto visando à seleção de híbridos. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 20/21, p. 1-20, 1990.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Embrapa Informação Tecnológica : Colombo, 2005. 130p.

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético.** Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007a. 561 p.

RESENDE, M.D.V. **SELEGEN - REM/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos.** Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007b. 360 p.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, p. 182-194, set. 2007.

SAKIYAMA, N.S.; PEREIRA, T.N.S.; PEREIRA, A.A. **Hibridação em Café. In: Hibridação artificial de plantas** (Editor) Aluizio Borém. Viçosa: UFV, 1999a. 546.p.:il.

SMITH, R. F. A history of coffee. In: CLIFFORD, M. N.; WILLSON, K. C. (Eds.) **Coffee: botany, biochemistry and production of beans and beverage.** London: Croom Helm; Westport Conn. Cap. 1, p. 1-12, 1985.

VIANA, A.P.; RESENDE, M.D.V.; **Genética quantitativa aplicada no melhoramento de fruteiras.** Interciência 2014, p. 282.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

ZAMBOLIM, L.; VALE, F. X. R.; ZAMBOLIM, E. M. Doenças do cafeeiro (C.arabica e C. canephora). In: KIMATI, H. et al. (Ed.). **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas.** 4. ed. São Paulo: Agronômica Ceres. v. 2,p. 165-180, 2005.

ANEXO

Anexo 1 – Tabela de identificação dos genitores dos grupos kouillou, robusta e das famílias híbridas geradas à partir do cruzamento dialélico.

ID	Grupo Robusta (Fêmea)		ID	Híbridos
1	3365-144		2	3366 -139 x 513
2	3366-139		3	3366- 139 x 3629 -11
3	3367-98		4	3367 -98 x 513
4	3373-36		5	3366 – 139 x 3627 - 31
5	3374-28		7	3374 -28 x 3627-31
	Grupo Kouillou (Macho)		8	3365 -144 x 3629 -11
6	513		9	3365-144 x 513
7	3627-31		10	3367 – 98 x 3629 -11
8	3628-2		11	3367 -98 x 3628-2
9	3629-11		12	3366 – 139 x 3628 - 2
10	3629-25		13	3365 – 144 x 3628 -2
			14	3374 – 28 x 513
			15	3373 -36 x 3628 -02
			16	3367 - 98 x 3629 -25
			17	3365 – 144 x 3629 - 25
			18	3373 -36 x 513
			19	3373 -36 x 3629 - 11
			20	3373-36 x 3629 - 25
			21	3374 – 28 x 3629 -11
			22	3373 – 36 x 3627 -31