

DAVID CARLOS FERREIRA BAFFA

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE COFFEA CANEPHORA DO
BANCO DE GERMOPLASMA DE MINAS GERAIS**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2014

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

T

B143d
2014

Baffa, David Carlos Ferreira, 1988-

Diversidade genética entre acessos de Coffea canephora do
banco de germoplasma de Minas Gerais / David Carlos Ferreira
Baffa. – Viçosa, MG, 2014.
vii, 49f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Cosme Damião Cruz.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.42-49.

1. Café - Melhoramento genético. 2. Banco de
Germoplasma. 3. Café - Cultivo. I. Universidade Federal de
Viçosa. Departamento de Biologia Geral. Programa de
Pós-graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 633.73

DAVID CARLOS FERREIRA BAFFA

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE *COFFEA CANEPHORA* DO
BANCO DE GERMOPLASMA DE MINAS GERAIS

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

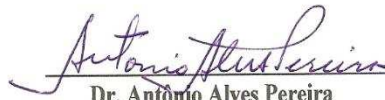
APROVADA: 18 julho de 2014.



Prof. Felipe Lopes da Silva
(Coorientador)



Prof. Leonardo Lopes Bhering
(Coorientador)



Dr. Antônio Alves Pereira



Dr. Antônio Carlos Baião de Oliveira



Prof. Cosme Damião Cruz
(Orientador)

A Deus,

A toda minha família, em especial

Minha mãe(in memorian), Maria do Carmo Ferreira Baffa
ao meu pai, José Carlos Baffa.

aos meus irmãos Juninho e Danielle.

a minha noiva Germanna Wilk.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Deus, que me guiou nesse caminho para que pudesse descobrir que quando quero, sou capaz. Também me encheu de força e fez com que todos ao meu redor dissessem as palavras certas, nas horas exatas.

Agradeço a minha família, meu pai: José Carlos, minha mãe: Maria do Carmo, meus irmãos: José Carlos e Danielle e a cunhada Mayla, que estiveram presentes em minha vida com carinho e dedicação. À minha noiva Germanna Wilk pela paciência, amizade e colaboração e apoio no decorrer desses anos. Em especial, a você minha mãe, por ter me ensinado a ser forte e perseverante nos momentos difíceis. Estou aqui hoje é porque devo tudo isso a você, mãe e a você meu pai.

À toda minha família: tios, tias, avós e primos que contribuíram muito para mais essa etapa.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Laboratório de Bioinformática, pela oportunidade de realizar o doutorado.

Ao professor Cosme Damião Cruz, pela orientação, paciência, dedicação, confiança, carinho e amizade.

Aos professores Felipe Lopes da Silva e Leonardo Lopes Bhering pelos conselhos e ajudas durante o desenvolvimento do trabalho.

Aos amigos pesquisadores Dr. Antônio Alves Pereira, Dr. Antônio Carlos Baião de Oliveira e Dr. Marcos Deon Vilela de Resende, pelas críticas e valiosas sugestões apresentadas, pelo carinho, confiança e apoio.

Aos funcionários e estagiários da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), Miguel Arcanjo Soares, Vitor, Igor, Luciano e Rafael pela ajuda nos experimentos de campo.

A todos os estudantes do Laboratório de Bioinformática; Caio, Marciane, Gislayne, Leonardo, Vinicius, Rafael, Danielle, Lívia, Felipe, Haroldo e Angelica pelo convívio agradável durante a realização deste curso.

Ao CNPq e FAPEMIG pelo apoio financeiro para desenvolvimento deste projeto.

Aos professores de graduação e de pós-graduação, pela atenção, pela disponibilidade e pelos ensinamentos.

Agradeço a todos que, de uma forma ou de outra, contribuíram para a realização de mais essa etapa.

BIOGRAFIA

David Carlos Ferreira Baffa, filho de José Carlos Baffa e Maria do Carmo Ferreira Baffa, nasceu em Viçosa, Minas Gerais, em 31 de Janeiro de 1983.

Em janeiro de 2008, graduou-se em Agronomia, pela Universidade Federal de Viçosa (UFV), Minas Gerais.

Em junho de 2008, concluiu curso de Pós-Graduação Lato Sensu em Gestão e Tecnologia Sucroalcooleira, dentro do projeto Universidade da Cana na Faculdade Doutor Francisco Maeda (FAFRAM) em parceria com FMC Química do Brasil Ltda.

Em julho de 2010, concluiu o curso de Mestrado em Genética e melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais

Em agosto de 2010, iniciou o curso de Doutorado em Genética e melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	4
2.1. A espécie Coffea canephora	4
2.2. Estrutura populacional de Coffea canephora	5
2.3. Melhoramento Genético de Coffea canephora	7
2.3.1. Seleção clonal	9
2.3.2. Seleção recorrente	10
2.4. Caracterização, avaliação e conservação de germoplasma	11
2.5. Diversidade genética	13
2.6. Modelos mistos	16
3. MATERIAL E MÉTODOS	18
3.1. Análises dos caracteres agronômicos	18
3.2. Análises estatísticas	22
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
4.1. População de kouillou	25
4.2. População de Robusta	35
5. CONCLUSÕES	41
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	42

RESUMO

BAFFA, David Carlos Ferreira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2014. **Diversidade genética entre acessos de Coffea canephora do banco de germoplasma de Minas Gerais.** Orientador: Cosme Damião Cruz. Coorientadores: Felipe Lopes da Silva e Leonardo Lopes Bhering.

Em um programa de melhoramento, o estudo da diversidade genética em bancos de germoplasma (BAGs) é de primordial importância, principalmente no início do programa, na definição de estratégias de trabalhos. Assim, presente estudo objetivou estimar a variabilidade genética, dos acessos de Coffea canephora Pierre ex A. Froehner) do Banco de Germoplasma da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), em relação 11 características morfo-agronômicas, para o desenvolvimento de futuras cultivares para o estado de Minas Gerais. O experimento foi composto por 67 genótipos de C. canephora var. kouillou e três testemunhas comuns e 44 genótipos de C. canephora var. robusta e duas testemunhas comuns. O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados, em cinco repetições e parcelas experimentais constituídas de uma planta, no espaçamento de 3,0 x 1,5 m. As análises estatísticas e biométricas foram realizadas considerando os modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP), por meio do software Selegen, cujos componentes de variância são estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos preditos pela melhor predição linear não viesado (BLUP). A divergência genética foi estudada por procedimentos multivariados empregando-se a distância generalizada de Mahalanobis e os métodos de agrupamento de Tocher. Através da análise de deviance constatou-se que não houve presença de variabilidade genética em todos os caracteres estudados entre os genótipos dos grupos. O método de Tocher, na população kouillou reuniu os 70 genótipos em 3 grupos e na população Robusta reuniu os 46 genótipos em 9 grupos distintos. Cruzamentos intrapopulacionais entre genótipos superiores e divergentes foram indicados para a geração de maior variabilidade genética a ser explorada na descendência visando o aumento da probabilidade de obtenção de indivíduos superiores. Assim, com existência de variabilidade genética na população é condição básica para o programa de melhoramento Coffea canephora do Estado de Minas Gerais obtenha sucesso.

ABSTRACT

BAFFA, David Carlos Ferreira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2014. **Genetic diversity of Coffea canephora accessions of germplasm bank of Minas Gerais.** Advisor: Cosme Damião Cruz. Co-advisors: Felipe Lopes da Silva e Leonardo Lopes Bhering.

In a breeding program, the study of genetic diversity in germplasm banks (BAGs) is of paramount importance, especially at the beginning of the program, the definition of strategies work. Thus, this study aimed to estimate the genetic variability of the accessions of *C. canephora* Pierre ex A. Froehner) the Germplasm Bank of Agricultural Research Company of Minas Gerais (EPAMIG), for 11 morpho-agronomic characteristics for the development of future cultivars for the state of Minas Gerais. The experiment consisted of 67 genotypes of *C. canephora* var. kouillou and three public witnesses and 44 genotypes of *C. canephora* var. Robust and two common witnesses. The experimental design was a randomized complete block design with five replicates and experimental plots consisting of a plant, spaced 3.0 x 1.5 m. Statistics and biometric analyzes were performed considering the linear mixed models (REML procedure / BLUP), through Selegen software, whose variance components are estimated by restricted maximum likelihood (REML) method and predicted genotypic values by best linear unbiased prediction biased (BLUP). Genetic divergence was studied by multivariate procedures employing the Mahalanobis distance and clustering methods Tocher. Through analysis of deviance was found that there was no presence of genetic variability for all characters between genotypes studied groups. The Tocher method, the population kouillou gathered the 70 genotypes into 3 groups and the population Robusta met the 46 genotypes into 9 different groups. Intrapopulation crosses between upper and divergent genotypes were shown to generate greater genetic variability of offspring to be explored in order to increase the probability of obtaining superior individuals. So with the existence of genetic variability in the population is a basic condition for the breeding program *Coffea canephora* of Minas Gerais succeeds.

1. INTRODUÇÃO

Nos últimos anos a produção mundial de *Coffea canephora* foi de aproximadamente 50 milhões de sacas (60 Kg), que corresponde a 38 % de todo o café colhido no mundo. Com produção anual de 10,8 milhões de sacas (CONAB, 2013), o Brasil destaca-se como o segundo maior produtor, permitindo que o agronegócio da cultura atue de forma importante na geração de empregos, tributos e formação de receita cambial, desempenhando assim, papel fundamental no desenvolvimento social e econômico do país.

Os cafeeiros da espécie *C. canephora* são diploides ($2n=2x=22$), com auto-incompatibilidade genética do tipo gametofítica, reproduzem-se por fecundação cruzada. Nessa espécie a existência de dois grupos: o Guineano, que compreende os genótipos do oeste africano (Guiné e Costa do Marfim), de folhas menores, menor vigor, menor porte, frutos pequenos, bebida de qualidade inferior, tolerantes à seca e suscetíveis à ferrugem; e o Congolês, composto por genótipos da região central da África, divididos em dois subgrupos: O subgrupo 1, que reúne os genótipos chamados de Kouillous (Conilons, no Brasil), que ocorrem do Benin ao Gabão e apresentam características adaptativas semelhantes, em parte, àquelas do grupo Guineano; e o subgrupo 2, que compreende os Robustas, que se compõem de plantas mais altas, vigorosas, de folhas e frutos maiores, com melhor qualidade de bebida, maior resistência à ferrugem e maior sensibilidade à seca (BERTHAUD, 1986; MONTAGNON et al., 1998; DUSSERT et al., 1999). Estes grupos são originários de regiões tropicais, quentes, úmidas e de baixa altitude da África; em território nacional a cultura ganhou maior destaque naquelas regiões de temperatura média entre 22 e 26 °C e déficit hídrico inferior a 220 mm/ano (CONAGIN e MENDES, 1961)

Dessa forma, o estado de Minas Gerais figura como potencial produtor brasileiro de *Coffea canephora* Pierre ex Frohener, visto que grande parte das regiões do Vale do Rio Doce, da Zona da Mata, do Vale do Jequitinhonha e do Vale do Mucuri é apta ao cultivo desta espécie. Assim, o melhoramento genético se torna grande aliado nas buscas de genótipos que sejam adequados às condições de cultivo do estado.

Muitos dos avanços observados na cultura devem-se a ciência do melhoramento genético que tem participado nesse processo, aumentando a capacidade produtiva das

plantas; incorporando resistência a pragas e doenças; desenvolvendo materiais genéticos mais adaptados e estáveis para diferentes ambientes; e melhorando as características agronômicas de uniformidade de maturação e tamanho dos frutos, com o intuito de obter cultivares de cafés com melhores qualidades de bebida. Tudo isso, visa atender às exigências do consumidor e garantir a sustentabilidade do ambiente, bem como maior retorno socioeconômico para a cafeicultura e para a sociedade como um todo. No entanto, o sucesso de qualquer programa de melhoramento depende, primeiramente, da existência de variabilidade genética na população de base (FERÃO, 2009). Para isso, os bancos de germoplasma apresentam papel de destaque já que visam à manutenção dos recursos genéticos e a disponibilização dessa variabilidade para os melhoristas.

No Brasil, existem cerca de 180 bancos de germoplasmas, totalizando mais de 200 mil acessos de espécies vegetais, como grãos, fruteiras, florestais, hortaliças, entre outras, abrangendo 84 produtos. Dentre as centenas de coleções distribuídas pelo país, na literatura encontra-se registrado um pequeno número de bancos referentes à espécie *Coffea canephora*. Dentre essas, o banco ativo de germoplasma da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais merece destaque, uma vez que apresenta a particularidade de conter, além do germoplasma coletado no próprio estado, expressivo número de acessos resultantes de intercâmbios com outras instituições. Este banco possui acessos do grupo Congolês; subgrupo 1, que reúne os genótipos chamados de Kouillous e do subgrupo 2, que reúne os genótipos chamados de Robusta, compondo desse modo, uma variabilidade importante e representativa do germoplasma cultivado e conservado no Brasil.

Em um programa de melhoramento, o estudo da diversidade genética em bancos de germoplasma é de primordial importância, principalmente no início do programa, na definição de estratégias de trabalhos. O termo pré-melhoramento refere-se justamente a esses estudos que visam o conhecimento prévio do material genético, atuando assim, como um importante elo entre os recursos genéticos e os programas de melhoramento (NASS, 2001; PEREIRA e PEREIRA, 2006; BORÉM, 1998)

Em diversos trabalhos científicos de avaliação da diversidade genética com *C. canephora*, tem-se observado a existência de ampla variabilidade, com potencial para ser explorada nos programas de melhoramento. O uso do germoplasma como fonte de matéria prima para o melhoramento da espécie é uma alternativa promissora, sobretudo para a obtenção de genótipos produtivos, adaptados e resistentes aos principais estresses

bióticos da cultura (SOUZA, 2005). E contribuem para o aumento da eficiência na seleção de genitores no programa de melhoramento genético (FERRÃO, 2007).

Diante disso, é de fundamental importância o estudo da divergência genética por meio de técnicas multivariadas, principalmente no planejamento de programas e na definição de estratégias de trabalho e tem sido empregado em populações de *C. canephora* (MISTRO et al., 2003; CECON et al., 2008, FERRÃO et al., 2009).

A estatística multivariada, por se tratar de uma análise que permite integrar as múltiplas informações, de um conjunto de caracteres, extraídas das unidades experimentais, tem sido amplamente utilizada para quantificar a divergência genética, oferecendo maior oportunidade de escolha de genitores divergentes em programas de melhoramento (FONSECA et al., 2006). Vários métodos multivariados podem ser aplicados na predição da divergência genética e a escolha do método mais adequado deve ser realizada em função da precisão desejada, da facilidade de análise e da forma com que os dados foram obtidos (CRUZ et al., 2012). Diante do exposto, os objetivos do presente trabalho foram: avaliar características morfoagronômicas dos acessos de *Coffea canephora* do Banco de Germoplasma da Empresa de Pesquisa Agropecuário de Minas Gerais (EPAMIG), implantado na Fazenda Experimental da EPAMIG em Oratórios, em Minas Gerais, caracterizar a diversidade genética contida no Banco de Germoplasma de *Coffea canephora* da EPAMIG, acessos dos grupos Conilon e Robusta, por meio de procedimentos multivariados. Indicando grupos divergentes a serem utilizados em cruzamentos intrapopulacionais.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. A espécie *Coffea canephora*

Das diferentes atividades ligadas ao negócio agrícola em nível mundial, o agronegócio do café está entre as de maior importância econômica e social. Segundo a OIC (International Coffee Organization), a cafeicultura em 2011/12 movimentou em torno de 90 bilhões de dólares com a comercialização de 123 milhões de sacas beneficiadas de 60kg. Dentre os países produtores, o Brasil destaca-se como o maior exportador e o segundo maior consumidor da bebida, atrás somente dos Estados Unidos (CONAB, 2013). Como exemplo dessa dimensão produtiva, em 2013, a produção de café representou cerca de 0,5% do PIB brasileiro, o que torna a cultura uma importante atividade do setor agropecuário, desempenhando função de vital relevância para o desenvolvimento social e econômico do país (EMBRAPA CAFÉ, 2014).

Com origem na África, o cafeeiro pertence à família Rubiaceae, que contém aproximadamente 500 gêneros e mais de seis mil espécies. Dentre todos estes gêneros, particular atenção tem sido dada ao gênero *Coffea*, ao qual se inclui duas espécies cultivadas de grande importância econômica: *C. arabica* L. e *C. canephora* Pierre ex Froehner. Outras espécies, apesar de não apresentarem valor comercial, representam importantes fontes de variabilidade genética para outras características agrônomicas de interesse (SILVESTRINI, et al., 2007), que são de grande valia em programas de hibridação e de melhoramento genético.

Praticamente todo o café produzido e consumido no mundo é originado de variedades de *C. arabica* e *C. canephora*, que são espécies bem diferentes. *C. arabica* é a mais cultivada e comercializada no mundo, é alotetraplóide ($2n=4x=44$), autógama, adaptada aos locais de altitudes elevadas e clima ameno. Já os cafeeiros da espécie *C. canephora* são diplóides ($2n=2x=22$), com auto-incompatibilidade genética do tipo gametofítica, reproduzem-se por fecundação cruzada e são adaptados a regiões de altitudes mais baixas e temperaturas mais elevadas (CONAGIN e MENDES, 1961).

Tradicionalmente, a produção de café no Brasil e no mundo concentrava-se apenas na espécie *C. arabica* (café arábica). Entretanto, a partir do fim do século XIX, devido a um grande surto de ferrugem (*Hemileia vastatrix*) que afetou os cafezais do sul e leste da

Ásia, a *C. canephora*, que se mostrava resistente à doença, passou a ser alvo de estudos científicos visando a sua exploração econômica (CHARRIER e BETHAUD, 1988).

No Brasil, a espécie *C. canephora* foi introduzida por volta de 1920 no estado do Espírito Santo, segundo consta, pelas mãos de Jerônimo Monteiro, ex-governador do Estado. As primeiras sementes foram plantadas no município de Cachoeiro do Itapemirim e, posteriormente, levadas para a região norte do Estado (BANDES, 1987). O objetivo inicial do cultivo foi ocupar as áreas consideradas marginais para o arábica (SILVA e COSTA, 1995).

Na década de 50, com a ascensão do café solúvel, o *C. canephora* começou a ser explorado comercialmente em misturas (blends) com café arábica, nas indústrias de torrado e moído em função de sua menor acidez e maior quantidade de sólidos solúveis. Além de contrabalançar a acidez e conferir corpo ao produto industrializado (FERRÃO, 2004), os blends obtiveram boa eficiência industrial, resultando em preços mais baixos e, conseqüentemente, maior competitividade no mercado (FERREIRA et al., 2004).

O resultado da comercialização e industrialização de *C. canephora* foi o progressivo aumento na produção mundial, liderado principalmente por países como Vietnã, Brasil e Indonésia. Originário de regiões tropicais, quentes, úmidas e de baixa altitude da África; em território nacional a cultura ganhou maior destaque naquelas regiões de temperatura média entre 22 e 26 °C e déficit hídrico inferior a 220 mm/ano. Dessa forma, a produção cafeeira da espécie concentrou-se nos estados do Espírito Santo e Rondônia e em menor escala na Bahia, Mato Grosso, Pará e Minas Gerais.

Segundo dados da Organização Internacional de Café (OIC), atualmente 10,8 milhões de sacas de café comercializado é da espécie *C. canephora*, o que representa 22% do comércio cafeeiro brasileiro. Em razão disso, o agronegócio da cultura atua de forma importante na geração de empregos, tributos e formação de receita cambial para o Brasil, desempenhando assim, papel fundamental no desenvolvimento social e econômico do país (FASSIO et al., 2007).

2.2. Estrutura populacional de *Coffea canephora*

Em condições naturais as subpopulações de *C. canephora* geralmente são formadas por um pequeno grupo de plantas matrizes, com poucas progênies espalhadas por áreas de tamanho limitado (cerca de 1 ha). O fluxo gênico interpopulacional é baixo, uma vez que a dispersão de pólen, embora possa alcançar um raio de alguns quilômetros, geralmente ocorre dentro dos limites das subpopulações. Por outro lado, a disseminação

das sementes, que é realizada pelas aves e mamíferos, pode atingir maiores distâncias (BERTHAUD, 1986).

Avaliações fenotípicas, bioquímicas e moleculares têm sido empregados para estudo de diversidade genética e da estrutura populacional de *C. canephora* em populações naturais e nas coleções de germoplasma (BERTHAUD, 1986; MONTAGNON et al., 1998; DUSSERT et al., 1999; CUBRY, 2008). Esses estudos convergem para a existência de dois grupos: o Guineano, que compreende os genótipos do oeste africano (Guiné e Costa do Marfim), de folhas menores, menor vigor, menor porte, frutos pequenos, bebida de qualidade inferior, tolerantes a seca e suscetíveis a ferrugem (*Hemileia vastatrix*); e o Congolês, composto por genótipos da região central da África, divididos em quatro subgrupos: SG1, SG2, B e C. Recentemente, um novo subgrupo, composto por acessos selvagens de Uganda foi proposto (MUSOLI et al., 2010).

O SG1 reúne os genótipos chamados de Kouillous (Conilons, no Brasil) que ocorrem do Benin ao Gabão e aprestam características adaptativas semelhantes, em parte, às daquelas do grupo Guineano. Os subgrupos SG2, B e C compreendem os genótipos do tipo Robusta, que consistem de plantas mais altas, vigorosas, de folhas e frutos maiores, com melhor qualidade de bebida, maior resistência à ferrugem e maior sensibilidade à seca (CUBRY, 2009). No processo de melhoramento genético da espécie, o grupo Guineano ficou praticamente ausente, mantendo-se restrito à sua área de origem. De fato, até recentemente, Costa do Marfim e Guiné eram os únicos países que possuíam populações cultivadas e selvagens do grupo Guineano (MONTAGNON et al., 1998).

A estrutura populacional descrita anteriormente está relacionada com o isolamento geográfico e aos eventos históricos que remetem as últimas glaciações, ocorridas há 18 mil anos. Na natureza, os grupos Congolês e Guineano encontram-se separados pelo intervalo Dahomey, que compreende uma estreita faixa de terras áridas (cerca de 300Km de largura), situada entre os blocos de floresta savanas do centro e do oeste africano (MAURIN et al., 2007). Um padrão semelhante de diferenciação é observado na espécie *C. liberica*, no qual se verifica, inclusive, redução da fertilidade dos híbridos obtidos entre os genótipos do oeste (*C. liberica* var. *liberica*) e do centro da África (*liberica* var. *dewevrei*). Outras espécies de plantas e animais também apresentam um curso evolucionário similar (GOMEZ et al., 2009). Essa coincidência levou a formulação da “Teoria do Refúgio”, na qual, postula-se que, em determinados períodos geológicos, a distribuição da floresta africana não foi estável, ocorrendo sucessivos

eventos de expansão e retração da sua área. Durante a fase de expansão, a recolonização ocorreria a partir de áreas propícias, chamadas de “refúgios” onde a floresta conseguiu sobreviver durante as fases desfavoráveis. Uma vez isoladas em seus refúgios, essas populações deixaram de compartilhar novos eventos de mutação e recombinação (BERTHAUD e CHARRIER, 1985). A influência de forças evolutivas que atuam sob condições ambientais distintas promove a fixação de combinações alélicas particulares, que conferem vantagens adaptativas aos indivíduos de cada população levando-as à diferenciação (GOMEZ et al., 2009)

2.3. Melhoramento Genético de *Coffea canephora*

O resultado imediato da exploração comercial de *C. canephora*, a partir da década de 50, foi o aumento de pesquisas relacionadas com a espécie. Nas últimas décadas, segundo FERRÃO (2004); a pouca ênfase dada ao *C. canephora* em detrimento do *C. arabica* deve-se, principalmente, ao fato da primeira ser considerada café de qualidade inferior. Tal situação foi sendo revertida com o desenvolvimento de programas de melhoramento genético, que objetivam o aumento da produtividade, estabilidade de produção, resistência a pragas e doenças, e a melhoria da qualidade de bebida (FAZUOLI, 1986; CARVALHO e FAZUOLI, 1993; FERRÃO et al., 1999; FONSECA et al., 2001, 2002; FERRÃO et al., 2007).

A existência de variabilidade genética na população é condição básica para que qualquer programa de melhoramento genético obtenha sucesso. Associado a isso, está à existência de médias altas de características de interesse, o que permite a seleção de genótipos superiores e possibilita o incremento da frequência de genes favoráveis. Além disso, estratégias que permitam identificar genótipos realmente superiores são imprescindíveis.

Entretanto, para definir estratégias de melhoramento e seleção de plantas, é requerido um aprimorado conhecimento sobre a biologia floral da espécie; forma de reprodução e propagação; números de cromossomos; o germoplasma existente, sua localização e facilidade de utilização; e informações sobre a base genética, herança, herdabilidade dos caracteres e correlação entre eles (FERRÃO et al., 2007).

Somado a isso, faz parte do planejamento a definição do(s) local(is) de execução da pesquisa, como também, a escolha das condições e estratégias mais adequadas para realização dos experimentos. Sempre considerando os objetivos da pesquisa, a estrutura

física, os recursos financeiros e humanos necessários, e o tempo disponível para a realização do trabalho.

Dessa forma, SERA et al. (2002) citaram que, para realização de melhoramento do cafeeiro, são necessários procedimentos especiais. Isso, para que não se tenha um programa de melhoramento de baixa eficiência, devido a particularidades importantes da espécie, quais sejam: período normalmente mais longo para obter as flores para a realização dos cruzamentos e, assim, produzir sementes; custo alto das avaliações de campo, devido à necessidade de áreas maiores e de tempo longo; necessidade de avaliação da precocidade e da longevidade produtiva; e necessidade de avaliação da oscilação anual de produção, florescimento e produção anual sobre a mesma planta.

Outro aspecto importante da espécie *C. canephora* é a fertilização cruzada natural. Tal característica reprodutiva limita a fixação de genes controladores de caracteres de um determinado material, quando propagado via sexuada, fazendo com que populações naturais sejam altamente heterozigotas, com ampla variabilidade genética para todas as características de interesse (FONSECA, 1999).

Com isso, segundo FERRÃO et al. (2007), a grande variabilidade genética da espécie associada à auto-incompatibilidade e a possibilidade de propagação vegetativa, favorece o estabelecimento de programas para obter ganhos genéticos mais rápidos com relação a muitas espécies perenes.

Nesse contexto, diferentes estratégias de melhoramento vêm sendo utilizadas com sucesso. Entre elas destacam-se: introdução de germoplasmas, seleção clonal, hibridação, seleção recorrente (CHARRIER e BERTHAUD, 1988; LASHERMES et al., 1994; PAILLARD, et al., 1996; FERRÃO, et al., 1999; FONSECA et al., 2001) citado em FERRÃO et al. (2007). Segundo esses autores, uma importante recomendação em programas de melhoramento genético de *C. canephora* é a condução paralela de reproduções assexuada e sexuada. A primeira apresenta a vantagem de fixar um genótipo a qualquer tempo, sem que haja a necessidade de avançar gerações para tal finalidade. Isso faz com que as variedades clonais apresentem grande superioridade em relação aos materiais propagados sexualmente. Entretanto, apresenta como desvantagem o estreitamento da base genética da população, dificultando o estabelecimento de estratégias de melhoramento. Para minimizar essa questão recomenda-se o uso paralelo de reproduções sexuadas, que permite a recombinação genética recuperando assim a variabilidade genética (CHARRIER e BERTHAUD, 1988). Essa estratégia tem sido

utilizada com sucesso na Costa do Marfim, África e no Estado do Espírito Santo, Brasil (FERRÃO et al., 2007).

Como comentado, diversas são as estratégias usadas em programas de melhoramento que visam à seleção de genótipos superiores. Entretanto, o sucesso desses programas depende, primeiramente, da existência de variabilidade genética na população de base.

Dessa forma, visando à manutenção dos recursos genéticos e a disponibilização dessa variabilidade, os bancos de germoplasma apresentam papel de destaque. Tais coleções são mantidas por instituições públicas ou privadas com grande número de subamostras representantes de raças locais, espécies silvestres e espécies invasoras relacionadas às espécies cultivadas (PEREIRA e PEREIRA, 2006).

Esse material considerado como exótico pode apresentar alguma característica desejável ou genes ausentes nos materiais cultivados e que, por meio de técnicas de hibridação são cabíveis de transferência. Diante disso, é de grande importância para o melhoramento a caracterização e a avaliação desse material.

2.3.1. Seleção clonal

É o principal método de seleção utilizado no desenvolvimento de cultivares em *C. canephora* no Brasil (FERRÃO et al., 2007).

Neste procedimento toda a variabilidade genética presente na população (aditiva, dominante e epistática) é explorada; o genótipo selecionado terá a mesma constituição genética da planta mãe, pois ele é herdado integralmente (SOUZA JÚNIOR, 1995).

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 promitentes; 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, 2001). 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 F1;
- as plantas apresentam grande vigor vegetativo por manter a heterozigozidade;
- os descendentes são uniformes;
- menor tempo para desenvolver uma cultivar clonal, em torno de 25 anos (o café arábica pode chegar até 40 anos).

2.3.2. Seleção recorrente

SOUZA-JÚNIOR E ZINSLY (1985) apontam alguns problemas decorrentes da seleção contínua, entre eles: o estreitamento da base genética devido à redução da variabilidade e a menor probabilidade de selecionar genótipos promissores na mesma população, pois novas amostras não permitirão a seleção de genótipos superiores àqueles já extraídos anteriormente. O limite para a seleção é o esgotamento da variabilidade genética (GERALDI, 1997).

A seleção recorrente é um método recomendado para amenizar este revés. O seu propósito é recuperar a variabilidade genética da população através de sucessivos ciclos de seleção e recombinação, elevando assim a frequência de alelos superiores para o caráter que está sendo melhorado. Desta forma novos genótipos superiores poderão ser

extraídos novamente, retroalimentando repetidamente o sistema e propiciando, assim, a sustentabilidade do programa no longo prazo (SOUZA JÚNIOR, 2001).

De maneira geral, a seleção recorrente pode ser sumarizada na seleção sistemática de indivíduos promissores de uma população seguida pelo inter cruzamento dos materiais selecionados, que recombinados formam uma nova população com performance melhor que a anterior. A nova população obtida é utilizada como base para um novo ciclo de seleção, e assim por diante. A diferença entre as médias da população melhorada e da população inicial indica a eficiência da seleção recorrente. Além disso, espera-se que os melhores indivíduos da população melhorada sejam superiores aos melhores indivíduos da população original (FEHR, 1987) e que a variância genética seja pelo menos mantida em um nível adequado (MACKAY, 1999).

2.4. Caracterização, avaliação e conservação de germoplasma

A contribuição e o pioneirismo dos trabalhos conduzidos pelo botânico russo Nikolai Vavilov, no início do século XX, representam um marco inicial nos trabalhos com recursos genéticos vegetais. Vavilov foi o primeiro a compreender a importância e os benefícios potenciais a serem alcançados pela coleta de sementes de várias espécies ao redor do mundo e pela organização dessas amostras em forma de coleções. Esses esforços iniciais foram essenciais para a estruturação das coleções de germoplasma em todo o mundo (NASS, 2001).

O termo germoplasma tem sido definido como todo o material hereditário de uma espécie, ou ainda, como todo o patrimônio genético de uma espécie que é transmitida de uma geração para outra (BORÉM, 2009). Segundo ALLARD (1971), esse patrimônio pode estar na forma de pólen, anteras, plantas, sementes, tecidos (meristemas ou calos), células ou estruturas simples. A conservação desse material pode seguir dois métodos básicos, denominados *ex situ* e *in situ*. Esses por sua vez, dependem da natureza do material, do objetivo e do alcance da conservação. Na conservação *in situ*, a biodiversidade é conservada dentro do ecossistema mantendo a dinâmica evolutiva do habitat original ou do ambiente natural. Por outro lado, a conservação *ex situ* é feita de forma artificial em bancos de germoplasmas, fora do habitat natural da espécie.

Bancos de germoplasmas são definidos como estruturas físicas onde estão centralizadas todas as atividades relativas ao manejo do germoplasma. Dentre essas atividades destacam-se: aquisição de material, caracterização, avaliação, distribuição, intercâmbio e conservação dos materiais ali depositados (BORÉM, 2009; NASS, 2001).

No Brasil, existem cerca de 180 bancos de germoplasmas, totalizando mais de 200 mil subamostras de espécies vegetais, como grãos, fruteiras, florestais, hortaliças, entre outras, abrangendo 84 produtos (VALOIS et al., 2001). Dentre as centenas de coleções espalhadas pelo 17 país, na literatura encontra-se registrado um pequeno número de bancos referentes à espécie *C. canephora*. As principais coleções desta espécie estão localizadas em São Paulo, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC); no Espírito Santo, no Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER); em Minas Gerais, na Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais/Universidade Federal de Viçosa (EPAMIG/UFV); e em Rondônia, na Embrapa Rondônia.

Segundo CARVALHO et al. (1991), os bancos de germoplasmas devem ser tão completos quanto possível para pesquisas genéticas, de evolução e para o conhecimento e avaliação de variabilidade genética disponível no gênero *Coffea* e seu potencial no melhoramento. Porém, os mesmos autores ressaltam que um banco de café, assim tão completo, ainda não existe em nenhum país, e nas atuais coleções, a espécie *C. arabica* é melhor representada em relação às demais espécies.

Dessa maneira, o banco ativo de germoplasma da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais merece destaque, uma vez que apresenta, expressivo número de acessos resultantes de intercâmbios com outras instituições, abrigando desse modo, variabilidade representativa do germoplasma cultivado e conservado no Brasil.

Instalada no município de Viçosa, a coleção ativa de germoplasma de café da EPAMIG/UFV introduziu seus primeiros materiais de café robusta na década de 80, por meio de intercâmbios de sementes com o PROMECAFÉ, na Costa Rica. Posteriormente, outros acessos de café conilon foram obtidos no INCAPER, no Espírito Santo e no IAC, em São Paulo. Atualmente, estão conservados no banco de germoplasma da estação 85 acessos da espécie *C. canephora* grupo conilon e 73 acessos da espécie *C. canephora* grupo robusta. Essas são mantidas em parcelas de uma planta, que são manejadas conforme as recomendações técnicas da cultura.

Considerando que o germoplasma esteja disponível, seja por ações de coleta ou de introdução e intercâmbio, a sequência dos trabalhos exige procedimentos no sentido da sua caracterização e avaliação. Estudos realizados em *C. canephora* utilizando caracteres fenotípicos (SOUZA et al., 2002b; SOUZA et al., 2003b; 2005; FONSECA et al., 2006) e marcadores moleculares (SILVESTRINI et al., 2008; FERRÃO et al., 2009) têm demonstrado haver ampla variabilidade dentro do germoplasma conservado nas

coleções brasileiras. Todavia, não há registro de comparações da diversidade entre acessos de diferentes instituições, o que pode ser um fator limitante em futuros programas de melhoramento.

Neste contexto, cabe ressaltar que informações adequadas desse germoplasma são de grande valia. Entretanto, estas dependem em grande parte, da avaliação e caracterização adequada da variabilidade genética contida nessas coleções, uma vez que, para a formação de população-base os melhoristas têm recomendado o intercruzamento entre cultivares superiores e divergentes (PEREIRA e PEREIRA, 2006). Objetivando esse tipo de informação, diferentes estratégias têm sido adotadas na tentativa de estimar a variabilidade genética e, conseqüentemente, aumentar os ganhos genéticos em programas de melhoramento.

2.5. Diversidade genética

A definição de diversidade genética foi postulada como “qualquer medida quantitativa ou diferença genética, estando ao nível de sequência ou nível de frequência alélica, que é calculada entre indivíduos, populações ou espécies” (NASS, 2001).

Em um programa de melhoramento, o estudo da diversidade genética em bancos de germoplasma é de primordial importância, principalmente no início do programa, na definição de estratégias de trabalhos. O termo pré-melhoramento refere-se justamente a esses estudos que visam o conhecimento prévio do material genético, atuando assim, como um importante elo entre os recursos genéticos e os programas de melhoramento (NASS, 2001; PEREIRA e PEREIRA, 2006; BORÉM, 2009).

A importância do pré-melhoramento, voltado para a espécie *C. canephora*, envolve a estimação da divergência genética e apresenta essencialmente duas ações: a identificação de progenitores divergentes para cruzamentos e a identificação de progenitores produtivos e similares que, ao serem propagados vegetativamente e agrupados, poderão resultar em variedade clonal uniforme e de alto rendimento (FERRÃO, 2004).

Bons progenitores para melhoramento genético deverão possuir médias altas e divergência genética; ser complementares e estáveis; e possuir as características de interesse no melhoramento. A expectativa de que pais divergentes proporcionem bons híbridos decorre do fato de que, se dois pais são próximos geneticamente, entre si, a tendência é de que compartilhem muitos genes ou alelos em comum e no cruzamento destes haverá pouca complementaridade e baixo vigor em razão do baixo nível de

heterozigidade alélica no cruzamento (GHADERI et al., 1984; FALCONER e MACKAY, 1996; CRUZ e CARNEIRO, 2006).

Entretanto, quando dois pais são mais distantes geneticamente, é admitido que eles difiram de forma crescente no número de locos, nos quais os efeitos da dominância estão evidentes, contribuindo, conseqüentemente, para a maior manifestação da heterose. Dessa forma, o apropriado é selecionar, como pais, dois genótipos com bons desempenhos e não relacionados geneticamente, contribuindo com um arranjo genético diferente e mais proveitoso (GHADERI et al., 1984; FALCONER e MACKAY, 1996; CRUZ e CARNEIRO, 2006).

Segundo CRUZ e CARNEIRO (2006), duas são as maneiras de se estimar essa diversidade, sendo a primeira de natureza quantitativa e a outra preditiva. Para isso, têm sido utilizados os dados de pedigree; dados morfológicos; dados bioquímicos, obtidos da análise de isoenzimas e proteínas de reserva; e mais recentemente dados baseados em marcadores de DNA que permite diferenciação mais confiável entre genótipos (MOHAMMADI e PRASANNA, 2003).

Entre os métodos de natureza quantitativa de avaliação da diversidade, ou da heterose manifestada nos híbridos, citam-se as análises dialélicas, onde são avaliados tanto a capacidade geral e específica de combinação, como também a heterose manifestada nos híbridos.

Por sua vez, os métodos preditivos envolvem análises multivariadas. Essas são amplamente utilizadas em estudos de diversidade genética, independente do tipo de dados analisados, sejam eles morfo-agronômicos, bioquímicos ou moleculares (MOHAMMADI e PRASANNA, 2003). Entre as técnicas multivariadas utilizadas, destacam-se os métodos de agrupamento e as análises de dispersão gráfica por meio de componentes principais, variáveis canônicas ou projeções de distâncias (CRUZ, 2008).

Dentre essas, atenção especial é dada as técnicas de agrupamento, utilizadas na classificação das subamostras de coleções de germoplasma em grupos, de forma que exista homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos. Para isso duas etapas estão envolvidas: escolha de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) e a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos do melhorista por quantificarem e informarem sobre o grau de semelhança ou de diferença entre dois genótipos, populações ou indivíduos. Os valores de dissimilaridade podem ser calculados

utilizando diferentes métodos estatísticos dependendo do conjunto de dados (MOHAMMADI e PRASANNA, 2003).

Segundo CRUZ e CARNEIRO (2006), as medidas mais comumente usadas são as Distâncias Euclidiana Média e a Distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Essa última apresenta a vantagem de levar em consideração as correlações residuais entre os caracteres disponíveis. Quando se dispõe de vários caracteres, o valor de D^2 pode ser, alternativamente, estimado a partir das médias dos dados originais e da matriz de covariâncias residuais (matriz de dispersão), ou a partir de dados transformados. Por sua vez, esta matriz de dispersão é estimada a partir de ensaios com repetições, o que limita muito a utilização da dispersão generalizada de Mahalanobis.

Elevado número de estimativas de medidas de dissimilaridade, nos processos de agrupamento, é desejável ter informações relativas a cada par de genótipos de forma a facilitar o reconhecimento visual de grupos homogêneos. Para isso, dois métodos de agrupamento são mais comumente usados: de otimização e hierárquico (CRUZ e CARNEIRO, 2006).

Nos métodos de otimização, realiza-se a partição do conjunto de genótipos em subgrupos não-vazios e mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização de alguma medida preestabelecida. Um dos métodos de otimização mais comumente empregados no melhoramento genético é o proposto por Tocher, citado por Rao (1952).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido um dendrograma ou diagrama de árvores. As delimitações podem ser estabelecidas por um exame visual, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível. Entre os métodos hierárquicos utilizados na análise da diversidade destacam-se: método de ligação simples (simple linkage); método de ligação completa (complete linkage); método de ligação média entre grupos ou UPGMA (Unweighted pair-group method using arithmetic averages) e o método da variância mínima de Ward. Segundo CRUZ (2008), a literatura tem fornecido boas discussões acerca das propriedades e dos problemas inerentes a cada um desses métodos, dessa maneira a escolha de uma dessas técnicas depende do material e dos objetivos em questão.

2.6. Modelos mistos

O método da ANOVA, desenvolvido no começo do século por Fisher, é tradicionalmente utilizado na estimação dos componentes de variância. Este método requer algumas condições para que as estimativas por ele geradas sejam confiáveis, entre elas: balanceamento dos dados e ausência de efeitos fixos e aleatórios juntos no mesmo modelo. Se todos estes pontos forem contemplados, a ANOVA produzirá resultados não tendenciosos (DUARTE, 2000).

RESENDE (2007) enumera uma série de motivos pelos quais não se deve utilizar o método de quadrados mínimos para a análise de dados no melhoramento de espécies perenes, como:

- presença simultânea de efeitos fixos e aleatórios no mesmo modelo;
- desbalanceamento provocado por morte de plantas;
- possibilidade de se obter estimativas negativas de variâncias;
- medições repetidas em um mesmo indivíduo durante vários anos ou épocas.

Isso faz com que estas medições sejam correlacionadas ao longo do tempo, o que fere a independência e homogeneidade dos erros, pressuposições básicas para efetuar a ANOVA.

O termo medidas repetidas é usado para caracterizar mensurações realizadas no mesmo indivíduo, ou na mesma unidade experimental, por mais de uma vez. Um estudo básico de medidas repetidas consiste em um experimento em que os tratamentos são completamente aleatorizados às unidades experimentais e os dados são coletados mais de uma vez para cada uma dessas unidades (DIGGLE, 1988).

Dado longitudinal é um caso especial de medidas repetidas, ou seja, são medidas repetidas nas quais as observações são ordenadas pelo tempo. De forma mais geral, dados longitudinais podem ser definidos como medidas repetidas nas quais as observações nos indivíduos não foram aleatorizadas, dando origem a correlações entre medidas. Pode-se dizer também que dados longitudinais são regulares em relação ao tempo, quando o intervalo entre duas medidas consecutivas quaisquer é constante durante o estudo e são balanceados em relação ao tempo quando as observações são realizadas nos mesmos instantes de tempo em todas as unidades experimentais (HELMS, 1992).

Os experimentos longitudinais, comuns em espécies perenes, têm como objetivo estudar o comportamento de um caráter durante vários anos ou etapas. A principal característica dos estudos longitudinais é que, devido ao fato de as observações serem repetidas em um mesmo indivíduo, essas medidas tendem a ser correlacionadas, com

variâncias não-homogêneas e dependentes. Tal correlação pode ser modelada por meio de uma estrutura de covariâncias (RIZZATTO, 2011).

Uma das principais razões para usar o modelo misto no melhoramento de espécies perenes é a ocorrência destas medidas repetidas. Isto é conseguido por meio da modelagem da parte aleatória através da inclusão de uma matriz de variâncias-covariâncias. Modelar uma estrutura de covariâncias apropriada é essencial para que as inferências sobre as médias sejam válidas (LITTELL et al., 1996).

A metodologia dos Modelos Mistos, proposta por Henderson em 1949, para ser utilizada na avaliação genética de bovino se apresentada pela primeira vez em 1973, tem sido mais propícia para as análises de dados em programas de melhoramento genético de culturas perenes e o seu uso foi mais intensificado a partir dos anos 80 devido aos avanços computacionais. Define-se como modelo misto aquele que contém efeitos fixos e aleatórios no mesmo modelo, independentemente da média geral e do erro experimental, sempre classificados como fixos e aleatórios, respectivamente (RESENDE, 2002b).

Nesta metodologia é aplicado o procedimento REML/BLUP ao nível de indivíduos (REML = Restricted Maximum Likelihood e BLUP = Best Linear Unbiased Prediction), em que o REML faz a estimação dos componentes de variância e o BLUP a predição dos valores genéticos (RESENDE, 2002a).

RESENDE (2007) listou uma série de vantagens de se utilizar o modelo misto, entre elas:

- modelar tanto os efeitos fixos quanto os aleatórios simultaneamente;
- não infringe a pressuposição da independência, pois modela a correlação intra-indivíduo;
- em desbalanceamento de dados as estimativas dos efeitos de tratamentos são mais precisas;
- não é afetado pela translação (mudanças na classificação dos efeitos no modelo);
- não geram estimativas negativas de variâncias.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Análises dos caracteres agronômicos

Em julho de 2009, quatro ensaios foram implantados na Fazenda Experimental da EPAMIG em Oratórios, Minas Gerais, localizado na latitude 20°24' S, longitude 42°49' W e altitude 450 metros. O local onde foi implantado os experimentos possuem condições edafoclimáticas favoráveis à produção de *Coffea canephora* no estado de Minas Gerais e também são consideradas regiões promissoras para o cultivo desta cultura. Sendo dois ensaios envolvendo, ao todo, 67 genótipos de *C. canephora* var. *kouillou* e três testemunhas comuns (3629-11, 3628-2 e 513); e dois ensaios envolvendo, ao todo, 44 genótipos de *C. canephora* var. *robusta* e duas testemunhas comuns (3336-134 e 3336-139) (Tabela 1). Estes genótipos pertencem ao Banco de Germoplasma de *C. canephora* da EPAMIG. Os ensaios foram implantados sob o delineamento experimental de blocos completos com tratamentos casualizados, em cinco repetições e parcelas experimentais constituídas de uma planta, no espaçamento de 3,0 x 1,5 m.

As avaliações ocorreram nos meses de junho e julho de 2010, 2011, 2012 e 2013. Foram feitas avaliações de onze caracteres agronômicos 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) nessa avaliação.

Tabela 1: Acessos de *Coffea canephora* dos grupos *Kouillou* e *Robusta* do Banco de Germoplasma da EPAMIG/UFV, Oratórios, MG.

Grupo <i>kouillou</i>				Grupo <i>Robusta</i>			
1	513	36	3628-45	1	3631-1	36	3375-66
2	3627-8	37	3628-46	2	3631-2	37	3376-8
3	3627-20	38	3628-47	3	3631-3	38	3376-9
4	3627-24	39	3628-48	4	3631-4	39	3377-12
5	3627-25	40	3628-49	5	3631-5	40	3630-5

6	3627-27	41	3628-5	6	3631-6	41	3630-6
7	3627-28	42	3628-52	7	3631-8	42	3630-7
8	3627-29	43	3629-1	8	514	43	3630-10
9	3627-30	44	3629-4	9	3356-74	44	3631-9
10	3627-31	45	3629-7	10	3357-93	45	3631-10
11	3628-1	46	3629-8	11	3360-169	46	3631-11
12	3628-2	47	3629-9	12	3360-171		
13	3628-3	48	3629-10	13	3361-13		
14	3628-4	49	3629-11	14	3361-151		
15	3628-10	50	3629-12	15	3363-122		
16	3628-16	51	3629-15	16	3363-125		
17	3628-17	52	3629-16	17	3365-144		
18	3628-20	53	3629-17	18	3366-134		
19	3628-22	54	3629-20	19	3366-138		
20	3628-23	55	3629-23	20	3366-139		
21	3628-24	56	3629-24	21	3367-101		
22	3628-26	57	3629-25	22	3367-105		
23	3628-27	58	3629-26	23	3367-96		
24	3628-29	59	3629-27	24	3367-97		
25	3628-32	60	3629-28	25	3367-98		
26	3628-33	61	3629-29	26	3368-58		
27	3628-35	62	3629-30	27	3370-47		
28	3628-36	63	3629-31	28	3370-50		
29	3628-37	64	3629-32	29	3371-19		
30	3628-38	65	3629-34	30	3371-20		
31	3628-39	66	3629-36	31	3371-22		
32	3628-40	67	3629-37	32	3373-36		
33	3628-42	68	3629-38	33	3373-43		
34	3628-43	69	3629-39	34	3374-29		
35	3628-44	70	3629-x	35	3375-65		

- Avaliação da Reação à Ferrugem no Campo (RF)

O agente etiológico da ferrugem do cafeeiro é o fungo *Hemileia vastatrix* Berk. & Br., pertencente à família Pucciniacea, ordem Uredinales, classe Basidiomycetes s (ZAMBOLIM et al., 2005).

O patógeno infecta a face inferior das folhas, onde aparecem pequenas manchas de coloração amarelo-pálida, de 1 a 3 mm de diâmetro, que evoluem, atingindo até 2 cm,

apresentando aspecto pulverulento, com produção de urediniósporos de coloração amarelo-alaranjada. Na face superior das folhas, a doença causa manchas cloróticas amareladas, correspondendo aos limites da pústula na face inferior (COSTA; ZAMBOLIM; RODRIGUES, 2007)

A reação à ferrugem 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.

- Avaliação da Reação à Cercóspera no Campo (RC)

Conhecida também por mancha-de-olho-pardo ou olho-de-pomba, a cercosporiose é causada pelo fungo *Cercospora coffeicola* Berk. & Cooke., pertencente à família Dematiaceae, ordem Moniliales, classe dos fungos mitospóricos (ZAMBOLIM; VALE; ZAMBOLIM, 2005).

Os sintomas nas folhas manifestam-se como manchas circulares, de coloração castanho-clara a escura, com centro branco-acinzentado, quase sempre envolvidas por halo amarelo, dando à lesão um aspecto de olho. No centro das lesões aparecem pequenas pontuações escuras que correspondem a estruturas reprodutivas do fungo. (ZAMBOLIM; VALE; ZAMBOLIM, 2005).

Avaliação foi realizada na época da atribuição da nota de ferrugem, em plantas individuais considerando notas de 1 a 3, sendo:

Nota	Tipo de Reação	Características
------	----------------	-----------------

1	Imune	Plantas que não apresentaram incidência da doença.
2	Moderadamente Resistente	Plantas com baixa incidência de doença
3	Suscetível	Plantas com grande incidência de doença.

- Número de ramos ortotrópicos (NR_{Ort}) e plagiotrópicos (NR_{Pla})

Foi obtido por contagem do número de ramos ortotrópicos e plagiotrópicos.

- Altura das plantas (API)

Os cafeeiros tiveram suas alturas determinadas em centímetros (cm), pela medida da ramificação ortotrópica principal, do nível do solo até o último ponto apical do cafeeiro.

- Diâmetro da copa (DCo)

O diâmetro da copa das plantas dos ramos ortotrópicos, foi tomado por meio de uma régua e determinado em cm. Foram avaliados conjuntamente com a altura.

- Diâmetro dos ramos ortotrópicos (DC_{au})

Foi tomado por meio de paquímetro, na base dos ramos ortotrópicos e determinados em mm. Foram avaliados conjuntamente com produtividade.

- Maturação (Mat)

Na época da atribuição de notas ao vigor vegetativo, as maturações dos cafeeiros foram classificadas em precoce, média e tardia, recebendo notas de 1 a 3 para esses atributos, respectivamente.

- Tamanho dos Frutos (TFr)

Avaliação do tamanho dos frutos, quando a maior parte dos frutos se encontraram maduros, na época da avaliação do vigor vegetativo, adotando-se notas de 1 a 3, sendo: 1 frutos pequeno; 2 frutos médio; 3 frutos grande.

- Produtividade (sc/ha)

A produtividade dos cafeeiros em todos os experimentos foi avaliada colhendo todos os frutos da parcela experimental que, posteriormente, foi determinada o volume total (Vol) e por meio da expressão $Prod = (\frac{10000}{4,5} * Vol)/360$, foi determinado a produtividade. Onde 4,5 é área planta e 360 é fator de transformação de volume para saca de café beneficiado.

3.2. Análises estatísticas

As análises estatísticas foram realizadas considerando a abordagem de modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP) por meio do software Selegen (RESENDE, 2002a), em que os componentes de variância são estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos preditos pelo melhor predição linear não viesado (BLUP). 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 (plantas) possibilitam a correlação entre si destas medidas (RESENDE, 2002b). 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 (BUENO FILHO e GILMOUR, 2003; PIEPHO et al., 2003; GILMOUR et al., 2004; CALEGARIO et al., 2005; RESENDE, 2007; MARIGUELE et al., 2011).

As equações de modelo misto (RESENDE, 2002a) foram utilizadas para prever os valores genotípicos dos acessos dentro de cada grupo de *C. canephora*, kouillou e robusta. Como os genótipos (exceto as testemunhas) não eram comuns aos dois ensaios de cada grupo, os blocos experimentais caracterizam-se como incompletos e, portanto, foram analisados com o modelo:

$$y = X_m + Z_g + W_b + T_i + Q_p + e,$$

em que: y : vetor de dados de dimensões $n \times 1$, em que n é o número de observações; m : vetor dos efeitos das avaliações dos indivíduos no tempo (medidas repetidas no tempo), assumidos como fixos somados a média geral; g : vetor dos efeitos genotípicos totais de clones $g \sim N(0, I\sigma_g^2)$; sendo I a matriz identidade e σ_g^2 a variância genotípica; b : vetor dos efeitos de blocos $b \sim N(0, I\sigma_b^2)$ σ_b^2 a variância ambiental entre blocos; i : vetor dos efeitos da interação genótipos x medições $i \sim N(0, I\sigma_i^2)$; sendo σ_i^2 a

variância da interação genótipos x medições; p: vetor dos efeitos de ambiente permanente $p \sim N(0, I\sigma_p^2)$, sendo σ_p^2 a variância de ambiente permanente; e: vetor de erros ou resíduos $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$, sendo σ_e^2 a variância residual, X, Z, W, T e Q: matrizes de incidência para os efeitos m, g, b, i e p, respectivamente (RESENDE, 2007).

A significância de cada fonte de variação para cada característica foi estimada pela análise de deviance (ANADEV) da seguinte maneira (RESENDE, 2007):

- obtêm-se os valores das deviances para o modelo completo (com todos efeitos) e para cada um dos efeitos do modelo (sem referido efeito de interesse);
- em seguida, faz-se a diferença entre as deviances do modelo sem o efeito a ser testado e com o modelo completo, obtendo a razão de verossimilhança (LR);
- testa-se, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste do qui-quadrado com 1 grau de liberdade, a 1 e 5% de probabilidade.

Foram estimados, com base nos componentes de variâncias, os seguintes parâmetros genéticos e coeficientes de determinação, de acordo com as equações propostas por Resende (2002b,):

1º: σ_g^2 = variância genotípica;

2º: σ_{bl}^2 = variância ambiental entre blocos;

3º: σ_f^2 = variância fenotípica;

4º: σ_{gm}^2 = variância da interação genótipos x ambientes (colheitas);

5º: σ_{perm}^2 = variância dos efeitos de ambiente permanentes;

6º: σ_e^2 = variância residual.

7º: c_{bl}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos. Determinada pela expressão

$$c^2_{bl} = \frac{\sigma_{bl}^2}{\sigma_f^2}$$

8º: c_{gm}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições.

Determinada pela expressão $c^2_{gm} = \frac{\sigma_{gm}^2}{\sigma_f^2}$

9º: c_{perm}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente. Determinada

pela expressão $c^2_{perm} = \frac{\sigma_{perm}^2}{\sigma_f^2}$

10º: h_g^2 = herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais. Determinada pela expressão $h^2_g = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$

11°: h^2_m : herdabilidade ao nível de média de genótipos. Determinada pela expressão

$$h^2_m = \frac{\sigma^2_g}{\sigma^2_g + \left(\frac{\sigma^2_{gm}}{m}\right) + \left(\frac{\sigma^2_e}{m \times b}\right)}$$
 em que m: números de medições e b: números de blocos.

12°: AC_g : acurácia da predição de valores genotípicos. Determinada pela expressão

$$AC_g = \sqrt{h^2_m}$$

13°: r_{med} : correlação genotípica através das medições. Determinada pela expressão

$$r_{med} = \frac{\sigma^2_g}{\sigma^2_g + \sigma^2_{gm}}$$

A diversidade genética tem sido avaliada por meios de técnicas biométricas, por processos preditivos. Na predição da divergência genética, vários métodos multivariados podem ser aplicados, dentre eles, cita os métodos aglomerativos. Este difere dos demais, em razão de dependerem fundamentalmente de medidas de dissimilaridade estimadas previamente, com a distância Euclidiana ou a de Mahalanobis. Para estudo da diversidade foi utilizado as medidas de dissimilaridade de Mahalanobis porque tem a vantagem, em relação a distância Euclidiana, de levar em consideração a correlação entre os caracteres considerados. Estimação de D^2 :

$$D^2 ii' = \delta \psi^{-1} \delta'$$

. ψ : matriz de covariância e variância residual

. δ' : [d_1 d_2 ... d_n]

$$d_1 = X_{i1} - X_{i'1}$$

$$d_2 = X_{i2} - X_{i'2}$$

... ..

$$d_n = X_{in} - X_{i'n}$$

Para delimitação dos grupos, utilizou-se a técnica de otimização proposta por Tocher, citado por Rao (1952).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. População de kouillou

São apresentadas na Tabela 2 as análises de deviance (ANADEV) e as significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), para os efeitos genótipos e genótipos x medição das análises conjuntas das características agronômicas: vigor vegetativo (Vig), reação a ferrugem (RF), reação a cercóspora (RC), número de ramos ortotrópicos (NR_{Ort}), número de ramos plagiotrópicos (N_{Pla}), altura das plantas (API), diâmetro da copa (DCo) e diâmetro dos ramos ortotrópicos (DCau) cujas medições foram realizadas entre 2010 e 2013 e das características; maturação (Mat), tamanho dos frutos (T_{Fr}) e produtividade (sc/ha) realizadas em 2012 e 2013, quando houve produção de café, primeira e segunda safra respectivamente da população de Kouillou.

Os testes de razão da verossimilhança (LRT) mostraram, através dos valores das variâncias genotípicas, efeitos significativos para o grupo Kouillou ($p \leq 0,05$) para as características Vig, RF, RC, NR_{Ort}, N_{Pla}, Alt, DCo, DCau e sc/ha com exceção para os caracteres maturação e tamanho dos frutos, indicando a existência de variabilidade genética na população em estudo, sinalizando que as possibilidades de melhoramento deste material para o desenvolvimento de futuras cultivares são promissoras. As maiores variabilidades verificada foi nos caracteres altura de planta ($\sigma^2_g = 43,38$), seguida de diâmetro da copa ($\sigma^2_g = 26,53$) e produtividade ($\sigma^2_g = 7,65$) (Tabela 3).

Para reação à ferrugem o valor obtido foi de $\sigma^2_g = 0,10$, embora de baixa magnitude, este valor é de extrema importância, pois demonstra a presença de variabilidade entre os genótipos e a possível seleção de indivíduos resistentes ao patógeno *Hemileia vastatrix*. PETEK et al. (2006), encontraram valor de 0,694 para resistência à ferrugem em progênies.

Alguns trabalhos obtiveram resultados semelhantes aos observados nesse estudo. FONSECA (1999), estudando 80 genótipos de *C. canephora*, observou a ocorrência de diferenças significativas ($p < 0,01$), entre os clones de café Conilon para todas as características avaliadas. FERREIRA (2003), estimando parâmetros genéticos de 40 genótipos de *C. canephora*, detectou diferenças significativas ($P < 0,01$) para 13 das 14 características avaliadas. VENEZIANO (1993), estudando 18 progênies de *C. canephora* de polinização aberta, observou diferenças significativas ($P < 0,01$) para todas as

características estudadas. VENEZIANO et al. (2003), estudando 36 clones de café Conilon, observaram diferenças significativas ($P < 0,01$) de seis entre sete características avaliadas, caracterizando assim a existência de variabilidade genética entre os materiais estudados.

De acordo com os resultados obtidos na Tabelas 2 e 3, pode-se inferir que a presença de variabilidade genética significativa dos genótipos, para as diferentes características avaliadas, é provavelmente atribuída ao modo de reprodução da espécie, por ser oriunda de polinização aberta e de materiais genéticos altamente heterozigotos, sendo compatíveis com a literatura, que cita a grande variabilidade genética em *C. canephora* (FAZUOLI, 2006). Verifica-se que há indicativos favoráveis para a realização do melhoramento para as características avaliadas, além disso, essa condição mostra-se favorável ao estudo da divergência genética.

O coeficiente de determinação dos efeitos de blocos (c^2_{bl}) indica o quanto há de heterogeneidade ambiental entre as parcelas dentro do bloco. Neste experimento, os baixos valores do c^2_{bl} , entre 1 e 20 %, mostra que o delineamento utilizado foi eficiente e a capacidade de teste foi adequada, isto é, houve boa homogeneidade entre as parcelas dentro dos blocos e os genótipos aproveitaram muito bem as condições ambientais a que foram submetidas (Tabela 3).

Um fator que pode ter favorecido esta eficiência foi o uso de uma planta por parcela. Segundo vários autores (LAMBERTH e GLADSTONE, 1983; GOMES, 2000; RESENDE, 2002b), parcelas contendo um único indivíduo e com maior número de repetições melhoram as análises estatísticas em espécies perenes. RESENDE (2002b) indicou como tamanho ideal o plantio de uma a seis plantas por parcela nas etapas iniciais e intermediárias destes programas. Por outro lado, o autor alerta ainda que o uso de uma planta pode acarretar problema de perda de parcela, fato esse indesejável para a análise estatística, o que pode tornar as comparações genéticas viciadas, se não for adotado o procedimento BLUP. Parcelas de uma planta têm sido adotadas principalmente no melhoramento florestal em várias partes do mundo e em algumas empresas privadas de celulose no Brasil (AGUIAR et al., 2011).

Na tabela 2 pode ser verificado que o efeito da interação genótipos x ambientes (σ^2_i) foram significativos ($p \leq 0,05$) para as características reação a ferrugem, número de ramos ortotrópicos, diâmetro da copa, diâmetro dos ramos ortotrópico, maturação e produtividade. Os coeficientes de determinação genótipos x medição (c^2_{gm}) de produtividade, DCau e RF (17, 15 e 14% respectivamente) foram os mais elevados

(Tabela 3). Isto confirma que quanto maior o número avaliações, maior será a probabilidade de ocorrerem diferenças entre anos (ambientes) e que avaliações onde os valores não oscilaram demasiadamente tendem a apresentar menores interações.

O coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanentes (c^2_{perm}) refere-se ao ambiente intrínseco da parcela (presença de pedra, formigueiro, solo compactado, etc). O c^2_{perm} fornece também a variação ambiental de um ano para o outro ou a correlação ambiental das observações dentro das parcelas ao longo do tempo. Neste experimento de população de kouillou, os valores elevados para c^2_{perm} foram para as características altura de plantas (40%) e diâmetro da copa (37%) (Tabela 3).

Os valores das herdabilidades com base na média de progênes (h^2_m) na Tabela 3, variaram entre 6% (números de ramos plagiotrópicos) a 64% (vigor). Provavelmente, estes resultados estejam inflacionados pela interação genótipos x medições. Espera-se que com um número maior de avaliações (ano) o valor de h^2_m seja de maior magnitude do que observada. MISTRO (2013), estudando 21 genótipos de *C. canephora* em seis colheitas, observou a ocorrência de valor elevado para herdabilidade com base na média de progênes para protudividade (71,08%). Em *Coffea canephora*, LEROY et al. (1994) encontraram, em genótipos pertencentes ao grupo Congolês, as seguintes estimativas de herdabilidade com base na média de progênes: 0,28, 0,27, 0,15, 0,14 e 0,38 para primeiras, segunda, terceira, quarta e quinta colheitas bem como para os valores acumulados de colheitas respectivamente.

De maneira geral, os valores preditos não são iguais aos valores genéticos verdadeiros; proximidade entre esses dois valores é traduzida pela acurácia (AC_g), a qual mostra o grau de confiabilidade dos resultados na avaliação genética do caráter. Quanto maior o valor desse parâmetro na avaliação para um determinado caráter, maior é a confiança na avaliação e nos valores genotípicos preditos (RESENDE, 2002b).

Tabela 2: Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), referentes às características vigor vegetativo (Vig), reação à ferrugem (RF), reação à cercóspera (RC), número de ramos ortotrópicos (NROrt) e plagiotrópicos (NRPla), altura das plantas (API), diâmetro da copa (DCo), diâmetro dos ramos ortotrópicos (DCau), maturação (Mat), tamanho dos frutos (TFr) e produtividade (Sc/ha) realizadas entre 2010 e 2013 no experimento de genótipos de *Coffea canephora* população Kouillou em Oratórios, MG.

Efeito	Ano 2010/11/12/13										
	Deviance ¹										
	Vig	RF	RC	NROrt	NRPla	API	DCo	DCau	Mat	TFr	sc/ha
Genótipos	1902,01	606,54	-1111,62	1867,69	4116,43	7416,53	7829,20	2043,03	16,72	-26,46	4068,87
Genótipos x Medições	1889,90	617,02	-1134,49	1860,10	4113,61	7404,73	7831,34	2059,56	57,54	-28,00	4080,58
Modelo Completo	1889,86	580,1	-1135,31	1855,79	4111,32	7403,99	7824,47	2038,77	13,55	-29,45	4063,84
Efeito	LRT (χ^2) ²										
	Ano 2010/11/12/13										
	Vig	RF	RC	NROrt	NRPla	API	DCo	DCau	Mat	TFr	sc/ha
Genótipos	12,15*	26,43*	23,69*	11,90*	5,11*	12,54*	4,73*	5,26*	3,17 ^{ns}	2,99 ^{ns}	5,03*
Genótipos x Medições	0,04 ^{ns}	36,91*	0,82 ^{ns}	4,31*	2,29 ^{ns}	0,74 ^{ns}	6,87*	20,79*	43,99*	1,45 ^{ns}	16,74*

*: χ^2 (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84); ns = não significativo.

¹: = deviance do modelo ajustado sem os efeitos correspondentes.

²: = Teste de Razão da Verossimilhança.

Tabela 3. Média, componentes de variância e parâmetros genéticos para as características vigor vegetativo (Vig), reação à ferrugem (RF), reação à cercóspora (RC), número de ramos ortotrópicos (NROrt) e plagiotrópicos (NRPla), altura das plantas (API), diâmetro da copa (DCo), diâmetro dos ramos ortotrópicos (DCau) e produtividade (Sc/ha) avaliadas em 70 genótipos do grupo kouillou do Banco de Germoplasma da EPAMIG/UFV.

Parâmetros ¹	Vig	RF	RC	NROrt	NRPla	API	DCo	DCau	Sc/ha
σ^2_g	0,24	0,10	0,014	0,39	4,93	43,38	26,53	0,73	7,65
σ^2_i	0,00	0,09	0,00	0,15	22,54	2,97	15,37	2,23	96,97
σ^2_f	3,06	0,71	0,14	3,60	457,44	439,90	539,29	15,33	579,02
c^2_{bl}	0,19	0,02	0,01	0,05	0,17	0,20	0,19	0,15	0,08
c^2_{gm}	0,00	0,14	0,02	0,04	0,05	0,01	0,03	0,15	0,17
c^2_{perm}	0,33	0,13	0,03	0,26	0,22	0,40	0,37	0,17	0,06
h^2_g	0,08 +- 0,02	0,15 +- 0,03	0,10 +- 0,02	0,10 +- 0,03	0,01 +- 0,01	0,09 +- 0,02	0,04 +- 0,01	0,04 +- 0,02	0,01 +- 0,01
h^2_m	0,64	0,54	0,53	0,43	0,06	0,47	0,46	0,29	0,09
AC_g	0,80	0,74	0,73	0,66	0,25	0,69	0,68	0,54	0,30
r_{med}	0,97	0,54	0,83	0,72	0,18	0,94	0,63	0,25	0,07
Média	5,24	1,92	2,07	4,64	33,38	98,17	90,02	16,51	27,21

¹ σ^2_g : variância genotípica; σ^2_i : variância da interação genótipos x medições; σ^2_f : variância fenotípica; c^2_{bl} : coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c^2_{gm} : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições; c^2_{perm} : coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente; h^2_g : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; h^2_m : herdabilidade ao nível de média de genótipos; AC_g : acurácia da predição de valores genotípicos; r_{med} : correlação genotípica através das medições; Média: média geral do experimento.

A classificação dos valores de acurácia, foram descritos por RESENDE (2002b). Este autor relaciona o alto valor de acurácia para valores maiores que 0,70, médio para valor entre 0,40 e 0,70 e baixos para valores menores que 0,40. Neste sentido acurácias acima de 0,70 foram obtidas para as características, vigor vegetativo, reação à ferrugem e reação à cercóspera (0,80, 0,74 e 0,73 respectivamente), valores médios para número de ramos ortotrópicos, altura das plantas, diâmetro da copa e diâmetro dos ramos ortotrópicos (0,66, 0,69, 0,68 e 0,54 respectivamente) e valores baixos para número de ramos plagiotrópicos e produtividade (0,25 e 0,30 respectivamente) (Tabela 3). As acurácias obtidas para os caracteres Vig, RF e RC, indicam alta qualidade experimental e, portanto, segurança e eficiência na seleção.

Segundo RESENDE (2007) uma maneira de constatar se a interação genótipos e medições é simples ou complexa é por meio do valor da correlação genotípica ao longo das medições (r_{med}). Estimativas iguais ou maiores que 0,70 indicam que a interação é do tipo simples ao passo que r_{med} menor que 0,70 a interação é complexa. VENCOVSKY et al. (1992) e MAIA et al. (2009) expõem a situação em que ocorre a interação genótipos x ambientes, mas a sua magnitude não afeta excessivamente a classificação dos genótipos. Quando isso ocorre esta interação é do tipo simples, ao passo que a falta da correlação entre o ordenamento do genótipo de um ano para outro acarreta numa interação do tipo complexa, dificultando a seleção de materiais mais estáveis e de maior amplitude de adaptação. Nesta população, as características vigor, reação à cercóspera, número de ramos ortotrópicos e altura da planta com os valores r_{med} de 0,97, 0,83, 0,72 e 0,94 respectivamente, mostraram que a interação, neste caso, é simples (Tabela 3).

As medidas das dissimilaridades genéticas, estimadas pelas distâncias genéticas de Mahalanobis entre os pares de genótipos (dados não apresentados), identificaram, para o grupo kouillou, os pares de genótipos mais dissimilares foram: 3628-16/3629-17, 3628-2/3629-39, 3628-4/3629-39, 3627-29/3629-39 e 3628-1/3629-39, com $D^2_{ii'}$ variando 56,36 a 59,98. Os pares de genótipos mais similares foram: 3629-4/3629-25, 3629-24/3627-27, 3629-12/3629-26, 3627-31/3629-25 e 3629-23/3627-27, com $D^2_{ii'}$ variando 0,95 a 2,72.

Os genótipos 3629-39, 3628-16 e 3627-29 destacaram-se como as mais dissimilares entre os 70 genótipos, com as seguintes distâncias de Mahalanobis médias (DMM): 34,60, 32,77 e 28,22. O genótipo 3629-39 destacou-se como um dos mais dissimilares de todas, com DMM igual a 34,60, estando envolvida em 24 das 70 maiores distâncias registradas, além de apresentar, também, a distância de magnitude mais

elevada, verificada com o genótipo 3628-4. O genótipo 3628-16 apresentou-se como a segunda mais dissimilar, com DMM = 32,77, estando envolvida em 18 das 70 distâncias registradas. Os genótipos 3629-31, 3629-20, 3629-24 mostraram-se como as mais similares, com DMM de 11,52, 12,02 e 12,09, respectivamente, em razão de ter exibido a menor distância média entre os pares de distâncias estimadas.

Apesar do genótipo 3629-39 mostrar-se como mais divergentes em relação às demais, deve-se ter cuidado para eleger-o em um programa de melhoramento, por apresentar características desfavoráveis, como baixo potencial de produção e baixo vigor de planta. No entanto, o genótipo 3628-2, possui uma divergência mediana, com as seguintes distâncias de Mahalanobis médias (DMM): 25,00, está entre as mais produtivas, apresenta produtividade média acima da média geral.

FERRÃO (2004), estudando a dissimilaridade genética entre clones de café Conilon em dois locais, encontrou $D^{2ii'}$ máximo de 211,70 e $D^{2ii'}$ mínimo de 1,28. FONSECA (2006), estudando clones componentes de três variedades clonais do INCAPER, estimou distâncias $D^{2ii'}$ de magnitudes variando de 0,67 a 87,74.

A análise de agrupamento pelo método Tocher, citado por RAO (1952), utilizando como medida de dissimilaridade as distâncias genéticas de Mahalanobis, demonstrou que os genótipos pertencentes ao grupo kouillou foram agrupados em 3 grupos, sendo que a maior concentração de genótipos (68 no total) ficou alocada no primeiro grupo (Tabela 4). Da mesma forma, IVOGLO et al. (2008), utilizando o método Tocher, reuniu 21 progênies de meios irmãos de *C. canephora* em quatro grupos distintos. O agrupamento de 32 clones de kouillou, componentes de três variedades clonais melhoradas, se fez em três grupos distintos (FONSECA et al., 2006).

Genótipos de grupos distintos devem ser cruzados visando à obtenção de maior variabilidade genética na descendência ou para obtenção de uma possível heterose na descendência, para caracteres que exibem dominância alélica (RESENDE, 2007). Assim, os cruzamentos intrapopulacionais entre os genótipos mais dissimilares de cada grupo favorecerá a obtenção de maior variabilidade genética dentro das progênies em relação à variabilidade contida dentro da população original, considerando as características avaliadas.

Considerando os resultados das medidas das dissimilaridades genéticas, análise de agrupamento e das características avaliadas, foi possível identificar os principais cruzamentos intrapopulacionais para obter maior variabilidade genética, destacando-se : 3628-2 x 3628-16; 3628-2 x 3628-1; 3628-2 x 3629-16; 3628-16 x 3628-4; 3627-29 x

3628-29; e 3628-4 x 3628-1, aumentando assim, a probabilidade de obter indivíduos superiores na descendência.

A escolha das características vigor vegetativo, reação à ferrugem, reação à cercospora, número de ramos ortotrópicos e altura das plantas para seleção de indivíduos baseou-se no fato de terem apresentado maiores magnitudes para a herdabilidade, acurácia e correlação genotípica através das medições, sendo a reação a ferrugem um dos principais objetivos dos programas de melhoramento do cafeeiro (SILVA et al., 2006, BRITO et al., 2007). Visando aumentar a confiabilidade dos resultados obtidos, foi utilizado também o índice de seleção com base na soma de “ranks” (MULAMBA; MOCK, 1978), o qual tem sido indicado na literatura por proporcionar melhores ganhos simultâneos em várias situações (COSTA et al., 2004; SANTOS et al., 2007).

O ganho genético é diretamente proporcional à intensidade de seleção, a qual quantifica o número de indivíduos selecionados. Portanto quanto menor porcentagem de indivíduos selecionados, maior o valor de intensidade de seleção e maior ganho genético. Dessa forma, no presente trabalho, foi considerada a necessidade de se trabalhar com 10% de indivíduos selecionados, de acordo com ROCHA et al. (2009), permite maior eficiência nas etapas seguintes de seleção.

A nova média prevista com a seleção dos sete genótipos (Tabela 5) baseada na reação a ferrugem foi de 1,64 valor 14,58% inferior à média geral de todas as plantas avaliadas no experimento. Da mesma forma, a reação a cercospora apresentou uma redução de 4,34% com a seleção, o vigor vegetativo das plantas foi 8,01% superior à média geral do vigor. O número de ramos ortotrópicos e altura das plantas foi 7,76 % e 5,99 % respectivamente superiores à média geral de cada uma delas. Baseado na soma dos ranks das cinco características, foram selecionados os genótipos 3628-2, 3628-45, 3628-4, 3629-34, 3628-17, 3627-29 e 3627-30 (Tabela 5).

Tabela 4: Agrupamento, pelo método de Tocher, de 70 genótipos do grupo kouillou pertencentes ao Banco de Germoplasma de *Coffea canephora* da EPAMIG/UFV, com base na dissimilaridade expressa pela distância genética de Mahalanobis, estimada a partir de 9 características.

Grupos	Genótipos do grupo kouillou						
1	3629-4	3629-23	3628-46	3629-1	3628-32	3627-25	3629-30
	3628-48	3628-26	3627-27	3629-11	3628-20	3627-20	3628-35
	3629-10	3628-23	3629-17	3629-27	3628-3	3628-37	3629-36
	3629-x	3628-2	3627-30	3627-28	3628-42	3629-15	3629-25
	513	3629-32	3628-5	3628-38	3628-44	3629-28	3629-8
	3628-39	3629-26	3628-40	3628-45	3629-34	3629-29	3629-7
	3628-49	3628-27	3629-38	3628-52	3628-4	3628-24	3627-8
	3629-37	3629-9	3629-16	3627-31	3629-12	3628-10	3629-31
	3628-36	3627-29	3629-24	3628-33	3629-20	3628-43	3628-17
	3628-1	3628-29	3628-47	3628-22	3627-24		
2	3628-16						
3	3629-39						

Tabela 5. Valores genotípicos preditos (Vg), classificação (R) de sete genótipos do grupo Conilon e valores relativos ao índice de Mulamba e Mock (1978) (Ij), para as características vigor vegetativo (Vig), reação à ferrugem (RF), reação à cercóspora (RC), número de ramos ortotrópicos (NRort) e altura das plantas (API).

Genótipos	Vig		RF		RC		NRort		API		Ij
	R	Vg	R	Vg	R	Vg	R	Vg	R	Vg	
3628-2	1	5,96	4	1,58	10	1,97	18	4,83	3	107,38	36
3628-45	2	5,95	3	1,58	11	1,98	40	4,58	1	107,66	57
3628-4	37	5,27	11	1,66	3	1,95	2	5,78	7	104,48	60
3629-34	3	5,95	19	1,77	14	1,99	19	4,83	8	103,13	63
3628-17	18	5,47	9	1,64	36	2,07	3	5,65	4	106,73	70
3627-29	13	5,52	1	1,54	4	1,95	39	4,60	29	99,08	86
3627-30	15	5,49	12	1,68	8	1,96	32	4,72	22	99,91	89
Nova média dos genótipos		5,66		1,64		1,98		5,00		104,05	
Ganho predito (%)		8,01		-14,58		-4,34		7,76		5,99	
Média da população		5,24		1,92		2,07		4,64		98,17	

4.2. População de robusta

São apresentadas na Tabela 6 as análises de deviances (ANADEV) e as significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), para os efeitos genótipos e genótipos x medição das análises conjuntas das características agronômicas: vigor vegetativo (Vig), reação à ferrugem (RF), reação à cercóspora (RC), número de ramos ortotrópicos (NRort), número de ramos plagiotrópicos (NPla), altura das plantas (API), diâmetro da copa (DCo) e diâmetro dos ramos ortotrópicos (DCau) realizadas entre 2010 e 2013 e das características; maturação (Mat), tamanho dos frutos (TFr) e produtividade (Sc/ha) realizadas em 2011 e 2012, quando houve produção de café, primeira e segunda safra respectivamente da população de Robusta.

Os testes de razão da verossimilhança (LRT) na Tabela 6 mostraram, através dos valores das variâncias genóticas, efeitos significativos para o grupo robusta ($p \leq 0,05$) para as características RC, NRort, Alt, DCo, Mat e TFr, indicando a existência de variabilidade genética na população em estudo, sinalizando que as possibilidades de melhoramento deste material para o desenvolvimento de futuras cultivares são promissoras. As maiores variabilidades verificada foi nos caracteres altura de planta ($\sigma^2_g = 100,10$) e seguida de diâmetro da copa ($\sigma^2_g = 66,50$) (Tabela 7).

Neste experimento, os baixos valores do c^2_{bi} , entre 0 e 5 %, mostra que o delineamento utilizado foi eficiente e a capacidade de teste foi adequada, isto é, houve boa homogeneidade entre as parcelas dentro dos blocos e os genótipos aproveitaram muito bem as condições ambientais a que foram submetidas (Tabela 7).

Na tabela 6, o efeito da interação genótipos x ambientes (σ^2_i) foi significativo ($p \leq 0,05$) para as características vigor vegetativo, reação à cercóspora, número de ramos ortotrópicos, altura das plantas, diâmetro da copa, diâmetro dos ramos ortotrópico, maturação e tamanho dos frutos. Os coeficientes de determinação genótipos x medição (c^2_{gm}) de TFr e Mat (23 e 11% respectivamente) foram os mais elevados (Tabela 6). Neste experimento de população de robusta, os valores elevados para c^2_{perm} foram para as características altura de plantas (46%) e diâmetro da copa (44%).

As características número de ramos ortotrópicos, altura das plantas, maturação e tamanho de frutos, observam-se valores de 0,62, 0,59, 0,82 e 0,75, respectivamente, para herdabilidade com base na média de progênies (h^2_m), e de 0,79, 0,77, 0,82 e 0,75 para acurácia (AC_g), o que indica um expressivo controle genético. A acurácia da predição dos valores genótipos refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento

Tabela 6: Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), referentes às características vigor vegetativo (Vig), reação à ferrugem (RF), reação à cercóspera (RC), número de ramos ortotrópicos (NROrt) e plagiotrópicos (NRPla), altura das plantas (API), diâmetro da copa (DCo), diâmetro dos ramos ortotrópicos (DCau), maturação (Mat), tamanho dos frutos (TFr) e produtividade (Sc/ha) realizadas entre 2010 e 2013 no experimento de genótipos de *Coffea canephora* população Robusta em Oratórios, MG.

Efeito	Ano 2010/11/12/13										
	Deviance ¹										
	Vig	RF	RC	NROrt	NRPla	API	DCo	DCau	Mat	TFr	sc/ha
Genótipos	1144,34	-531,49	-313,95	770,57	1891,69	4277,31	4497,08	1333,05	-201,45	-262,19	2226,36
Genótipos x Medições	1150,89	-508,18	-335,03	759,70	1892,88	4267,63	4513,88	1343,92	-222,16	-246,96	2233,98
Modelo Completo	1141,09	-531,86	-336,97	756,10	1889,96	4262,15	4491,58	1332,71	-232,82	-283,26	2226,34
Efeito	LRT (χ^2) ²										
	Ano 2010/11/12/13										
	Vig	RF	RC	NROrt	NRPla	API	DCo	DCau	Mat	TFr	sc/ha
Genótipos	3,25 ^{ns}	0,37 ^{ns}	23,02*	14,47*	1,73 ^{ns}	15,16*	5,50*	0,34 ^{ns}	31,37*	21,07*	0,02 ^{ns}
Genótipo x Medições	9,80*	23,68*	1,94 ^{ns}	3,60 ^{ns}	2,92 ^{ns}	5,48*	22,30*	11,21*	10,66*	36,30*	7,64*

*: χ^2 (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84); ns = não significativo.

¹: = deviance do modelo ajustado sem os efeitos correspondentes.

²: = Teste de Razão da Verossimilhança.

Tabela 7. Média, componentes de variância e parâmetros genéticos para as características, reação à cercóspera (RC), número de ramos ortotrópicos (NROrt), altura das plantas (API), diâmetro da copa (DCo), maturação (Mat) e tamanho dos frutos (TFr) avaliadas em 46 genótipos do grupo Robustado Banco de Germoplasma da EPAMIG/UFV

Parâmetros ¹	RC	NROrt	API	DCo	Mat	TFr
σ^2_g	0,04	0,34	100,10	66,50	0,15	0,15
σ^2_i	0,00	0,13	18,88	60,69	0,03	0,06
σ^2_f	0,24	1,97	517,63	648,84	0,29	0,29
c^2_{bl}	0,00	0,01	0,03	0,05	0,00	0,00
c^2_{gm}	0,04	0,07	0,04	0,09	0,11	0,23
c^2_{perm}	0,13	0,15	0,46	0,44	0,01	0,02
h^2_g	0,17 +- 0,04	0,17	0,19 +- 0,04	0,10 +- 0,03	0,53 +- 0,11	0,51 +- 0,11
h^2_m	0,53	0,62	0,59	0,42	0,82	0,75
AC_g	0,73	0,79	0,77	0,65	0,91	0,87
r_{med}	0,82	0,72	0,84	0,52	0,83	0,69
Média	2,07	2,96	97,93	87,27	2,71	2,62

¹ σ^2_g : variância genotípica; σ^2_i : variância da interação genótipos x medições; σ^2_f : variância fenotípica; c^2_{bl} : coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c^2_{gm} : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições; c^2_{perm} : coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente; h^2_g : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; h^2_m : herdabilidade ao nível de média de genótipos; AC_g : acurácia da predição de valores genotípicos; r_{med} : correlação genotípica através das medições; Média: média geral do experimento.

genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos, sendo importante parâmetro para a prática da seleção genotípica (RESENDE; DUARTE, 2007).

Corroborando esses resultados, as características NR_{Ort}, API, Mat e TFr apresentam alta magnitude de correlação genotípica através das medições (maiores que 0,70), favorecendo a seleção precoce dos melhores genótipos, uma vez que há alta coincidência dos ranks ao longo das medições.

As medidas das dissimilaridades genéticas, estimadas pelas distâncias genéticas de Mahalanobis entre os pares de genótipos (dados não apresentados), identificaram, para o grupo robusta, os pares de genótipos mais dissimilares foram: 3631-4/3360-171, 514/3360-171, 3366-139/3660-5, 3630-5/3360-171, 3631-3/3360-171 e 3368-58/3630-5, com $D^2_{ii'}$ variando 43,92 à 32,67. Os pares de genótipos mais similares foram: 3366-134/3370-50, 3631-8/3631-13, 3366-134/3371-19, 3365-144/3377-12, 3357-93/3631-8 e 3631-10/3371-22, com $D^2_{ii'}$ variando 0,25 a 0,95.

Os genótipos 3360-171, 514, 3630-5 destacaram-se como as mais dissimilares entre os 46 genótipos, com as seguintes distâncias de Mahalanobis médias (DMM): 24,44, 22,15 e 20,67. O genótipo 3360-171 destacou-se como um dos mais dissimilares de todas, com DMM = 24,44, estando envolvida em 21 das 46 maiores distâncias registradas, além de apresentar, também, a distância de magnitude mais elevada, verificada com o genótipo 3631-4. O genótipo 514 apresentou-se como a segunda mais dissimilar, com DMM = 22,15, estando envolvida em 11 das 46 distâncias registradas. Os genótipos 3371-22, 3370-50 e 3631-8 mostraram-se como as mais similares, com DMM de 6,87, 7,73 e 7,81 respectivamente, em razão de ter exibido a menor distância média entre os pares de distâncias estimadas.

A análise de agrupamento pelo método Tocher, citado por RAO (1952), utilizando como medida de dissimilaridade as distâncias genéticas de Mahalanobis, classificou os genótipos do grupo robusta em nove grupos, associando, no primeiro grupo, 32 dos 46 genótipos avaliados (Tabela 8).

De acordo com os resultados do presente, do grupo robusta, foi possível identificar como promissores os seguintes cruzamentos: 3630-5 x 3368-58, 3360-169 x 3631-6, 3630-5 x 3366-139, 3360-169 x 3630-5 e 3373-43 x 3631-1.

Tabela 8. Agrupamento, pelo método de Tocher, de 46 genótipos do grupo Robusta pertencentes ao Banco de Germoplasma de *Coffea canephora* da EPAMIG/UFV, com base na dissimilaridade expressa pela distância genética de Mahalanobis, estimada a partir de seis características.

Grupos	Genótipos do grupo Robusta						
1	3631-8	3367-105	3370-50	3376-8	3371-22	3375-65	3367-98
	3371-19	3631-1	3363-122	3631-5	3370-47	3361-13	3630-7
	3631-9	3631-11	3367-101	3630-6	3367-97	3366-138	3375-66
	3631-10	3357-93	3377-12	3631-4	3363-125	3365-144	3630-10
	3356-74	3367-96	3366-134				
2	3360-169	3374-29	3371-20				
3	3630-5	3631-2					
4	3368-58	3631-6	3361-151				
5	514	3631-3	3376-9				
6	3373-36						
7	3366-139						
8	3373-43						
9	3360-171						

Com base nos parâmetros genéticos estimados, as características reação à cercóspera, número de ramos ortotrópicos, altura das plantas, maturação e tamanho dos frutos foram escolhidas para a seleção dos cinco genótipos (intensidade de seleção de 10%) da população de Robusta. Visando aumentar a eficiência na seleção de cafeeiros, as características morfológicas RC, NR_{Ort} e API foram correlacionadas positivamente com produtividade em conilon (RODRIGUES et al., 2012).

Baseado na soma dos ranks das cinco características, foram selecionados os genótipos 3631-1, 3371-20, 3360-169, 3630-6 e 3357-93, os quais apresentaram ganhos preditos de 4,38% para RC, 5,90% para Mat (seleção no sentido de decréscimo), 14,18% para NR_{Ort}, 6,89% para API e 6,10% para TF. Esses resultados denotam que a seleção de plantas nesta população é bastante promissora.

Tabela 9. Valores genotípicos preditos (Vg), classificação (R) de cinco genótipos do grupo Robusta e valores relativos ao índice de Mulamba e Mock (1978) (Ij), reação à cercóspora (RC), número de ramos ortotrópicos (NROrt), altura das plantas (API), maturação (Mat) e tamanho dos frutos (TFr).

Genótipos	RC		NROrt		API		Mat		TFr		Ij
	R	Vg	R	Vg	R	Vg	R	Vg	R	Vg	
3631-1	9	1,93	5	3,51	6	109,08	18	2,74	7	2,91	45
3371-20	18	2,02	13	3,19	14	101,30	7	2,22	4	2,92	56
3360-169	4	1,90	2	3,75	11	102,96	3	2,01	37	2,24	57
3630-6	20	2,02	17	3,14	8	107,28	22	2,85	2	2,92	69
3357-93	12	1,98	9	3,31	12	102,76	38	2,95	5	2,91	76
Nova média dos genótipos	1,97		3,38		104,68		2,55		2,78		
Ganho predito (%)	-4,38		14,18		6,89		-5,90		6,10		
Média da população	2,07		2,96		97,93		2,71		2,62		

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos permitem concluir que:

- Na população kouillou, houve presença de variabilidade genética entre os genótipos, para as características: vigor vegetativo, reação à ferrugem, reação à cercóspora, número de ramos ortotrópicos, número de ramos plagiotrópicos, altura das plantas, diâmetro da copa, diâmetro dos ramos ortotrópicos e produtividade.
- Na população robusta, houve presença de variabilidade genética entre os genótipos, para as características: reação à cercóspora, número de ramos ortotrópicos, altura das plantas, diâmetro da copa, maturação e tamanho dos frutos.
- No grupo kouillou, os genótipos 3628-4 e 3629-39 são considerados os mais dissimilares e os 3629-4 e 3629-25 os mais similares, enquanto que no grupo de robusta, os genótipos 3631-4 e 3360-171 são considerados os mais dissimilares e 3366-134 e 3370-50 os mais similares.
- Os principais cruzamentos intrapopulacionais para obter maior variabilidade genética dentro de cada grupo e aumentar a probabilidade de obter indivíduos superiores na descendência são: 3628-2 x 3628-16; 3628-2 x 3628-1; 3628-2 x 3629-16; 3628-16 x 3628-4; 3627-29 x 3628-29; e 3628-4 x 3628-1, para o grupo kouillou; e, 3630-5 x 3368-58, 3360-169 x 3631-6, 3630-5 x 3366-139, 3360-169 x 3630-5 e 3373-43 x 3631-1 para o grupo robusta.
- Os genótipos 328-2, 3628-45, 3628-4, 3629-34, 3628-17, 3627-29 e 3627-30 se destacaram na população de kouillou, considerando as características vigor vegetativo, reação à ferrugem, reação à cercóspora, número de ramos ortotrópicos e altura das plantas.
- Os genótipos 3631-1, 3371-20, 3360-169, 3630-6 e 3357-93 foram os mais promissores na população de Robusta considerando as características), reação à cercóspora, número de ramos ortotrópicos, altura das plantas, maturação e tamanho dos frutos.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA

AGUIAR, A.V ; SOUSA, V.A ; FRITZSONS, E ; PINTO JUNIOR, J.E. **Programa de melhoramento de pinus da Embrapa Floresta**. Colombo, PR: EMBRAPA FLORESTA, 81p, 2011.

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. 1986.

BERTHAUD, J.; CHARRIER, A. Genetic resources of Coffea. In: CLARCK, R.J. AND MACRAE, R. (eds). **Coffee – Agronomy**. London, Elsevier Applied Science, p.1-40. 1985.

BANCO DE DESENVOLVIMENTO DO ESPÍRITO SANTO - BANDES. Diagnóstico da cafeicultura capixaba – O Café Robusta no Espírito Santo. Vitória, ES: BANDES, p.88, 1987.

BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, p.44- 73, 2009.

BRITO, G.G.; CAIXETA, E.T.; GALINNA, A.P.; Inheritance of coffee leaf rust resistance and identification of AFLP markers linked to the resistance gene. **Euphytica**, Netherlands, v, 173, n 2, p 255-264, 2010.

BUENO FILHO, J.S.S.; GILMOUR, S.G ZAMBOLIM, E.M. ; ZAMBOLIM, L. ; DIOLA, V. ; LOUREIRO, M.E. Planning incomplete block experiments when treatments are genetically related. **Biometrics**, v. 59, n. 2, p. 375-381, 2003.

CALEGARIO, N.; CALEGARIO, C.L.L.; ROMUALDO MAESTRI, R.; DANIELS, R. Melhoria da qualidade de ajuste de modelos biométricos florestais pelo emprego da teoria dos modelos não lineares generalizados. **Scientia Forestalis**, v. 69, p. 38-50, dez. 2005.

CARVALHO, A.; FAZUOLI, L. C. Café. In: FURLANI, A. M. C.; VIEGAS, G. P. P. **Melhoramento de plantas no Instituto Agronômico de Campinas**. Campinas, SP: Instituto Agronômico, p. 29-76, 1993

CARVALHO, A.; MEDINA FILHO, H. P.; FAZUOLI, L. C.; GUERREIRO FILHO, O.; LIMA, M. M. A. Aspectos genéticos do cafeeiro. **Rev. Brasil. Genet**, v. 14, n. 1, p. 135-183, 1991

CECON, P.R. Análise de medidas repetidas na avaliação de clones de café 'Conilon'. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.1171-1176, 2008

CHARRIER, A.; BERTHAUD, J. Principles and methods in Coffea plant breeding: Coffea canephora Pierre. IN: CLARKE, R.J; MACRAE, R. (Eds.). **Coffea agronomy**. London: Elsevier Applied Science, v.6, Cap.5, p. 167-195, 1988

CONAB. Cafés do Brasil: safra 2009/2010. Brasília: MAPA/CONAB, dez. 2010.

CONAGIN, C. H. T. M.; MENDES, A. J. T. Pesquisas citológicas e genéticas de três espécies de Coffea: auto-incompatibilidade em C. canephora. **Bragantia**, v.20, n.34, p.787- 80, 1961

COSTA, M. J. N.; ZAMBOLIM, L.; RODRIGUES, F. A. Avaliação de produtos alternativos no controle da ferrugem do cafeeiro. **Fitopatologia Brasileira**, v. 32, n. 2, p. 150-155, mar./abr. 2007.

CRUZ, C. D. **Programa GENES - Diversidade Genética**. Viçosa, MG: UFV, v. 1, 278p, 2008.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, v. 2, 585p, 2006.

CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J., CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: Viçosa, UFV, v.1. 4ª ed.. 480p. 2012.

CUBRY, P. **Structuration de la diversité génétique et analyse des patrons de déséquilibre de liaison de l'espèce Coffea canephora Pierre ex. Froehner**. 2009. 249f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Université Montpellier II, Montpellier. 2009.

DIGGLE, P.J. An approach to the analysis of repeated measurements. **Biometrics**, v.44, p. 959-971, 1988.

DUARTE, J.B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 293p, 2000.

DUSSERT, S.; LASHERMES, P.; ANTHONY, F.; MONTAGNON, C.; TROUSLOT, P.; COMBES, M.C.; BERTHAUD, J.; NOIROT, M.; HAMON, S. Le caféier, Coffea canephora. In: Hamon P., Seguin M., Perrier X., Glaszmann J.-C. (eds.) **Diversité génétique des plantes tropicales cultivées**. CIRAD, , pp. 175-794. 1999.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. Histórico e Importância da Cafeicultura. Brasília: Embrapa Café, 2004. Disponível em: <<http://www22.sede.embrapa.br/cafe/unidade/historico.htm>>. Acesso em: 3 jul 2014.

FERRÃO, M.A.G. et al. Genetic divergence in Conilon coffee revealed by RAPD markers. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v. 9, 67-74, 2009.

FASSIO, L. H.; SILVA, A. E. S. da. Importância econômica e social do café conilon . In: FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A.; BRAGANÇA, S. M.; FERRÃO, M. A. G.; DE MUNER, L. H. (eds) **Café conilon**. Incaper, p.175-201, 2007.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. Essex., 464p, 1996.

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

FAZUOLI, L. C. Genética e melhoramento do cafeeiro. In: RENA et al. (Eds.). **SIMPÓSIO SOBRE FATORES QUE AFETAM A PRODUTIVIDADE DO CAFEEIRO**, Poços de Caldas. Anais. Poços de Caldas, MG: [s.n.]. p. 86-113, 1986

FEHR, W. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York: Macmillan, 536 p. 1987.

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

FERRÃO, R. G.; FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A.; PACOVA, B. E. V.; Melhoramento genético de *Coffea canephora*. In: FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A.; BRAGANÇA, S. M.; FERRÃO, M. A. G.; DE MUNER, L. H. (eds) **Café Conilon**. Incaper, p.123-173, 2007.

FERRÃO, R. G.; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, M. A. G. Programa de melhoramento genético de café Robusta no Brasil. In: NURMBERG et al. (Eds.). **Simpósio de atualização em genética e melhoramento de plantas**. UFLA, p.50-65,1999.

FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, R. G.; BARBOSA, W. M.; SOUZA, E. M. R. Genetic divergence in Conilon coffee revealed by RAPD markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.9, p.63-74, 2009

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

FERREIRA, A.; CECON, P. R.; CRUZ, C. D.; FERRÃO, R. G.; MARCIA FLORES SILVA, M. F. da.; FONSECA, A. F. A. da; FERRÃO, M. A. G. Prediction of selection gains in *Coffea canephora* based. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.4, n.3, p.298-304, 2004

FONSECA, A. F. A. **Análises biométricas em café conilon (*Coffea canephora* Pierre)**. Viçosa, MG: DFT/UFV, Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 1999. 121 f.

FONSECA, A.F.A SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D.; SAKAIYAMA N.S.;FERRÃO, M.A.G.; FERRÃO, R.G.; BRAGANÇA, S.M. . Divergência genética em café conilon. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 41, p. 599-605, 2006.

FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, R. G.; FERRÃO, M. A. G.; SANTOS, L. P.; BRAGANÇA, S. M.; MARQUES, E. M. G. Melhoramento genético de Coffea canephora no Estado do Espírito Santo. In: **SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL**, EMBRAPA – Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, p.1379-384, 2001

GERALDI, I.O. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. In: GUIMARÃES, E.P. **Selección recurrente en arroz**. Cali: CIAT, 1997. cap. 1, p. 3-11.

GHARDERI, A.; ADAMS, M. W.; NASSIB, A. M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. **Crop Sci.**, v.14, p.24-27, 1984.

GILMOUR, A.R.; CULLIS, B.R.; WELHAM, S.J.; GOGEL, B.J.; THOMPSON, R. An efficient computing strategy for prediction in mixed linear models. **Computational Statistics and Data Analysis**, v. 44, p. 571-586, 2004.

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

GOMÉZ, C; DUSSERT, S; HAMON, P; HAMON, S; KOCHKO, A; PONCET, V. Current genetic differentiation of Coffea canephora Pierre ex A. Froehn in the Guineo-Congolian African zone: cumulative impact of ancient climatic changes and recent human activities. **Evolutionary Biology**, 9:1-19. 2009.

HELMS, R.W. Intentionally incomplete longitudinal designs: I. Methodology and comparison of some full span designs. **Statistics in Medicine**. v.11, p. 1889-1913, Oct./Nov. 1992.

IVOGLO, M.G. et al. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**. v. 67, p. 823-831, 2008

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

LASHERMES, P.; COUTURON, E.; CHARRIER, A. Doubled haploids of Coffea canephora: development, fertility and agronomic characteristics. **Euphytica**, v.74: p. 149-157, 1994.

LEROY, T.; MONTAGNON, C.; CILAS, C.; CHARRIER, A.; ESKES, A. B. Reciprocal recurrent selection applied to Coffea canephora Pierre. **Euphytica**, v. 74, n. 1/2, p. 121-128, 1994.

LITTELL, R.C.; HENRY, P.R.; AMMERMAN, C.B. Statistical analysis of repeated measures data using SAS procedures. **Journal of Animal Science**, v.76, n. 4, p. 1216-1231, 1998.

MACKAY, I.J.; CALIGARI, P.D.S.; GIBSON, J.P. Accelerated recurrent selection. **Euphytica**, v. 105, n.1, p. 53-62, 1999.

MAIA, M.C.C.; RESENDE, M.D.V.; PAIVA, J.R.; CAVALCANTI, J.J.V.; BARROS, L.M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genóticas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MAURIN, O.; DAVIS, P.A.; CHESTER, M.; MVUNG, E.F.; JAUFEEERALLY-FAKIM, Y.; FAY, M.F. Towards a phylogeny for Coffea (Rubiaceae): Identifying well-supported lineages based on nuclear and plastid DNA sequences. **Annals of Botany**, 1-19, 2007

MARIGUELE, K.H.; RESENDE, M.D.V.; VIANA, J.M.S.; SILVA, F.F.; SILVA, P.S.L.; KNOP, F.C. Métodos de análise de dados longitudinais para o melhoramento genético da pinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 46, n. 12, p. 1657-1664, 2011.

MISTRO et al. Estimates of genetic parameters and expected genetic gains with selection in robust coffee. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.4, p. 86-91, 2004.

MISTRO, J.C **Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta (Coffea canephora Pierre ex A. Froehner)**. DFT/UFV, Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 121p, 1999.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M.; Analysis og genetic diversity in crop plants- Salients statistical tools and considerations. **Crop Sci**. v.43, p.1235-1248, 2003

MONTAGNON, C.; LEROY, T.; ESKES, A.B. **Amélioration variétale de Coffea canephora. I. Critères et méthodes de sélection. Plantations, recherche, developpement.**, 1998.

MULAMBA, N.N., MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (Zea mays L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**. v. 7, p. 40-51, 1978.

MUSOLI CP, CUBRY P, ALUKA P, BILLOT C, DUFOUR M, DE BELLIS F, POT D, BIEYSSE D, CHARRIER A, LEROY T (2009) Genetic differentiation of wild and cultivated populations: Diversity of Coffea canephora Pierre in Uganda. **Genome**, v. 52, p.634-646, 2010.

NASS, L. L.; Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de.; VALARES-INGLIS, M. C. (eds) **Recursos Genéticos & Melhoramento- Plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação MT, 2001, Cap.2, p.29-56, 2001.

PAILLARD, M.; LASHERMES, P.; PÉTIARD, V. Construction of a molecular linkage map in coffee. **Theor Appl. Genetic**, v.93, p.41-47, 1996.

PEREIRA, M. G.; PEREIRA, T. N. S. Marcadores moleculares no pré-melhoramento de plantas. In: BOREM, A.; CAIXETA, E. T. (eds) **Marcadores Moleculares**. Viçosa, 2006, MG: Universidade Federal de Viçosa, p.83-106, 2006.

PETEK, M. R. et al. Seleção de progênies de Coffea arabica com resistência simultânea à mancha aureolada e à ferrugem alaranjada. **Bragantia**, v. 65, n. 1, p. 65-73, 2006.

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**, v. 189, n. 5, p. 310-322, 2003.

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

RESENDE, M.D.V. **Software Selegen-REML/BLUP**. Embrapa Floresta, Curitiba, 67p. (Documentos 77). 2002a.

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

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

RIZZATTO, F.B. **Modelos para análise de dados discretos longitudinais com superdispersão**. 2011. 143 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agrônômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

ROCHA, R.B.; VIEIRA, A.H.; GAMA, M. DE M. B.; ROSSI, L. M. B. Avaliação genética de procedências de bandarra (*Schizolobium amazonicum*) utilizando REML/BLUP (Máxima verossimilhança restrita/Melhor predição linear não viciada). **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 37, n. 84, p. 351-358, 2009.

RODRIGUES et al. Crop yield of conilon coffee plants of different levels of vegetative vigor and rust severity. **Nucleus**, Ituverava, v. 9, p. 1-6, 2012

SANTOS, F. S. et al. Predição de ganhos genéticos por índice de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. **Bragantia**, v. 66, n. 3, p. 389-396, 2007.

SERA, T.; ALTEIA, M. Z.; PETEK, M. R. Melhoramento do cafeeiro - variedades melhoradas no Instituto Agrônômico do Paraná (IAPAR). In: ZAMBOLIM, L. (Ed). **O estado da arte de tecnologias na produção de café – IV Encontro sobre Produção de Café com Qualidade**. Viçosa, MG: DFP/UFV, p. 217-251, 2002.

SILVA, A. E. S. da; COSTA, E.B. Importância econômica e social. Manual técnico para cultura do café no Estado do Espírito Santo. Vitória, ES: SEAG, p.9-10, 1995

SILVA et al., Coffee resistance to the main diseases: leaf rust and coffee berry disease Braz. **Journal of Plant Physiology**, Irvine, v. 18, p.119-147, 2006.

SILVESTRINI M.; MALUF, M. P.; SILVAROLLA, M. B.; GUERREIRO-FILHO, O.; MEDINA-FILHO, H. P.; VANINI, M. M. T.; OLIVEIRA, A. S.; GASPARI-PEZZOPANE, C.; FAZUOLI, L. C. Genetic diversity of a *Coffea* germplasm collection assessed by RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.55, p.901-910, 2008.

SILVESTRINI, M.; JUNQUEIRA, M. G.; C. FAVARIN, A. C.; GUERREIRO-FILHO, O.; MALUF, M. P.; SILVAROLLA, M. B.; COLOMBO, C. A. Genetic diversity and structure of Ethiopian, Yemen and Brazilian *Coffea arabica* L. accessions using microsatellites markers. **Genet Resour Crop Evol**, v.54, p.1367–1379, 2007.

SOUZA, F.F. Divergência genética em clones de café conilon (*Coffea canephora* Pierre.) coletados em Rondônia. Porto Velho, Embrapa Rondônia. 3p. (Comunicado Técnico, 289) 2005.

SOUZA, F. F.; GAMA, F. C.; SANTOS, M. M. Avaliação de genótipos de café conilon (*Coffea canephora* Pierre ex. Froehner) no Estado de Rondônia. In: **CONGRESSO INTERNACIONAL (LATINO-AMERICANO) DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA E DESENVOLVIMENTO HUMANO**, 2002, Porto Velho. Anais. Porto Velho: UNIR/FIMCA, 2002a.

SOUZA, F. F.; GAMA, F. C.; SANTOS, M. M. Divergência genética em clones de café conilon (*Coffea canephora* Pierre.) coletados em Rondônia. In: **SEMINÁRIO INTERNACIONAL DO AGRONEGÓCIO DO CAFÉ NA AMAZÔNIA**, 2002, Ji-Paraná, RO. Anais. Porto Velho: Embrapa/Procitrópicos, 2002b.

SOUZA, F. F.; VENEZIANO, W.; SANTOS, M. M. Manejo de germoplasma de café em Rondônia. In: **III SIMPÓSIO BRASILEIRO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL**, 2003, Porto Seguro. Resumos. Brasília: Embrapa, 2003a.

SOUZA, F. F.; GAMA, F. C.; SANTOS, M. M. Uso de técnicas de análise multivariada para seleção de clones de café conilon da coleção de germoplasma da Embrapa Rondônia. In: **III SIMPÓSIO BRASILEIRO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL**, 2003, Porto Seguro. Resumos. Brasília: Embrapa, 2003b.

SOUZA, F. F.; SANTOS, M. M. dos. Melhoramento genético do café canéfora em Rondônia. In: ZAMBOLIM, L. (edt). **Tecnologias para produção do café Conilon**. Viçosa, 2009, MG: Universidade Federal de Viçosa, Cap.7, p.175-200, 2009.

SOUZA JÚNIOR, C.L. **Melhoramento de espécies de reprodução vegetativa**. Piracicaba: ESALQ, Departamento de Genética, 2001. 41 p. (Apostila).

SOUZA JÚNIOR, C.L.; ZINSLY, J.R. Relative genetic potential of brachytic maize varieties as breeding populations. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 8, n. 3, p. 523-533, Sept. 1985

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

VALOIS, A. C. C.; NASS, L. L.; GÓES, M. Conservação ex situ de recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de.; VALARES-INGLIS, M. C. (eds) **Recursos Genéticos & Melhoramento- Plantas**. Rondonópolis - MT: Fundação MT, Cap.6, p.123-149, 2001.

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

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

VENEZIANO, W. FONSECA, A.F.A.; FAZUOLI, L.C. Avaliação de clones de café conilon em Rondônia. In: **Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil**, 3. Porto Seguro, BA. Anais.Brasília, DF: EMBRAPA CAFÉ - Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, p.219, 20.