

**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café
robusta (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner)**

Júlio César Mistro

Tese apresentada para a obtenção do título de Doutor em
Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

**Piracicaba
2013**

Júlio César Mistro
Engenheiro Agrônomo

Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner)

Orientador:
Prof. Dr. **ROLAND VENCOVSKY**

Tese apresentada para a obtenção do título de Doutor em Ciências. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2013

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - DIBD/ESALQ/USP**

Mistro, Júlio César

Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta
(*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner) / Júlio César Mistro.- - Piracicaba, 2013.
152 p: il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2013.

1. Genética quantitativa 2. Modelos mistos 3. REML/BLUP 4. Seleção recorrente e
clonal I. Título

CDD 633.73
M678e

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

À minha filha Júlia combustível e felicidade da minha vida.

À minha mãe Ana Maria pela luta, sacrifício, zelo durante toda a sua vida e seu amor incondicional.

Ao meu pai Eduardo (*In memoriam*) pela felicidade e vibração ao ingressar no Doutorado.

DEDICO

A todos os brasileiros, principalmente aos mais pobres e honestos
que financiaram, por meio de seus impostos, os meus estudos
e que, infelizmente, não puderam fazer o mesmo por seus descendentes.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A Jesus Cristo, pela minha vida, saúde e conquistas alcançadas até hoje.

À minha esposa Mara pelo amor, paciência e compreensão diários.

À minha irmã Maristela, pelo amor e carinho.

Aos demais familiares.

Ao meu orientador Prof. Dr. Roland Vencovsky, a maior competência em Genética Quantitativa no Brasil, pela feliz oportunidade de aprender muitos fundamentos teóricos e práticos nas “aulas particulares” que tive com ele.

À Universidade de São Paulo por intermédio da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ) pela oportunidade de realizar o curso de doutorado.

Aos meus professores das séries primárias da Escola Estadual de Primeiro Grau “Dr. Júlio de Mesquita”, em Itapira (SP), onde tudo se iniciou: D. Maria Inês, D. Lorene, D. Nair, D. Odette e D. Clarinha meu muito obrigado.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV) pela oportunidade da minha graduação.

Ao Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), local de início do mestrado e da minha carreira de Pesquisador Científico, no Centro de Café.

Ao Dr. Marcos Deon Vilela de Resende, pesquisador da Embrapa, pelo auxílio na solução de dúvidas e utilização do *Software Selegen*, além das valiosas contribuições neste trabalho.

Aos pesquisadores e funcionários do Centro de Café do IAC.

Ao meu grande amigo/irmão/compadre Murilo de Toledo Junqueira, sempre ao meu lado, sempre me escutando.

Aos grandes amigos da graduação lá de Viçosa, que até hoje estamos unidos depois de tantos anos - Bernardo, Amauri, Lulão, Daniel, Luis Gustavo e Ado: vão ter que engolir o Corinthians para sempre.

Aos meus grandes amigos desde a infância Marcelo e Ricardo.

Aos professores do Departamento de Genética que enriqueceram a minha formação neste período.

Aos colegas do Departamento de Genética da ESALQ/USP: Fernando Henrique, Bruno, Evandro, Welington, Fernando, Renato, entre outros.

Ao Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café.

E a todos que de forma direta ou indireta contribuíram para a minha formação pessoal e profissional, muito obrigado.

EPÍGRAFE

“Não há garantia de que a pesquisa resolverá todos os problemas, mas nenhum problema será resolvido sem pesquisa”

Anthony H. Purcell

SUMÁRIO

RESUMO.....	11
ABSTRACT.....	13
LISTA DE FIGURAS	15
LISTA DE TABELAS	17
1 INTRODUÇÃO	23
2 DESENVOLVIMENTO	25
2.1 Revisão Bibliográfica	25
2.1.1 Aspectos econômicos e sociais do café	25
2.1.2 Descoberta, distribuição geográfica e introdução do café no Brasil	27
2.1.3 Classificação botânica.....	28
2.1.4 Diferenças entre os cafés arábica e robusta	30
2.1.5 Melhoramento genético de <i>Coffea canephora</i>	32
2.1.5.1 Seleção clonal	35
2.1.5.2 Seleção recorrente	36
2.1.6 Caracteres quantitativos e os seus componentes	40
2.1.7 Natureza dos efeitos estatísticos nos modelos matemáticos	42
2.1.8 Modelos mistos	45
2.1.8.1 Estimação dos componentes de variância	47
2.1.8.2 Estimação/Predição dos componentes de médias	49
2.1.8.3 Teste de significância nos modelos mistos	50
2.1.9 Parâmetros genéticos	50
2.1.9.1 Coeficiente de herdabilidade	51
2.1.9.2 Coeficientes de variação genética e relativa	53
2.1.9.3 Ganho genético após a seleção	53
2.1.9.4 Coeficiente de repetibilidade	55
2.1.10 Interação genótipos x ambientes e estabilidade genotípica	56
3 MATERIAL E MÉTODOS	59
3.1 Material	59
3.2 Métodos	64
3.2.1 Experimento de progênies (Mococa - SP)	64

3.2.2 Experimento clonal (Campinas - SP)	73
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	79
4.1 Experimento de progênies (Mococa - SP)	79
4.1.1 Metodologia de seleção	79
4.1.2 Identificação de indivíduos para seleção recorrente e clonagem	96
4.1.2.1 Seleção baseada em seis colheitas	97
4.1.2.1.1 Seleção recorrente	97
4.1.2.1.2 Seleção clonal	101
4.1.2.2 Seleção baseada em duas colheitas de alta produção	105
4.1.2.2.1 Seleção recorrente	105
4.1.2.2.2 Seleção clonal	109
4.2 Experimento clonal (Campinas - SP)	113
5 CONCLUSÕES	133
5.1 Experimento de progênies	133
5.2 Experimento clonal	134
5.3 Conclusões gerais	134
REFERÊNCIAS	135
APÊNDICES	145

RESUMO

Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner)

O presente estudo objetivou estimar parâmetros genéticos visando quantificar a variabilidade genética de uma população de café robusta (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner) introduzida da Costa Rica e analisar o seu potencial genético para o desenvolvimento de futuras cultivares clonais para o estado de São Paulo. Outro intuito foi verificar a possibilidade de submeter essa população à seleção recorrente, tornando-a, assim, fonte de alimentação e sustentação de programas de melhoramento genético do café robusta. O experimento foi composto por 25 tratamentos, sendo 21 progênies de *C. canephora* e quatro cultivares de *C. arabica*, plantados em Mococa (SP). O delineamento experimental utilizado foi em látice balanceado 5x5 quadruplicado, com seis repetições e uma planta por parcela. Foram realizadas doze colheitas e após a sexta colheita as plantas foram podadas. Em 2004, foi realizada uma seleção fenotípica dessa população a fim de clonar os melhores indivíduos. Essa seleção resultou em novo experimento, instalado em Campinas, seguindo o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, 28 clones e quatro plantas por parcela, sendo realizadas cinco colheitas consecutivas. 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). As análises mostraram que, na população em estudo, observou-se elevada variabilidade genética, passível de ser explorada tanto para a extração de clones quanto para a seleção recorrente. As adversidades climáticas severas fizeram com que a seleção fosse prejudicada. Nessa situação é preferível não considerar o período afetado e analisar os dados após a recuperação das plantas. A seleção baseada em seis colheitas forneceu estimativas de parâmetros e ganhos genéticos similares aos obtidos na seleção baseada em duas colheitas de alta produção. Os ganhos genéticos esperados nas duas formas de propagações foram elevados e a seleção clonal proporcionou maiores ganhos do que a sexual. No experimento clonal foi possível identificar materiais com potencial produtivo e que poderão vir a ser recomendados para o cultivo no estado de São Paulo. Apesar de a interação genótipos x colheitas ter sido do tipo complexa, devido ao veranico ocorrido, esta não afetou significativamente o ordenamento dos melhores clones e nem comprometeu as estimativas dos parâmetros genéticos. Os coeficientes de variação experimental e genético bem como seu valor relativo deverão ser analisados conjuntamente com o número de repetições e a acurácia seletiva. A seleção recorrente deverá ser conduzida concomitantemente com o programa de seleção clonal, a fim de evitar o esgotamento da variabilidade genética e o comprometimento do programa de melhoramento genético visando o desenvolvimento de cultivares clonais. Tendo em vista que a população inicial foi constituída por um pequeno número de progênies, é aconselhável o monitoramento do tamanho efetivo populacional e do grau de endogamia ao longo dos ciclos de seleção recorrente.

Palavras-chave: Genética quantitativa; Modelos mistos; REML/BLUP; Seleção recorrente e clonal

ABSTRACT

Estimates of genetic parameters aiming at improvement of robusta coffee (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner)

The objective of this research was to estimate genetic parameters to quantify the variability of a population of robusta coffee (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner) introduced into Brazil from Costa Rica in 1974 aiming at determining its genetic potential for the development of clonal or seedling cultivars for the state of São Paulo, Brazil. The feasibility has also been studied to submit this population to recurrent selection, making it a continuous source of improved base material in support of varietal improvement of robusta. An experiment consisting of 21 open pollinated seedling progenies of robusta and four cultivars of arabica was established in Mococa (SP) in 1975. Yield was observed for twelve harvests and after the sixth harvest the plants were pruned. The experimental layout was a balanced 5x5 quadruple lattice design, with six replicates and one plant per plot. In 2004 a phenotypic selection of this population for yield was carried out aiming at cloning the best individuals. These 28 clones were planted in an experiment in Campinas in 2005, following a completely randomized block design, with 28 treatments (clones), three replications and four plants per plot. In total, yields were collected over five harvests. Statistical and biometrical analyzes were performed considering the linear mixed models (REML/BLUP), through *software Selegen*, where the variance components are estimated by restricted maximum likelihood (REML) and genotypic values predicted by best linear unbiased prediction (BLUP). The analyzes showed that the population had high genetic variability, which can be exploited for the extraction of both clones and seedling progenies, used for recurrent selection. Selection was impaired by severe adverse weather conditions. In such situations it is preferable not to consider the affected period and analyze the data after recovery of the plants. Due to the moisture stress that occurred in the clonal trial, genotype x environment interaction was complex. However this did not affect the ranking of superior clones nor compromised the genetic parameter estimates. Selection for yield based on six yield resulted in genetic parameters and genetic gains similar to those obtained by selection based on two high yielding harvesting periods. The expected genetic gains both for clones as for open pollinated progenies were high. However, clonal selection resulted in higher genetic gains for yield than the seedling selection. In the clonal experiment it was possible to identify materials with high yield potential that may become to be recommended for cultivation in São Paulo State. The experimental, genetics and relative coefficients of variation, should be analyzed together with the number of replications and selective accuracy. Recurrent selection should be conducted concurrently with the clonal selection program in order to avoid depletion of genetic variability and to impair the breeding program aiming at the development of clonal cultivars. Considering that the initial population was composed of a small number of progeny, it will be important monitoring adequately the effective size and the inbreeding coefficient during recurrent selection cycles.

Keywords: Quantitative genetics; Mixed models; REML/BLUP; Recurrent and clonal selection

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Fluxograma, exemplificado, das seleções efetuadas desde a população original da Costa Rica até o experimento clonal instalado em Campinas 63
- Figura 2 - Produções médias, em kg de café da roça/planta, das 21 progênies de *Coffea canephora* durante 12 colheitas (seis antes e seis depois da poda) 81

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Origem das progênies de <i>Coffea canephora</i> selecionadas em Turrialba, Costa Rica, avaliadas no experimento instalado em Mococa, SP	60
Tabela 2 - Origem dos clones de <i>Coffea canephora</i> selecionados em Mococa (SP) e avaliados no experimento instalado em Campinas (SP)	62
Tabela 3 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes à análise conjunta de todas as colheitas realizadas entre 1979 e 1992 no experimento de progênies de <i>Coffea canephora</i> em Mococa, SP	82
Tabela 4 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes à análise conjunta das colheitas realizadas entre 1987 e 1992, após as podas das plantas, no experimento de progênies de <i>Coffea canephora</i> em Mococa, SP	83
Tabela 5 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes à análise conjunta das colheitas de 1989 e 1992, consideradas de baixas produções, no experimento de progênies de <i>Coffea canephora</i> em Mococa, SP ...	84
Tabela 6 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes à análise conjunta das colheitas de 1990 e 1991, consideradas de altas produções, no experimento de progênies de <i>Coffea canephora</i> em Mococa, SP ...	85

Tabela 7 - Estimativas de parâmetros genéticos e as produções médias referentes às análises das colheitas realizadas entre 1979 e 1992, e suas combinações, no experimento de progênes de <i>Coffea canephora</i> em Mococa, SP	89
Tabela 8 - Número de colheitas (η), de acordo com as estimativas dos coeficientes de repetibilidade (r) e de determinação (R^2), necessárias para a seleção de progênes de <i>Coffea canephora</i> em Mococa (SP) considerando duas combinações de colheitas	96
Tabela 9 - Classificação de plantas ordenadas com base nos efeitos aditivos (a), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e seus ganhos genéticos esperados (G_s), do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas entre 1987 e 1992 no experimento de progênes de <i>C. canephora</i> em Mococa, SP	98
Tabela 10 - Classificação de plantas ordenadas com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), suas médias melhoradas (\bar{X}_m) e os seus ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas entre 1987 e 1992 no experimento de progênes de <i>C. canephora</i> em Mococa, SP	103
Tabela 11 - Classificação de plantas ordenadas com base nas estimativas dos efeitos aditivos (a), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e seus ganhos genéticos esperados (G_s), do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas de 1990 e 1991, consideradas de altas produções, no experimento de progênes de <i>C. canephora</i> em Mococa, SP	106

- Tabela 12 - Classificação de plantas ordenadas com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), suas médias melhoradas (\bar{X}_m) e seus ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas de 1990 e 1991, consideradas de altas produções, no experimento de progênies de *C. canephora* em Mococa, SP 110
- Tabela 13 - Classificação das progênies de *Coffea canephora*, do experimento em Mococa (SP), com base na estabilidade dos valores genotípicos (MHVG) referentes às análises conjuntas das seis colheitas, entre 1987 e 1992, e das colheitas consideradas de altas produções, 1990 e 1991 112
- Tabela 14 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT) e os componentes de variância referentes à análise conjunta das cinco colheitas, entre 2008 e 2012, do experimento clonal de *Coffea canephora* em Campinas - SP 114
- Tabela 15 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT) e os componentes de variância referentes à análise conjunta das quatro colheitas, entre 2008 e 2011, do experimento clonal de *Coffea canephora* em Campinas - SP 115
- Tabela 16 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT) e os componentes de variância referentes à análise conjunta das colheitas de 2008 e 2010, consideradas de baixas produções, do experimento clonal de *Coffea canephora* em Campinas - SP 116

- Tabela 17 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT) e os componentes de variância aplicados à análise conjunta das colheitas de 2009 e 2011, consideradas de altas produções, do experimento clonal de *Coffea canephora* em Campinas - SP 117
- Tabela 18 - Estimativas dos coeficientes de determinação, parâmetros genéticos e as produções médias referentes às análises das combinações das colheitas realizadas entre 2008 e 2012 no experimento clonal de *C. canephora* em Campinas - SP 118
- Tabela 19 - Número de colheitas (η), de acordo com as estimativas dos coeficientes de repetibilidade (r) e de determinação (R^2), necessárias para a seleção clonal de *Coffea canephora* em Campinas (SP), considerando as colheitas realizadas entre 2008 e 2012..... 122
- Tabela 20 - Classificação dos clones de *C. canephora* com base nas médias genotípicas ($u + g$), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e os ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de clones selecionados, referentes à análise conjunta das cinco colheitas, entre 2008 e 2012, em Campinas - SP 123
- Tabela 21 - Classificação dos clones de *C. canephora* com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e os ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de clones selecionados, referentes à análise conjunta das quatro colheitas, entre 2008 e 2011, em Campinas - SP..... 126

Tabela 22 - Classificação dos clones de <i>C. canephora</i> com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e os ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de clones selecionados, referentes à análise conjunta das colheitas consideradas de altas produções, 2009 e 2011, em Campinas - SP	128
Tabela 23 - Classificação dos clones de <i>Coffea canephora</i> com base na estabilidade dos valores genotípicos (MHVG) referentes às análises conjuntas das cinco colheitas, e suas combinações, dos experimentos em Campinas - SP	130

1 INTRODUÇÃO

A importância econômica e social do café no mundo é indiscutível. Esta cultura movimenta cerca de 80 a 90 bilhões de dólares por ano, ficando atrás apenas do petróleo, e envolve em toda a sua cadeia produtiva aproximadamente 8% da população mundial. É a segunda bebida mais consumida no mundo, atrás apenas da água. É cultivado em quase 80 países, subdesenvolvidos ou em desenvolvimento, localizados nos continentes Africano, Asiático e na América Latina.

Por muitos anos, o café gerou riquezas ao Brasil, proporcionando o desenvolvimento econômico e social do país. Esta cultura agrícola propiciou o surgimento de cidades, construções de rodovias, ferrovias e portos e inseriu o Brasil no comércio internacional. A vinda de imigrantes europeus para trabalhar nas lavouras cafeeiras foi fundamental na formação da cultura nacional.

Coffea arabica Linnaeu (café arábica) e *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner (café robusta) são as duas espécies de café cultivadas e comercializadas no mundo, sendo responsáveis por aproximadamente 65% e 35% respectivamente. É recente o cultivo do robusta no mundo, iniciando-se por volta de 1900, impulsionado pelo surgimento do café solúvel durante a Segunda Guerra Mundial. É notório o crescimento da produção e comercialização desse café ao longo dos anos, haja vista que na década de 60 representava apenas 18% do mercado mundial. O robusta é utilizado nas produções de cafés solúvel e tradicional (torrado e moído), sendo misturado com o arábica, tornando o produto mais barato e acessível ao consumidor.

O desenvolvimento constante de novas cultivares é ponto fundamental para atender esta demanda mundial. Para tanto, o estabelecimento e planejamento de programas de melhoramento eficientes são peças-chaves neste contexto. Vários são os fatores envolvidos nesta tecnologia, entre eles: desenvolvimento e conhecimento da população a ser melhorada, utilização de metodologias adequadas para avaliação e seleção de indivíduos, pois a maior parte dos caracteres de valor econômico é de natureza poligênica.

Em espécies perenes o lançamento de cultivares em relação às anuais é mais longo, podendo chegar até 40 anos, e oneroso, pois exige maiores áreas experimentais e manejo durante o ano todo. Além disso, aspectos relacionados à genética e fisiologia das plantas perenes dificultam ainda mais este processo, entre eles: longos períodos juvenil e reprodutivo, alternâncias entre baixas e altas produções, tomada de dados no mesmo indivíduo por vários anos, redução do estande experimental (gerando o desbalanceamento dos dados),

sobreposição de gerações, seleção para efeitos aditivos e não aditivos (tendo em vista a possibilidade concomitante das propagações sexuada e assexuada) e maior importância na seleção individual.

A análise da variância usual, em que se assume que os efeitos do modelo são independentes, não são as mais indicadas para as análises dos dados em perenes, pois em muitos casos ocorre desbalanceamento excessivo no experimento e algumas das pressuposições requeridas pela análise de variância não são atendidas, o que poderá comprometer as interpretações científicas.

A alternativa mais recomendada neste caso é a análise utilizando-se o modelo misto, assim chamado por conterem sua composição tanto fatores de efeitos fixos como aleatórios, pois este modelo suporta o desbalanceamento dos dados e a dependência dos erros, fatores comumente observados nos experimentos de culturas perenes. A metodologia envolve a estimação dos componentes de variância através do REML e a predição de valores genéticos pelo BLUP.

A seleção clonal é o método mais utilizado no desenvolvimento de cultivares nos programas de melhoramento genético do café robusta no Brasil, porém o estreitamento da base genética decorrente dos sucessivos ciclos de seleção ao longo dos anos poderá comprometer a eficiência destes programas no futuro. Uma das estratégias para contornar este problema e dar sustentabilidade aos programas é utilizar a seleção recorrente. Portanto, estes dois métodos de seleção deverão ser desenvolvidos concomitantemente pelo melhorista.

São poucos os trabalhos envolvendo estimativas de parâmetros genéticos e seleção recorrente em café robusta. Ferrão et al. (2008) e Fonseca et al. (2004) publicaram artigos no âmbito dos parâmetros genéticos no Brasil, e Leroy et al. (1994, 1997) no tocante à seleção recorrente na Costa do Marfim.

Pelo interesse que o café robusta vem despertando no agronegócio paulista, o objetivo deste trabalho foi estudar o potencial genético de uma população de café robusta, mediante análises genético-biométricas, visando ao desenvolvimento de futuras cultivares para o estado de São Paulo. Além disso, verificar-se-á a viabilidade do uso da seleção recorrente nesta população, para que seja, no futuro, fonte de alimentação e sustentação de programas de melhoramento do café robusta.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão Bibliográfica

2.1.1 Aspectos econômicos e sociais do café

O café é, sem dúvida, uma das atividades sócio econômicas mais importantes no mundo. O agronegócio café propicia uma arrecadação aproximada de 90 bilhões de dólares por ano e emprega, direta ou indiretamente, cerca de meio bilhão de pessoas (EMBRAPA CAFÉ, 2004).

Seu cultivo ocorre em países subdesenvolvidos ou em desenvolvimento situados na África, Ásia e América Latina, onde predominam pequenos produtores e a agricultura familiar, sendo 70% das áreas menores do que 10 hectares (OXFAM, 2012).

De acordo com a International Coffee Organization (ICO, 2013) a produção mundial em 2012 foi de 144 milhões de sacas de 60 kg beneficiadas. O Brasil, desde 1840, é o maior produtor mundial (43,5 milhões de sacas produzidas em 2012), seguido do Vietnã (20,0 milhões de sacas), Colômbia (7,8 milhões de sacas), Indonésia (8,2 milhões de sacas) e Etiópia (6,5 milhões de sacas).

O café é a segunda bebida mais consumida no mundo, atrás apenas da água; são servidas 1.600 milhões de xícaras de café por dia. O consumo mundial vem crescendo significativamente nos últimos anos, passando de 90 milhões de sacas em 2000 para 113 milhões de sacas em 2010. Os maiores países consumidores, em milhões de sacas/ano, são: EUA (22), Brasil (19), Alemanha (9), Japão (7) e França e Itália (6). Os maiores consumidores *per capita* são (em kg/hab/ano): Luxemburgo (27,40), Finlândia (11,91), Noruega (8,92), Suécia (7,35) e Alemanha (6,50). O Brasil consome 5,70 kg/hab/ano (em 1985 o consumo era de 2,70) contra 4,10 kg/hab/ano dos EUA (ICO, 2012).

O Brasil ocupa uma posição invejável no cenário mundial: é o maior produtor e exportador do grão e o segundo maior consumidor da bebida. Há perspectivas de que o nosso país seja também o maior consumidor a partir de 2015, haja vista o crescente aumento verificado nos últimos anos: passou de 8 milhões de sacas consumidas em 1990 para 19 milhões em 2010 (ICO, 2012).

A área brasileira cultivada com café totaliza 2,33 milhões de hectares (287 mil propriedades em aproximadamente 2.000 municípios) com produção média de 40 milhões de sacas por ano, o que gera uma produtividade média entre 22 e 24 sc/ha. Esse montante está

distribuído em 15 Estados, sendo Minas Gerais, Espírito Santo, São Paulo, Bahia, Paraná e Rondônia responsáveis por 95% da produção brasileira. O setor foi o quarto item na pauta de exportações do agronegócio brasileiro em 2012, isto é, movimentou U\$19,4 bilhões, sendo o que mais emprega, gerando mais de oito milhões de empregos diretos e indiretos (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2012; BRASIL, 2012).

O estado de São Paulo é o terceiro produtor brasileiro de café, atrás de Minas Gerais e do Espírito Santo, com uma área cultivada de 177.000 ha e produção estimada de 3,0 a 3,5 milhões de sacas por ano. O estado paulista contribui com 75% das exportações brasileiras, sendo responsável por cerca de 48% do café torrado e 80% do café solúvel produzido no Brasil. Cerca de 250 torrefadoras e três solubilizadoras estão instaladas no Estado, absorvendo em torno de 2,5 milhões de sacas por ano e gerando cerca de 8.000 empregos diretos (BLISKA et al., 2007).

A demanda do robusta vem crescendo nos últimos anos, impulsionado principalmente pelo aumento do consumo de café solúvel - na China, Índia e nos países do leste europeu - e do próprio aumento do consumo de café no mundo, haja vista que o café pode ser servido de diferentes formas.

Dois fatores são atrativos para que a indústria brasileira utilize o robusta como matéria-prima nos seus principais produtos comercializados: os cafés solúvel e torrado/moído. Sua majoritária participação no solúvel, acima de 70%, é por possuir na composição química dos seus grãos maiores teores de sólidos solúveis, indispensável para esse tipo de café. Sua utilização na produção do café torrado e moído (participação em até 40% no blend) se deve ao fato de possuir um menor preço de comercialização do que o arábica, permitindo um café de menor custo ao consumidor.

Os maiores produtores mundiais de café robusta são o Vietnã (18 milhões de sacas), Brasil (12 milhões de sacas), a Indonésia (5 milhões de sacas), Costa do Marfim e Índia (3 milhões de sacas). Na safra de 2012, a produção brasileira de robusta foi 25% do total de café produzido pelo país, sendo o estado do Espírito Santo o maior produtor (10 milhões de sacas), seguido por Rondônia e pela Bahia; não há atualmente registro de cultivo de café robusta no estado de São Paulo (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2012).

As solubilizadoras e torrefações localizadas em São Paulo têm interesse para que se inicie no Estado o cultivo do robusta, pois refletiria em menores custos de produção. Esses segmentos industriais importam o *C. canephora* dos estados do Espírito Santo e Rondônia,

tendo alto custo com transporte e o recolhimento de impostos, encarecendo seus produtos finais (BLISKA et al., 2007).

Outra aptidão agrícola do robusta é a tolerância à temperatura. O cultivo do café arábica é mais indicado para regiões com temperatura média anual abaixo de 22-23°C. Recentemente, pesquisadores da área climatológica estão alertando que nos próximos anos poderá ocorrer a elevação da temperatura média global, estimando-se um aquecimento entre 2 e 3°C. Caso isso se concretize algumas regiões paulistas, onde o café arábica é plantado (localizadas principalmente na Alta Paulista, Araraquarense e Centro-Oeste), já estão próximas desse limite e tornar-se-iam inaptas ao plantio do arábica. Nesse caso, a alternativa para que o cafeicultor não migre para outra cultura, ou então abandone a atividade agrícola, seria o cultivo do robusta, pois este tolera temperaturas médias mais elevadas, entre 23-26°C.

Outro fator limitante para a produção de grãos na espécie *C. arabica* é a presença de nematóides, principalmente em solos arenosos. A utilização da espécie *C. canephora* como porta-enxerto ameniza os efeitos maléficos causado por essa praga.

2.1.2 Descoberta, distribuição geográfica e introdução do café no Brasil

Foi na região de Kaffa na Abissínia, atualmente Etiópia, que um pastor chamado Kaldi observou suas cabras comendo folhas e frutos de uma planta desconhecida. Alguns minutos após a ingestão os animais conseguiam percorrer longas distâncias sem demonstrar sinais de cansaço. O próprio pastor resolveu então experimentar destes frutos e após a sua ingestão sentiu-se mais alegre e disposto. Ao saber do fato, um monge da região decidiu provar estes frutos em uma infusão e percebeu uma significativa resistência ao sono durante as suas orações que esta bebida proporcionava. E foi assim que o café foi descoberto (PASCOAL, 1999).

Alguns associam o nome café a Kaffa, região da descoberta, mas a palavra é proveniente do vocábulo árabe “qahwa”, que significa vinho. Por esse motivo, o café era conhecido como “vinho da Arábia”, aliás essa região foi a principal responsável pela propagação da espécie. Além disso, somente os árabes, que receberam o café da Etiópia no século XV, o produziam no Yemen, e guardavam o segredo a “sete chaves” (SMITH, 1985).

Porém, os árabes não conseguiram manter este segredo por muito tempo. Em 1615 os holandeses conseguiram, não se sabe de que forma, algumas plantas de café e em 1699 iniciaram os cultivos experimentais em Java, para posteriormente expandirem o seu plantio para Sumatra. Os franceses foram presenteados com uma muda de café pelo burgomestre de

Amsterdã e após algum tempo a França começou seus testes nas ilhas de Sandwich e Bourbon. Com as experiências adquiridas, o cultivo do café foi levado para outras colônias européias, espalhando então o café pelo mundo (PASCOAL, 1999).

A introdução do café arábica na América do Sul através do Suriname foi feita pelos holandeses em 1717. No ano seguinte, cinco mudas desta espécie chegaram ao Pará (Brasil) pela Guiana Francesa por intermédio do sargento-mor Francisco de Mello Palheta, onde estabeleceu uma pequena lavoura. Do Pará o café rumou para os estados do Maranhão, Pernambuco, Bahia, Espírito Santo, Rio de Janeiro, São Paulo, Paraná e Minas Gerais (LEITE; SILVA, 2000).

Em revisão feita por Ferrão et al. (2007) os autores mostraram que o primeiro cultivo comercial de robusta iniciou-se no Congo em 1870, usando sementes de plantas silvestres coletadas às margens do rio Lomani. Em 1900 foram enviadas sementes do *Coffea canephora* do Congo à casa de Horticultura de L. Linden (Bruxelas), que as enviou posteriormente para Java na Indonésia. A Índia também recebeu coleções de plantas de robustas oriundas da Indonésia, Uganda, Gana, Madagascar e Costa do Marfim.

No Brasil a variedade Conilon, um dos grupos de *C. canephora*, foi introduzida por volta de 1920 no estado do Espírito Santo pelas mãos do ex-governador Jerônimo Monteiro e as distribuiu aos agricultores capixabas, sendo as primeiras sementes plantadas em Cachoeiro de Itapemirim, sendo posteriormente levadas para a região norte (BANCO DE DESENVOLVIMENTO DO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO - BANDES, 1987). O nome “Conilon” originou-se da palavra Kouillou, com as letras **K** e **U** substituídas por **C** e **N**, respectivamente. A variedade Kouillou (Conilon) foi observada em 1880 pelos franceses em estado selvagem entre Gabão e a embocadura do rio Congo, principalmente junto ao ribeirão Kouilou na África (CARVALHO; FAZUOLI, 1993).

A partir de 1940 o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC/APTA) iniciou as introduções de *C. canephora* no estado de São Paulo. Estas plantas foram trazidas de diversos países da África, Ásia e América Central, tanto do grupo Guineano quanto do Congolês (FAZUOLI; MISTRO; BRAGHINI, 2009).

2.1.3 Classificação botânica

O café, originário da África, pertence à classe *Dicotyledonea*, ordem *Rubiales*, família *Rubiaceae*, tribo *Coffeae*, subtribo *Coffeinae* e gênero *Coffea*. Davis et al. (2006) descreveu 103 espécies no gênero *Coffea*, sendo 41 localizadas na África, 59 na ilha de Madagascar e

três nas Ilhas Mascarenhas. Com o recente trabalho conduzido novamente por Davis et al. (2011), os autores incluíram, por meio de análises morfológicas e moleculares, mais 21 espécies do subgênero *Psilanthopsis*, totalizando 124 espécies no gênero *Coffea*. Dessas apenas duas são de interesse econômico: *Coffea arabica* Linnaeu (café arábica) e *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner (café robusta).

O naturalista Linnaeu (1737) foi quem descreveu a primeira espécie de café, com o nome de *Coffea arabica* Linnaeu. Posteriormente novas espécies foram descritas paulatinamente por botânicos (CARVALHO, 1946).

A região de origem do café robusta é mais extensa sendo encontrado em praticamente toda a África, com predomínio nas regiões ocidental e centro-tropical e subtropical do continente, principalmente na República da Guiné, Libéria, Costa do Marfim, Camarões, Congo, Gabão, República Centro-Africana, República Democrática do Congo (a maior parte das plantas de robusta se encontram neste país) e Uganda. Estes locais caracterizam-se por temperaturas mais elevadas, úmidas e de baixas altitudes, porém algumas plantas de robusta foram encontradas desde o nível do mar no Gabão até altitudes de 1.300 metros em Angola, Camarões e Costa do Marfim. Por outro lado o café arábica concentra-se em uma região mais restrita do continente africano, localizada ao leste, compreendendo a Etiópia, o sudeste do Sudão e o norte do Quênia. Essas áreas caracterizam-se por temperaturas mais amenas, com médias anuais inferiores a 23°C, e altitudes entre 1.000 e 2.000 metros (CARVALHO, 1946; CHAVALIER, 1947; CONAGIN; MENDES, 1961; CHARRIER; BERTHAUD, 1988; MONTAGNON et al., 1998; COSTE, 1992).

Análises fenotípicas, isoenzimáticas e moleculares permitiram dividir a espécie *C. canephora* em dois grupos (BERTHAUD, 1986; MONTAGNON; LEROY; YAPO, 1992),

a) Guineano: originário da Costa do Marfim, Libéria e Guiné as plantas deste grupo são chamadas de Kouilou, em homenagem ao rio Kouilou, localizado entre o Gabão e o Congo. Comparando-se com as plantas do grupo Congolês os internódios dos ramos são menores, suas folhas são mais estreitas, os frutos são menores e de maturação precoce, a maioria das plantas são suscetíveis à ferrugem-da-folha e possui maiores teores de cafeína (em torno de 2,9%), boa tolerância à seca e possuem bebida inferior à do Grupo Congolês.

b) Congolês: originário da República Centro Africana, República Democrática do Congo, Camarões, Uganda, Gabão e Congo. As plantas deste grupo são chamadas de robusta. Apresenta quatro subgrupos denominados SG₁, SG₂, B e C, com as seguintes características:

- o subgrupo 1 (SG₁) é formado pela maior parte dos tipos de café Kouilou e alguns tipos de Robusta, ou híbridos entre os dois grupos. Tem uma distribuição mais restrita, compreendendo o Gabão e o Congo. Suas plantas apresentam caule bem ramificado, suas folhas são afiladas e de tamanho médio, a maturação dos frutos varia de precoce a tardia, possui moderada resistência ou tolerância à ferrugem, maior teor de cafeína nos grãos (2,7%), tolerância à seca e qualidade de bebida superior à do Grupo Guineano;
- o subgrupo 2 (SG₂) apresenta caule menos ramificado do que o Guineano, folhas de maiores dimensões, internódios dos ramos mais longos, frutos maiores, maturação dos frutos média a tardia ou muito tardia, menores teores de cafeína (em torno de 2,3%), maior resistência à ferrugem e menor tolerância à seca. O SG₂ corresponde ao café robusta propriamente dito;
- os cafeeiros subgrupos B e C têm características semelhantes ao SG₂ e se localizam principalmente na República Centro Africana e nos Camarões.

2.1.4 Diferenças entre os cafés arábica e robusta

Aspectos genéticos, agronômicos, químicos e sensoriais distinguem as espécies *C. canephora* do *C. arabica*. A seguir são descritas resumidamente algumas dessas diferenças.

- **Genéticas:** o *C. canephora* é uma espécie alógama, diplóide ($2n = 2x = 22$ cromossomos), auto-incompatível, sendo seus indivíduos são altamente heterozigóticos o que gera populações com alta variabilidade genética. Por outro lado o *C. arabica* é uma espécie alotetraplóide segmental ($2n = 4x = 44$ cromossomos) e autógena. Originou-se de uma hibridação natural entre duas espécies, *C. canephora* e *C. eugenioides*, alógamas e diplóides ($2n = 2x = 22$ cromossomos). Neste híbrido ocorreu a duplicação natural do número de cromossomos (CHAVALIER, 1947; CONAGIN; MENDES, 1961).

Vários trabalhos foram realizados para elucidar a ausência da produção de frutos em plantas de um mesmo clone em *C. canephora*. Conagin e Mendes (1961) realizaram a partir de 1943 estudos citológicos e genéticos com a finalidade de conhecer este mecanismo. Os resultados mostraram que as plantas autopolinizadas eram auto-estéreis e não formavam sementes. Das hibridações realizadas, metade foram compatíveis. Estudos citológicos evidenciaram que nas hibridações compatíveis o crescimento do tubo polínico era normal, enquanto que nas autopolinizações, após a germinação, o tubo polínico tinha o crescimento paralisado. Esse mecanismo de auto-incompatibilidade impede a ocorrência de autofecundação e de cruzamentos entre indivíduos possuidores dos mesmos alelos.

Trabalhos realizados por Devreux et al. (1959), Conagin e Mendes (1961), Berthaud (1986) e Lashermes et al. (1996) demonstraram que a auto-incompatibilidade em *C. canephora* é do tipo gametofítica e monogênica, sendo controlada por um único gene S, possuidor de uma série alélica (S_1 , S_2 , S_3 , etc). Quando o alelo S do pólen é diferente dos dois alelos S do estilo, o tubo polínico cresce normalmente, penetrando no ovário e realizando a fertilização.

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

Outra característica que diferencia as espécies é quanto ao número de hastes. A planta de café possui dois tipos de ramos: um chamado ortotrópico (haste), com crescimento vertical e serve de sustentação; outro plagiotrópico, com crescimento horizontal (é emitido no ramo ortotrópico) e onde ocorre o florescimento e a frutificação. O arábica possui apenas um ramo ortotrópico e é denominado de monocaule, enquanto que o robusta emite várias hastes e é denominado de multicaule (RENA; MAESTRI, 1986). Em lavouras de café robusta não é aconselhável deixar o livre crescimento destas hastes, recomendando-se a condução de três a quatro hastes verticais por planta (FERRÃO et al., 2012).

- **Químicas:** Pereira et al. (2000) realizaram um estudo sobre a composição química do grão e verificaram a existência de diferenças marcantes na composição química das duas espécies. O café robusta ficou caracterizado por apresentar menores teores de açúcares totais e açúcares não redutores; por outro lado exibiu valores superiores de açúcares redutores, acidez total titulável, pH e condutividade elétrica. O teor de sólidos solúveis é importante, pois guarda uma relação direta com o rendimento industrial. Esse teor em robusta é maior que no arábica, o que confere grande aceitação como matéria-prima do café solúvel.

Trugo (2003) encontrou diferenças entre as duas espécies de café em relação aos principais componentes químicos constituintes dos grãos, como dado a seguir:

Componente químico	Função	Arábica	Robusta
		———— % ————	
Cafeína	Estimulante	1,2	2,2
Trigonelina	Niacina - vitamina complexo B	1,0	0,7
Ácido clorogênico	Antioxidante	10,0	6,5
Sacarose	Doçura	8,0	4,0
Lipídeos	Forma uma camada protetora nos grão e no momento da torração esta camada preserva a qualidade da bebida, o aroma e sabor	16,0	10,0

- **Sensorial:** a qualidade da bebida é sem dúvida a principal característica que distingue as espécies *C. canephora* e *C. arabica*. Enquanto que no arábica a bebida é classificada como superior, a do robusta é tida como neutra ou inferior, motivo pelo qual o seu preço de comercialização é menor (FERRÃO et al., 2007).

2.1.5 Melhoramento genético de *Coffea canephora*

A espécie *C. canephora* passou a ser pesquisada após os prejuízos causados pela infestação da ferrugem-da-folha (*Hemileia vastatrix* Berk. et Br.), por volta de 1890, em algumas regiões produtoras de café arábica na Indonésia. Naquela ocasião, os produtores notaram que o fungo não atacava as plantas de *C. canephora*, o que chamou a atenção e interesse dos técnicos indonésios no robusta (CHARRIER; BERTHAUD, 1988).

No Brasil foi só a partir de 1960 que o café conilon começou a ser cultivado por produtores rurais do Espírito Santo, em áreas inaptas ao plantio do café arábica (regiões de baixas altitudes e elevadas temperaturas), principalmente no norte capixaba (FERRÃO, 2004).

Em 1985 o INCAPER iniciou o Programa de Melhoramento Genético do Café Conilon em que priorizou o desenvolvimento de cultivares clonais, pois os materiais utilizados até então pelos produtores eram propagados por sementes, o que acarretava alta heterogeneidade entre as plantas na lavoura (FERRÃO, 2004).

Entre 1985 e 2004 o INCAPER desenvolveu seis cultivares, sendo cinco clonais (EMCAPA 8111, EMCAPA 8121, EMCAPA 8131, EMCAPA 8141 - Robustão Capixaba e EMCAPA 8142: Conilon Vitória) e uma propagada por sementes (EMCAPA 8151: Robusta

Tropical). Isso permitiu um incremento de 162% na produtividade média no estado do Espírito Santo, passando de 9,2 sc/ha em 1993 para 24,0 sc/ha em 2010, sendo que muitos produtores vêm obtendo produtividade superior a 120 sc/ha. A última cultivar lançada, o Conilon Vitória, apresentou uma produtividade média de 70 sc/ha, considerando oito colheitas em condições de sequeiro. O INCAPER recomenda também que o plantio dos clones constituintes de uma cultivar seja realizado em linhas (cada linha somente com um clone) e de forma equilibrada, isto é, utilizando a mesma proporção de cada um deles, e nunca priorizando algum clone (FERRÃO et al., 2007).

O robusta possui genes que também conferem resistência/tolerância aos nematóides *Meloidogyne exigua*, *M. incognita* e *M. paranaensis*, os quais causam danos severos em lavouras de café arábica, principalmente aquelas instaladas em regiões quentes e solos arenosos, como aquelas regiões do estado de São Paulo citadas anteriormente. O programa de melhoramento genético da espécie *Coffea arabica* do IAC utilizou o robusta na introgressão de genes que conferem resistências a ferrugem-da-folha e aos nematóides no arábica. Isso culminou com o lançamento da cultivar Icatu, oriunda do cruzamento interespecífico entre arábica e robusta duplicado artificialmente, que na ocasião apresentava tolerância à ferrugem-da-folha. Além do Icatu, as cultivares de café arábica Obatã IAC 1669-20 e Tupi IAC 1669-33 apresentam o robusta na sua constituição genética, conferindo-lhes tolerância à ferrugem-da-folha. Outra contribuição da espécie *C. canephora* no programa de melhoramento do café arábica do IAC foi o lançamento do porta-enxerto Apoatã, pertencente ao grupo Congolês, que enxertado em cultivares de café arábica suscetíveis permite o seu cultivo em áreas infestadas por nematóides, principalmente os da espécie *M. exigua* (CARVALHO; FAZUOLI, 1993; FAZUOLI; MISTRO; BRAGHINI, 2009).

Sera (2001) e Resende (2002) enfatizam que o melhoramento genético de espécies perenes apresenta aspectos intrínsecos, quando comparado ao das espécies anuais, demandando maiores recursos físicos, financeiros e de mão-de-obra. Além disso, o tempo gasto para o desenvolvimento de uma cultivar poderá levar até 40 anos devido aos seguintes fatores:

- longo período juvenil;
- longos ciclos vegetativos e reprodutivos, os quais ocorrem simultaneamente;
- longo período para efetuar a seleção por geração, entre cinco e seis anos;
- acentuada oscilação anual de produção, agravada na ocorrência de adversidades climáticas;
- sobreposição de gerações e expressão de caracteres ao longo de vários anos;
- necessidade de maiores áreas experimentais;

- uso de avaliações repetidas em cada indivíduo ao longo do tempo;
- seleção para efeitos aditivos e não-aditivos dos alelos, tendo em vista a possibilidade do uso das duas formas de propagações nos indivíduos selecionados;
- redução da sobrevivência das plantas nos experimentos, ocasionando o desbalanceamento de indivíduos no experimento.

Segundo Paterniani e Miranda-Filho (1987), duas condições são essenciais no sucesso de qualquer programa de melhoramento de plantas: a existência de variabilidade genética na população a ser melhorada e a definição de estratégias a serem adotadas para potencializar a eficiência da seleção a fim de obter satisfatórios ganhos genéticos no decorrer dos anos.

A maioria das características agronômicas a serem melhoradas é controlada por um grande número de genes e influenciadas pelo ambiente, dificultando a seleção. Nesse contexto a genética quantitativa é uma ferramenta valiosa ao melhorista, pois permite separar os efeitos ambientais dos genéticos através da estimação de parâmetros que auxiliem o pesquisador a escolher a melhor estratégia a ser adotada, sem nenhum custo adicional. Além disso, ela permite também quantificar a variabilidade genética na população a ser submetida ao melhoramento (RESENDE, 2002).

O principal método utilizado no Brasil para o desenvolvimento de cultivares de *C. canephora* é a seleção clonal, por via assexuada. O café robusta permite também a propagação sexuada, desenvolvendo cultivares sintéticas, porém pouco recomendada. Charrier e Berthaud (1988) sugerem que os dois processos devem ser conduzidos paralelamente, pois, enquanto o primeiro leva ao estreitamento da base genética, o segundo permite a recomposição da base genética através da recombinação dos melhores materiais, retroalimentando, assim, o primeiro sistema e não comprometendo a variabilidade genética a longo prazo. As principais estratégias utilizadas nos programas de melhoramento são a seleção clonal, a introdução de germoplasma, as hibridações intra e interespecíficas e a seleção recorrente (CHARRIER; BERTHAUD, 1988; LEROY et al., 1997; FERRÃO et al., 2007).

2.1.5.1 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, 1995). A fim de otimizar o programa, durante o processo, alguns ajustes poderão ser feitos entre as etapas, até acrescentando novas fases, conforme a percepção do melhorista.

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

- capitaliza de forma rápida os ganhos genéticos e a fixação dos alelos favoráveis;
- fixa o genótipo a qualquer tempo, sem a necessidade de avançar muitas gerações para atingir a homozigose;
- permite o surgimento da variabilidade genética já na primeira geração após as hibridações, pois os clones genitores são heterozigóticos, possibilitando efetuar a seleção em 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).

2.1.5.2 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; PEREIRA; VENCOVSKY, 1988).

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 (ALLARD, 1971; PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987; 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; CALIGARI; GIBSON, 1999).

Quando baseado em progênies, o método é realizado da seguinte maneira: seleção de genitores para o desenvolvimento da população (obtenção das progênies), avaliação das progênies, seleção dos indivíduos superiores e recombinação destes indivíduos na formação da nova população. Quando a recombinação é finalizada, têm-se um ciclo da seleção recorrente completado (FEHR, 1987).

Os esquemas de seleção recorrente são classificados em duas categorias: Seleção Recorrente Intrapopulacional e Seleção Recorrente Interpopulacional ou Recíproca. A seleção recorrente pode ser realizada de duas maneiras quanto ao método de seleção: seleção no âmbito de indivíduo, também denominada de seleção fenotípica ou massal; e seleção no âmbito de progênes, na qual se utiliza a população estruturada em progênes (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

Vários são os trabalhos com seleção recorrente em espécies vegetais, porém poucos pesquisadores vêm trabalhando com esta metodologia em *C. canephora*. Os escassos resultados obtidos até o momento no café robusta são promissores, haja vista os ganhos genéticos de até 60% na produtividade de grãos que a seleção recorrente proporcionou em uma população de café robusta conduzida na Costa do Marfim (LEROY et al., 1994).

Paterniani e Miranda-Filho (1987), Mackay, Caligari e Gibson (1999), Souza-Júnior (2001) e Ferrão et al. (2007) descreveram as etapas que constituem cada ciclo da seleção recorrente, que podem ser resumidas da seguinte maneira:

a) Seleção de genitores

A seleção dos genitores que dará origem à população base é essencial num programa de seleção recorrente. Além de apresentarem potencial genético para o caráter em seleção, os genitores devem apresentar alta divergência genética para os caracteres que se deseja melhorar e baixa divergência para aqueles que se pretende preservar na população (CHAVES, 1997).

Normalmente faz-se uma seleção fenotípica individual de plantas superiores na população original; destas plantas selecionadas (plantas genitoras) são colhidas sementes para constituírem as progênes da população base, a qual será submetida à seleção recorrente.

b) Obtenção e avaliação das progênes

As progênes obtidas, oriundas das plantas provenientes da etapa anterior, serão utilizadas para as duas próximas etapas do ciclo: as avaliações e recombinações. O uso de progênes permite avaliar o valor genotípico das plantas através da performance fenotípica média de seus descendentes.

Os tipos de progênes (meios-irmãos, irmãos germanos ou progênes endogâmicas) podem ser utilizados de diferentes maneiras nas etapas seguintes, de forma que o mesmo tipo

pode ser empregado tanto na avaliação (unidade de seleção) quanto na recombinação (unidade de recombinação) ou então utilizar um tipo para a avaliação e outro para a recombinação.

As progênes obtidas são avaliadas agronomicamente nesta fase; as médias geradas e os valores genotípicos estimados são mais confiáveis, pois os experimentos são delineados com repetições.

c) Seleção

Uma das maneiras de aprimorar a eficiência da seleção recorrente é através da intensidade de seleção a ser adotada pelo melhorista. Isto vai depender, a priori, das necessidades a serem alcançadas pelo programa, isto é, se a demanda por aquele produto exigir resultados a curto ou a longo prazos. Tanto uma estratégia como outra acarretarão efeitos no programa.

Resultados a curto prazo normalmente exigem altas intensidades de seleção, propiciando ganhos maiores nos ciclos iniciais, porém menores nos ciclos subseqüentes. Uma elevada pressão de seleção indica também uma significativa redução na variabilidade genética, devido à ocorrência da deriva genética (perda aleatória de alelos favoráveis ou fixação de alelos desfavoráveis), reduzindo o tamanho efetivo das populações geradas. A endogamia pode ser manifestada nas populações sob seleção devido ao tamanho restrito da amostra, isto é, devido à alta intensidade de seleção aplicada. Essa endogamia é cumulativa com o decorrer das gerações e afeta, além das médias das populações, a variabilidade genética destas e conseqüentemente os ganhos com a seleção no futuro. Outro aspecto ainda a ser considerado é a probabilidade de ocorrer elevada interação genótipos x anos, isto é, os melhores genótipos num certo ano não são necessariamente os melhores na média dos anos; nesta situação a seleção de poucos genótipos mais produtivos poderá resultar num progresso inferior ao esperado.

Se os objetivos do programa permitem que os resultados sejam alcançados a longo prazo, pode-se utilizar uma intensidade de seleção mais moderada, evitando, inicialmente, o esgotamento vertiginoso da variabilidade genética. Menores intensidades de seleção, aumentando o tamanho efetivo populacional, resultam em ganhos de seleção mais modestos nos primeiros ciclos, porém mais longos no decorrer do trabalho. Outra vantagem é a diminuição das chances de perdas de alelos por causa da deriva genética. Por outro lado, um inconveniente é em relação ao espaço físico em que a nova população será instalada, pois um maior tamanho efetivo poderá onerar o programa.

Quando há baixa frequência de alelos favoráveis, reduzido tamanho efetivo e baixo valor do coeficiente de herdabilidade o limite da seleção recorrente é drasticamente afetado. Porém, é possível manter este limite em níveis adequados modificando um dos três fatores. Por exemplo, aumentando-se o tamanho efetivo da população repara-se o problema, contudo isso só é exequível quando a intensidade de seleção não for drasticamente reduzida (PEREIRA; VENCOVSKY, 1988).

Segundo Morais (1997) outros fatores também influenciam o tamanho efetivo populacional (N_e), entre eles:

- o tipo de progênie utilizada para a recombinação: uma vez que cada uma tem um valor particular, sendo 4 para meios-irmãos, 2 para irmãos germanos, 1 para S_1 e 0,67 para S_2 , no limite. Para amenizar as conseqüências da endogamia, recomenda-se o emprego de tamanhos efetivos adequados, devendo ser maiores para programas de longo prazo e menores para programas de curto prazo. Caso as populações sejam utilizadas para o desenvolvimento de clones ou de cultivares de polinização livre, deve-se reduzir a probabilidade da presença de endogamia;
- em anos agrícolas atípicos: devem-se aplicar intensidades de seleção não muito elevadas para evitar a seleção de progênies que apresentaram uma interação muito forte com esta situação;
- o número de progênies a serem avaliadas: quanto maior o número de progênies maior poderá ser a intensidade de seleção a ser aplicada. Além disso, fixando-se um número de indivíduos por progênie restringi-se a chance de ocorrência de perda de alelos; em contra partida selecionando-se um número diferente de indivíduos por progênie aumenta a probabilidade da endogamia entre os descendentes e conseqüentemente o tamanho efetivo da população fica reduzido.

Fehr (1987) acrescenta ainda que quanto mais divergentes forem os genitores e maior for o número de indivíduos por genitor, aumenta-se a probabilidade de se ter um grande número de alelos distintos na população. Por outro lado, isto implicaria num maior número de ciclos de seleção e recombinação para que um determinado genótipo reunisse em sua constituição genética os alelos desejáveis.

d) Recombinação

É a última etapa de um ciclo da seleção recorrente e tem como propósito produzir variabilidade genética para a próxima fase do ciclo.

A recombinação é realizada pelo cruzamento entre as plantas das progênes selecionadas. No caso de plantas perenes (como o café, eucalipto, etc), em que há sobreposição de gerações, pode-se utilizar as próprias plantas que geraram as progênes selecionadas para se efetuar a recombinação. Em espécies que permitem propagação clonal, caso do *C. canephora*, pode-se empregar os clones das plantas que geraram as progênes selecionadas.

Freqüentemente utiliza-se apenas uma geração de recombinação para gerar variabilidade genética para novos ciclos seletivos. Isso, porém em geral é insuficiente para a nova população alcançar o equilíbrio de ligação.

Os tipos de progênes (meios-irmãos, irmãos germanos e endogâmicas) podem ser combinados de diferentes maneiras nas etapas de avaliação e recombinação, como por exemplo, avaliar progênes de meios-irmãos e recombinar progênes endogâmicas. Esta decisão vai depender do ganho desejado pelo melhorista e do custo operacional para a sua realização.

2.1.6 Caracteres quantitativos e os seus componentes

O conhecimento e a quantificação das propriedades genéticas de uma população são pontos fundamentais na definição das melhores estratégias de seleção a serem adotadas pelos melhoristas, otimizando, assim, a eficiência dos seus programas.

A maioria dos caracteres agrônômicos a serem melhorados nas espécies vegetais é de natureza complexa, governados por elevado número de genes, sofrendo grande influência ambiental e apresentando vários genótipos. Isso torna possível que genótipos iguais apresentem fenótipos diferentes bem como genótipos diferentes apresentarem fenótipos iguais, dificultando o trabalho do melhorista (RESENDE, 2002).

Nas populações em que os caracteres alvos do melhoramento são controlados por um elevado número de genes, as estimações de parâmetros genéticos auxiliam o pesquisador a delinear de maneira mais eficiente as estratégias de seleção que deverão ser adotadas para não comprometer o seu programa. A Genética Quantitativa é um ramo da ciência que auxilia, por

meio da estimação de parâmetros genéticos, a decifrar as dificuldades impostas pelos caracteres que têm distribuição contínua de seus fenótipos e influenciados pelo ambiente. Segundo Ramalho, Ferreira e Oliveira (2005), a expressão parâmetro é empregada para indicar as propriedades de uma população, especialmente a média e a variância. Os cálculos dos componentes de variância são o ponto de partida para se estimar os parâmetros genéticos (BARBIN, 1993).

Falconer (1987) ressalta que estudar e conhecer as magnitudes da variabilidade, dos seus componentes e das suas causas é fundamental no entendimento das propriedades genéticas da população a ser melhorada. O valor fenotípico, medido no indivíduo, é constituído por uma parte genética (chamado de valor genotípico) e outra ambiental, sendo esta última perturbadora na seleção. Uma terceira parte, chamada interação genótipos x ambientes, surge quando a população é avaliada em vários ambientes (locais, colheitas, etc).

Como o interesse do melhorista é o genótipo e não o fenótipo, a quantificação do valor genotípico frente ao ambiental torna-se útil para antever o sucesso ou não do programa de melhoramento. O valor genotípico é composto basicamente por três componentes: variâncias aditiva, dominante e epistática. A importância de cada uma delas dependerá do objetivo e da estratégia de seleção a ser utilizada no programa. Caso o interesse do melhorista seja desenvolver cultivares de espécies de reprodução sexuada, ou então aplicar a seleção recorrente, a magnitude da variância genética aditiva passa a ter prioridade nos estudos e a dominante passa a ser um fator perturbador na seleção de genótipos superiores. Porém, se o programa é voltado para o desenvolvimento de cultivares oriundas de espécies de reprodução assexuada, a variância devido aos desvios de dominância, proporcionada pelas interações intra-alélicas, também é um fator determinante, juntamente com a variância aditiva, no ganho genético esperado com a seleção. Outra importância da variância dominante é em programas com o intuito de produzir híbridos heteróticos, onde se deseja que essa variância seja bem pronunciada. Além das variâncias aditiva e de dominância, uma terceira surge quando se considera a interação entre alelos de genes diferentes, denominada epistasia (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Toda a variação observada no fenótipo, que não seja devida a causas genéticas, é denominada variância ambiental e é considerada uma fonte de erro, comprometendo a precisão experimental. Sua existência pode ter origem em uma série de causas conhecidas, tais como fatores nutricionais ou climáticos, ou então por causas não identificáveis (FALCONER, 1987). Resende (2002) acrescenta ainda a existência, no caso de culturas

perenes, de efeitos ambientais permanentes, que estarão presentes na cova/parcela em todas as mensurações feitas no indivíduo (ex: presença de formigueiro, pedras, solo compactado, etc).

2.1.7 Natureza dos efeitos estatísticos nos modelos matemáticos

As mensurações realizadas nas plantas são explicadas por meio de modelos matemáticos, compostos por efeitos de naturezas fixa e/ou aleatória (JOMAR FILHO, 2002). Além destes efeitos, fazem parte dos modelos uma média geral, sempre considerada de efeito fixo, e o erro, sempre tido como aleatório. Os modelos ainda podem ser classificados como fixo (todos os efeitos, com exceção do erro, são fixos), aleatório (todos os efeitos, com exceção da média geral, são aleatórios) ou então como misto (tem efeitos fixos e aleatórios misturados). Escolher se determinado modelo classifica-se em um ou outro tipo não têm sido uma tarefa simples e tem gerado uma série de discussões na literatura (SEARLE; CASELLA; McCULLOCH, 1992; BUENO FILHO, 1997; SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2001).

a) Efeito de genótipos

Tradicionalmente a classificação do efeito de genótipos em fixo ou aleatório num modelo misto é feita da seguinte maneira: se há uma amostragem casual dos indivíduos na população o efeito de genótipos é tido como aleatório e os resultados podem ser extrapolados para toda a população. Se não há esse tipo de amostragem, isto é, os indivíduos são escolhidos fenotipicamente, esse efeito passa a ser de natureza fixa e os resultados são específicos para aquela situação experimental, ano ou local, para um resultado inerente ao observado no experimento (FERREIRA FILHO, 2009).

Outra condição para que o efeito de genótipos seja considerado como aleatório é quanto ao tamanho da população. Preconiza-se que para genótipos serem considerados efeitos aleatórios as populações devem ser de tamanho suficientemente grande. Searle, Casella e McCulloch (1992) relatam que não são necessários tamanhos infinitos para os efeitos serem aleatórios. Assim populações de dimensão finita também permitem que os efeitos de genótipos sejam classificados como aleatório, necessitando apenas de algumas adaptações metodológicas para validar este conceito. Kennedy (1981) sugere utilizar estimadores para tal, pois estes minimizam a flutuação ocasionada pela mudança do efeito fixo para o aleatório, ou em outras palavras, um estimador aproxima uma média observada em uma determinada

população, de tamanho reduzido (finito), a uma média global generalizada (tamanho infinito), validando as estimativas. O REML (máxima verossimilhança restrita) é um exemplo destes estimadores, em que se elimina o viés devido a mudanças nas frequências alélicas causadas pela seleção, através da utilização da matriz de parentesco completa. Essa matriz de parentesco leva em consideração os efeitos da seleção, como a endogamia e o desequilíbrio de ligação (SORENSEN, 1988 citado por RESENDE, 2007a).

Vários autores, entre eles Piepho (1994); Duarte (2000); Duarte e Vencovsky (2001); Smith, Cullis e Thompson (2001); Resende (2002); Resende e Duarte (2007) enfatizam a necessidade de se considerar os materiais genéticos como de efeitos aleatórios, mesmo se estes materiais forem tidos como de efeitos fixos pelas abordagens tradicionais anteriormente relatadas. Como consequência desta seleção as esperanças, as variâncias e as covariâncias são alteradas, o que resulta em estimativas e previsões viesadas (HENDERSON, 1975). Para evitar estas consequências, Piepho, Büchse e Emrich (2003) afirmam que a teoria dos modelos mistos se ajusta a dados obtidos a partir de experimentos em que os níveis de um fator foram selecionados em uma população, isto é, não são amostras aleatórias.

Smith, Cullis e Thompson (2001) acrescentam que a escolha depende do objetivo: se a finalidade é presumir o desempenho futuro do material em seleção isto só será conseguido se for assumido que os efeitos de genótipos são aleatórios, caso contrário a seleção é fenotípica e não genotípica.

Resende e Duarte (2007) demonstraram que quando o número de genótipos for acima de 10 devem-se considerar como aleatórios os efeitos, pois estatisticamente essa consideração minimiza o erro quadrático médio na previsão dos verdadeiros valores genéticos. Piepho; Büchse e Emrich (2003) recomendam que quando o número de tratamentos/genótipos for superior a cinco, estes devem ser classificados como aleatórios também.

Resende (2007a) é bem enfático sobre o tema: “A questão de assumir efeitos de genótipos como fixos ou aleatórios merece um comentário adicional. O melhorista de plantas, em geral, assume facilmente que os efeitos de blocos são aleatórios, mesmo quando se têm apenas dois ou três deles previamente escolhidos em uma área restrita da área de plantio. Por outro lado, o mesmo melhorista geralmente tem dificuldade em assumir que cinco, dez, vinte ou mesmo cinquenta genótipos possam ser tratados como de efeitos aleatórios, mesmo sabendo-se que, intrinsecamente, os efeitos genotípicos são variáveis aleatórias não observáveis. Isso constitui um contra-senso que precisa ser vencido...”.

b) Efeito de blocos

A decisão de escolher se o efeito de blocos deve ser de origem fixa ou aleatória é também uma discussão que gera inúmeras opiniões na literatura.

Há uma tendência de se tratar o efeito de blocos como aleatórios, permitindo conclusões mais amplas. Normalmente os blocos não são amostras aleatórias (o que são casualizados são os tratamentos e não os blocos, segundo Resende 2002) ou por serem escolhidos ou por estarem próximos, o que pode causar a subestimação do erro padrão da média (PIEPHO, 1997). O autor conclui ainda que não é fácil decidir a natureza dos efeitos e neste caso é melhor classificá-los como fixos, reduzindo os erros de uma escolha incorreta.

Gusmão (1986) observou que, para serem considerados aleatórios, os blocos não devem ser alocados de forma sistemática como geralmente o são. Por outro lado, assumir blocos como fixos significa que a população está confinada apenas aos blocos incluídos no experimento, o que também não parece correto.

Resende (2002) apresentou justificativas para considerar os efeitos de blocos como fixos no melhoramento de perenes. O bloco não contribui com informações genéticas a respeito dos indivíduos, pois devido à homogeneidade dentro dele os indivíduos são eminentemente comparáveis; já para a comparação dos indivíduos entre os blocos há necessidade de se fazer um ajuste dos valores individuais para os efeitos dos blocos, a fim de não correr o risco de estes valores serem viesados. A maneira de se conseguir esta condição é classificar o efeito de blocos como fixo, o que torna os dados não influenciados pelo efeito dos blocos e não viciados devido à correlação entre os efeitos de blocos e nível genético dos indivíduos que neles se desenvolvem. O autor acrescenta que, de maneira geral, blocos completos devem ser classificados como fixos quando o número de blocos for inferior a cinco e aleatórios quando maior que 10, ao passo que entre seis e dez é melhor tratá-lo como aleatórios. Delineamentos em blocos incompletos, como o látice, devem ser tidos como aleatórios, a fim de recuperar as informações entre os blocos para a estimação dos efeitos dos tratamentos (recuperação da informação interblocos). Dessa maneira os ajustamentos das médias combinam os contrastes de parcela dentro do bloco e dos contrastes entre os blocos. A análise intrabloco resulta em médias possivelmente viciadas ao passo que a análise interbloco elimina esta possibilidade.

2.1.8 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 (2002, 2007a) 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 (RESENDE, 2002; RIZZATTO, 2011).

Um ponto importante para esclarecimentos são as diferenças, às vezes confundidas, entre as análises de medidas repetidas e parcelas subdivididas. Nas análises de parcelas subdivididas assume-se que as medições durante os anos são igualmente correlacionadas ao passo que nas análises de medidas repetidas isto não se verifica, pois as medições nos primeiros anos são mais próximas e conseqüentemente mais correlacionadas do que as de tempos mais distantes (LITTELL; HENRY; AMMERMAN, 1998). Estas diferentes correlações não podem ser desprezadas, pois a suposta significância da diferença entre as médias dos tratamentos é grosseiramente exagerada e a sensibilidade dos testes para interação é seriamente reduzida. Quando a correlação de erros é ignorada, as inferências podem ou não ser distorcidas, dependendo do grau de homogeneidade das variâncias e covariâncias dos dados nas diferentes épocas (RIBOLDI, FERNANDEZ; CASTRO, 1996).

Outro ponto a considerar é que os dados obtidos em um mesmo indivíduo durante vários anos e analisados em estrutura fatorial no arranjo de parcelas subdivididas, violam duas pressuposições requeridas pela análise de variância: a falta de casualização entre tratamentos e colheitas e a não independência de erros devido ao fato de as medidas serem tomadas sobre as mesmas unidades experimentais ao longo do tempo (REZENDE; FERREIRA; MUNIZ, 1999). Num verdadeiro experimento em parcelas subdivididas tanto as parcelas quanto as subparcelas são casualizadas, o que não acaba sendo possível em um experimento em medidas repetidas, onde apenas as parcelas (tratamentos) são aleatorizadas, mas as subparcelas (colheitas) não o são. Dessa forma, Gill (1986), citado por Resende (2002), acrescenta que uma análise de variância usual pode não ser válida, porque, com a falta da aleatorização, os erros correspondentes às respectivas unidades experimentais ou indivíduos podem ter uma matriz de covariâncias que não é igual àquela exigida para que a análise usual de um delineamento seja válida, isto é, com variâncias homogêneas.

Os experimentos em parcelas subdivididas são aconselháveis em alguns casos em que se pretende estudar dois tipos de tratamentos, como por exemplo, genótipos e níveis de adubação. Neste caso, cada parcela, contendo certo genótipo, é repartida em subparcelas, cada uma com os níveis de adubação. Tanto parcelas como subparcelas são casualizadas e existem dois resíduos distintos: o resíduo (a), referente às parcelas, e o resíduo (b) correspondente às subparcelas dentro de parcelas (GOMES, 2000).

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, 2002).

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, 2002; BUENO FILHO, 1997).

Resende (2007a) 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.

2.1.8.1 Estimação dos componentes de variância

A estimação dos componentes de variância utilizando modelos mistos é realizada pelo princípio da verossimilhança. Os principais métodos utilizados são Método da Máxima Verossimilhança (ML) e o Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). As vantagens de se usar esta metodologia é a impossibilidade de obter resultados negativos nas estimativas dos componentes de variância e de permitir levar em conta os efeitos decorrentes da seleção (McCULLOCH; SEARLE, 2001; RESENDE, 2002).

a) Método da Máxima Verossimilhança (ML)

Este método foi desenvolvido por Fisher em 1922, sendo apresentado por Hartley e Rao em 1967 após os trabalhos impactantes de Henderson publicados em 1953 (RESENDE, 2007a).

“O método consiste na obtenção do ponto de máximo de uma função de verossimilhança, que é a função densidade de probabilidade conjunta dos pontos amostrais. Este máximo é obtido por derivação da função de verossimilhança (L) em relação ao parâmetro de interesse” descreve Resende (2002).

Nos casos de dados desbalanceados, estes estimadores apresentam suficiência (condensação máxima da informação da amostra e independente do parâmetro), consistência (a precisão das estimativas não é afetada pelo aumento da amostra), eficiência (tem variância mínima) e invariância à translação (a estimação dos componentes de variância não é prejudicada por mudanças nos efeitos fixos) (RESENDE, 2002).

A sua principal limitação é o fato de não levar em conta a perda dos graus de liberdade resultantes da estimação dos efeitos fixos do modelo, resultando em estimativas viesadas (RESENDE, 2002).

b) Método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML)

O método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971), é uma adaptação do método ML.

Por não apresentar o problema de viés mostrado pelo ML, pois leva em consideração os graus de liberdade dos efeitos fixos, o seu uso tem sido incentivado no melhoramento de espécies perenes para estimar os componentes de variância. Além disso, o REML não afeta as estimativas dos componentes de variância na presença de efeitos fixos no modelo matemático (McCULLOCH; SEARLE, 2001; RESENDE, 2002).

O REML possui ainda a grande vantagem de eliminar também o viés causado pela mudança nas frequências alélicas decorrentes da seleção. Isto é conseguido por meio do uso da matriz de parentesco completa, o que torna possível a obtenção de componentes de variância de uma população-base onde se efetuou a seleção, e a predição de valores genéticos de indivíduos de qualquer geração (VAYEGO; DIONELLO; FIGUEIREDO, 2008).

A função de verossimilhança nesta metodologia é dividida em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos e outras aos efeitos aleatórios, sendo a parte aleatória totalmente livre dos efeitos fixos. A função densidade de probabilidade das observações é dada pela soma de cada uma destas funções separadamente (PATTERSON; THOMPSON, 1971). O viés verificado no método ML, decorrente da perda de graus de liberdade na estimação dos efeitos fixos do modelo, é eliminado através da maximização da função densidade de probabilidade referente aos efeitos aleatórios (JOMAR FILHO, 2002).

Na verdade, o REML é uma generalização da ANOVA para situações mais complexas, como as verificadas em plantas perenes. Para situações simples, os procedimentos ANOVA e REML são equivalentes e produzem resultados semelhantes, mas para situações mais complexas a ANOVA é um procedimento apenas aproximado (RESENDE 2002; 2007a).

2.1.8.2 Estimação/Predição dos componentes de médias

O interesse inicial do melhorista de plantas está no valor genotípico do indivíduo, para posterior ordenação e seleção dos melhores. Não interessa, neste sentido, estimar ou prever a média fenotípica, pois esta nunca se repetirá quando estes indivíduos forem plantados novamente (RESENDE, 2007a, RESENDE; DUARTE, 2007).

Resende (2007a) afirma que os testes de médias tradicionalmente utilizados para o ordenamento das médias não são os mais apropriados para tal finalidade, apresentando três justificativas: são aplicados em médias fenotípicas e não genotípicas; foram desenvolvidos considerando os efeitos de tratamentos como fixos e admitem a homogeneidade da variância residual, fato que dificilmente é observado no melhoramento de culturas perenes. Estes testes têm pouca aplicabilidade quando o número de tratamentos for maior que cinco, os efeitos de tratamentos forem aleatórios e não ocorrer a homogeneidade da variância residual (PERECIN; BARBOSA, 1988; RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005; RESENDE, 2002).

Para se conhecer os valores genotípicos o mais importante é escolher corretamente o método de estimação/predição. Há três classes de estimadores para se conhecer os valores genéticos dos tratamentos: estimadores de James-Stein, Bayesianos e BLUP. Caso o número de tratamentos for inferior a oito as duas primeiras classes apresentam como inconveniência a presença do viés, mas acima de oito passam a ser não viesados. A terceira classe, o BLUP (Melhor Preditor Linear Não-Viesado), não é afetada pelo viés caso o número de genótipos seja inferior a oito. Todos os três métodos são similares quando o número de tratamentos for grande, mas o BLUP é mais recomendado no caso de dados desbalanceados e por ser de mais fácil aplicação (RESENDE, 2002; PIEPHO et al., 2008).

Mesmo que os três métodos apresentem a mesma eficácia, quando o número de genótipos for grande, Resende (2002) sugere que o BLUP deve ser o escolhido, pois ele maximiza a acurácia seletiva, minimiza a diferença entre os valores genéticos preditos e os verdadeiros, maximiza a probabilidade de selecionar o melhor entre dois indivíduos quaisquer, ou o melhor entre vários indivíduos, e maximiza o ganho genético esperado por ciclo de seleção. Resende e Duarte (2007) agregam ainda que o BLUP permite o uso

simultâneo de várias fontes de informação tais quais aquelas advindas de experimentos instalados em um ou vários locais e avaliados em uma ou várias colheitas; considera o desbalanceamento; usa todos os efeitos do modelo; utiliza o parentesco genético entre indivíduos sob avaliação; considera a coincidência entre unidade de seleção e unidade de recombinação.

2.1.8.3 Teste de significância nos modelos mistos

Resende (2007a) afirma que o teste da razão de verossimilhança (LRT) é o mais adequado para a análise de dados desbalanceados no lugar do tradicional teste F empregado no método da análise de variância. A tabela criada pelo LRT, denominada de Análise de Deviance (ANADEV), é análoga à tabela gerada pela análise de variância. A deviance, que mede a qualidade do ajuste entre os dados observados e os gerados pelo modelo, é dada pela diferença do logaritmo da função de verossimilhança do modelo superparametrizado em relação ao logaritmo da função de verossimilhança do modelo em pesquisa. A ANADEV é feita do seguinte modo:

- testam-se os modelos com e sem o efeito de interesse, através da obtenção do ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L);
- obtém-se a deviance ($D = -2 \text{ Log L}$) para estes modelos;
- a razão de verossimilhança (LR) é obtida subtraindo-se as deviances entre modelos com e sem o seu efeito de interesse;
- utilizando-se o teste qui-quadrado, com 1 grau de liberdade, testa-se, via LRT, a significância dessa diferença.

2.1.9 Parâmetros genéticos

A estimação de parâmetros genéticos é uma ferramenta valiosa na seleção, pois permite conhecer a estrutura e o potencial genético da população em estudo e dá aporte técnico para selecionar os indivíduos eficientemente (RAMALHO; SANTOS; PINTO, 2000; VENCOVSKY, 1987), sem custo adicional aos programas de melhoramento.

Resende (2002) relacionou os principais parâmetros genéticos populacionais essenciais à aplicação da genética quantitativa no melhoramento, entre eles: coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito, coeficientes de variação genética e relativa, ganho genético esperado com a seleção, repetibilidade, entre outros.

Os poucos trabalhos sobre genética quantitativa no melhoramento da espécie *C. canephora* foram realizados por pesquisadores franceses na África, sendo escassos os produzidos no Brasil, entre eles os de Fonseca et al. (2004), Ferreira et al. (2005) e Ferrão et al. (2008). Nestes artigos os parâmetros genéticos foram estimados em cafeeiros pertencentes ao grupo Guineano.

2.1.9.1 Coeficiente de herdabilidade

A herdabilidade é o parâmetro genético de maior importância e aplicação nos programas de melhoramento de plantas. Sua compreensão ampara as tomadas de decisões sobre os melhores procedimentos e estratégias a serem adotadas nas diferentes etapas no desenvolvimento de uma cultivar (FALCONER, 1987; REIS, 2000).

A sua relevância está no fato de poder mostrar o quanto os efeitos genéticos estão presentes no fenótipo do indivíduo, pois é o valor genotípico que interessa e que influenciará a próxima geração (FALCONER; MACKAY, 1996).

O seu valor, resultado da razão entre as variâncias genética e fenotípica, oscila entre zero e um. Se igual à unidade o genótipo determina o fenótipo completamente e o ambiente não afeta a sua expressão; se igual a zero a causa da variabilidade fenotípica observada no caráter em seleção é decorrente do ambiente e não dos efeitos genéticos, não havendo nenhuma correlação entre o valor genético e o valor fenotípico, inviabilizando a seleção (FALCONER, 1987).

Estimativas da herdabilidade obtidas por diferentes pesquisadores e condições experimentais deverão ser comparadas com muito cuidado, pois alguns fatores influenciam estas estimativas, tais como o tamanho de parcela, a densidade populacional, o tamanho das amostras, bem como diferenças populacionais e ambientais (VENCOVSKY, 1987; RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMAN, 1993). Qualquer generalização poderá resultar em interpretações errôneas. Experimentos com a finalidade de estimar herdabilidades devem ser conduzidos em ambiente semelhante aos quais as estimativas serão aplicadas, assim a interação genótipos x ambientes não inflacionará a variância genética. Apesar disso, as diferenças encontradas na literatura entre os valores do coeficiente de herdabilidade são intrínsecas para um determinado caráter (RAMALHO; SANTOS; PINTO, 2000).

Uma das maneiras de elevar os valores da herdabilidade de um caráter é reduzir a variância residual, conseguida pela uniformização do ambiente experimental ou pelo aumento da variância genética, a qual é dependente da variabilidade genética presente na população em

estudo (ALLARD, 1971; FALCONER, 1987; VENCOVSKY, 1987; RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMAN, 1993).

A herdabilidade pode ser classificada em sentido amplo ou restrito, estando no numerador à diferença entre ambas. No sentido amplo todos os componentes da variância genotípica estão contemplados e no sentido restrito apenas a variância genética aditiva está presente no numerador. Uma das contribuições relevantes deste parâmetro é predizer o ganho genético obtido pela seleção (ALLARD, 1971; FALCONER; MACKAY, 1996).

Em espécies de reprodução sexuada, sob seleção seguida de recombinação, a herdabilidade no sentido restrito é a que deve ser usada enquanto naquelas propagadas assexuadamente utiliza-se a herdabilidade no sentido amplo, pois os genótipos são herdados integralmente pelos descendentes (SOUZA JÚNIOR 1999, 2001, 2011).

Segundo Falconer e Mackay (1996) nem sempre um alto valor de herdabilidade é indicação de ganhos genéticos elevados, pois altas herdabilidades podem ocorrer em caracteres de pequena variância genética aditiva, desde que a influência do ambiente no caráter seja pequena. O importante na avaliação da herdabilidade, como indicativo da predição, é saber quanto do diferencial de seleção se espera reter, em virtude da seleção, na geração seguinte. Assim, para os caracteres que apresentam alto coeficiente de herdabilidade restrito, associado a um diferencial de seleção elevado, espera-se maior ganho com a seleção.

De maneira geral, a produtividade é um caráter que apresenta baixa herdabilidade, o que pode ser atribuído ao comportamento puramente quantitativo deste caráter, em função do grande número de genes que o governam, permitindo maior influência ambiental e, conseqüentemente, uma diminuição da relação entre a variância genética e a fenotípica.

Em *Coffea canephora*, Leroy et al. (1994) encontraram, em genótipos pertencentes ao grupo Congolês, as seguintes estimativas de herdabilidade em sentido restrito: primeira colheita = 0,28; segunda colheita = 0,27; terceira colheita = 0,15; quarta colheita = 0,14; colheitas acumuladas = 0,38.

Fonseca (1999) e Ferrão et al. (2008), em estudos de estimativas de parâmetros genéticos envolvendo diferentes caracteres e clones de café Conilon, do grupo Guineano avaliados no estado do Espírito Santo, verificaram que o coeficiente de determinação genotípico (H^2), semelhante ao coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, foi superior a 70% para diversos caracteres. No trabalho desenvolvido por Ferrão et al. (2008) os coeficientes de determinação genotípico por colheita individual variaram entre 0,83 e 0,91 em cinco colheitas.

2.1.9.2 Coeficientes de variação genética e relativa

Os coeficientes de variação genética e relativa complementam as informações sobre a quantificação da variabilidade genética da população.

O coeficiente de variação genética ($CV_g\%$), que expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter, permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente na população (RESENDE, 2002). Este parâmetro é influenciado pela média do caráter estudado.

O coeficiente de variação relativa ($CV_r\%$), ou o índice “b”, é o parâmetro que auxilia a detectar a variabilidade genética em uma população, obtido pela relação entre os coeficientes de variação genética e experimental, não influenciado, portanto, pela média do caráter. Segundo Vencovsky (1987), “esse índice possui a vantagem de fornecer real grandeza do incremento de um caráter dentro de um conjunto de indivíduos em estudo. Quando essa relação é igual ou maior que 1,0, em experimentos com progênies de milho, a condição é altamente favorável no que diz respeito à seleção”.

2.1.9.3 Ganho genético após a seleção

Verificada a presença da variabilidade genética na população de trabalho e, principalmente o valor desta em relação à ambiental, a seleção assume grande importância no ganho genético. A seleção objetiva acumular alelos favoráveis no caráter a ser melhorado (REIS et al., 2004).

A estimativa do ganho genético, ou o progresso genético, serve para aferir a eficiência dos métodos de seleção que estão sendo empregados. Caso estes métodos não estejam propiciando os resultados esperados, o melhorista poderá replanejar as estratégias seletivas subsequentes. Este parâmetro é sem dúvida uma das aplicações mais importantes da genética quantitativa no fitomelhoramento (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; RANGEL et al., 2000).

De forma geral, o ganho genético mede o aprimoramento da geração selecionada em relação à população anterior. Se o objetivo do programa for o desenvolvimento de cultivares propagadas sexualmente, a média da população melhorada equivalerá à média dos valores genéticos aditivos dos indivíduos selecionados, caso o objetivo seja cultivares clonais esta média equivalerá à média dos valores genotípicos totais (RESENDE, 2002).

Diversos fatores interferem direta ou indiretamente no ganho a ser obtido pela seleção, entre eles (VENCOVSKY, 1987; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992):

- **intensidade de seleção:** a sua manipulação dependerá do tempo em que os objetivos do programa deverão ser alcançados. Se a curto prazo, a seleção de poucos indivíduos ou progênes é aconselhada, porém os vieses desta alta pressão de seleção serão: i) redução mais drástica da variabilidade genética, comprometendo os ganhos a médio-longo prazos; ii) perda de alelos devido à redução do tamanho efetivo, principalmente se essa alta intensidade for aplicada em populações pequenas, introduzindo endogamia e reduzindo a média do caráter; iii) oportunidade de ocorrer elevada interação genótipos x anos, em que os melhores genótipos num determinado ano não sejam necessariamente os superiores na média de vários anos. Nessas situações a seleção dos poucos genótipos, os mais produtivos, poderá resultar num progresso inferior ao esperado. Se o objetivo planejado permitir resultados a médio-longo prazos a intensidade de seleção poderá ser mais moderada, tendo-se: a) menor progresso por ciclo, mas garantindo ganhos a um prazo mais longo pelo não esgotamento da variabilidade genética nos ciclos iniciais; b) menor perda de alelos, pois o tamanho efetivo populacional não é demasiadamente comprometido.

- **propriedades genéticas da população base:** populações que apresentem elevada variância genética aditiva tendem a ter maiores ganhos com a seleção.

- **controle parental:** a decisão de se empregar um ou outro genitor, ou ambos, influenciará no ganho a ser obtido com a seleção. Duas situações:

a) Seleção num só sexo - a seleção é feita apenas do lado materno e as plantas filhas recebem somente metade dos genes das plantas que sofreram seleção. Como o pólen é proveniente de qualquer uma das plantas da população, este esquema explora 50% da variância genética aditiva presente na unidade de seleção;

b) Seleção em ambos os sexos - a seleção é feita do lado materno e paterno, isto é, faz-se intercruzamentos apenas das plantas selecionadas. Este esquema aproveita 100% da variância aditiva. Em espécies perenes este esquema possibilita a seleção num ano e recombinação em anos subsequentes, por meio da poda/desbaste no campo dos indivíduos não selecionados. A sobreposição de gerações é uma vantagem apresentada pelas plantas perenes em relação às plantas anuais (SOUZA JÚNIOR, 2001).

2.1.9.4 Coeficiente de repetibilidade

O coeficiente de repetibilidade visa determinar o número de medições necessárias em um indivíduo ao longo de vários anos para prever o seu valor real com certo grau de confiabilidade. Tal estimativa é possível de ser obtida quando as medições são feitas repetidas vezes em um mesmo indivíduo, prática corriqueira em plantas perenes (RESENDE, 2002; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

A repetibilidade foi conceituada por Lush (1937), citado por Resende (2002), como sendo a correlação fenotípica intraclasses e, portanto, refere-se às correlações fenotípicas entre medições repetidas no mesmo indivíduo.

“Do ponto de vista prático, este parâmetro apresenta importância fundamental na predição de valores genéticos e genotípicos e na inferência sobre o aumento da eficiência seletiva pelo uso de um determinado número de medições por indivíduo, fator que permite determinar o número de colheitas a ser adotado em um programa prático de melhoramento genético” acrescenta Resende (2002).

Além de determinar o número mínimo de colheitas, este coeficiente aproxima-se da herdabilidade, em sentido amplo, quando se minimiza a variância causada pelos efeitos permanentes do ambiente. Este coeficiente depende da média geral, do efeito genotípico sobre o caráter, do efeito temporário e do ambiente atuando sobre aquele indivíduo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Elevado valor do coeficiente de repetibilidade (isto é, maior simetria entre as medidas) permitirá reduzir o número de medidas no indivíduo, otimizando e desonerando o programa de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

A repetibilidade também estabelece uma capacidade de ganho. Ampliando o número de medições, diminui-se a variância causada pelo ambiente temporário e, por consequência, a variância fenotípica é reduzida. Esta redução representa o ganho em precisão (FALCONER, 1987).

Na espécie *C. canephora* o único trabalho estimando este coeficiente foi realizado por Fonseca et al. (2004). Nesta pesquisa os autores concluíram que as quatro colheitas iniciais foram o suficiente para selecionar genótipos de café robusta com 80% de precisão, tornando-se inalterada a partir da sexta colheita.

2.1.10 Interação genótipos x ambientes e estabilidade genotípica

A oscilação da performance de um genótipo em determinado ambiente é a definição mais clássica para a interação destes dois fatores, fazendo com que os melhores genótipos em um ambiente podem não ser em outro (RESENDE, 2007a). Segundo Vencovsky e BARRIGA (1992) ambiente compreende clima, tipo de solo, comprimento do dia, grau de insolação, época de plantio e colheita, adubação, quantidade e distribuição de chuvas, variações de temperatura, entre outros.

Através da estimação de parâmetros genéticos é possível detectar e quantificar a presença da interação genótipos x ambientes (GxE) e minimizar os seus efeitos no desempenho genotípico. Esta interação poderá ser um fator prejudicial na seleção caso não seja apropriadamente detectada e mensurada, o que comprometeria os resultados do programa (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; RESENDE, 2007a).

O propósito de estudar a interação GxE é selecionar material com alta estabilidade (seja menos afetado pelas variações ambientais) e ampla adaptabilidade (seja cultivado em vários locais com a mesma performance). A experimentação realizada em vários anos e/ou regiões se faz útil para minimizar os efeitos desta interação, dando maior segurança ao melhorista no momento da seleção. Experimentação realizada em único ambiente influencia a média do caráter, devido ao efeito do local, e tende a inflacionar a variância genética, devido à presença da variância da interação GxE (RESENDE, 2007a).

Dependendo dos objetivos, a interação poderá ser favorável ou desfavorável à seleção. O efeito da interação é capitalizado na seleção quando determinado genótipo é avaliado em um ambiente e utilizado no mesmo; já o valor genotípico é prejudicado quando esta avaliação é feita em um local e o material é utilizado em outro local (RESENDE, 2007a).

Um genótipo estável, aquele que manifesta pequenas oscilações na sua performance quando cultivado em uma grande amplitude de ambientes, é um quesito de interesse sempre que se seleciona visando o desenvolvimento de novas cultivares (PINTO JÚNIOR. et al., 2006; RESENDE, 2007a).

Os métodos tradicionais utilizados para a análise da interação GxE em culturas anuais (ANOVA conjunta, método da regressão, métodos multiplicativos, etc) não são os mais adequados para espécies perenes pelas mesmas limitações apresentadas no item 2.1.8 (RESENDE, 2007a).

Segundo Piepho (1999) pode-se analisar a adaptabilidade e a estabilidade pelas metodologias habituais (Eberhart e Russel; Lin; Finlay e Wilkinson; Shukla) via REML/GLS, mas para isto devem-se considerar os efeitos de genótipos fixos e de ambientes aleatórios.

Resende (2007a) afirma que considerar o efeito de genótipos como aleatórios é mais pertinente, pois isso faz com que a estabilidade e adaptabilidade sejam genotípicas e não fenotípicas. O procedimento BLUP é o ideal, pois ele analisa os vários ambientes como se fossem diferentes caracteres e isto não é realizado pelos métodos tradicionais de estabilidade e adaptabilidade. Neste caso, são preditos valores genéticos para cada ambiente, para o ambiente médio e para novos ambientes. O BLUP considera intrinsecamente a heterogeneidade de variâncias, via transformação, ou ponderação prévia nos dados, sendo, portanto, o procedimento ideal (BUENO FILHO; VENCOVSKY, 2009).

Resende (2007a, 2002) mostra que esta ponderação “é feita multiplicando-se os dados por h_i/h_m , sendo h_i e h_m as raízes quadradas das herdabilidades no ambiente i e da média das herdabilidades em todos os ambientes, respectivamente. Esta ponderação considera tanto a heterogeneidade das variâncias genéticas quanto ambientais e mostrou-se superior a outras ponderações (transformações) comumente relatadas na literatura, as quais são baseadas apenas no desvio padrão fenotípico. A ideia de aplicar a razão entre as raízes quadradas da herdabilidade no ambiente i (h_i) e da média das herdabilidades em todos os ambientes (h_m) visa considerar tanto a heterogeneidade das variâncias genéticas quanto as residuais. Considerando que o BLUP aplicado na análise de dados de todos os ambientes simultaneamente pondera as informações por uma herdabilidade média válida para todos os anos, verifica-se que o valor esperado da ponderação final dos dados de cada ambiente, realizada pela correção seguida pela aplicação do BLUP, é dada aproximadamente por $(h_i/h_m).h_m^2 = h_i.h_m$. Verifica-se que essa ponderação depende simultaneamente da herdabilidade do ambiente alvo (no caso, o ambiente médio de todas as safras) e da confiabilidade dos dados de cada ambiente, dada por uma função (h_i) da herdabilidade de cada ambiente. Quanto menor a herdabilidade de um ambiente, menor será o peso dado à informação desse ambiente e quanto maior a herdabilidade em um ambiente, maior será o peso dado à informação desse ambiente. Isto é coerente e desejável na prática”.

O BLUP sob médias harmônicas, chamado de Média Harmônica dos Valores Genotípicos (MHVG), é o método ideal para o ordenamento dos genótipos considerando concomitantemente os valores genéticos e a estabilidade. Um maior MHVG será conseguido quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico entre os ambientes. O método MHVG tem a vantagem de fornecer resultados na escala de medição do caráter

avaliado. As principais vantagens de se utilizar a MHGV: considera os efeitos genotípicos como aleatórios; permite lidar com dados desbalanceados, delineamentos não ortogonais e com heterogeneidade de variâncias; considera os erros correlacionados dentro de ambientes; fornece valores genéticos já descontados da instabilidade; gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado; não depende da estimação e interpretação de outros parâmetros, como os coeficientes de regressão; elimina os ruídos da interação GxE, pois considera a herdabilidade desses efeitos (RESENDE, 2007a).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material

Em 1974 foi realizada uma seleção fenotípica individual numa população de progênies de polinização livre (meios-irmãos) pertencentes à espécie *Coffea canephora* (café robusta), instalada no Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE) na cidade de Turrialba na Costa Rica, localizada na latitude 9°53'N, longitude 83°40'W e altitude de 600 metros. A temperatura média anual é de 21,8°C e precipitação anual de 2.400 mm. O clima do local é classificado como tropical úmido e seu solo é vulcânico.

Esta seleção visual, realizada no campo, teve como alvo principal a produção de frutos, porém outros aspectos das plantas também foram levados em consideração, tais como: vigor vegetativo, maturação e tamanho dos frutos, porte da planta e incidência de doenças. Selecionaram-se, então, 21 plantas desta população, sendo 19 do grupo Congolês e duas do grupo Guineano, das quais se retiraram sementes.

As sementes, provenientes das 21 progênies selecionadas na Costa Rica (Tabela 1), foram semeadas em sacos de polietileno, em condição de viveiro e o plantio no campo foi realizado quando as mudas apresentaram seis pares de folhas.

Esse experimento foi instalado, em 1975, no Pólo Regional do Nordeste Paulista - Mococa (SP), da APTA (Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, pertencente à Secretaria de Agricultura do Estado de São Paulo), localizado na latitude 21°28'S, longitude 47°01'W e altitude de 665 metros. O clima do local é tropical, apresentando temperatura média anual de 22,5°C e precipitação anual de 1.500 mm. O solo é do tipo podzólico vermelho-escuro, textura média-argilosa.

O delineamento utilizado foi um látice balanceado 5 x 5 quadruplicado, com seis repetições por experimento (por látice), totalizando 24 repetições, contendo 21 progênies de *C. canephora* (sementes) e quatro cultivares de *C. arabica* (espécie autógama, tetraplóide e autocompatível), com uma planta por parcela, no espaçamento de 4,00 metros entre fileiras x 3,00 metros entre plantas, correspondendo a 833 plantas.ha⁻¹.

Neste trabalho foram consideradas 12 colheitas, realizadas entre 1979 e 1992. Em 1984, após seis anos consecutivos de produções de grãos (1979-1984), procedeu-se a recepa (poda) de todas as plantas devido às condições climáticas adversas ocorridas neste período e que prejudicaram o desenvolvimento das mesmas. Esta poda, de renovação, consistiu na eliminação de toda a parte aérea da planta, cortando-se a uma altura aproximada de 40 cm do

Tabela 1 - Origem das progênies de *Coffea canephora* selecionadas em Turrialba, Costa Rica, avaliadas no experimento instalado em Mococa, SP

Progênies	Nº Turrialba	Nº IAC	Grupo	Origem
1	T 2403	IAC 2255	Congolês	Costa Rica
2	T 2772	IAC 2256	Congolês	Costa Rica
3	T 3756	IAC 2257	Congolês	Costa Rica
4	T 3561	IAC 2258	Congolês	Costa Rica
5	T 3759	IAC 2259	Congolês	Costa Rica
6	T 3759	IAC 2260	Congolês	Costa Rica
7	T 5114	IAC 2261	Congolês	Costa Rica
8	T 3418	IAC 2262	Congolês	Costa Rica
9	T 3740	IAC 2263	Congolês	Costa Rica
10	T 3717	IAC 2264	Congolês	Costa Rica
11	T 3517	IAC 2265	Congolês	Costa Rica
12	T 2535	IAC 2266	Congolês	Uganda
13	T 3562	IAC 2286	Congolês	Congo
14	T 3695	IAC 2290	Congolês	África Ocidental
15	T 3755	IAC 2291	Congolês	Costa Rica
16	T 3758	IAC 2292	Congolês	Costa Rica
17	T 2399	IAC 2284	Guineano	Costa Rica
18	T 2771	IAC 2285	Guineano	Costa Rica
19	T 2773	IAC 2287	Congolês	Uganda
20	T 3563	IAC 2288	Congolês	Costa Rica
21	T 3676	IAC 2289	Congolês	Madagascar

Os tratamentos 22 a 25 foram quatro cultivares de café arábica, sendo duas de porte baixo (Catuaí IAC144 e Catuaí IAC 44) e duas de porte alto (Mundo Novo IAC 388 e Mundo Novo IAC 374).

solo (THOMAZIELLO et al., 2000). Após esta poda realizaram-se mais seis colheitas consecutivas (1987-1992).

As produções de grãos foram pesadas em kg.planta^{-1} de café da roça, terminologia utilizada para designar o café proveniente do campo, o qual é colhido de uma única vez e constituído por uma mistura de frutos maduros (em sua maioria), verdes (imaturos), passas (frutos mais do que maduros) e secos (INSTITUTO BRASILEIRO DO CAFÉ, 1981).

Em 2004 foi realizado o primeiro ciclo de seleção, também fenotípica, com base em vários critérios, entre eles:

- produção total acumulada e produção média de café da roça por planta e por ano, totalizando 12 colheitas;
- porte de plantas, maturação e tamanho dos frutos, tipo de grãos (chato, moca e concha), rendimento de café da roça/beneficiado, massa de 1.000 sementes, peneira média;
- vigor vegetativo.

Fez-se inicialmente a seleção entre as melhores progênies seguida da seleção das melhores plantas dentro destas progênies. Excepcionalmente, selecionaram-se plantas ótimas dentro de progênies com produções médias e baixas.

Com base nestes dados foram selecionadas 50 plantas, apenas do Grupo Congolês, do experimento em Mococa (SP) das quais retiraram-se estacas (segmentos do ramo ortotrópico) para a formação de mudas clonais, forma em que, preferencialmente, esta espécie é cultivada no Brasil. No entanto, devido a problemas de enraizamento, pegamento e/ou doenças ocorridas no viveiro, o número de tratamentos inicialmente idealizado para o novo experimento (50) não foi alcançado.

As mudas clonais, que apresentaram um bom desenvolvimento vegetativo ao atingiram seis pares de folhas, foram plantadas no campo em Campinas (SP).

O experimento clonal foi instalado no Centro Experimental Central do Instituto Agrônômico de Campinas (CEC/IAC/APTA) em 2005, seguindo o delineamento de blocos ao acaso, com 28 tratamentos (Tabela 2), três repetições, quatro plantas por parcela no espaçamento de 4,00 x 1,50 metros, correspondendo a $1.667 \text{ plantas.ha}^{-1}$. Foram realizadas cinco colheitas (2008-2012) e cada planta teve o seu peso expresso em kg.planta^{-1} de café da roça.

Encontra-se na Figura 1 o resumo das seleções efetuadas durante este período.

Tabela 2 - Origem dos clones de *Coffea canephora* selecionados em Mococa (SP) e avaliados no experimento instalado em Campinas (SP)

Clone	Mococa (SP)		Clone	Mococa (SP)	
	Progênie	Planta		Progênie	Planta
	n°			n°	
1	10	258	15	18	524
2	7	206	16	11	393
3	15	4	17	21	350
4	1	187	18	21	294
5	21	47	19	3	390
6	19	175	20	18	309
7	7	196	21	5	293
8	7	2	22	19	282
9	1	72	23	19	552
10	9	15	24	20	491
11	19	394	25	4	478
12	19	349	26	17	402
13	21	421	27	14	289
14	19	249	28	12	321

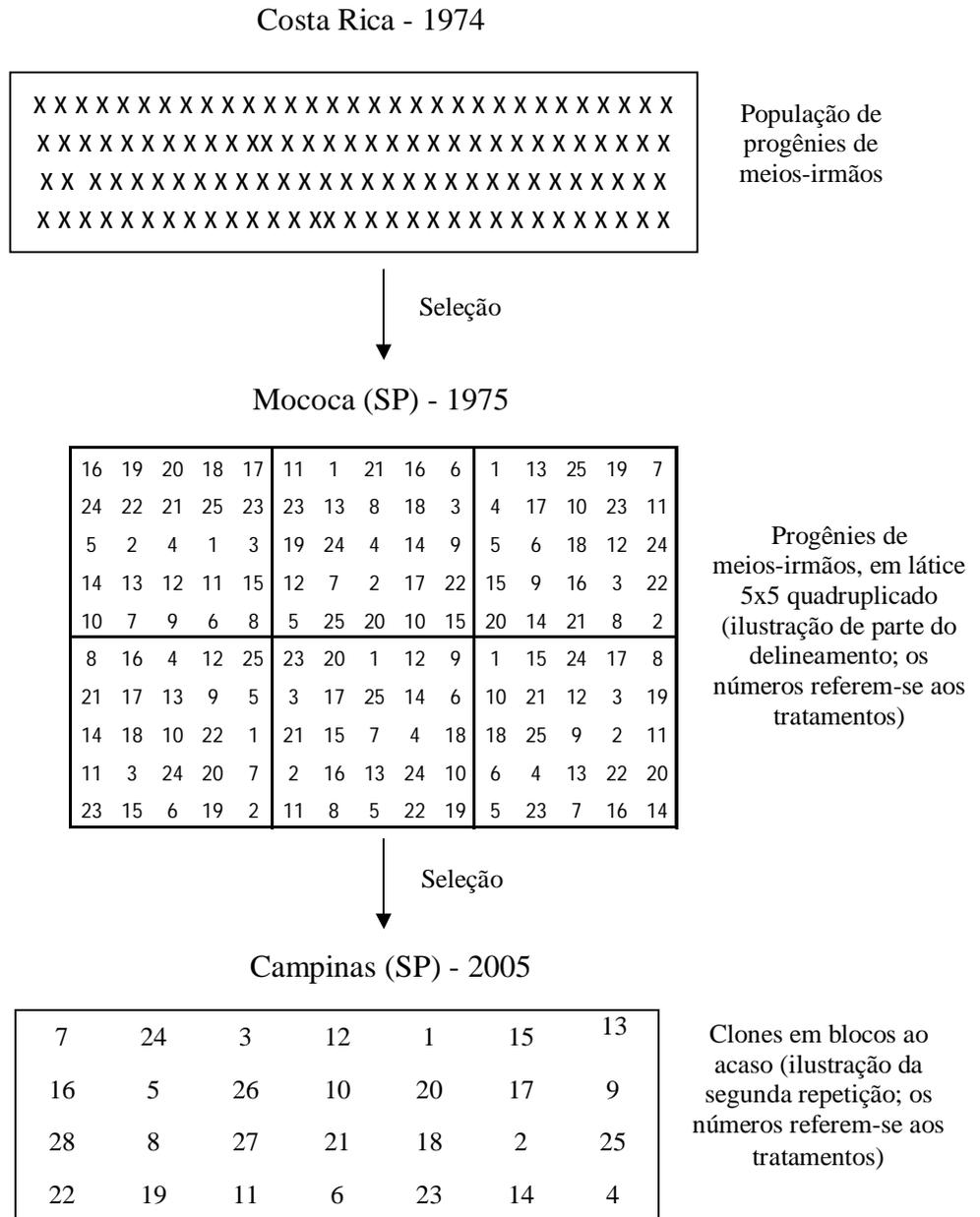


Figura 1 - Fluxograma, exemplificado, das seleções efetuadas desde a população original da Costa Rica até o experimento clonal instalado em Campinas

3.2 Métodos

As análises biométricas realizadas neste trabalho tiveram o intuito de conhecer o potencial genético da população introduzida da Costa Rica e identificar plantas, nesta população, com potencial produtivo para clonagem, a fim de se tornarem, num futuro próximo, as primeiras cultivares clonais de café robusta para o estado de São Paulo. Para tanto, dividiu-se este trabalho em duas frentes:

- **Experimento, ou teste, de progênies (Mococa - SP):** visou estimar o valor da variância genética aditiva remanescente da seleção fenotípica realizada na população da Costa Rica; propor metodologias de seleção na presença de anos atípicos; verificar a viabilidade de efetuar a seleção recorrente para o melhoramento gradual desta população; selecionar plantas superiores para clonagem.

- **Experimento, ou seleção, clonal (Campinas - SP):** objetivou verificar a existência, após o primeiro ciclo de seleção fenotípica, da variância genética total remanescente a ser explorada numa próxima etapa, caso necessário, para o desenvolvimento de uma cultivar clonal. Na época desta primeira seleção, as análises biométricas realizadas neste trabalho não estavam disponíveis, de maneira que a seleção em Mococa (SP) foi realizada considerando todas as colheitas, independentemente dos períodos antes e depois da poda das plantas e das adversidades climáticas ocorridas no início da coleta dos dados.

3.2.1 Experimento de progênies (Mococa - SP)

A partir do experimento realizado com as progênies em Mococa - SP, descrito no item 3.1, foram realizadas análises estatístico-genéticas para o caráter produção de grãos por planta para as seguintes combinações de colheitas:

- 12 colheitas realizadas entre 1979-1984 e 1987-1992 (análise conjunta). Os anos de 1985 e 1986 não fizeram parte das análises, pois em 1985 as plantas estavam no período de desenvolvimento vegetativo e em 1986 apenas algumas plantas produziram frutos e esta produção foi inexpressiva no geral;
- seis colheitas realizadas antes das podas das plantas entre 1979 e 1984 (análise conjunta);
- seis colheitas realizadas após as podas das plantas entre 1987 e 1992 (análise conjunta);
- duas colheitas consideradas de altas produções de grãos realizadas após as podas das plantas, em 1990 e 1991 (análise conjunta);

- duas colheitas consideradas de baixas produções de grãos realizadas após as podas das plantas, em 1989 e 1992 (análise conjunta);
- cada uma das seis colheitas realizadas após as podas das plantas, entre 1987 e 1992 (análises individuais).

a) Análises conjuntas

As análises conjuntas foram realizadas considerando a abordagem de modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP) por meio do *software Selegen* (RESENDE, 2007b), em que os componentes de variância são estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos preditos pela melhor predição linear não viesado (BLUP), através da matriz de parentesco. Essa metodologia foi adotada uma vez que nos modelos matemáticos utilizados há presença de efeitos fixos e aleatórios concomitantemente e/ou as avaliações realizadas durante vários anos (repetidas no tempo) nos mesmos indivíduos (plantas) possibilitam a correlação entre si destas medidas. O modelo misto permite modelar as matrizes de variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios bem como do resíduo, e conseqüentemente, avaliar a correlação no tempo e também outras possíveis estruturas de correlação presente entre os efeitos aleatórios do modelo, o que não seria possível utilizando-se o método de estimação por quadrados mínimos (RESENDE, 2002; BUENO FILHO; GILMOUR, 2003; PIEPHO; BÜCHSE; EMRICH, 2003; GILMOUR et al., 2004; CALEGARIO et al., 2005; MARIGUELE et al., 2011).

Para a escolha da estrutura mais indicada na modelagem das matrizes, visando encontrar um modelo que melhor represente os dados, utilizou-se o Teste de Razão de Verossimilhança (LRT), que, segundo Resende (2007a, 2007b), é superior aos Critérios de Informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC). Foram testadas seis estruturas da matriz de variância e covariância: repetibilidade; repetibilidade + interação GxE; simetria composta (CS); autoregressivo com variâncias heterogêneas (ARH); antedependência estruturada (SAD) e simetria composta com variâncias heterogêneas (CSH). Os detalhes de cada uma destas seis estruturas são feitas por Resende (2007a, 2007b).

Após a seleção da melhor estrutura para modelar as matrizes, foram realizadas as análises estatísticas e biométricas dos experimentos.

O modelo estatístico adotado é representado na eq. (1):

$$y = Xm + Za + Wc + Qp + Tb + Kgc + e \quad (1)$$

em que:

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

X = matriz de incidência dos efeitos das avaliações dos indivíduos no tempo (medidas repetidas no tempo, isto é, as colheitas) formada por valores 0 e 1, de dimensões $n \times 2, 6$ ou 12 , conforme as combinações das colheitas;

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

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

a = vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais, assumidos como aleatórios (de acordo com os motivos apresentados no item 2.1.7.a) de dimensões 21×1 , em que, $a \sim N(0, G)$, sendo $G = A\sigma_a^2$ onde G refere-se à matriz de variâncias e covariâncias genéticas entre os indivíduos, de efeito aleatório, A é a matriz dos coeficientes de parentesco, σ_a^2 a variância genética aditiva entre os indivíduos e 0 o vetor nulo.

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

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

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

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

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

b = vetor dos efeitos de blocos dentro de repetições, assumidos como aleatórios (de acordo com os motivos apresentados no item 2.1.7.b);

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

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

e = vetor de erros, assumidos como aleatórios.

Ao vetor m estão associados os efeitos ambientais identificáveis e quantificáveis, contemplando todas as colheitas em todas as repetições, ajustando simultaneamente para os efeitos de repetições, colheitas e interação repetições x colheitas e média geral. O vetor b contempla todos os efeitos de blocos de todos látices em todas as colheitas e repetições,

ajustando simultaneamente para os efeitos de látices e blocos dentro de látices. O vetor e contém os efeitos ambientais não identificáveis, pois ocorrem aleatoriamente (RESENDE, 2002 e 2007b).

As equações do modelo misto, bem como as estruturas de médias, variâncias e covariâncias são dadas de acordo com Resende (2002), por (eq. 2 a 7):

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'Q & X'T & X'K \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'Q & Z'T & Z'K \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'Q & W'T & W'K \\ Q'X & Q'Z & Q'W & Q'Q + I\lambda_3 & Q'T & Q'K \\ T'X & T'Z & T'W & T'Q & T'T + I\lambda_4 & T'K \\ K'X & K'Z & K'W & K'Q & K'T & K'K + I\lambda_5 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \\ \hat{p} \\ \hat{b} \\ \hat{gc} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ Q'y \\ T'y \\ K'y \end{bmatrix} \quad (2)$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} \quad (3); \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} \quad (4); \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} \quad (5); \lambda_4 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} \quad (6); \lambda_5 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{gc}^2} \quad (7).$$

onde:

A = matriz inversa do coeficiente de parentesco genético aditivo;

I = matriz identidade;

σ_e^2 = variância residual;

σ_a^2 = variância genética aditiva;

σ_c^2 = variância entre parcelas dentro de blocos;

σ_p^2 = variância permanente dentro de parcela;

σ_b^2 = variância de blocos dentro de repetição;

σ_{gc}^2 = variância da interação genótipos x colheitas.

Para a obtenção das soluções, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). Como o método REML é um processo iterativo, foi então utilizado o algoritmo numérico denominado de EM (por alternar passos de esperança e maximização), caracterizando o algoritmo como EM-REML. A partir da obtenção dos valores σ_e^2 , σ_a^2 , σ_c^2 , σ_p^2 , σ_b^2 e σ_{gc}^2 são obtidas as soluções para \hat{a} , \hat{c} , \hat{p} , \hat{b} e \hat{gc} . Estas soluções são utilizadas para se obter novas estimativas dos componentes de variância e assim por diante, até que a convergência seja atingida.

A significância para cada um dos efeitos do modelo foi estimada pela análise de deviance (ANADEV) da seguinte maneira (RESENDE, 2007a):

- obtêm-se os valores das deviances para o modelo completo (com todos os efeitos) e para cada um dos efeitos do modelo (sem o referido efeito de interesse);

- em seguida, faz-se a diferença entre as devianças 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 coeficientes de determinação e parâmetros genéticos, de acordo com as equações (eq. 8 a 20) propostas por Resende (2002, 2007a):

$$c_{blocos}^2 = \frac{V_{blocos}}{V_f} \quad (8)$$

- . c_{blocos}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos;
- . V_{blocos} = variância ambiental entre blocos;
- . V_f = variância fenotípica ($V_f = V_a + V_{blocos} + V_{ge} + V_{perm} + V_e$);
- . V_a = variância genética aditiva;
- . V_{ge} = variância da interação genótipos x ambientes (colheitas);
- . V_{perm} = variância dos efeitos de ambiente permanentes;
- . V_e = variância residual.

$$c_{ge}^2 = \frac{V_{ge}}{V_f} \quad (9)$$

- . c_{ge}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos da interação.

$$c_{perm}^2 = \frac{V_{perm}}{V_f} \quad (10)$$

- . c_{perm}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

$$c_{res}^2 = \frac{V_e}{V_f} \quad (11)$$

- . c_{res}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos residuais.

$$h_i^2 = \frac{V_a}{V_f} \quad (12)$$

- . h_i^2 = herdabilidade individual no sentido restrito.

$$h_m^2 = \frac{0,25 V_a}{0,25 V_a + \frac{V_{ge}}{a} + \frac{V_{blocos}}{r} + \frac{V_{perm}}{ba} + \frac{(0,75 V_a + V_e)}{rbna}} \quad (13)$$

- . h_m^2 = herdabilidade com base na média de progênies;
- . a = número de anos (colheitas);
- . r = número de repetições;
- . b = número de blocos;
- . n = número de plantas por parcela.

$$CV_g = \frac{(V_a/4)^{1/2}}{\bar{X}} \quad (14)$$

- . CV_g = coeficiente de variação genotípica entre progênies, em %;
- . \bar{X} = produção média de grãos, em kg de café da roça/planta.

$$CV_e = \frac{\left(\frac{(0,75V_a + V_e)}{n} + V_{ge}\right)^{1/2}}{\bar{X}} \quad (15)$$

- . CV_e = coeficiente de variação experimental, em %.

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e} \quad (16)$$

- . CV_r = coeficiente de variação relativa, em %.

$$r_{aa} = \left(1 - \frac{1}{1 + r(CV_r)^2}\right)^{1/2} \quad (17)$$

- . r_{aa} = acurácia seletiva.

$$r_{gc} = \frac{V_a}{V_a + V_{ge}} \quad (18)$$

- . r_{gc} = correlação genotípica entre as colheitas.

$$r = \frac{h_i^2}{h_i^2 + \frac{4c_{ge}^2}{\eta}} \quad (19)$$

- . r = coeficiente de repetibilidade;
- . η = número de colheitas.

$$R^2 = \frac{\eta r}{1 + (\eta - 1)r} \quad (20)$$

- . R^2 = coeficiente de determinação
- . r = coeficiente de repetibilidade.

As predições dos valores genotípicos (componentes de médias) e o ganho genético esperado na seleção recorrente para cada indivíduo (eq. 21 a 28), realizada via BLUP, foram obtidas considerando:

- . \hat{a} = efeito aditivo;
- . \hat{d} = efeito de dominância;
- . $\hat{u} + \hat{a}$ = valor genético aditivo, onde \hat{u} = média geral;
- . \hat{g} = efeito genotípico total, obtido por $\hat{a} + \hat{d}$;
- . f = valor fenotípico medido no campo.

$$\bar{X}_m = \frac{\sum \hat{u} + \hat{a}}{n} \quad (21)$$

- . \bar{X}_m = média melhorada esperada do conjunto de plantas selecionadas;
- . n = número de plantas selecionadas.

$$G_s = \frac{\sum \hat{a}}{n} \quad (22)$$

- . G_s = ganho genético esperado na seleção com base nos efeitos aditivos.

$$G_s(\%) = \frac{G_s}{\bar{X}} \quad (23)$$

- . $G_s(\%)$ = ganho genético esperado na seleção, em %.

$$N_e = \frac{4 N_f \bar{K}_f}{\bar{K}_f + 3 + (\sigma_{K_f}^2 / \bar{K}_f)} \quad (24)$$

- . N_e = tamanho efetivo populacional ao nível de indivíduos;
- . N_f = número de diferentes progênies selecionadas;
- . \bar{K}_f = número médio de indivíduos selecionados por progênie;
- . $\sigma_{K_f}^2$ = variância do número de indivíduos selecionados por progênie.

$$\bar{K}_f = \frac{N}{N_f} \quad (25)$$

- . N = número total de progênies selecionadas.

$$\sigma_{K_f}^2 = \frac{\left[\sum K_f^2 - \left(\frac{\sum K_f}{N_f} \right)^2 \right]}{(N_f - 1)} \quad (26)$$

- . K_f = número de indivíduos por progênies.

$$N_{ef} = \frac{(\sum K_f)^2}{\sum K_f^2} \quad (27)$$

- . N_{ef} = tamanho efetivo ao nível de progênies selecionadas.

$$F = \frac{1}{2N_e} \quad (28)$$

- . F = coeficiente de endogamia.

O modelo estatístico adotado para avaliar a estabilidade (eq. 29) foi o proposto por Resende (2007b):

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + Sb + Qs + e \quad (29)$$

em que:

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

r = vetor dos efeitos de repetição, assumidos como fixos, somado à média geral; este vetor contempla todas as repetições de todos os anos e látices;

g = vetor dos efeitos genotípicos, assumidos como aleatórios;

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

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

p = vetor dos efeitos de parcelas, assumidos como aleatórios;

s = vetor dos efeitos de ambiente permanente, assumidos como aleatórios;

e = vetor dos resíduos, assumidos como aleatórios.

X , Z , W , T , S e Q representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A avaliação da estabilidade para todos os genótipos foi realizada pelos valores da Média Harmônica dos Valores Genotípicos (MHVG), conforme a expressão (eq. 30) apresentada por Resende (2007b):

$$MHGV = \frac{a}{\sum \frac{1}{VG_j}} \quad (30)$$

em que a = número de anos (colheitas), VG = valor genotípico e j = número de genótipos.

b) Análises individuais

O modelo estatístico adotado é dado por (eq. 31):

$$y = Xm + Za + Tb + e \quad (31)$$

em que:

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

m = vetor dos efeitos das repetições, assumidos como fixos somados à média geral;

a = vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais, assumidos como aleatórios (de acordo com os motivos apresentados no item 2.1.7.a), de dimensões 21×1 , em que, $a \sim N(0, G)$, sendo $G = A\sigma_a^2$ onde G refere-se à matriz de variâncias e covariâncias genéticas entre os indivíduos, de efeito aleatório, A é a matriz dos coeficientes de parentesco, σ_a^2 a variância genética aditiva entre os indivíduos e 0 o vetor nulo.

b = vetor dos efeitos de blocos dentro de repetições (de acordo com os motivos apresentados no item 2.1.7.b), assumidos como aleatórios;

e = vetor de erros, assumidos como aleatórios.

X , Z , e T representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As equações do modelo misto, bem como as estruturas de médias, variâncias e covariâncias, e os componentes de variância foram obtidos por estimadores iterativos via algoritmo EM, conforme Resende (2002).

Foram estimados, com base nos componentes de variâncias, os seguintes coeficientes de determinação e parâmetros genéticos (RESENDE 2002, 2007a):

. C_{blocos}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos, C_{res}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos residuais e h_i^2 = herdabilidade individual no sentido restrito, os quais foram estimados da mesma maneira a da análise conjunta e os demais parâmetros de acordo com as eq. 32 a 34.

$$V_f = V_a + V_{\text{blocos}} + V_e \quad (32)$$

$$h_m^2 = \frac{0,25 V_a}{0,25 V_a + \frac{V_{\text{blocos}}}{r} + \frac{(0,75 V_a + V_e)}{r b n}} \quad (33)$$

$$CV_e = \frac{\left(\frac{(0,75 V_a + V_e)}{n} + V_{\text{blocos}} \right)^{1/2}}{\bar{x}} \quad (34)$$

As predições dos valores genotípicos (componentes de médias) e o ganho genético esperado na seleção para cada indivíduo, realizada via BLUP, foram estimadas da mesma maneira à da análise conjunta.

3.2.2 Experimento clonal (Campinas - SP)

Neste experimento foram consideradas as seguintes combinações de colheitas, considerando a produção de grãos de cada uma das plantas:

- cinco colheitas realizadas entre 2008 e 2012 (análise conjunta);
- quatro colheitas realizadas entre 2008 e 2011 (análise conjunta);
- duas colheitas consideradas de baixas produções em 2008 e 2010 (análise conjunta);
- duas colheitas consideradas de altas produções em 2009 e 2011 (análise conjunta);
- cada uma das cinco colheitas realizadas entre 2008 e 2012 (análises individuais).

a) Análises conjuntas

As análises conjuntas foram realizadas seguindo-se o modelo estatístico (eq. 35):

$$y = X m + Z g + W p + T g c + Q s + e \quad (35)$$

em que:

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

X = matriz de incidência dos efeitos das avaliações dos indivíduos no tempo (medidas repetidas no tempo), formada por valores 0 e 1, de dimensões $n \times 5$, 4 ou 2, conforme as combinações das colheitas;

m = vetor dos efeitos das combinações das avaliações dos indivíduos no tempo (medidas repetidas no tempo), assumidos como fixos somados à média geral; o vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para efeitos de repetição, colheita e interação genótipos \times ambientes (colheitas);

Z = matriz de incidência dos efeitos genotípicos de clones, formadas por valores 0 e 1, de dimensões $n \times 28$;

g = vetor dos efeitos genéticos totais de clones, assumidos como aleatórios (de acordo com os motivos apresentados no item 2.1.7.a) de dimensões 28×1 ;

W = matriz de incidência dos efeitos de parcelas, formadas por valores 0 e 1, de dimensões $n \times 28$;

p = vetor dos efeitos de blocos, assumidos como fixos (de acordo com os motivos apresentados no item 2.1.7.a);

T = matriz de incidência dos efeitos da interação genótipos \times colheitas, formadas por valores 0 e 1;

gc = vetor dos efeitos da interação genótipos \times colheitas, assumidos como aleatórios;

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

s = vetor dos efeitos permanentes, assumidos como aleatórios;

e = vetor de erros, assumidos como aleatórios.

As equações do modelo misto, bem como as estruturas de médias, variâncias e covariâncias são dadas de acordo com Resende (2002), por (eq. 36 a 40):

$$\begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \\ Q'y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \widehat{m} \\ \widehat{g} \\ \widehat{p} \\ \widehat{gc} \\ \widehat{s} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T & X'Q \\ Z'X & Z'Z + G^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'T & Z'Q \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'T & W'Q \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + I\lambda_3 & T'Q \\ Q'X & Q'Z & Q'W & Q'T & Q'Q + I\lambda_4 \end{bmatrix} \quad (36)$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} \quad (37); \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} \quad (38); \quad \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{gc}^2} \quad (39); \quad \lambda_4 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_s^2} \quad (40)$$

onde:

G = matriz inversa dos efeitos genotípicos totais;

I = matriz identidade;

σ_e^2 = variância residual;

σ_g^2 = variância genética total;

σ_p^2 = variância de blocos;

σ_{gc}^2 = variância da interação genótipos x colheitas;

σ_s^2 = variância permanente.

Para a obtenção das soluções, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). A partir da obtenção dos valores σ_e^2 , σ_g^2 , σ_p^2 , σ_{gc}^2 e σ_s^2 foram realizadas as soluções para \hat{g} , \hat{p} , \hat{gc} e \hat{s} .

A significância para cada um dos efeitos do modelo foi estimada pela análise de deviance (ANADEV) do mesmo modo como descrito no item 3.2.1 letra “a”.

Todos os coeficientes de determinação de cada um dos efeitos do modelo foram estimados da mesma forma como descrito no item 3.2.1 letra “a”.

Foram estimados, através das eq. 41 a 46, os seguintes parâmetros genéticos:

$$h_g^2 = \frac{V_g}{V_f} \quad (41)$$

. h_g^2 = herdabilidade no sentido amplo;

. V_g = variância genética total;

. V_f = variância fenotípica ($V_f = V_g + V_{parc} + V_{ge} + V_{perm} + V_e$).

$$h_m^2 = \frac{V_g}{V_g + \frac{V_{ge}}{a} + \frac{V_{perm}}{r} + \frac{V_e}{rna}} \quad (42)$$

. h_m^2 = herdabilidade com base na média de clones

$$CV_g = \frac{(V_g)^{1/2}}{\bar{x}} \quad (43)$$

$$CV_e = \frac{(V_{parc} + \frac{V_e}{n})^{1/2}}{\bar{x}} \quad (44)$$

$$r = \frac{V_g + V_{perm} + V_{parc}}{V_f} \quad (45)$$

$$r_{gc} = \frac{V_g}{V_g + V_{ge}} \quad (46)$$

As predições dos valores genotípicos (componentes de médias) e o ganho genético esperado na seleção para cada clone (eq. 47 a 49), realizada via BLUP, foram:

- . \hat{g} = efeito genotípico, incluindo todos os efeitos genéticos;
- . $\hat{u} + \hat{g}$ = valor genotípico livre da interação, onde \hat{u} = média geral;
- . f = valor fenotípico medido no campo.

$$\bar{X}_m = \frac{\sum \hat{u} + \hat{g}}{n} \quad (47)$$

- . \bar{X}_m = média melhorada esperada do conjunto de plantas selecionadas;
- . $\hat{u} + \hat{g}$ = valor genotípico total, onde u = média geral;
- . n = número de plantas selecionadas.

$$G_s = \frac{\sum \hat{g}}{n} \quad (48)$$

- . G_s = ganho genético esperado na seleção clonal;
- . n = número de plantas selecionadas.

$$G_s(\%) = \frac{G_s}{\bar{X}} \quad (49)$$

- . $G_s(\%)$ = ganho genético esperado na seleção clonal, em porcentagem.

b) Análises individuais

O modelo estatístico adotado para cada colheita individual foi (eq. 50):

$$y = Xr + Zg + Wp + e \quad (50)$$

em que:

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

r = vetor dos efeitos de repetição, assumidos como fixos (de acordo com os motivos apresentados no item 2.1.7.b) somados à média geral;

g = vetor dos efeitos genéticos totais, assumidos como aleatórios (de acordo com os motivos apresentados no item 2.1.7.a);

p = vetor dos efeitos de blocos, assumidos como fixos;

e = vetor de erros, assumidos como aleatórios.

X , Z , e W representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A matriz da análise individual resultante deste modelo é semelhante à apresentada para a análise conjunta, assim como as equações e a análises de deviance (ANADEV). Todos os coeficientes de determinação de cada um dos efeitos do modelo foram estimados da mesma forma como descrita anteriormente.

O único parâmetro genético cuja fórmula é diferente das demais apresentadas anteriormente é a herdabilidade com base na média de clones (eq. 51):

$$h_m^2 = \frac{V_g}{V_g + \frac{V_{parc}}{r} + \frac{V_e}{rn}} \quad (51)$$

- Procedimentos realizados para estimar os coeficientes de variação relativa (CV_r) e experimental (CV_e)

Os valores dos CV_r e CV_e foram estimados em cada uma das situações experimentais considerando as tabelas apresentadas por Resende e Duarte (2007), reproduzidas nos Apêndices C e D, das seguintes maneiras:

a) coeficiente de variação relativa: considerando uma acurácia de 0,70 (valor recomendado durante o processo de seleção) e conhecendo-se o número de repetições do experimento, encontra-se o valor ideal do CV_r ;

b) coeficiente de variação experimental: considerando os valores dos coeficientes de variação genotípico (CV_g), estimado no experimento, e relativa (CV_r), estimado conforme relatado acima, encontra-se o valor do CV_e ideal para o experimento em questão, através da fórmula

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e} .$$

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após a aplicação do LRT a melhor modelagem das matrizes foi obtida pela simetria composta (CS), pois apresentou o ajuste mais adequado (menor deviance) e foi a mais parcimoniosa, isto é, utilizou um menor número de parâmetros, requisito desejável na modelagem das matrizes. Uma vez selecionado o melhor modelo, procedeu-se às análises estatísticas e biométricas deste trabalho.

4.1 Experimento de progênies (Mococa - SP)

4.1.1 Metodologia de seleção

A produção de grãos de café tende a ser crescente, ou com pequenas oscilações, até a quarta ou quinta colheita; a partir daí a planta inicia períodos alternados entre altas e baixas produções (bienalidade da produção). Um dos fatores que vem antecipando essa bienalidade é a ocorrência de adversidades climáticas, dentre outros (como o incorreto manejo da cultura, etc).

Algumas adversidades climáticas ocorreram nos anos iniciais de desenvolvimento vegetativo e nas colheitas iniciais desse experimento em Mococa. Conforme informações fornecidas pelo Centro de Ecofisiologia e Biofísica do IAC, os anos em que aconteceram eventos climáticos atípicos foram:

- 1977: dois anos após o plantio das mudas no campo ocorreu um veranico (deficiência hídrica acompanhada de temperaturas elevadas por no mínimo 15 dias consecutivos), prejudicando o desenvolvimento vegetativo e a primeira produção das plantas. Ressalta-se que a primeira colheita do café robusta é mais tardia (24 a 36 meses após o plantio) do que o café arábica (18 a 24 meses);
- 1979: geada;
- 1981: veranico.

Em vista disso, as duas colheitas iniciais (1977 e 1978) foram desprezadas devido às baixíssimas produções (0,05 e 0,23 kg.planta⁻¹, respectivamente), além de mais de 70% das plantas terem produções iguais a zero. Provavelmente a adaptação deste material tenha sido mais lenta devido às diferenças edafoclimáticas entre Turrialba, na Costa Rica, e Mococa, no Brasil, agravada pelo veranico ocorrido em 1977.

Considerou-se o ano de 1979 como a primeira colheita significativa do experimento ($1,07 \text{ kg.planta}^{-1}$). As produções subsequentes foram: $1,40 \text{ kg.planta}^{-1}$ na segunda colheita (1980); $4,60 \text{ kg.planta}^{-1}$ na terceira colheita (1981); $0,29 \text{ kg.planta}^{-1}$ na quarta colheita (1982); $9,67 \text{ kg.planta}^{-1}$ na quinta colheita (1983) e $9,72 \text{ kg.planta}^{-1}$ na sexta colheita (1984), com produção média de grãos de $4,40 \text{ kg.planta}^{-1}$ (Figura 2).

Apesar das produções aumentarem da primeira até a terceira colheita, notou-se que a segunda colheita não foi muito maior que a primeira (reflexo da geada ocorrida em 1979) tendo a terceira produção um aumento de praticamente quatro vezes o valor da segunda. Na quarta safra (1982) houve uma queda brusca na produção (em razão do veranico de 1981) o que propiciou nas duas safras seguintes produções excepcionais. Decidiu-se, na ocasião, que após a sexta colheita (1984) todas as plantas do experimento seriam podadas para que uma nova série de coleta de dados fosse iniciada, pois as duas últimas produções mostraram o potencial genético que as progênies tinham quando as condições climáticas de cultivo são favoráveis.

Através da análise de deviance (Apêndice A) constatou-se que não houve presença de variabilidade genética entre as progênies ($V_a = 0,1012$) na análise conjunta das seis primeiras colheitas (1979-1984), mostrando não haver possibilidade de eficiência na seleção. Este fato foi confirmado pelos valores das herdabilidades em sentidos restrito ($h_i^2 = 0,0289$) e com base na média de progênies ($h_m^2 = 0,06$). Provavelmente a ocorrência destes anos atípicos refletiu também no elevado valor da interação genótipos x ambientes ($c_{ge}^2 = 0,5275$). A correlação genotípica entre as colheitas (r_{gc}) praticamente não existiu ($0,0560$), isto é, as colheitas não foram constantes, fato não desejável na cultura.

Devido a estes resultados, não serão considerados os dados das seis primeiras colheitas, pois os efeitos ambientais foram perturbadores na expressão do potencial genético das plantas. Estas colheitas serão utilizadas apenas para a análise conjunta considerando todas as colheitas (total de 12).

Os dados coletados a partir de 1987 são mais confiáveis para futuras conclusões, pois as condições de desenvolvimentos vegetativo e reprodutivo das plantas não foram prejudicadas pelo clima. As produções de grãos após a poda foram: $9,25 \text{ kg.planta}^{-1}$ na primeira colheita (1987); $7,01 \text{ kg.planta}^{-1}$ na segunda colheita (1988); $5,51 \text{ kg.planta}^{-1}$ na terceira colheita (1989); $10,73 \text{ kg.planta}^{-1}$ na quarta colheita (1990); $10,83 \text{ kg.planta}^{-1}$ na quinta colheita (1991) e $6,72 \text{ kg.planta}^{-1}$ na sexta colheita (1992), com produção média de grãos de $8,26 \text{ kg.planta}^{-1}$.

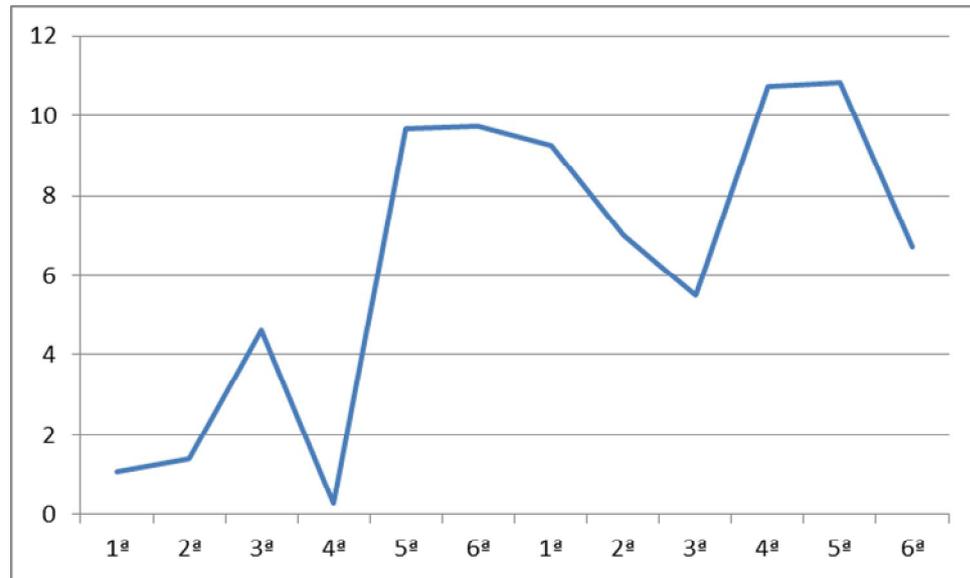


Figura 2 - Produções médias de grãos, em kg de café da roça/planta, das 21 progênies de *Coffea canephora* durante 12 colheitas (seis antes e seis depois da poda)

São apresentadas as análises de deviances (ANADEV), as significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), os componentes de variância e os coeficientes de determinação para cada um dos efeitos das análises conjuntas das doze colheitas realizadas entre 1979 e 1992 (Tabela 3), das seis colheitas realizadas entre 1987 e 1992 (Tabela 4), das colheitas de 1989 e 1992, consideradas de baixas produções (Tabela 5) e das colheitas de 1990 e 1991, consideradas de altas produções (Tabela 6).

Os testes de razão da verossimilhança (LRT) mostraram, através dos valores das variâncias genéticas aditivas (V_a), efeitos altamente significativos para progênies ($p \leq 0,01$) em todas as combinações de colheitas estudadas, 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. A maior variabilidade verifica foi a ocorrida nos anos de altas produções ($V_a = 39,0392$ - Tabela 6), seguida das seis colheitas após as podas das plantas ($V_a = 21,1402$ - Tabela 4), dos anos de baixas produções ($V_a = 12,9874$ - Tabela 5) e das doze colheitas ($V_a = 9,1095$ - Tabela 3).

Tabela 3 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes à análise conjunta de todas as colheitas realizadas entre 1979 e 1992 no experimento de progênies de *Coffea canephora* em Mococa, SP

Efeito	ANADEV ¹	LRT (X ²) ²	Componentes de variância ³	Coeficientes de determinação ⁴
Progênies	26.166,37 ⁺	8,18 ^{**}	V _a = 9,1095	-
Blocos	26.164,10 ⁺	5,91 [*]	V _{blocos} = 1,1252	c ² _{blocos} = 0,0227
Progênies x Colheitas	28.031,59 ⁺	1.873,40 ^{**}	V _{ge} = 14,0743	c ² _{ge} = 0,2837
Ambiente permanente	26.995,86 ⁺	837,67 ^{**}	V _{perm} = 9,0474	c ² _{perm} = 0,1824
Resíduo	-	-	V _e = 16,2439	c ² _{res} = 0,3276
Modelo Completo	26.158,19			c ² _{total} = 1,0000

* ** : X² (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade; ns = não significativo.

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

2: LRT = Teste de Razão da Verossimilhança, havendo distribuição com 1 grau de liberdade para o X².

3: V_a = variância genética aditiva; V_{blocos} = variância ambiental entre blocos; V_{ge} = variância da interação genótipos x ambientes; V_{perm} = variância do ambiente permanente; V_e = variância residual.

4: c²_{blocos} = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c²_{ge} = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes; c²_{perm} = coeficiente de determinação dos efeitos do ambiente permanente; c²_{res} = coeficiente de determinação dos efeitos residuais.

Tabela 4 - Análises de devianças (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes à análise conjunta das colheitas realizadas entre 1987 e 1992, após as podas das plantas, no experimento de progênes de *Coffea canephora* em Mococa, SP

Efeito	ANADEV ¹	LRT (X ²) ²	Componentes de variância ³	Coefficientes de determinação ⁴
Progênes	13.447,70 ⁺	20,40 ^{**}	V _a = 21,1402	-
Blocos	13.431,53 ⁺	4,23 [*]	V _{blocos} = 1,8555	c ² _{blocos} = 0,0333
Genótipos x Ambientes	13.820,09 ⁺	392,79 ^{**}	V _{ge} = 6,7484	c ² _{ge} = 0,1211
Ambiente permanente	14.022,75 ⁺	595,45 ^{**}	V _{perm} = 17,4230	c ² _{perm} = 0,3128
Resíduo	-	-	V _e = 8,5376	c ² _{res} = 0,1533
Modelo Completo	13.427,30			c ² _{total} = 1,0000

* ** : X² (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade.

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

2: LRT = Teste de Razão da Verossimilhança, havendo distribuição com 1 grau de liberdade para o X².

3: V_a = variância genética aditiva; V_{blocos} = variância ambiental entre blocos; V_{ge} = variância da interação genótipos x ambientes; V_{perm} = variância dos efeitos permanentes; V_e = variância residual.

4: c²_{blocos} = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c²_{ge} = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes; c²_{perm} = coeficiente de determinação dos efeitos permanentes; c²_{res} = coeficiente de determinação dos efeitos residuais.

Tabela 5 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes à análise conjunta das colheitas de 1989 e 1992, consideradas de baixas produções, no experimento de progênies de *Coffea canephora* em Mococa, SP

Efeito	ANADEV ¹	LRT (X ²) ²	Componentes de variância ³	Coefficientes de determinação ⁴
Progênies	4.504,40 ⁺	8,03 ^{**}	V _a = 12,9874	-
Blocos	4.997,83 ⁺	501,46 ^{**}	V _{blocos} = 0,9861	c ² _{blocos} = 0,0244
Genótipos x Ambientes	4.500,51 ⁺	4,14 [*]	V _{ge} = 1,0387	c ² _{ge} = 0,0257
Ambiente permanente	4.502,86 ⁺	6,48 [*]	V _{perm} = 4,4333	c ² _{perm} = 0,1098
Resíduo	-	-	V _e = 20,9126	c ² _{res} = 0,5183
Modelo Completo	4.496,37			c ² _{total} = 1,0000

** : X² (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade.

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

2: LRT = Teste de Razão da Verossimilhança, havendo distribuição com 1 grau de liberdade para o X².

3: V_a = variância genética aditiva; V_{blocos} = variância ambiental entre blocos; V_{ge} = variância da interação genótipos x ambientes; V_{perm} = variância dos efeitos permanentes; V_e = variância residual.

4: c²_{blocos} = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c²_{ge} = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes; c²_{perm} = coeficiente de determinação dos efeitos permanentes; c²_{res} = coeficiente de determinação dos efeitos residuais.

Tabela 6 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes à análise conjunta das colheitas de 1990 e 1991, consideradas de altas produções, no experimento de progênes de *Coffea canephora* em Mococa, SP

Efeito	ANADEV ¹	LRT (X ²) ²	Componentes de variância ³	Coeficientes de determinação ⁴
Progênes	4.772,35 ⁺	19,61 ^{**}	V _a = 39,0392	-
Blocos	4.756,70 ⁺	3,96 [*]	V _{blocos} = 3,3677	c ² _{blocos} = 0,0486
Genótipos x Ambientes	4.756,75 ⁺	4,01 [*]	V _{ge} = 1,0540	c ² _{ge} = 0,0152
Ambiente permanente	4.839,85 ⁺	87,11 ^{**}	V _{perm} = 24,2256	c ² _{perm} = 0,3499
Resíduo	-	-	V _e = 1,5392	c ² _{res} = 0,0224
Modelo Completo	4.752,74			c ² _{total} = 1,0000

* ** : X² (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade.

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

2: LRT = Teste de Razão da Verossimilhança, havendo distribuição com 1 grau de liberdade para o X².

3: V_a = variância genética aditiva; V_{blocos} = variância ambiental entre blocos; V_{ge} = variância da interação genótipos x ambientes; V_{perm} = variância dos efeitos permanentes; V_e = variância residual.

4: c²_{blocos} = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c²_{ge} = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes; c²_{perm} = coeficiente de determinação dos efeitos permanentes; c²_{res} = coeficiente de determinação dos efeitos residuais.

Comparando-se as 12 colheitas e as seis realizadas após a poda, notou-se que a variabilidade genética considerando as 12 colheitas foi demasiadamente afetada, provavelmente devido aos problemas climáticos ocorridos nos anos iniciais. Produções excessivamente baixas devem depreciar genótipos que tenham potencial produtivo. Estes comparações, juntamente com as apresentadas anteriormente, confirmam que as safras iniciais não foram propícias à seleção e que o seu descarte foi providencial.

Inicialmente poder-se-ia imaginar que, devido ao reduzido número de progênies (principalmente quando comparado com culturas anuais como milho, soja, etc), a variabilidade genética desta população pudesse estar comprometida, fato não ratificado. Provavelmente, alguns fatores podem fazer do *C. canephora* uma espécie vantajosa para o melhoramento genético, entre eles: ampla distribuição geográfica no seu centro de origem, o que lhe confere diversidade para responder a diferentes condições ambientais; alogamia e a auto-incompatibilidade genética, resultando em indivíduos altamente heterozigóticos. Alguns autores relataram esta ampla e vantajosa variabilidade genética do robusta, entre eles Ferrão et al. (2008); Fonseca (1999); Charrier e Berthaud (1988); Conagin e Mendes (1961). Deve-se ainda ressaltar que os espaçamentos mais largos utilizados em espécies perenes são limitadores para que o melhorista tenha populações com maior número de progênies/indivíduos, pois exigiriam grandes áreas para a instalação, inviabilizando, ou comprometendo, física e financeiramente o programa.

O coeficiente de determinação dos efeitos de blocos (c_{blocos}^2) indica o quanto há de heterogeneidade ambiental entre as parcelas dentro do bloco. Resende (2002) salienta que a sua interpretação deve ser feita em conjunto com o efeito de blocos. Neste sentido, o autor classificou os resultados em quatro situações:

- i) efeito de blocos significativo e c_{blocos}^2 alto, o delineamento não foi totalmente eficaz, mas a capacidade de teste foi adequada (é a capacidade de o experimento proporcionar às progênies explorar diferentes condições ambientais que foram submetidas); neste caso o melhorista deverá usar metodologia mais refinada de análise;
- ii) efeito de blocos significativo e c_{blocos}^2 baixo, mostra que o delineamento foi apropriado e a capacidade de teste precisa;
- iii) efeito de blocos não significativo e c_{blocos}^2 baixo, indica grande homogeneidade ambiental e qualquer delineamento experimental utilizado será eficiente, mas a capacidade de teste não foi boa e provavelmente o ganho genético será menor devido à interação genótipos x ambientes;

iv) efeito de blocos não significativo e c_{blocos}^2 alto, indica que tanto o delineamento quanto a capacidade de teste não foram adequados devido a blocos e/ou parcelas de tamanhos maiores e/ou o gradiente ambiental (como por exemplo, a fertilidade do solo) ocorreu em vários sentidos.

O autor conclui que a situação ideal no melhoramento genético de plantas é aquela em que o efeito de blocos é significativo e o c_{blocos}^2 é baixo. Em plantas perenes um c_{blocos}^2 abaixo de 10% é o desejável, quando a herdabilidade individual estimada é por volta de 0,30. Neste experimento de progênies, as significâncias dos efeitos de blocos associados aos baixos valores do c_{blocos}^2 , entre 2 e 5%, indicam 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 as progênies aproveitaram muito bem as condições ambientais a que foram submetidas. Esta análise simultânea do efeito de blocos com o c_{blocos}^2 mostrou a importância deste último para complementar as informações do primeiro, caso este tivesse sido analisado isoladamente.

Outro fator que pode ter favorecido esta eficiência foi o uso de uma planta por parcela. Segundo vários autores (LAMBERTH; GLADSTONE, 1983; GOMES, 2000; RESENDE, 2002), parcelas contendo um único indivíduo e com maior número de repetições melhoram as análises estatísticas em espécies perenes, pois devido ao maior espaçamento utilizado entre as plantas poderiam proporcionar heterogeneidade dentro das parcelas. Resende (2002) 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 menores têm sido adotadas principalmente no melhoramento florestal em várias partes do mundo e em algumas empresas privadas de celulose no Brasil.

Os efeitos da interação genótipos x ambientes (V_{ge}) e os seus coeficientes de determinação (c_{ge}^2) foram mais elevados considerando-se maiores períodos de colheitas (1979-1992 e 1987-1992) do que os anos de baixas (1989 e 1992) e altas produções (1990 e 1991). Os valores estimados dos c_{ge}^2 para o conjunto de 12 colheitas foi 0,2837 (os efeitos da interação explicaram 28,37% da variação total) e 0,1211 para seis colheitas; em ambos os períodos os V_{ge} foram significativos a 1%. Nos dois anos de baixas e altas produções os V_{ge} foram significativos a 5% apresentando c_{ge}^2 de 0,0257 e 0,0152, respectivamente (Tabelas 3 a 6). Isto confirma que quanto maior o número de colheitas, maior será a probabilidade de

ocorrerem diferenças entre os anos (ambientes) e que colheitas onde os valores de produções não oscilaram demasiadamente tendem a apresentar menores interações. Vencovsky e Barriga (1992) e Maya et al. (2009) expõem uma situação em que ocorre a interação G x E, 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 do genótipo de um ambiente para outro (várias alterações no ordenamento dos genótipos) acarreta numa interação do tipo complexa, dificultando a seleção de materiais mais estáveis e de maior amplitude de adaptação. Esta discussão será novamente retomada nos parágrafos seguintes quando outros parâmetros genéticos forem apresentados e complementarão estas informações.

O coeficiente de determinação dos efeitos permanentes de indivíduo dentro da progênie (c_{perm}^2) refere-se ao ambiente intrínseco da cova (presença de pedra, formigueiro, solo compactado, etc). O c_{perm}^2 fornece também a variação ambiental de um ano para o outro ou a correlação ambiental das observações dentro das parcelas ao longo do tempo. Pelas análises de deviances constataram-se efeitos significativos para a variância do ambiente permanente (V_{perm}) em todas as combinações de colheitas. Os valores dos c_{perm}^2 decresceram na seguinte ordem (Tabela 6): 0,3499 (anos de altas produções), 0,3128 (seis colheitas), 0,1824 (12 colheitas) e 0,1098 (anos de baixas produções).

Na Tabela 7 são apresentadas as estimativas de parâmetros genéticos e as produções médias de todas as análises conjuntas realizadas neste experimento.

O maior coeficiente de herdabilidade individual no sentido restrito (h_i^2) foi o estimado nos anos de altas produções (56,39%), seguido pelas seis colheitas (37,95%), pelos anos de baixas produções (32,18%) e pelas 12 colheitas (18,36%). De acordo com sua magnitude, Resende (2002) classificou este coeficiente em: baixo ($0,01 \leq h_i^2 \leq 0,15$), médio ($0,15 < h_i^2 < 0,50$) e alto ($h_i^2 \geq 0,50$). Neste caso, os valores estimados oscilaram entre alto (anos de altas produções) e médio (demais combinações). Raros são os trabalhos em *C. canephora* estimando herdabilidade em sentido restrito, entre eles o de Leroy et al. (1994) conduzido na Costa do Marfim no qual utilizaram 10 progênies, oriundas dos cruzamentos entre os grupos Guineano e Congolês, avaliadas em quatro colheitas consecutivas. As herdabilidades estimadas, através do método da ANAVA e pelo coeficiente de regressão, foram elevadas, 38% em sentido restrito e 83% em sentido amplo, evidenciando a variabilidade genética existente na espécie, mesmo em uma população formada por poucas progênies.

Tabela 7 - Estimativas de parâmetros genéticos e as produções médias referentes às análises das colheitas realizadas entre 1979 e 1992, e suas combinações, no experimento de progênes de *Coffea canephora* em Mococa, SP

Parâmetros ¹ /Colheitas ²	1979 a 1992	1987 a 1992	Baixas produções	Altas produções
h_i^2	18,36	37,95	32,18	56,39
h_m^2	53,55	71,08	66,47	70,80
$CV_g(\%)$	23,32	27,83	29,49	28,58
$CV_r(\%)$	0,25	0,41	0,32	0,55
$CV_e(\%)$	94,20	67,56	92,14	51,65
r_{aa}	0,52	0,71	0,62	0,80
r_{gc}	0,39	0,76	0,92	0,97
\bar{X}	6,47	8,26	6,11	10,93

¹ h_i^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; h_m^2 = herdabilidade com base na média de progênes; CV_g = coeficiente de variação genotípica entre progênes; CV_r = coeficiente de variação relativa; CV_e = coeficiente de variação experimental; r_{aa} = acurácia seletiva; r_{gc} = correlação genotípica entre as colheitas; \bar{X} = produção média de grãos em kg de café da roça/planta.

²1979 a 1992 = 12 colheitas; 1987 a 1992 = seis colheitas realizadas depois da poda das plantas; Baixas produções = 1989 e 1992; Altas produções = 1990 e 1991.

As herdabilidades individuais na segunda e terceira safras acumuladas foram muito elevadas, 89 e 85%. Em contra partida, a herdabilidade em sentido restrito foi bem mais baixa quando estimadas em safras individuais: 28% na primeira colheita, 27% na segunda, 15% na terceira e 14% na quarta. Os autores acreditaram que estes altos valores foram decorrentes da heterozigozidade dos materiais. Neste trabalho não houve menção dos valores das produtividades em cada ano agrícola.

O elevado valor encontrado no presente trabalho para a h_i^2 , reflexo da alta V_a , mostrou que o germoplasma em questão possui considerável variabilidade genética, apto a ser aproveitado e trabalhado ao longo deste programa de melhoramento. Ficou evidenciado também que mesmo tendo uma população-base pequena a probabilidade de alcançar êxito no processo de melhoramento genético do café robusta é promissora.

Os valores das herdabilidades com base na média de progênes (h_m^2) variaram entre 53,55% (12 colheitas) e 71,08% (seis colheitas). As seis colheitas, os anos de baixas e altas produções apresentaram valores da h_m^2 próximos (71,08%, 66,47% e 70,80%, respectivamente). Espera-se que com um número maior de colheitas (anos) o valor da h_m^2 seja

de maior magnitude do que a baseada em menos anos, haja vista a eq. (13). No presente trabalho constatou-se que esta tendência não foi verificada, ao contrário, um maior número de anos reduziu o valor da h_m^2 . Uma justificativa para tal fato pode ser atribuída a alta estimativa da V_{ge} (14,0743) verificada nas 12 colheitas (Tabela 3), efeito da pronunciada oscilação produtiva ocorrida entre a terceira e quinta colheitas antes da poda e entre a segunda e quarta colheitas depois da poda, porém em menor intensidade do que antes da poda (Figura 2).

A opção de se ter uma planta por parcela, elevando-se assim o número de repetições (fator determinante para se reduzir a variância fenotípica entre as médias das progênies), pode ter contribuído, associada a outros fatores como a própria variabilidade genética da população, para que as estimativas das herdabilidades com base nas médias de progênies fossem de magnitudes elevadas. Uma seleção inicial entre progênies, seguida por uma seleção dos melhores indivíduos dentro das progênies selecionadas, é uma estratégia interessante neste caso.

No Apêndice A, colheitas realizadas entre 1979 e 1984, observou-se que os valores das h_i^2 e h_m^2 foram praticamente iguais a zero, o que reforça a decisão acertada do descarte das seis primeiras colheitas. Notou-se no Apêndice B altos valores das herdabilidades nos anos individuais (exceção da sexta colheita), muito superiores em relação às análises conjuntas. Provavelmente, estes exorbitantes resultados estejam inflacionados pela interação genótipos x anos, sendo que uma análise conjunta seja mais prudente e representativa ao cafeicultor.

Notou-se que os coeficientes de variação genotípica (CV_g) foram elevados e pouco variaram em suas magnitudes (23,32 a 29,49%), não acompanhando os valores observados nas V_a . A estimativa do CV_g é em função do valor da V_a e da média do caráter (\bar{X}) e observando-se estes dois parâmetros entende-se o porquê de as magnitudes terem sido próximas. A variação entre as médias foi de 55,90% enquanto que entre os valores da V_a foi de 43,10%; como a variação maior está no denominador a tendência é que os anos com médias menores sejam favorecidos, mesmo que o valor da V_a seja elevado. Isto pode ser claramente observado nas Tabelas de 3 a 7:

- baixas produções: $V_a = 12,9874$, $\bar{X} = 6,11$ kg/planta e $CV_g = 29,49\%$
- altas produções: $V_a = 39,0392$, $\bar{X} = 10,93$ kg/planta e $CV_g = 28,58\%$;
- colheitas entre 1979 e 1992: $V_a = 9,1095$, $\bar{X} = 6,47$ kg/planta e $CV_g = 23,32\%$
- colheitas entre 1987 e 1992: $V_a = 21,1402$, $\bar{X} = 8,26$ kg/planta e $CV_g = 27,83\%$.

Assim anos com médias maiores, mesmo com variância genética aditiva alta, reduzem o valor do CV_g e ao passo que anos com médias menores elevam o valor do CV_g , evidenciando a influência da média do caráter neste parâmetro. Outro ponto a comentar é que valores maiores da interação genótipos x ambientes (c_{ga}^2) resultaram em menores valores do CV_g , apesar de as diferenças entre eles não terem sido exorbitantes, com exceção da análise conjunta entre os anos de 1979 e 1984 (Apêndice A) onde obteve-se um elevado valor da c_{ga}^2 (0,5275) e baixíssimo valor do CV_g (em torno de 3%), devido a todos os problemas já discutidos anteriormente.

Outro parâmetro genético de relevada importância nos estudos de melhoramento de plantas é o índice de variação, também denominado de coeficiente de variação relativa (CV_r). Este coeficiente tem a vantagem de não ser influenciado pela média do caráter (VENCOVSKY, 1987). Para apreciar o sucesso da seleção o autor propôs, em um estudo realizado com milho, que resultados acima de 1,0 (CV_g maior que o CV_e) são os ideais. Resende (2002, 2007a) e Resende e Duarte (2007) sugerem que cada experimento tenha um valor particular, e não generalizado, do CV_r para verificar o sucesso ou não da seleção na sua população. Nesse caso, levar-se-ia em consideração o número de repetições do experimento e a acurácia seletiva, como na tabela apresentada no Apêndice C. A acurácia é na verdade uma correlação entre os valores genéticos verdadeiros e preditos e quanto maior o seu valor mais pleno é a confiança na avaliação dos indivíduos. Resende (2007a) sugere que nas diferentes fases dos programas de melhoramento genético a acurácia seja no mínimo igual a 0,70. Neste sentido, valores abaixo da unidade podem ser considerados adequados para a seleção ser eficiente. O autor confirma que o valor do CV_r acima de um, proposto por Vencovsky (1987), propicia acurácias elevadíssimas, acima de 0,80, independentemente do número de repetições utilizadas na experimentação.

No caso deste experimento em que o número de repetições foi de seis com uma acurácia de 0,70 encontrou-se que o CV_r ideal é de 0,40 (Apêndice C). As 12 colheitas e as de baixas produções exibiram valores abaixo do limite recomendado, 0,25 e 0,32 respectivamente, corroborando que estes conjuntos de anos não são propícios para efetuar a seleção. O CV_r das seis colheitas (0,41) esteve bem próximo do valor referência (0,40) ao passo que esse parâmetro foi maior nos anos de altas produções (0,55). Apesar do CV_g das 12 colheitas e dos anos de baixas produções terem sido de altas magnitudes (23,32% e 29,49%, respectivamente) a maior limitação destes anos foi imposta pelo valor do CV_r .

O julgamento da precisão experimental em melhoramento de plantas tem sido realizado com base na classificação de dois parâmetros estatísticos propostos por Gomes (2000): o coeficiente de variação experimental, ou residual (CV_e), e pelo coeficiente de precisão experimental (CP_e), sendo que este último leva em consideração, além da variação residual, o número de repetições utilizadas. Apesar do CP_e ser mais preciso, o que se tem notado na literatura é o uso maciço do CV_e para aferir a qualidade experimental. Valores do CV_e menores de 10% são classificados como baixos e são, segundo Gomes (2000), ideais para experimentações agrícolas; valores acima de 30% são tidos como muito altos e a precisão experimental ficaria comprometida. Segundo Resende (2007a) essa classificação é muito abrangente e não leva em consideração o número de repetições e nem a natureza do caráter sob seleção. Além disso, esta classificação foi elaborada considerando os efeitos de tratamentos como fixo e não aleatório. Resende (2002, 2007a) e Resende e Duarte (2007) advertem que estes coeficientes não são os mais apropriados para avaliar a qualidade experimental em trabalhos de melhoramento genético de plantas e propõem também que cada experimento tenha um coeficiente de variação experimental específico, assim como o CV_r . O CV_e ideal seria estimado com base no número de repetições e nos coeficientes de variação relativa (obtido na tabela apresentada no Apêndice C) e genética, como na tabela apresentada no Apêndice D.

Os coeficientes de variação experimental (CV_e) estimados no experimento de progênies em Mococa (Tabela 7), numa primeira análise, foram aparentemente elevados: 94,20% para as colheitas entre 1979 e 1992; 92,14% para as duas colheitas com baixas produções; 67,56% para as colheitas realizadas entre 1987 e 1992 e 51,65% para as duas colheitas com altas produções. Estes valores podem ter sido reflexo do uso de uma planta por parcela ou então de ser um material totalmente exótico e em início de adaptação às condições ambientais de cultivo no estado de São Paulo. No entanto, o uso de parcelas de uma planta viabilizou o uso de um maior número de repetições, fato que favoreceu estimativas maiores das herdabilidades ao nível de médias de progênies e das acurácias. Em alguns trabalhos realizados com *C. canephora* este coeficiente também apresentou valores acima de 50%, como os Leroy et al. (1997) que variaram entre 30 e 105% e de Cilas, Montagnon e Bar-Hen (2011) variando entre 32,02 e 218,40%.

Baseando-se na proposta de Resende (2007a), estimou-se os valores dos CV_e , considerando uma acurácia de 0,70, aceitáveis para cada conjunto de colheitas: para as 12 colheitas (1979-1992) o CV_e limite foi de 58,30%; para as seis colheitas (1987-1992) de 69,57%; para as colheitas de baixas produções CV_e de 73,72% e finalmente para os anos de

altas produções o valor aceitável foi de 71,45%. Constatou-se que os CV_e das 12 colheitas e dos anos de baixas produções ficaram bem acima dos valores desejados, principalmente o CV_e das 12 colheitas, mostrando que, realmente, as adversidades climáticas ocorridas nos anos iniciais prejudicaram demasiadamente as avaliações. Apesar do valor do CV_g nos anos de baixas produções ter sido o mais alto (29,49%), os valores dos CV_r (32,00%) e CV_e (92,14%) mostraram que a seleção nesse conjunto de anos não é recomendada, assim como as 12 colheitas.

Por outro lado, os CV_e das seis colheitas e dos anos de altas produções foram aceitáveis, 67,56% e 51,65%, respectivamente; no caso das seis colheitas o valor encontrado esteve bem próximo do limite aceitável (67,56% x 69,57%) e nos anos de altas produções o valor ficou bem abaixo deste limite, indicando que os fatores genéticos predominam sobre os ambientais neste tipo de agrupamento de colheitas. Por estes resultados apresentados reforça-se a ideia que uma análise considerando apenas o CV_e sem observar a variação genética bem como as repetições experimentais pode levar a conclusões errôneas.

De maneira geral, os valores preditos não são iguais aos valores genéticos verdadeiros; proximidade entre esses dois valores é traduzida pela acurácia (r_{aa}), 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, 2002). Este mesmo autor propôs a classificação deste parâmetro em: alto ($r_{aa} > 0,70$), médio ($0,40 < r_{aa} < 0,70$) e baixo ($0,10 < r_{aa} < 0,40$). Neste sentido acurácias acima de 0,70 foram obtidas nas seis colheitas ($r_{aa} = 0,71$) e nos anos de altas produções ($r_{aa} = 0,80$) ao passo que as 12 colheitas e os anos de baixas produções não atingiram tal valor. As acurácias obtidas nas seis colheitas e nos anos de altas produções indicaram uma alta qualidade experimental e, portanto, segurança e eficiência na seleção.

Segundo Resende (2007a) uma maneira de constatar qual o tipo de interação que está ocorrendo é através do valor da correlação genética entre as colheitas (r_{gc}). Estimativas iguais ou maiores que 0,70 indicam que a interação é do tipo simples ao passo que r_{gc} menor que 0,70 a interação é complexa. Nesta população, as 12 colheitas realizadas proporcionaram um valor r_{gc} de 0,39 mostrando que a interação, neste caso, é complexa. Observando-se a Figura 2 fica evidente o reflexo das adversidades climáticas ocorridas entre 1979 e 1984 nessa correlação. A ocorrência do ciclo bienal na produção do café, alternâncias entre baixas e altas produções, tem duas causas: a elevada produção da planta no ano anterior e/ou a ocorrência de adversidades climáticas. Normalmente a produção é crescente até a quarta colheita e a bienalidade inicia-se a partir da quinta produção, porém esta variação poderá ser antecipada

no advento de secas, geadas, chuvas excessivas, etc. Como se nota na Figura 2 a oscilação foi mais acentuada nas colheitas antes da poda (1979-1984) do que depois (1987-1992). A produção foi progressiva da primeira à terceira colheita (1979 a 1981) tendo uma queda excessiva, praticamente igual a zero, na quarta produção (redução de 94%); nos dois anos seguintes as produções foram constantes e elevadíssimas. Estes fatos foram refletidos no valor pronunciado da interação genótipos x anos no período 1979-1984, onde oc_{ge}^2 foi igual a 0,5275 (Apêndice A). Esta elevada flutuação verificada antes da poda deve ter também influenciado no valor da interação considerando todas as colheitas, onde o c_{ge}^2 foi de 0,2837 (Tabela 3).

Após a decisão de recepar todas as plantas do experimento para uma nova tomada de dados, as condições climáticas no período 1985 a 1992 foram favoráveis para o desenvolvimento das plantas, ou pelo menos não a prejudicaram demasiadamente. A primeira produção ocorrida em 1986 foi muito baixa, fato já esperado em café, e, portanto descartada. Considerou-se o ano de 1987 efetivamente como a primeira colheita significativa. Como se observa novamente na Figura 2 a primeira produção já iniciou em um elevado patamar, acima de $9,0 \text{ kg.planta}^{-1}$, e foi decrescendo de forma mais branda até a terceira colheita. Provavelmente estas altas produções iniciais devem ter sido decorrentes da renovação do sistema radicular provocado pela poda das plantas, fato também verificado por Cilas, Montagnon e Bar-Hen (2011) na qual a produção de grãos de café aumentou em 46% após a poda das plantas. As produções oscilaram de forma mais branda, com reduções entre a primeira, segunda e terceira colheitas de 5%, 24%, 11%, respectivamente, passando de $9,25 \text{ kg.planta}^{-1}$ para $5,51 \text{ kg.planta}^{-1}$. Da terceira para a quarta produções houve um elevado aumento (95%), da quarta para a quinta uma manutenção da produção e da quinta para a sexta colheitas uma redução de 38%. Isto gerou um c_{ge}^2 de 0,1211, valor 77% menor que a interação das seis colheitas iniciais e 46% menor que a interação das 12 colheitas. Quando se analisaram separadamente os anos de baixas e altas produções depois da poda, as interações foram drasticamente reduzidas: $c_{ge}^2 = 0,0257$ (anos de baixas produções) e $c_{ge}^2 = 0,0152$ (anos de altas produções). Isto já era até previsto, haja vista que se juntaram colheitas de valores muito próximos: 1989 ($5,51 \text{ kg.planta}^{-1}$) com 1992 ($6,72 \text{ kg.planta}^{-1}$) considerados anos de baixas produções; 1990 ($10,73 \text{ kg.planta}^{-1}$) com 1991 ($10,83 \text{ kg.planta}^{-1}$) considerados anos de altas produções, o que também refletiu nas correlações entre as colheitas (r_{gc}), acima de 90%.

Na Tabela 8 encontram-se o número de colheitas necessárias para a seleção de acordo com os coeficientes de repetibilidade (r) e determinação (R^2) para os 12 anos de produções e os seis anos de produções após a poda das plantas.

Em espécies perenes, é esperado que a performance de um dado genótipo perdure através dos anos. O coeficiente de repetibilidade indica que o fenótipo de um dado indivíduo pode ser corretamente determinado com um número mínimo de medições. Em termos de estratégia de seleção, isto pode se constituir em uma vantagem, uma vez que um pequeno número de avaliações é suficiente para inferir o valor de um indivíduo com um determinado grau de certeza (RESENDE, 2002).

Resende (2002) classificou a repetibilidade em alta ($r \geq 0,60$), média ($0,30 < r < 0,60$) e baixa ($r \leq 0,30$). As seis colheitas após a poda (1987-1992) proporcionaram altas estimativas da repetibilidade, variando de 0,4393 a 0,9039, em relação aos valores das 12 colheitas, que variou entre 0,1393 e 0,6600. Com apenas duas produções pós-poda já se conseguiria uma repetibilidade acima de 0,60 e um R^2 de 75% de confiabilidade; com quatro colheitas elevar-se-ia esta confiabilidade para 92% com uma repetibilidade de 0,75; acima de seis colheitas o aumento do coeficiente de repetibilidade, juntamente com o coeficiente de determinação, é inexpressivo. Por outro lado, considerando as 12 colheitas uma repetibilidade acima de 0,60 só seria alcançada após 10 anos de produções, o que praticamente inviabilizaria a condução técnica e financeira do experimento. Fonseca et al. (2004) estudaram a repetibilidade em clones de café conilon, obtendo um $r = 0,52$; os autores concluíram que quatro colheitas seriam o suficiente para selecionar genótipos promissores e a partir da sexta colheita o aumento do coeficiente passa a ser irrelevante.

De acordo com toda a discussão realizada pode-se afirmar que na ocorrência de anos climáticos atípicos a seleção fica prejudicada e comprometida. Nessa situação é preferível não considerar o período afetado e analisar os dados após a recuperação das plantas, mesmo que isso possa comprometer o tempo para desenvolver e disponibilizar ao cafeicultor uma nova cultivar.

Tabela 8 - Número de colheitas (η), de acordo com as estimativas dos coeficientes de repetibilidade (r) e de determinação (R^2), necessárias para a seleção de progênies de *Coffea canephora* em Mococa (SP) considerando duas combinações de colheitas

1979-1992 (12 colheitas)			1987-1992 (seis colheitas após a poda)		
η	r	R^2	η	r	R^2
		%			%
1	0,1393	13,93	1	0,4393	43,93
2	0,2445	39,29	2	0,6104	75,81
3	0,3268	59,29	3	0,7015	87,58
4	0,3929	72,13	4	0,7581	92,61
5	0,4472	80,18	5	0,7966	95,14
6	0,4926	85,35	6	0,8246	96,58
7	0,5311	88,80	7	0,8458	97,46
8	0,5641	91,19	8	0,8624	98,04
9	0,5929	92,91	9	0,8758	98,45
10	0,6180	94,18	10	0,8868	98,74
11	0,6402	95,14	11	0,8960	98,96
12	0,6600	95,88	12	0,9039	99,12

4.1.2 Identificação de indivíduos para seleção recorrente e clonagem

Nos programas de melhoramento genético de espécies perenes em que as duas formas de propagação vegetativa, caso do *C. canephora*, são viáveis a seleção de plantas superiores poderá basear-se tanto nos efeitos aditivos quanto nos efeitos genotípicos totais. Quando o intuito é a propagação sexuada o primeiro efeito passa a ser prioritário, enquanto que o segundo ganha importância quando o interesse é na propagação assexuada.

No caso específico do *C. canephora* estas duas possibilidades devem ser, quando possível, conduzidas concomitantemente. A seleção e a recombinação de plantas superiores em sucessivos ciclos de seleção, a fim de elevar a presença de alelos favoráveis, deverão estar alimentando com novos genótipos o sistema que extrai constantemente indivíduos promissores para o desenvolvimento de cultivares clonais. A adoção de um esquema de seleção recorrente faz com que a variabilidade genética seja mantida num nível adequado,

juntamente com a constante melhoria da média populacional, dando sustentabilidade ao programa no médio/longo prazo.

De acordo com as discussões apresentadas no item anterior (4.1.1) serão considerados os resultados das seis colheitas realizadas após a poda (1987 a 1992) e dos anos de altas produções (1990 e 1991).

4.1.2.1 Seleção baseada em seis colheitas

4.1.2.1.1 Seleção recorrente

Na Tabela 9 é apresentada a classificação dos melhores indivíduos, com base nos efeitos genéticos aditivos (\hat{a}), da população de *C. canephora* avaliada em Mococa (SP) entre 1987 e 1992.

A vantagem dos métodos de seleção praticados sobre os valores ou efeitos genéticos e não em teste de médias (como relatado no item 2.1.8.2) reside no fato de permitirem a comparação direta e eficiente de todos os indivíduos de uma progênie em todo o experimento, uma vez que tais métodos utilizam desvios ponderados. Outra vantagem da seleção baseada em valores genéticos é que a mesma possibilita a seleção de indivíduos e progênies em diferentes experimentos da mesma idade ou em experimentos com progênies pertencentes a várias procedências (RESENDE; HIGA, 1994).

Inicialmente verificou-se que as magnitudes do efeito aditivo (a) prevaleceram sobre os efeitos de dominância (d) indicando, numa primeira análise, que a população em estudo tem potencial para ser submetida a um esquema de seleção recorrente. Provavelmente, este fato deve ter também contribuído para que as estimativas das herdabilidades individuais tenham sido elevadas. Infelizmente, não há um referencial teórico na literatura mundial para se poder comparar os valores de a , mas certamente as magnitudes encontradas, considerando a significância da variância genética aditiva remanescente e as herdabilidades individuais, sugerem que estes valores são elevados e há muita variabilidade genética a ser explorada ao longo dos anos.

Tabela 9 - Classificação de plantas ordenadas com base nos efeitos aditivos (a), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e seus ganhos genéticos esperados (G_s), do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas entre 1987 e 1992 no experimento de progênies de *C. canephora* em Mococa, SP

Ordem	Planta	Prog	f	a	u + a	d	\bar{X}_m	G_s	G_s (%)	(continua)		
										N_e	N_{ef}	F (%)
		n°	kg café roça/planta							n°		
1°	129	14	24,91	12,16	20,42	5,86	20,42	12,16	147,22	1,00	1,00	50,00
2°	215	14	23,18	11,00	19,26	5,09	19,84	11,58	140,19	1,60	1,00	31,25
3°	83	21	25,04	10,94	19,20	7,17	19,62	11,36	137,53	2,48	1,80	20,16
4°	350	16	22,83	10,57	18,83	5,95	19,43	11,16	135,11	3,49	2,67	14,33
5°	175	14	22,33	10,56	18,82	4,80	19,30	11,04	133,66	3,66	2,27	13,66
6°	72	1	22,97	10,36	18,62	6,54	19,19	10,93	132,32	4,65	3,00	10,75
7°	23	2	22,29	9,76	18,02	6,81	19,02	10,76	130,27	5,63	3,77	8,88
8°	249	14	22,10	9,69	17,96	4,22	18,89	10,63	128,69	5,59	3,20	8,94
9°	141	1	21,77	9,24	17,51	5,80	18,74	10,47	126,76	6,27	3,52	7,97
10°	210	8	21,16	9,05	17,31	4,46	18,59	10,33	125,06	7,21	4,17	6,93
11°	128	13	19,93	8,74	17,00	4,64	18,45	10,19	123,37	8,16	4,84	6,13
12°	196	7	20,47	8,41	16,67	5,00	18,30	10,04	121,55	9,12	5,54	5,48
13°	195	1	20,37	8,29	16,56	5,17	18,17	9,90	119,85	9,47	5,45	5,28
14°	46	11	20,43	7,99	16,25	5,45	18,03	9,77	118,28	10,41	6,12	4,80
15°	74	14	18,54	7,72	15,99	2,91	17,89	9,63	116,59	10,23	5,49	4,89
16°	293	5	18,50	7,46	15,73	4,56	17,76	9,50	115,01	11,15	6,09	4,48
17°	123	9	18,78	7,45	15,71	5,00	17,64	9,38	113,56	12,08	6,72	4,14
18°	43	3	20,22	7,34	15,60	5,05	17,52	9,26	112,11	13,02	7,40	3,84
19°	201	7	18,21	7,18	15,44	4,18	17,41	9,15	110,77	13,68	7,68	3,65
20°	581	16	17,88	7,13	15,39	3,66	17,31	9,05	109,56	14,35	8,00	3,48
21°	47	16	17,91	7,08	15,34	3,62	17,22	8,96	108,47	14,74	8,02	3,39
22°	244	15	17,32	6,99	15,25	3,00	17,13	8,87	107,38	15,67	8,64	3,19
23°	288	15	17,56	6,87	15,13	2,92	17,04	8,78	106,30	16,34	8,97	3,06
24°	571	15	16,96	6,80	15,06	2,88	16,96	8,70	105,33	16,74	9,00	2,99
25°	51	13	18,92	6,76	15,02	3,32	16,88	8,62	104,36	17,41	9,33	2,87

Tabela 9 - Classificação de plantas ordenadas com base nos efeitos aditivos (a), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e seus ganhos genéticos esperados (G_s), do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas entre 1987 e 1992 no experimento de progênes de *C. canephora* em Mococa, SP

Ordem	Planta	Prog	f	kg café roça/planta				\bar{X}_m	G_s	G_s (%)	N_e	(conclusão)	
				a	u + a	d	N_{ef}					F (%)	
n°		n°											
30°	94	15	16,52	6,08	14,34	2,40	16,48	8,22	99,52	17,70	8,20	2,82	
50°	552	14	15,55	5,32	13,58	1,31	15,45	7,19	87,05	27,16	11,68	1,84	
75°	362	14	13,55	4,52	12,78	0,77	14,69	6,42	77,72	35,03	13,22	1,43	
100°	261	16	13,49	3,52	11,78	1,25	14,12	5,86	70,94	40,46	14,41	1,23	
150°	559	4	10,31	2,01	10,27	1,06	13,09	4,83	58,47	46,95	15,49	1,06	

f = valor fenotípico; a = efeitos aditivos; u + a = valor genético aditivo; d = efeitos de dominância; \bar{X}_m = média melhorada esperada do conjunto de plantas selecionadas; G_s = ganho genético esperado na seleção; N_e = tamanho efetivo populacional ao nível de indivíduos; N_{ef} = tamanho efetivo ao nível de progênes selecionadas; F = coeficiente de endogamia das plantas selecionadas.

A classificação dos indivíduos, realizada de acordo com o valor \hat{a} , revelou que as progênes 1, 2, 3, 5, 7, 8, 9, 11, 13, 14, 15, 16 e 21 tiveram pelo menos um representante até o 25° lugar, sendo que a progênie 14 contribuiu com o maior número de indivíduos (5), concentrados principalmente nas cinco primeiras posições. O valor fenotípico (f) médio observado em campo destas 25 melhores plantas foi de 20,42 kg de café da roça e o a médio de 8,62 kg. Nem sempre maiores f significam em melhores classificações, como pode ser notado, por exemplo, nos valores de f e a das plantas 129, 83, 72 e 128, entre outras.

Considerando-se os 504 indivíduos verificou-se que a planta 129, da progênie 14, apresentou os maiores valores de \hat{a} (12,16 kg). Dessa maneira, espera-se que, em uma reprodução sexuada deste indivíduo, a sua descendência herde metade desse montante, em média. Em seguida vieram as plantas 215 (progênie 14) com $\hat{a} = 11,00$ kg; 83 (progênie 21) com $\hat{a} = 10,94$ kg; 350 (progênie 16) com $\hat{a} = 10,57$ kg; 175 (progênie 14) com $\hat{a} = 10,56$ kg e assim até a planta 51 (progênie 13) com $\hat{a} = 6,76$ kg na 15ª colocação.

Para que a seleção recorrente tenha sucesso é necessário que a cada ciclo de seleção a média populacional seja maior que a do ciclo anterior e que a variabilidade genética aditiva remanescente seja mantida num nível adequado a fim de extrair genótipos superiores até um limite, sendo que a partir daí uma nova população deverá ser constituída.

Considerando-se um coeficiente de endogamia (F) de aproximadamente 5% poder-se-ia selecionar 15 indivíduos (129, 215, 83, 350, 175, 72, 23, 249, 141, 210, 128, 196, 195, 46 e

74) para recombinação e serem então submetidos ao segundo ciclo de seleção recorrente. Espera-se que essa seleção, em ambos os sexos, propiciará um ganho genético de 116,59%, mesmo que apenas 3% da população estejam representadas nesta simulação. Neste caso, a média melhorada esperada (\bar{X}_m) para um ciclo de seleção passaria para 17,89 kg, mais que o dobro da população inicial. Resultados semelhantes foram obtidos por Leroy et al. (1997), para a produção de grãos, onde os autores encontraram um ganho genético de 65%, utilizando uma forte pressão de seleção (5%) e seleção em um só sexo.

Os ganhos genéticos esperados na seleção somente do lado feminino reduzem-se a metade quando comparados aos realizados nos dois lados paternos. A seleção individual com altas intensidades de seleção é reconhecidamente uma estratégia arriscada num programa de melhoramento genético, apesar de se obter um rápido progresso num curto período de tempo, pois ao reduzir o tamanho efetivo da população pode-se levar à endogamia e a perda de vigor (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Esses 15 indivíduos selecionados estão associados a um tamanho efetivo populacional ao nível de indivíduos (N_e) igual 10,23, que vem a ser o número equivalente em termos de indivíduos não aparentados. O número efetivo (10) é menor que o número físico (15) porque vários desses indivíduos pertencem à mesma progênie; por exemplo a progênie 14 contribuiu com cinco plantas, a progênie 3 com três e as demais com um representante cada. O número efetivo ao nível de progênies selecionadas (N_{ef}), considerando as “top 15”, também é diferente do número físico (5,49 e 8,00, respectivamente) pelo mesmo motivo relatado anteriormente. É interessante notar que se fossem selecionadas as “top 14” o N_{ef} seria maior que as “top 15”, pois estaria-se excluindo a progênie 14, já presente nas posições anteriores.

Caso o melhorista prefira trabalhar com um N_e maior para diminuir os riscos de endogamia, poderiam-se selecionar as 50 melhores plantas (intensidade de 10%), o que daria um $N_e = 27,16$ e $F = 1,84\%$, porém a média melhorada reduziria para 15,45 kg (bem maior ainda que a média original de 8,26 kg). Isto daria ainda um considerável ganho genético esperado de 87,05%. No caso de 150 plantas o ganho cairia para 58,47% (o efeito aditivo reduziu de 12,16 para 2,01), com uma média de 13,09 kg e um F próximo de 1%. Uma barreira que pode limitar atualmente o plantio de muitos indivíduos, no caso do café, é o espaço físico para a implantação desta nova população melhorada. Nos exemplos citados 15 indivíduos, imaginando um experimento montado em blocos ao acaso com seis repetições e três plantas por parcela num espaçamento de 4,0 x 2,0 metros, ocuparia uma área de 2.160 m²; 50 indivíduos já precisariam de 7.200m² e 150 indivíduos necessitariam de um pouco mais de 2 hectares, o que aumentaria os custos e dificultaria a operacionalização financeira do

programa. Portanto, a racionalidade entre as partes técnica e financeira, além da experiência do melhorista, deverão nortear o programa de melhoramento, sem prejuízos significativos para qualquer uma das partes.

Outro ponto que o melhorista de café deverá considerar é a escolha da estratégia a ser utilizada para a recombinação, pois isto poderá maximizar o ganho genético esperado da população submetida a seleção recorrente. Como exposto anteriormente, uma das alternativas é podar as plantas que não foram selecionadas deixando apenas as selecionadas; com isto o ganho genético atingirá os valores apresentados na Tabela 9. Caso não se queira utilizar este procedimento, o ganho se reduzirá pela metade, já que deixando todas as plantas se intercruzarem o pólen será proveniente de todas os indivíduos da população e as filhas só receberão metade dos alelos selecionados da mãe, reduzindo então o ganho. A vantagem deste último procedimento seria o ganho em tempo, pois no ano seguinte já ocorreria a recombinação; se a opção for a manutenção apenas das plantas selecionadas no campo, praticamente a recombinação ocorreria dois ou três anos após a poda das plantas.

Pelos resultados obtidos pode-se afirmar que esta população possui grande potencial para ser submetida a seleção recorrente.

4.1.2.1.2 Seleção clonal

Uma outra aplicação deste experimento é a seleção e a multiplicação assexuada das melhores plantas desta população a fim de desenvolver cultivares clonais. Quando se avaliam progênes com a intenção de clonar os melhores indivíduos faz-se necessária a predição dos valores genotípicos totais de cada planta, ao contrário do que ocorre na seleção recorrente, ou numa propagação de uma espécie por sementes, onde o conhecimento dos efeitos aditivos ganha maior importância do que os efeitos de dominância e epistáticos. Neste contexto, é apresentada na Tabela 10 a classificação dos indivíduos com base nos efeitos genotípicos totais (\hat{g}) da população de *C. canephora* avaliada em Mococa (SP) entre 1987 e 1992.

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

Imaginando-se resultados a médio-longo prazos poder-se-ia utilizar uma intensidade de seleção mais branda, talvez 20%, o que resultaria em 100 indivíduos passíveis de clonagem.

Nessa hipótese passaríamos de uma média de 8,26 kg para 17,33 kg, com um ganho genético esperado (G_s) de 109,81%. Caso o objetivo do programa exija resposta no curto prazo pode-se aumentar a pressão de seleção para, por exemplo, 25 indivíduos (5%), que resultariam em uma média melhorada (\bar{X}_m) de 21,76 kg com um valor de G_s de 163,44%. Na necessidade de se obter resultados no curto prazo a seleção de um menor número de indivíduos propiciaria também a não execução de um ciclo de seleção, isto é, seis anos a menos de experimentação. É obvio também que uma seleção mais branda é a mais aconselhável, devido a todos os benefícios que isto traz à população em estudo.

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

Tabela 10 - Classificação de plantas ordenadas com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), suas médias melhoradas (\bar{X}_m) e os seus ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas entre 1987 e 1992 no experimento de progênies de *C. canephora* em Mococa, SP

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

Tabela 10 - Classificação de plantas ordenadas com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), suas médias melhoradas (\bar{X}_m) e os seus ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas entre 1987 e 1992 no experimento de progênes de *C. canephora* em Mococa, SP

Pos.	Planta	Prog	g	u+g	\bar{X}_m	G_s	(conclusão)
							G_s (%)
n°		kg café roça/planta					
30°	574	9	9,47	17,73	21,13	12,87	155,81
50°	35	2	8,21	16,47	19,54	11,28	136,56
75°	279	10	6,79	15,05	18,27	10,01	121,19
100°	467	8	5,50	13,76	17,33	9,07	109,81
150°	584	14	1,82	10,08	15,60	7,34	88,86

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

Como g é em função principalmente dos efeitos genéticos a e d a classificação de cada indivíduo foi influenciada por uma maior ou menor grandeza desses efeitos. Na classificação com base nos valores genotípicos totais nem sempre um alto valor de a ou de d gerou as primeiras posições. Nesse sentido as cinco primeiras posições foram ocupadas pelas plantas 83 (apresentou o maior valor de \hat{g} , 18,11 kg), seguida da 129 ($\hat{g} = 18,02$ kg) e 72 ($\hat{g} = 16,90$ kg); a planta 571, 25ª colocada, apresentou praticamente metade do valor de \hat{g} da primeira colocada ($\hat{g} = 9,68$ kg).

Uma outra abordagem que poderia ser feita é em relação aos ordenamentos realizados por \hat{a} e \hat{g} . Verificou-se que os 14 melhores indivíduos ordenados por \hat{g} (83, 129, 72, 23, 350, 215, 175, 141, 249, 210, 195, 46, 196 e 128) são os mesmos do ordenamento feito por \hat{a} (Tabela 9), alterando-se apenas o posicionamento entre os mesmos. As plantas 83 (progênie 21) e 129 (progênie 14) destacaram-se nas duas formas de propagações. O indivíduo 83 apresentou o maior \hat{g} (18,11 kg) e o terceiro maior \hat{a} (10,94 kg); já a planta 129 apresentou o segundo melhor valor de \hat{g} (18,02 kg) e o primeiro valor de \hat{a} (12,16 kg). A planta 215 (progênie 14) apresentou a maior queda dentre as “top 14”, passando de segundo (ordenada por \hat{a}) para sexto lugar (ordenada por \hat{g}). Queda semelhante registrou o indivíduo 72 (progênie 1), porém em relação à classificação por \hat{g} ; já a planta 23 (progênie 2) ascendeu de três posições, passando da sétima (ordenada por \hat{a}) para o quarto lugar (ordenada por \hat{g}).

Os valores genotípicos totais ($\hat{u}+\hat{g}$) variaram entre 26,37 e 10,08 kg, superiores aos valores genéticos aditivos ($\hat{u}+\hat{a}$), que variaram entre 20,42 e 10,27 kg. Considerando ainda esse conjunto de plantas observou-se que a propagação clonal proporcionaria ganhos genéticos ($G_s = 184,75\%$) bem superiores aos obtidos pela propagação sexual ($G_s = 118,28\%$), resultado praticamente esperado, pois na reprodução assexuada toda a variância genética (aditiva, dominante e epistática) é explorada, o que amplifica o valor de G_s , ao contrário da propagação sexuada na qual apenas a variância aditiva é aproveitada. Outra vantagem na propagação assexuada é o menor tempo gasto no desenvolvimento de cultivares clonais: uma cultivar de *C. arabica* poderá levar entre 35 e 40 anos para ser desenvolvida, enquanto uma de *C. canephora*, devido à ausência de segregações genéticas intraclonais, necessitaria entre 20 e 25 anos.

4.1.2.2 Seleção baseada em duas colheitas de alta produção

4.1.2.2.1 Seleção recorrente

Encontra-se na Tabela 11 a classificação dos melhores indivíduos, com base nas estimativas dos efeitos genéticos aditivos (a), da população de *C. canephora* avaliada em Mococa (SP) nos anos de 1990 e 1991, considerados de altas produções.

Nas 25 primeiras posições destacaram-se as seguintes progênies, presentes com pelo menos um representante: 1, 2, 3, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 20 e 21. Em relação às seis colheitas não estiveram presentes as progênies 5 e 7 nesta relação. A progênie 14 também contribuiu com o maior número de indivíduos neste conjunto (5). O valor fenotípico (f) médio observado em campo destas 25 melhores plantas foi de 27,41 kg e com um \hat{a} médio de 12,09 kg, ou 34% e 40% superiores, respectivamente, às seis colheitas.

Considerando as 25 melhores plantas da Tabela 11, a estimativa do efeito aditivo (\hat{a}) deste conjunto foi de 8,83 kg, 30% superior em relação às seis colheitas (Tabela 9). O maior valor de \hat{a} foi observado na planta 215 (18,77 kg), seguida pelas plantas 175 (16,08 kg), 83 (15,48 kg), 141 (15,36 kg) e 210 (14,06 kg). A maior estimativa do efeito de dominância (\hat{d}) foi verificada no indivíduo 83 (9,82 kg), primeiro colocado também nesse efeito quando se analisaram as seis colheitas, seguido pelos indivíduos 215 (9,02 kg), 141 (8,96 kg), 40 (7,78 kg) e 221 (7,68 kg) (Tabela 11).

Tabela 11 - Classificação de plantas ordenadas com base nas estimativas dos efeitos aditivos (a), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e seus ganhos genéticos esperados (G_s), do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas de 1990 e 1991, consideradas de altas produções, no experimento de progênies de *C. canephora* em Mococa, SP

Ordem	Planta	Prog	f	a	u + a	d	\bar{X}_m	G_s	G_s (%)	N_e	N_{ef}	(continua)
												F (%)
		— n° —	kg café roça/planta						— n° —			
1°	215	14	35,46	18,77	29,71	9,02	29,71	18,77	227,24	1,00	1,00	50,00
2°	175	14	31,55	16,08	27,01	7,22	28,36	17,43	211,02	1,60	1,00	31,25
3°	83	21	34,64	15,48	26,42	9,82	27,71	16,78	203,15	2,48	1,80	20,16
4°	141	1	32,85	15,36	26,29	8,96	27,36	16,42	198,79	3,49	2,67	14,32
5°	210	8	29,50	14,06	25,00	6,73	26,89	15,95	193,10	4,49	3,57	11,14
6°	350	16	29,83	13,79	24,72	7,60	26,53	15,59	188,74	5,50	4,50	9,09
7°	129	14	28,38	13,46	24,40	5,48	26,22	15,29	185,11	5,63	3,78	8,88
8°	74	14	27,63	13,29	24,23	5,36	25,97	15,04	182,08	5,59	3,20	8,94
9°	195	1	29,14	13,29	24,23	7,58	25,78	14,84	179,66	6,27	3,52	7,97
10°	249	14	27,46	12,34	23,28	4,73	25,53	14,59	176,63	6,15	3,12	8,13
11°	574	9	27,22	11,88	22,82	8,22	25,28	14,35	173,73	7,06	3,67	7,08
12°	128	13	26,06	11,56	22,49	6,34	25,05	14,12	170,94	7,97	4,23	6,27
13°	72	1	26,46	11,50	22,43	6,39	24,85	13,91	168,40	8,40	4,33	5,95
14°	40	2	27,47	11,18	22,11	7,78	24,65	13,72	166,10	9,31	4,90	5,37
15°	43	3	29,05	11,16	22,09	7,52	24,48	13,55	164,04	10,23	5,49	4,89
16°	221	12	27,20	11,08	22,02	7,68	24,33	13,39	162,11	11,15	6,10	4,48
17°	160	16	25,20	10,79	21,73	5,60	24,18	13,24	160,29	11,82	6,42	4,23
18°	46	11	27,10	10,37	21,31	6,81	24,02	13,08	158,35	12,75	7,04	3,92
19°	336	8	22,60	10,22	21,16	4,17	23,87	12,93	156,54	13,42	7,37	3,72
20°	371	15	24,70	10,14	21,07	4,73	23,73	12,79	154,84	14,35	8,00	3,48
21°	571	15	23,11	9,79	20,72	4,50	23,58	12,65	153,15	15,02	8,32	3,33
22°	23	2	24,48	9,58	20,51	6,71	23,44	12,51	151,45	15,69	6,72	3,19
23°	244	15	22,15	9,13	20,06	4,06	23,30	12,36	149,64	16,09	8,67	3,11
24°	17	20	23,25	9,12	20,05	5,49	23,16	12,23	148,06	17,01	9,29	2,94
25°	274	13	22,71	8,83	19,77	4,52	23,03	12,09	146,37	17,68	9,62	2,83

Tabela 11 - Classificação de plantas ordenadas com base nas estimativas dos efeitos aditivos (a), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e seus ganhos genéticos esperados (G_s), do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas de 1990 e 1991, consideradas de altas produções, no experimento de progênes de *C. canephora* em Mococa, SP

Ordem	Planta	Prog	f	a	u + a	d	\bar{X}_m	G_s	G_s (%)	N_e	N_{ef}	(conclusão)
												F (%)
— n° —		kg café roça/planta						— n° —				
30°	16	14	21,51	8,61	19,54	2,24	22,46	11,52	139,47	18,47	8,82	2,71
50°	247	5	21,03	7,04	17,98	4,98	20,89	9,96	120,58	25,82	10,78	1,94
75°	53	3	19,81	5,81	16,75	3,96	19,70	8,77	106,17	33,94	13,05	1,47
100°	311	9	18,56	4,92	15,85	3,58	18,83	7,90	95,64	38,26	13,62	1,31
150°	139	14	13,18	2,72	13,65	-1,69	17,48	6,54	79,18	46,44	15,28	1,08

f = valor fenotípico; a = efeitos aditivos; u+a = valor genético aditivo; d = efeitos de dominância; \bar{X}_m = média melhorada do conjunto de plantas selecionadas; G_s = ganho genético esperado na seleção; N_e = tamanho efetivo populacional ao nível de indivíduos; N_{ef} = número efetivo ao nível de progênes selecionadas; F = coeficiente de endogamia.

Obviamente que tanto \bar{X}_m quanto G_s foram superiores nas análises dos anos de altas produções, pois ambos são em função de \hat{a} e da média geral (\hat{u}). A seleção de 25 plantas proporcionou uma média esperada (\bar{X}_m) de 23,03 kg, 36% maior que a anterior e praticamente o triplo da população original, e um ganho genético esperado de 146,37%, contra 104,36% obtido nas análises de seis colheitas. Como esperado, os componentes de médias na análise envolvendo os dois anos de altas produções foram superiores aos estimados com base em seis colheitas.

No caso da seleção recorrente, um coeficiente de endogamia (F) próximo a 5% contemplaria 15 plantas (215, 175, 83, 141, 210, 350, 129, 74, 195, 249, 574, 128, 72, 40 e 43), proporcionando um tamanho efetivo populacional ao nível de indivíduos de 10,23 e ao nível de progênes de 5,49. Nesse caso esperar-se-ia um ganho genético (G_s) no valor de 164,04%. Quatro plantas selecionadas na análise com seis colheitas não estiveram presentes nesta simulação: 23, 46, 74 e 196. Numa outra hipótese, seleção de 50 indivíduos, o valor do parâmetro N_e passaria para 25,82 e o N_{ef} para 10,78 com um F de 1,94%, praticamente o mesmo da análise de seis colheitas. Como se constatou, tanto nas análises de seis colheitas quanto nas de anos de altas produções os valores de N_e , N_{ef} e o F são semelhantes, o que fica alterado são os valores dos componentes de médias, a média melhorada e o ganho com a seleção.

Sabe-se que na seleção assexuada os valores de N_e e F são menos relevantes do que na seleção sexuada. Num programa de seleção recorrente, em que novas populações são formadas após ciclos de seleção, N_e e F afetam diretamente a grandeza da variância aditiva remanescente nas gerações subseqüentes. Na seleção recorrente faz-se necessário atentar tanto nos ganhos genéticos quanto no tamanho efetivo populacional. Uma seleção muito intensa, isto é ganhos genéticos altos e baixo número de indivíduos para a próxima geração, comprometem os ganhos futuros. Por isso o usual é fazer uma seleção mais branda, onde os ganhos iniciais são mais modestos, porém a nova população melhorada será constituída por um maior número de indivíduos, tendo, portanto, menor risco de endogamia e maior variância aditiva remanescente. Isso garante indiretamente a alimentação e sustentabilidade de um programa de desenvolvimento de cultivares clonais no longo prazo. Nesse estudo a seleção de no mínimo 50 indivíduos seria aconselhável, pois ter-se-ia um tamanho efetivo populacional e coeficiente de endogamia próximos a 25 e 2%, respectivamente. A sustentabilidade do programa será beneficiada caso o mesmo permita, operacional e financeiramente, utilizar um maior número de indivíduos.

Uma última análise em relação à Tabela 11 é o ordenamento das plantas, no qual em alguns casos ocorreram queda de posição, em outros ascensões e em poucos pequena variação. A planta 215 teve uma performance notória: 1ª lugar nas seis colheitas e 2ª nos anos de altas produções. A planta 83 manteve a mesma posição em ambas as classificações (3º lugar).

Por outro lado algumas plantas tiveram consideráveis ascensões no ordenamento, como por exemplo os indivíduos 574 (saltou do 39º lugar na análise de seis colheitas, Tabela 9, para 11º lugar nos anos de altas produções, Tabela 11), 40 (49º para 14º), 221 (58º para 16º) e 17 (124º para 24º). Outros tiveram uma ascensão mais modesta, porém importante: indivíduo 175, (passou de 5º para 2º), 141 (passou de 9º para 4º), 210 (10º para 5º) e 74 (15º para 8º).

Uma queda bem significativa foi a verificada pelas plantas 129, despencando da 1ª colocação, nas seis colheitas, para a 7ª posição, nos anos de altas produções; e a 23 (7º lugar nas seis colheitas e 22º nos anos de altas produções). Outras plantas registraram quedas menos acentuadas, tais como a 72 (6º lugar nas seis colheitas e 13º nos anos de altas produções).

4.1.2.2 Seleção clonal

Na Tabela 12 é apresentada a classificação das 150 melhores plantas com base nos efeitos genotípicos totais (\hat{g}) da população de *C. canephora* avaliada em Mococa (SP) nos anos de altas produções (1990 e 1991).

Novamente nos anos de altas produções ocorreram os maiores efeitos (\hat{g}) e valores ($\hat{u} + \hat{g}$) genotípicos totais, as maiores médias melhoradas (\bar{X}_m) e os maiores ganhos genéticos (G_s) quando comparados com as seis colheitas. A seleção de 100 plantas (20%) para a clonagem resultaria num valor \bar{X}_m de 23,07 kg, 33% superior a \bar{X}_m das seis colheitas. O ganho G_s para esse conjunto de plantas foi de 111,07%, porém bem próximo do ganho obtido nas seis colheitas (109,81%). Já a seleção de 25 plantas (5%) daria um ganho de 171,45%, valor próximo do ganho obtido nas seis colheitas (163,44%). Percebe-se que as médias \bar{X}_m , considerando os anos de altas produções, são maiores do que nas análises das seis colheitas, porém os progressos genéticos percentuais praticamente são os mesmos. Isso fica evidente considerando, por exemplo, os valores G_s para o conjunto de 20 indivíduos que foram de 181% (altas produções) e 172% (seis colheitas). Considerando 15 indivíduos estes valores foram de 191% (altas produções) e 183% (seis colheitas) ou 10 indivíduos de 203% (altas produções) e 194% (seis colheitas).

Teoricamente, a seleção com base nas colheitas de alta produção foi a mais propícia para alcançar sucesso no processo seletivo, porém isso deve ser analisado com maior cautela. Os resultados obtidos, principalmente os ganhos genéticos, com base em seis anos foram semelhantes aos obtidos com dois anos de alta produção. Apesar disso, optar pela seleção envolvendo maior número de colheitas parece ser mais racional, pois se aproxima mais das condições que podem ocorrer na lavoura visto que o cafeicultor não terá somente anos favoráveis. Os resultados obtidos nesse trabalho são específicos para este experimento. Para uma generalização dos resultados é prudente realizar mais pesquisas envolvendo outras progênies, locais e anos.

Tabela 12 - Classificação de plantas ordenadas com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), suas médias melhoradas (\bar{X}_m) e seus ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas de 1990 e 1991, consideradas de altas produções, no experimento de progênies de *C. canephora* em Mococa, SP

Pos.	Planta	Prog	g	u+g	\bar{X}_m	G_s	(continua)
							G_s (%)
n°		kg café roça/planta					
1°	215	14	27,79	38,72	38,72	27,79	254,25
2°	83	21	25,30	36,23	37,47	26,54	242,82
3°	141	1	24,32	35,25	36,73	25,80	236,05
4°	175	14	23,30	34,23	36,11	25,18	230,38
5°	350	16	21,39	32,32	35,35	24,42	223,42
6°	195	1	20,88	31,81	34,76	23,83	218,02
7°	210	8	20,79	31,72	34,33	23,40	214,09
8°	574	9	20,10	31,03	33,91	22,98	210,25
9°	40	2	18,95	29,88	33,47	22,54	206,22
10°	129	14	18,94	29,87	33,11	22,18	202,93
11°	221	12	18,77	29,70	32,80	21,87	200,09
12°	43	3	18,68	29,61	32,53	21,60	197,62
13°	74	14	18,66	29,59	32,30	21,37	195,52
14°	128	13	17,89	28,82	32,06	21,13	193,32
15°	72	1	17,89	28,82	31,84	20,91	191,31
16°	46	11	17,18	28,11	31,61	20,68	189,20
17°	249	14	17,07	28,00	31,40	20,47	187,28
18°	160	16	16,39	27,32	31,17	20,24	185,18
19°	23	2	16,29	27,22	30,96	20,03	183,26
20°	360	18	15,12	26,05	30,72	19,79	181,06
21°	371	15	14,87	25,80	30,48	19,55	178,87
22°	17	20	14,61	25,54	30,26	19,33	176,85
23°	123	9	14,48	25,41	30,05	19,12	174,93
24°	336	8	14,40	25,33	29,85	18,92	173,10
25°	318	4	14,35	25,28	29,67	18,74	171,45

Tabela 12 - Classificação de plantas ordenadas com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), suas médias melhoradas (\bar{X}_m) e seus ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de plantas selecionadas nas colheitas de 1990 e 1991, consideradas de altas produções, no experimento de progênies de *C. canephora* em Mococa, SP

Pos.	Planta	Prog	g	u+g	\bar{X}_m	G_s	(conclusão)
							G_s (%)
———— n° ————		———— kg café roça/planta ————					
30°	244	15	13,19	24,12	28,82	17,89	163,68
50°	432	2	10,94	21,87	26,33	15,40	140,90
75°	487	10	8,90	19,83	24,50	13,57	124,15
100°	362	14	6,72	17,65	23,07	12,14	111,07
150°	139	14	1,03	11,96	20,77	9,84	90,03

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

Esses resultados são altamente promissores haja vista uma comparação simples: Carvalho et al. (2013) estudaram 42 genótipos de *Coffea arabica*, sendo 39 progênies em geração F₄, os quais apresentaram uma produtividade média de 38 sc/ha em oito colheitas em Minas Gerais. No experimento de *C. canephora* onde 21 progênies foram introduzidas e avaliadas em Mococa (SP), num primeiro ciclo de seleção, a produtividade média foi de 29 sc/ha. Levando-se em consideração toda a discussão realizada, poder-se-ia num segundo ciclo de seleção obtermos uma produtividade média em torno de 70 sc/ha, considerando a seleção dos 25 melhores indivíduos, o que é realmente muito significativo.

Na Tabela 13 é apresentada a classificação das progênies de *Coffea canephora*, do experimento em Mococa (SP), com base na estabilidade dos valores genotípicos (MHVG) referentes às análises conjuntas das seis colheitas, entre 1987 a 1992, e das colheitas consideradas de altas produções, 1990 e 1991.

A quantidade MHVG considera simultaneamente a estabilidade e a produção, penalizando as variações decorrentes da instabilidade climática. Em função disso o resultado é que a nova média acaba sendo ajustada por essa penalização, facilitando a seleção dos materiais mais produtivos, e ao mesmo tempo mais estáveis, garantido maior precisão e acurácia na classificação dos materiais (BORGES et al., 2010).

Tabela 13 - Classificação das progênes de *Coffea canephora*, do experimento em Mococa (SP), com base na estabilidade dos valores genotípicos (MHVG) referentes às análises conjuntas das seis colheitas, entre 1987 e 1992, e das colheitas consideradas de altas produções, 1990 e 1991

Ordem	Prog n°	1987 a 1992 kg/planta	Ordem	Prog n°	1990 e 1991* kg/planta
1°	14	12,78	1°	14	16,81
2°	16	12,53	2°	8	15,36
3°	8	10,93	3°	15	14,19
4°	15	10,81	4°	16	13,97
5°	13	10,73	5°	13	13,55
6°	7	9,78	6°	1	13,13
7°	5	8,94	7°	21	11,83
8°	21	8,38	8°	20	11,73
9°	4	8,37	9°	7	11,73
10°	1	8,37	10°	10	11,06
11°	10	7,94	11°	3	10,98
12°	20	7,81	12°	11	10,96
13°	3	7,80	13°	2	10,48
14°	9	7,52	14°	5	10,42
15°	11	7,47	15°	12	10,24
16°	2	6,79	16°	9	10,24
17°	12	6,18	17°	4	10,12
18°	6	5,87	18°	6	7,53
19°	17	3,01	19°	17	5,81
20°	18	2,94	20°	18	5,41
21°	19	2,74	21°	19	5,04

*1990 e 1991 = considerados anos de altas produções

Pelos valores apresentados, notou-se que tanto em seis colheitas quanto nos anos de altas produções houve 80% de coincidência considerando as onze primeiras progênies, alterando-se apenas as posições. As onze primeiras progênies produziram em média 9,96 kg, considerando as seis colheitas, e 13,12 kg nos anos de altas produções. A progênie 14 foi a primeira colocada nas duas situações, com 12,78 e 16,81 kg.planta⁻¹, respectivamente. As progênies 16, 8, 15 e 13 vieram logo a seguir, com altas produções, alterando-se apenas as suas posições nas classificações. Scapim et al. (2000) relatam que a maior estabilidade está relacionada à maior produção.

4.2 Experimento clonal (Campinas - SP)

Com base nos resultados da fase anterior (experimento de progênies em Mococa, SP) foi feita a seleção fenotípica individual, seguida de reprodução assexuada dos indivíduos superiores.

São apresentadas as análises de deviances (ANADEV), as significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT) e os componentes de variância para cada um dos efeitos das análises conjuntas das cinco colheitas realizadas entre 2008 e 2012 (Tabela 14); das quatro colheitas realizadas entre 2008 e 2011 (Tabela 15); das colheitas de 2008 e 2010, consideradas de baixas produções (Tabela 16) e das colheitas de 2009 e 2011, consideradas de altas produções (Tabela 17).

As produções médias de grãos, em kg de café da roça por planta, em cada ano foram: 0,98 em 2008; 4,07 em 2009; 1,41 em 2010; 8,59 em 2011 e 3,55 em 2012. Em 2010 houve um intenso veranico no mês de fevereiro em Campinas (informação cedida pelo Centro de Ecofisiologia e Biofísica do IAC), o que afetou demasiadamente a produção de grãos, pois ocorreu na fase de enchimento dos frutos. Isso fez com que os frutos tornam-se chochos (vazios ou parcialmente vazios), com pesos menores e conseqüentemente com produções reduzidas. A bienalidade produtiva, alternância entre altas e baixas produções, iniciou-se, então, em 2010.

Constatou-se que houve efeitos significativos, todos a 1% de probabilidade, entre os clones em todas as combinações de colheitas, com exceção dos anos de baixas produções. O maior efeito foi verificado na análise conjunta das colheitas com altas produções ($V_g = 6,3054$ - Tabela 17), seguido pela análise das quatro colheitas ($V_g = 2,0368$ - Tabela 15) e pelas colheitas realizadas durante cinco anos ($V_g = 1,7265$ - Tabela 14).

Tabela 14 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT) e os componentes de variância referentes à análise conjunta das cinco colheitas, entre 2008 e 2012, do experimento clonal de *Coffea canephora* em Campinas - SP

Efeito	ANADEV ¹	LRT (X^2) ²	Componentes de variância ³
Clones	5.624,20 ⁺	11,67 ^{**}	$V_g = 1,7265$
Parcelas	5.613,70 ⁺	1,17 ^{ns}	$V_{\text{parc}} = 0,1987$
Genótipos x Ambientes	5.959,74 ⁺	347,21 ^{**}	$V_{\text{ge}} = 4,0042$
Ambiente permanente	5.685,29 ⁺	72,76 ^{**}	$V_{\text{perm}} = 1,7088$
Resíduo	-	-	$V_e = 7,3734$
Modelo Completo	5.612,53		

* e **: X^2 (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade; ns = não significativo.

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

2: LRT = Teste de Razão da Verossimilhança, havendo distribuição com 1 grau de liberdade para o X^2 .

3: V_g = variância genotípica total; V_{parc} = variância ambiental entre parcelas; V_{ge} = variância da interação genótipos x ambientes; V_{perm} = variância do ambiente permanente; V_e = variância residual.

Tabela 15 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT) e os componentes de variância referentes à análise conjunta das quatro colheitas, entre 2008 e 2011, do experimento clonal de *Coffea canephora* em Campinas - SP

Efeito	ANADEV ¹	LRT (X^2) ²	Componentes de variância ³
Clones	4.419,13 ⁺	10,87 ^{**}	$V_g = 2,0368$
Parcelas	4.409,00 ⁺	0,74 ^{ns}	$V_{\text{parc}} = 0,1586$
Genótipos x Ambientes	4.686,78 ⁺	278,52 ^{**}	$V_{\text{ge}} = 3,9620$
Ambiente permanente	4.453,78 ⁺	45,52 ^{**}	$V_{\text{perm}} = 1,5323$
Resíduo	-	-	$V_e = 6,8395$
Modelo Completo	4.408,26		

* e **: X^2 (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade; ns = não significativo.

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

2: LRT = Teste de Razão da Verossimilhança, havendo distribuição com 1 grau de liberdade para o X^2 .

3: V_g = variância genotípica total; V_{parc} = variância ambiental entre parcelas; V_{ge} = variância da interação genótipos x ambientes; V_{perm} = variância do ambiente permanente; V_e = variância residual.

Tabela 16 - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT) e os componentes de variância referentes à análise conjunta das colheitas de 2008 e 2010, consideradas de baixas produções, do experimento clonal de *Coffea canephora* em Campinas - SP

Efeito	ANADEV ¹	LRT (X^2) ²	Componentes de variância ³
Clones	1.156,28 ⁺	1,88 ^{ns}	$V_g = 0,3287$
Parcelas	1.164,32 ⁺	9,92 ^{**}	$V_{\text{parc}} = 0,1595$
Genótipos x Ambientes	1.238,00 ⁺	83,60 ^{**}	$V_{\text{ge}} = 0,7586$
Ambiente permanente	1.154,42 ⁺	0,02 ^{ns}	$V_{\text{perm}} = 0,0171$
Resíduo	-	-	$V_e = 1,6011$
Modelo Completo	1.154,40		

* e **: X^2 (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade; ns = não significativo.

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

2: LRT = Teste de Razão da Verossimilhança, havendo distribuição com 1 grau de liberdade para o X^2 .

3: V_g = variância genotípica total; V_{parc} = variância ambiental entre parcelas; V_{ge} = variância da interação genótipos x ambientes; V_{perm} = variância do ambiente permanente; V_e = variância residual.

Tabela 17 - Análises de devianças (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT) e os componentes de variância aplicados à análise conjunta das colheitas de 2009 e 2011, consideradas de altas produções, do experimento clonal de *Coffea canephora* em Campinas - SP

Efeito	ANADEV ¹	LRT (X^2) ²	Componentes de variância ³
Clones	2.489,06 ⁺	9,97 ^{**}	$V_g = 6,3054$
Parcelas	2.479,69 ⁺	0,60 ^{ns}	$V_{\text{parc}} = 0,4823$
Genótipos x Ambientes	2.580,70 ⁺	101,61 ^{**}	$V_{\text{ge}} = 4,0825$
Ambiente permanente	2.583,49 ⁺	104,40 ^{**}	$V_{\text{perm}} = 7,9487$
Resíduo	-	-	$V_e = 6,4552$
Modelo Completo	2.479,09		

* ** : X^2 (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade; ns = não significativo.

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

2: LRT = Teste de Razão da Verossimilhança, havendo distribuição com 1 grau de liberdade para o X^2 .

3: V_g = variância genotípica total; V_{parc} = variância ambiental entre parcelas; V_{ge} = variância da interação genótipos x ambientes; V_{perm} = variância do ambiente permanente; V_e = variância residual.

Apenas nos anos de baixas produções ocorreram dois fatos que não seguiram as tendências observadas nas outras combinações: a significância no efeito entre parcelas ($V_{\text{parc}} = 0,1595$) e a não significância nos efeitos do ambiente permanente ($V_{\text{perm}} = 0,0171$). Já a variância da interação (V_{ge}) foi significativa em todas as combinações de colheitas, sendo seus valores bem próximos nas análises das cinco, quatro e dois anos de altas colheitas (V_{ge} próxima a 4,0000).

Na Tabela 18 são apresentados os coeficientes de determinação dos efeitos de interesse bem como as estimativas dos parâmetros genéticos e as produções médias das análises conjuntas realizadas nesse experimento.

As mesmas considerações feitas para o coeficiente de determinação dos efeitos de blocos (c_{blocos}^2) no experimento de progênies são válidas para o coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas (c_{parcelas}^2). No caso do experimento clonal a classificação desse coeficiente (efeito de blocos significativo e c_{blocos}^2 baixo) mostrou “grande homogeneidade ambiental, mas a capacidade de teste não foi boa e provavelmente o ganho genético será menor devido à interação genótipos x ambientes”. Os valores dos c_{parcelas}^2 do experimento clonal foram bem baixos.

Tabela 18 - Estimativas dos coeficientes de determinação, parâmetros genéticos e as produções médias referentes às análises das combinações das colheitas realizadas entre 2008 e 2012 no experimento clonal de *C. canephora* em Campinas - SP

Parâmetros ¹ /Colheitas ²	2008 a 2012	2008 a 2011	Baixa prod.	Alta prod.
$c_{parcelas}^2$	0,0132	0,0109	0,0557	0,0191
c_{ge}^2	0,2667	0,2727	0,2648	0,1615
c_{perm}^2	0,1138	0,1055	0,0060	0,3145
c_{res}^2	0,4913	0,4707	0,5588	0,2554
h_g^2	11,50	14,02	11,47	24,95
h_m^2	53,62	55,34	42,12	55,97
$CV_g(\%)$	35,32	37,95	48,18	39,67
$CV_e(\%)$	38,41	36,35	62,87	22,87
$CV_r(\%)$	0,92	1,04	0,77	1,73
r_{aa}	0,84	0,87	0,80	0,95
r_{gc}	0,30	0,34	0,30	0,61
\bar{X}	3,72	3,76	1,19	6,33

¹ c_{blocos}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c_{ge}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes; c_{perm}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos permanentes; c_{res}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos residuais; h_g^2 = herdabilidade no sentido amplo; h_m^2 = herdabilidade com base na média de clones; CV_g = coeficiente de variação genotípica; CV_e = coeficiente de variação residual; CV_r = coeficiente de variação relativa; r_{aa} = acurácia da seleção de clones; r_{gc} = correlação genotípica através das colheitas; \bar{X} = produção média de grãos em kg de café da roça/planta.

²2008 a 2012 = cinco colheitas; 2008 a 2011 = quatro colheitas; Baixa prod. = 2008 e 2010; Alta prod. = 2009 e 2011.

O maior valor foi verificado nos anos de baixas produções (0,0557, isto é, a variação entre parcelas dentro do bloco explicou 5,57% da variabilidade total dentro do bloco) e nas demais combinações de colheitas os valores foram praticamente semelhantes, próximo a 0,01.

Percebeu-se que houve uma maior variação no valor médio da produtividade entre as colheitas em Campinas (0,98 → 4,07 → 1,41 → 8,59 → 3,55 kg/planta), o que deve ter sido fator preponderante para que o coeficiente do efeito da interação genótipos x ambientes (c_{ge}^2) fosse elevado, entre 0,2727 e 0,1615, maior que o verificado em Mococa depois da recepa (0,1211 a 0,0152), porém menor que os exibidos nas seis primeiras colheitas (0,5275). Isso confirma que, na ocorrência de alguma adversidade climática a bienalidade da produção é

antecipada, provocando um efeito pronunciado da interação genótipos x ambientes, às vezes de maneira mais intensa, outras vezes mais branda. Apesar dessa acentuada flutuação verificada em Campinas, a mesma não comprometeu as estimativas dos principais parâmetros genéticos, ao contrário do cenário inicial verificado em Mococa que causou a exclusão das seis primeiras colheitas.

Os valores de c_{perm}^2 decresceram na seguinte ordem: 0,3145 (anos de altas produções), 0,2727 (quatro colheitas), 0,2667 (cinco colheitas) e 0,0060 (anos de baixas produções). Os menores valores de c_{perm}^2 foram verificados nos anos de baixas produções, tanto no experimento de progênies quanto no clonal. Uma das aplicações deste parâmetro c_{perm}^2 é mostrar a correlação ambiental das observações dentro das parcelas ao longo das medições, indicando que, quanto menor o seu valor, maior será a variação entre os ambientes de um ano para o outro e provavelmente maior será o coeficiente de variação ambiental.

Os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo (h_g^2), que engloba toda a variância genética explorada devido a clonagem, foram baixos, variando entre 11,50 e 24,95%. Apesar de baixos, notou-se que ainda há variância genética remanescente a ser explorada em uma próxima etapa.

Estimativas maiores foram obtidas nos coeficientes de herdabilidade com base na média dos clones (h_m^2), que foram próximos a 55%. Isso indica que a seleção deverá a ser efetuada nesse tipo de unidade. Outro ponto favorável é que ao se usar a média como unidade de avaliação/seleção haverá redução do erro experimental, pois na seleção de clones com base na média de várias repetições, haverá maior precisão seletiva.

Toda a discussão apresentada anteriormente sobre os coeficientes de variação genotípica (CV_g), experimental (CV_e), de variação relativa (CV_r) e a acurácia seletiva (r_{aa}) são válidas nesse experimento também.

A maior estimativa do coeficiente CV_g ocorreu nos anos de baixas produções (48,18%), porém isso poderia levar a conclusões equivocadas caso sejam ignorados os demais parâmetros.

Esse coeficiente, como dito antes, é uma relação entre a variância genética e a média do caráter. Como não houve variabilidade genética significativa nesses anos, a baixíssima média (1,19 kg/planta) fez com que esse coeficiente apresentasse elevada estimativa, já que a média é o denominador da razão. Nas demais combinações de anos, os valores de CV_g ficaram bem próximos, entre 35 e 40%. Notou-se que esses valores são maiores do que os estimados no experimento de progênies (em que variaram entre 23 e 29%), pois nesse último apenas a

variância genética aditiva é considerada, ao passo que no experimento clonal a de dominância e epistática também são incluídas. Nesse experimento clonal não houve uma tendência inversa de valores entre c_{ge}^2 e CV_g , como a verificada no experimento de progênies.

O menor CV_e foi obtido nos anos de altas produções (22,87%); para as cinco e quatro colheitas os valores foram praticamente os mesmos, 38 e 36% respectivamente. O ano de baixa produção apresentou o maior valor (62,87%). Adotando-se a proposta de Resende e Duarte (2007) para o CV_e (de acordo com os valores de CV_g , CV_r e o número de repetições), descrita no experimento de progênies, os valores aceitáveis deste coeficiente, considerando uma acurácia de 0,70, foram: $CV_e = 60\%$ para as cinco colheitas; $CV_e = 64\%$ para as quatro colheitas; $CV_e = 81\%$ para os anos de baixas produções e $CV_e = 67\%$ para os anos de altas produções. Portanto, nenhum dos CV_e do experimento clonal esteve acima dos valores ideais proposto pelos autores.

Os valores de CV_r estimados foram: 1,73 para os anos de altas produções; 1,04 para as quatro colheitas; 0,92 para as cinco colheitas e 0,77 para os anos de baixas produções. O CV_r ideal para experimento com três repetições é de 0,59 (estimado com base numa acurácia de 70% - Apêndice C). Portanto, todas as combinações, de acordo com esse parâmetro, foram favoráveis para a seleção.

As acurácias seletivas (r_{aa}) foram bem elevadas, acima de 80%, o que reforça a confiança na avaliação e nos valores genotípicos preditos. Resende (2002) preconiza $r_{aa} > 0,70$ para que haja confiabilidade na seleção.

O nível da interação pode ser melhor analisado quando se avalia a correlação do desempenho dos genótipos nos vários ambientes (no caso desse trabalho as colheitas) através das correlações genéticas entre os genótipos e as colheitas (r_{gc}). As estimativas de r_{gc} variaram entre 0,30 e 0,61, abaixo de 0,70, o que indica que, além da presença da interação, essa é do tipo complexa, isto é, resultando na troca de posições na classificação dos clones nas combinações das colheitas. Será visto mais adiante, ao apresentar a Tabela 22, que apesar da interação ser complexa as mudanças nos posicionamentos dos clones nas combinações dos anos não foi demasiadamente afetada. Para tentar amenizar o efeito dessa interação poderia-se optar, dentro das limitações operacionais do programa, por um aumento no número de colheitas. Nessa opção há desvantagens que precisam ser ponderadas para se chegar a uma decisão, pois duas ou três colheitas adicionais podem significar retardamento no desenvolvimento de uma cultivar e se ocorrer novamente uma adversidade climática esses anos adicionais poderão ser mais prejudiciais do que benéficos. É uma decisão nada fácil a ser tomada pelo melhorista, haja vista as condições ocorridas no experimento de progênies

discutidas anteriormente, postergando a seleção e todo o tempo gasto para desenvolver uma cultivar.

Na Tabela 19 encontram-se o número de colheitas necessárias para a seleção de acordo com os coeficientes de repetibilidade (r) e determinação (R^2) para as colheitas realizadas entre 2008 e 2012.

Estes coeficientes de repetibilidade variaram entre 0,0973 (considerando-se uma colheita) e 0,5640 (considerando-se doze colheitas). Para se atingir uma repetibilidade alta ($r \geq 0,60$) seriam necessárias mais de 12 colheitas, o que inviabilizaria o programa de melhoramento. Para se atingir o valor mínimo da repetibilidade classificada como média ($r > 0,30$) seriam necessárias quatro colheitas ($r = 0,3013$), porém com coeficiente de determinação de 63%. Para uma confiabilidade de 70% seriam necessárias cinco colheitas, número operacionalmente mais aceitável; seis colheitas elevariam este valor para 79,51% com uma repetibilidade próxima a 0,40. Percebeu-se, pelos valores dos coeficientes de repetibilidade e de determinação, que nos anos em que houve algum problema climático, como os ocorridos nas 12 colheitas do experimento de progênies ($c_{ga}^2 = 0,28$) e no experimento clonal ($c_{ga}^2 = 0,27$), há necessidade de realizar um maior número de medições do que em anos em que não há adversidades climáticas, como no período posterior às podas no experimento de progênies ($c_{ga}^2 = 0,12$), cuja repetibilidade foi maior em um menor período de tempo.

Na Tabela 20 é apresentada a classificação dos clones de *C. canephora* com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), bem como as médias (\bar{X}_m) e os ganhos genéticos esperados (G_s) após a seleção do conjunto de clones selecionados, referentes à análise conjunta das cinco colheitas, entre 2008 e 2012, em Campinas - SP.

Tabela 19 - Número de colheitas (η), de acordo com as estimativas dos coeficientes de repetibilidade (r) e de determinação (R^2), necessárias para a seleção clonal de *Coffea canephora* em Campinas (SP) considerando as colheitas realizadas entre 2008 e 2012

η	r	R^2		η	r	R^2
		%				%
1	0,0973	9,73		7	0,4301	84,08
2	0,1774	30,13		8	0,4631	87,34
3	0,2444	49,24		9	0,4924	89,72
4	0,3013	63,30		10	0,5188	91,51
5	0,3502	72,94		11	0,5425	92,88
6	0,3928	79,51		12	0,5640	93,95

Tabela 20 - Classificação dos clones de *C. canephora* com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), suas médias melhoradas (\bar{X}_m) e os ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de clones selecionados, referentes à análise conjunta das cinco colheitas, entre 2008 e 2012, em Campinas - SP

Ordem	Clone	f	g	u + g	\bar{X}_m	G_s	(continua)
							G_s (%)
		kg café roça/planta					
	n°						
1°	17	7,83	2,64	6,10	6,10	2,64	70,97
2°	21	6,05	1,56	5,03	5,57	2,10	56,45
3°	9	5,45	1,20	4,66	5,27	1,80	48,39
4°	10	5,02	0,94	4,40	5,05	1,58	42,47
5°	8	4,92	0,88	4,34	4,91	1,44	38,71
6°	13	4,73	0,76	4,23	4,80	1,33	35,75
7°	1	4,67	0,72	4,19	4,71	1,24	33,33
8°	11	4,62	0,69	4,16	4,64	1,17	31,45
9°	19	4,55	0,65	4,12	4,58	1,12	30,11
10°	24	4,33	0,52	3,99	4,52	1,06	28,49
11°	26	4,15	0,41	3,88	4,47	1,00	26,88
12°	12	3,95	0,29	3,76	4,41	0,94	25,27
13°	6	3,62	0,09	3,56	4,34	0,87	23,39
14°	20	3,53	0,04	3,51	4,28	0,81	21,77
15°	16	3,23	-0,14	3,33	4,22	0,75	20,16
16°	18	3,12	-0,21	3,26	4,16	0,69	18,55
17°	3	2,95	-0,31	3,15	4,10	0,63	16,94
18°	2	2,83	-0,38	3,08	4,04	0,58	15,59
19°	5	2,63	-0,50	2,96	3,99	0,52	13,98
20°	14	2,63	-0,50	2,96	3,93	0,47	12,63

Tabela 20 - Classificação dos clones de *C. canephora* com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), suas médias melhoradas (\bar{X}_m) e os ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de clones selecionados, referentes à análise conjunta das cinco colheitas, entre 2008 e 2012, em Campinas - SP (conclusão)

Ordem	Clone	f	g	u + g	\bar{X}_m	G_s	G_s (%)
	n°	kg café roça/planta					
21°	15	2,55	-0,55	2,91	3,89	0,42	11,29
22°	28	2,07	-0,85	2,62	3,83	0,36	9,68
23°	25	1,92	-0,94	2,53	3,77	0,30	8,06
24°	4	1,73	-1,05	2,42	3,72	0,25	6,72
25°	23	1,58	-1,14	2,33	3,66	0,19	5,11
26°	7	1,43	-1,23	2,24	3,61	0,14	3,76
27°	22	0,78	-1,62	1,85	3,54	0,07	1,88
28°	27	0,20	-1,97	1,49	3,47	0,00	0,00

f = média fenotípica; g = efeitos genotípicos totais; u+g = valor genotípico; \bar{X}_m = média melhorada esperada do conjunto de clones selecionados; G_s = ganho genético esperado na seleção.

Esse experimento, oriundo de uma seleção fenotípica feita no experimento de progênies avaliado em Mococa conforme já mencionado, foi realizado com o intuito de selecionar os melhores clones para dar início à próxima fase do programa. Nesse sentido o clone 17 apresentou o maior efeito genotípico ($\hat{g} = 2,64$ kg), seguido dos clones 21, 9, 10 e 8. Poderia-se selecionar entre 13 e 10 clones para a próxima fase, já que é recomendado que uma cultivar clonal de *C. canephora* seja formada por no mínimo oito materiais. Na seleção de 13 clones ter-se-ia uma média esperada após a seleção igual a 4,34 kg, correspondendo a um ganho genético (G_s) próximo a 23%. Como g é um desvio em relação à média, notou-se que o clone 16 (15° colocado) possui valor negativo para esse componente de média, isto é, está abaixo da média. Já a seleção dos 10 primeiros clones resultaria numa expectativa de uma média \bar{X}_m de 4,52 kg e um ganho genético aproximado de 29%.

Na Tabela 21 é apresentada a classificação dos clones de *C. canephora* com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), bem como as médias (\bar{X}_m) e os ganhos genéticos (G_s) esperados após a seleção do conjunto de clones selecionados, referentes à análise conjunta das quatro colheitas, entre 2008 e 2011, em Campinas - SP.

Os valores de \hat{g} observados nas quatro colheitas foram, na maioria, mais elevados do que na análise envolvendo cinco colheitas. Como a média \bar{X}_m é em função da média anterior à seleção (\hat{u}) e do valor dos efeitos genotípicos totais (\hat{g}) e como esses dois fatores foram superiores nas quatro colheitas (2008-2011), já seria esperada que \bar{X}_m das cinco colheitas (2008-2012) fosse menor que \bar{X}_m das quatro colheitas. Isso também refletiu no ganho com a seleção, já que esse é em função de \hat{g} . O valor de G_s nas quatro colheitas com treze clones selecionados (25,27%) foi ligeiramente superior ao ganho obtido nas cinco colheitas (23,39%), com mesma tendência do esperado no grupo selecionado de dez clones (30,32%). Como se nota, os ganhos podem ser considerados praticamente semelhantes. Uma última observação é em relação aos clones coincidentes: todos os treze primeiros clones estiveram presentes nas duas análises, alterando-se apenas o seu posicionamento. Nas demais posições não foram verificadas alterações significativas. Os clones 17, 21, 8, 13 destacaram-se por terem mantido as suas classificações independentemente do número de colheitas consideradas, especialmente os clones 17 e 21, primeiro e segundo colocados respectivamente. Alguns tiveram queda acentuada, tais como o clone 10 (de 4º lugar nas cinco colheitas para 12º lugar em quatro colheitas), em outros houve ascensões, como os clones 19 (de 9º lugar nas cinco colheitas para 4º lugar em quatro colheitas) e o 1 (de 7º lugar nas cinco colheitas para 3º lugar em quatro colheitas).

As mesmas estimativas são apresentadas na Tabela 22, considerando, porém apenas os anos de altas produções.

Constatou-se que os valores de \hat{g} foram bem superiores aos estimados anteriormente, variando entre 4,21 e 0,12 kg. Como dito anteriormente, com \hat{g} elevado e média geral alta, os demais parâmetros também foram de maiores magnitudes no conjunto de 13 clones. Assim, \bar{X}_m foi de 7,76 kg proporcionando um ganho de 38,81%. Caso o número de clones selecionados fosse reduzido para dez, a média \bar{X}_m aumentaria para 8,17 kg acompanhada por um progresso de 47,55%. Na comparação com a análise baseada nas cinco colheitas, apenas um clone não estaria em comum nas duas situações e com quatro colheitas todos os clones seriam os mesmos.

Tabela 21 - Classificação dos clones de *C. canephora* com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e os ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de clones selecionados, referentes à análise conjunta das quatro colheitas, entre 2008 e 2011, em Campinas - SP

Ordem	Clone	f	g	u + g	\bar{X}_m	G_s	(continua)
							G_s (%)
		kg café roça/planta					
	n°						
1°	17	7,94	2,54	6,30	6,30	2,54	67,55
2°	21	7,52	2,28	6,04	6,17	2,41	64,10
3°	1	5,36	0,97	4,73	5,69	1,93	51,33
4°	19	5,33	0,95	4,71	5,45	1,69	44,95
5°	8	5,33	0,95	4,71	5,30	1,54	40,96
6°	13	5,12	0,83	4,59	5,18	1,42	37,77
7°	9	5,11	0,82	4,58	5,10	1,33	35,37
8°	24	5,04	0,78	4,54	5,03	1,26	33,51
9°	11	4,91	0,70	4,46	4,96	1,20	31,91
10°	6	4,76	0,61	4,37	4,90	1,14	30,32
11°	12	4,54	0,47	4,24	4,84	1,08	28,72
12°	10	4,18	0,25	4,02	4,77	1,01	26,86
13°	26	4,16	0,24	4,00	4,72	0,95	25,27
14°	18	3,98	0,13	3,90	4,66	0,89	23,67
15°	16	3,76	0,00	3,76	4,60	0,83	22,07
16°	3	3,57	-0,12	3,65	4,54	0,78	20,74
17°	2	3,28	-0,29	3,47	4,48	0,71	18,88
18°	15	3,01	-0,46	3,30	4,41	0,65	17,29
19°	20	2,92	-0,51	3,25	4,35	0,59	15,69
20°	14	2,85	-0,56	3,21	4,29	0,53	14,10

Tabela 21 - Classificação dos clones de *C. canephora* com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e os ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de clones selecionados, referentes à análise conjunta das quatro colheitas, entre 2008 e 2011, em Campinas - SP

Ordem	Clone	f	g	u + g	\bar{X}_m	G_s	(conclusão)
							G_s (%)
n°		kg café roça/planta					
21°	5	2,36	-0,85	2,91	4,23	0,46	12,23
22°	23	1,97	-1,09	2,67	4,16	0,39	10,37
23°	28	1,96	-1,10	2,67	4,09	0,33	8,78
24°	25	1,88	-1,15	2,62	4,03	0,27	7,18
25°	4	1,60	-1,31	2,45	3,97	0,20	5,32
26°	7	1,33	-1,48	2,29	3,90	0,14	3,72
27°	22	1,19	-1,56	2,20	3,84	0,08	2,13
28°	27	0,40	-2,04	1,72	3,76	0,00	0,00

f = média fenotípica; g = efeitos genotípicos; u+g = valor genotípico; \bar{X}_m = média melhorada do conjunto de clones selecionados; G_s = ganho genético esperado na seleção.

Tabela 22 - Classificação dos clones de *C. canephora* com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e os ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de clones selecionados, referentes à análise conjunta das colheitas consideradas de altas produções, 2009 e 2011, em Campinas - SP

Ordem	Clone	f	g	u + g	\bar{X}_m	G_s	(continua)
							G_s (%)
		kg café roça/planta					
	n°						
1°	21	12,25	4,21	10,16	10,16	4,21	89,77
2°	17	11,46	3,68	9,63	9,89	3,95	84,22
3°	24	9,46	2,35	8,29	9,36	3,41	72,71
4°	19	9,38	2,29	8,24	9,08	3,13	66,74
5°	13	8,79	1,90	7,85	8,83	2,89	61,62
6°	6	8,46	1,68	7,62	8,63	2,69	57,36
7°	11	8,46	1,68	7,62	8,49	2,54	54,16
8°	1	8,42	1,65	7,60	8,38	2,43	51,81
9°	8	8,08	1,43	7,37	8,26	2,32	49,47
10°	9	8,04	1,40	7,35	8,17	2,23	47,55
11°	12	7,04	0,73	6,68	8,04	2,09	44,56
12°	26	6,67	0,48	6,43	7,90	1,96	41,79
13°	18	6,13	0,12	6,07	7,76	1,82	38,81
14°	16	5,83	-0,07	5,87	7,63	1,68	35,82
15°	3	5,54	-0,27	5,68	7,50	1,55	33,05
16°	15	5,50	-0,30	5,65	7,38	1,44	30,70
17°	14	4,96	-0,66	5,29	7,26	1,31	27,93
18°	2	4,96	-0,66	5,29	7,15	1,20	25,59
19°	20	4,50	-0,97	4,98	7,03	1,09	23,24
20°	10	4,17	-1,19	4,76	6,92	0,97	20,68

Tabela 22 - Classificação dos clones de *C. canephora* com base nas estimativas dos efeitos genotípicos totais (g), bem como as médias melhoradas (\bar{X}_m) e os ganhos genéticos esperados (G_s) do conjunto de clones selecionados, referentes à análise conjunta das colheitas consideradas de altas produções, 2009 e 2011, em Campinas - SP

Ordem	Clone	f	g	u + g	\bar{X}_m	G_s	(conclusão)
							G_s (%)
		kg café roça/planta					
	n°						
21°	5	3,67	-1,52	4,42	6,80	0,86	18,34
22°	23	3,29	-1,77	4,17	6,68	0,74	15,78
23°	28	2,79	-2,11	3,84	6,56	0,61	13,01
24°	25	2,75	-2,13	3,81	6,44	0,50	10,66
25°	4	2,13	-2,55	3,39	6,32	0,38	8,10
26°	22	1,92	-2,69	3,25	6,20	0,26	5,54
27°	7	1,83	-2,75	3,20	6,09	0,15	3,20
28°	27	0,00	-3,97	1,97	5,94	0,00	0,00

f = média fenotípica; g = efeitos genotípicos; u+g = valor genotípico; \bar{X}_m = média melhorada do conjunto de clones selecionados; G_s = ganho genético esperado na seleção.

Analisando-se as classificações dos anos de altas produções com as cinco colheitas ocorreram às seguintes oscilações: clone 24 passou da 10ª posição nas cinco colheitas para o 3º lugar nos de altas produções; clone 19 da 9ª posição para a o 4º lugar; clone 6 do 13º lugar para a 6ª posição. Já os clones 8 e 9 caíram cinco e oito posições, respectivamente.

Entre os anos de altas produções e as quatro colheitas observaram-se as seguintes alterações: o clone 24 passou da 8ª colocação nas quatro colheitas para o 3º lugar nos anos de altas produções; mesmo fato verificado no clone 6, que saltou da 10ª posição para o 6º lugar. O clone 1 foi o que mais perdeu posições, caindo do 3º lugar nas quatro colheitas para a 8ª posição nos anos de altas produções. O clone 8 teve desempenho similar.

Na Tabela 23 é apresentada a classificação dos clones de *Coffea canephora* com base na estabilidade dos valores genotípicos (MHVG) referentes às análises conjuntas das cinco colheitas, e suas combinações, dos experimentos em Campinas - SP.

Tabela 23 - Classificação dos clones de *Coffea canephora* com base na estabilidade dos valores genotípicos (MHVG) referentes às análises conjuntas das cinco colheitas, e suas combinações, dos experimentos em Campinas - SP

Ordem	Clone	2008 a 2012	Ordem	Clone	2008 a 2011	Ordem	Clone	2009 e 2011*
	n°	kg/planta		n°	kg/planta		n°	kg/planta
1°	17	5,28	1°	17	5,41	1°	21	10,27
2°	10	2,83	2°	21	3,76	2°	17	9,47
3°	21	2,80	3°	10	2,90	3°	11	8,06
4°	1	2,18	4°	1	2,50	4°	8	7,55
5°	9	2,01	5°	9	2,34	5°	13	7,44
6°	8	1,72	6°	8	2,26	6°	1	7,34
7°	13	1,62	7°	12	2,09	7°	6	7,11
8°	26	1,62	8°	26	2,05	8°	19	7,09
9°	20	1,52	9°	13	2,04	9°	24	6,97
10°	12	1,45	10°	18	1,87	10°	9	6,26
11°	11	1,44	11°	16	1,85	11°	18	5,78
12°	16	1,42	12°	11	1,72	12°	26	5,36
13°	18	1,39	13°	3	1,67	13°	2	4,99
14°	3	1,38	14°	20	1,65	14°	12	4,96
15°	28	0,97	15°	6	1,36	15°	15	4,39
16°	19	0,88	16°	28	1,10	16°	10	4,32
17°	5	0,77	17°	5	1,04	17°	16	3,84
18°	6	0,73	18°	19	1,00	18°	20	3,59
19°	7	0,69	19°	2	0,88	19°	14	3,45
20°	25	0,68	20°	4	0,86	20°	5	3,29
21°	14	0,49	21°	25	0,83	21°	3	3,26
22°	24	0,47	22°	7	0,70	22°	25	2,76
23°	27	0,46	23°	24	0,63	23°	28	2,47
24°	4	0,45	24°	27	0,58	24°	4	2,36
25°	2	0,38	25°	14	0,55	25°	22	2,31
26°	23	0,35	26°	23	0,51	26°	7	2,26
27°	15	0,33	27°	15	0,44	27°	23	2,06
28°	22	0,15	28°	22	0,35	28°	27	0,59

* 2009 e 2011 = considerados anos de altas produções.

Como foi visto anteriormente, apesar de ter sido constatada que a interação é do tipo complexa a mesma não afetou o grupo de clones selecionados quando foram considerados os treze primeiros colocados, isto é, os treze melhores sempre estiveram nas três combinações de colheitas e suas posições não se alteraram demasiadamente. A exceção foi o clone 10 que não esteve entre os treze nos anos de altas produções.

Outro fator que não deve gerar muita preocupação diante dessa interação complexa é que uma cultivar de *C. canephora* é composta por um conjunto de clones, que pode variar entre 8 e 15 materiais, o que amenizaria esse problema. Essa interação deve ser mais preocupante no caso de uma espécie em que uma cultivar é formada por apenas um clone, como é o caso das várias espécies em que se utiliza a clonagem.

A seleção realizada no experimento de progênies em Mococa que deu origem ao experimento clonal de Campinas foi com base no fenótipo da planta e em outros caracteres, além da produção. Além disso, essa seleção baseou-se nas 12 colheitas e não utilizou a metodologia estudada no presente trabalho. Por isso, a coincidência de plantas para a clonagem ordenadas pela seleção fenotípica com aquelas ordenadas pela metodologia REML/BLUP foi de apenas 20%, fato refletido na média geral do experimento de Campinas, ao redor de 3,70 kg/planta contra uma expectativa de 21,00 kg/planta selecionando-se os 30 melhores indivíduos para a clonagem via REML/BLUP.

5 CONCLUSÕES

5.1 Experimento de progênies

- A população de *Coffea canephora* introduzida da Costa Rica propiciou elevada variabilidade genética para a produção, passível de ser trabalhada ao longo dos anos;
- Em função das elevadas magnitudes dos efeitos genéticos, aditivos e genotípicos totais, e dos coeficientes de herdabilidade, essa população mostrou potencial genético tanto para um programa de seleção recorrente quanto para o desenvolvimento de cultivares clonais;
- Adversidades climáticas severas resultam em prejuízo para a seleção. Nessa situação, é preferível não considerar o período afetado e analisar os dados após a recuperação das plantas;
- A seleção baseada em seis colheitas forneceu estimativas de parâmetros e ganhos genéticos similares aos obtidos numa seleção baseada em duas colheitas de alta produção. Todavia, maior número de colheitas reproduz um cenário mais fidedigno da realidade do cafeicultor do que utilizar apenas anos de altas produções;
- Não houve alteração significativa nos indivíduos selecionados tanto na classificação considerando as seis colheitas quanto na de duas colheitas de alta produção, ocorrendo apenas alterações nas suas posições;
- É possível realizar seleção nas primeiras colheitas, desde que a interação genótipos x ambientes seja simples ou os anos sejam normais;
- Maior número de indivíduos selecionados, com ganhos genéticos mais modestos ao longo do tempo, dará maior sustentabilidade ao programa de melhoramento genético de *Coffea canephora* do Instituto Agronômico de Campinas;
- Os ganhos genéticos nas duas formas de propagações foram elevados e a seleção clonal proporcionou maiores ganhos do que a sexual.

5.2 Experimento clonal

- O conjunto de clones estudado mostrou variabilidade genética a ser explorada na seleção;
- Foi possível identificar clones com potencial produtivo adequado para a próxima etapa de seleção. Os superiores poderão em breve ser recomendados como cultivar clonal para o estado de São Paulo;
- A ocorrência de veranico antecipou a bienalidade da produção e provocou pronunciado efeito da interação genótipos x colheitas, não comprometendo, porém, as estimativas dos principais parâmetros genéticos e conseqüentemente a seleção;
- Apesar de a interação ter sido do tipo complexa as alterações nos posicionamentos dos clones nas combinações dos anos não foram demasiadamente prejudicadas;
- Sugere-se a seleção dos treze primeiros clones para o próximo ciclo seletivo, pois os valores dos efeitos genotípicos totais foram elevados;
- O ganho genético estimado, levando em consideração os efeitos genotípicos totais, nesse experimento, foi menor que o estimado no experimento de progênies.

5.3 Conclusões gerais

- Uma análise detalhada deverá ser realizada quando ocorrerem adversidades climáticas. Ela poderá ser ou não prejudicial ao programa, dependendo da sua magnitude e influência nos principais parâmetros genéticos que auxiliam a seleção;
- Mesmo sendo constituída por poucas progênies, a população-base inicial proporcionou suficiente variação genética para garantir sucesso de um programa de melhoramento;
- Na seleção recorrente, é necessário monitorar o tamanho efetivo e o grau de endogamia ao longo dos ciclos, principalmente devido ao tamanho relativamente pequeno da população-base inicial;
- Um programa de seleção recorrente deverá ser desenvolvido concomitantemente com o programa de seleção clonal.

REFERÊNCIAS

ALLARD, R.W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgar Blucer, 1971. 381 p.

BANCO DE DESENVOLVIMENTO DO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO. **Diagnóstico da cafeicultura capixaba: o café robusta no Espírito Santo**. Vitória, 1987. 88 p.

BARBIN, D. **Componentes de variância: teoria e aplicações**. Piracicaba: FEALQ, 1993. 120 p.

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

BLISKA, F.M.M.; MISTRO, J.C.; GUERREIRO FILHO, O.; FAZUOLI, L.C. Importância do café robusta como alternativa à geração de emprego e renda no estado de São Paulo. In: BLISKA, F.M.M.; GUERREIRO FILHO, G. (Ed.). **Prospecção de demandas na cadeia produtiva do café no estado de São Paulo**. Campinas: Publicações IAC, 2007. cap. 6, p. 53-57.

BORGES, V.; SOARES, A.A.; REIS, M.S.; RESENDE, M.D.V.; CORNÉLIO, V.M.O.; LEITE, N.A.; VIEIRA, A.R. Desempenho genotípico de linhagens de arroz em terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, p. 833-841, dez. 2010.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Comércio exterior da agropecuária brasileira principais produtos e mercados**. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/comunicacao/noticias/2012/12/mapa-publica-estudo-sobre-comercio-exterior-do-agronegocio>>. Acesso em: 17 dez. 2012.

BUENO FILHO, J.S.S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

BUENO FILHO, J.S.S.; GILMOUR, S.G. Planning incomplete block experiments when treatments are genetically related. **Biometrics**, Arlington, v. 59, n. 2, p. 375-381, June 2003.

BUENO FILHO, J.S.S.; VENCOVSKY, R. Selection in several environments by BLP an alternative to pooled Anova in crop breeding. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 33, n. 5, p. 1342-1350, set./out 2009.

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

CARVALHO, A. **Distribuição geográfica e classificação botânica do gênero *Coffea* com referencia especial à espécie arábica.** Campinas: IAC, 1946. (Separata dos Boletins da Superintendencia de Café).

CARVALHO, A.; FAZUOLI, L.C. Café. In: FURLANI, A.M.C.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **O melhoramento de plantas no Instituto Agrônômico.** Campinas: Instituto Agrônômico, 1993. v. 1, cap. 2, p. 29-76.

CARVALHO, G.R.; BOTELHO, C.E.; REZENDE, J.C.; FERREIRA, A.D.; CUNHA, R.L.; PEDRO, F.C. Comportamento de progênies F₄ de cafeeiros arábica, antes e após a poda tipo esqueletamento. **Coffee Science**, Lavras, v. 8, n. 1, p. 33-42, jan./mar. 2013.

CHARRIER, A.; BERTHAUD, J. Principles and methods in *Coffea* plant breeding: *Coffea canephora* Pierre. In: CLARK, R.J.; MACRAE, R. (Ed.). **Coffee agronomy.** London: Elsevier, 1988. v. 6, chap. 5, p. 167-195.

CHAVALIER, A. Les caféiers du globe. III. Systematique des caféiers et faux-caféiers. Maladies et insects. **Encyclopedie Biologique**, Paris, n. 28, fascicule III, mars. 1947.

CHAVES, L.J. Criterios para escoger genitores para un programa de selección recurrente. In: GUIMARÃES, E.P. (Ed.). **Selección recurrente en arroz.** Cali: CIAT, 1997. cap. 2, p. 13-23.

CILAS, C.; MONTAGNON, C.; BAR HEN, A. Yield stability in clones of *Coffea canephora* in the short and medium term: longitudinal data analyses and measures of stability over time. **Tree Genetics and Genomes**, Davis, v. 7, n. 2, p. 421-429, Apr. 2011.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de café.** Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_12_20_16_01_51_boletimcafe_de_zembro_2012.pdf>. Acesso em: 21 dez. 2012.

CONAGIN, C.H.T.M.; MENDES, A.J.T. Pesquisas citológicas e genéticas em três espécies de *Coffea*: auto-incompatibilidade em *Coffea canephora* Pierre ex Froehner. **Bragantia**. Campinas, v. 20, n. 34, p. 787-804, 1961.

COSTE, R. *Coffea*: the plant and the product. London: Macmillan, 1992. 328 p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.S.C. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. v. 2, 586 p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

DAVIS, A.P.; GOVAERTS, R.; BRIDSON, D.M.; STOFFELEN, P. An annotated taxonomic conspectus of the genus *Coffea* (*Rubiaceae*). **Botanical Journal of the Linnean Society**, London, v. 152, p. 465-512, July 2006.

DAVIS, A.P.; TOSH, J.; RUCH, N.; FAY, M.F. Growing coffee: *Psilanthus (Rubiaceae)* subsumed on the basis of molecular and morphological data, implications for the size, morphology, distribution and evolutionary history of *Coffea*. **Botanical Journal of the Linnean Society**, London, v. 167, p. 1-21, Dec. 2011.

DEVREUX, M.; VALLAYES, G.; POCHET, P.; GILLES, A. **Recherches sur l'autostérilité du caféier robusta (*Coffea canephora* Pierre)**. Publication INEA. Série Scientifique. 1959. 78 p.

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

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

DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, p. 109-117, jan./mar. 2001.

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

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279 p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Essex: Longman, 1996. 464 p.

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

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

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

FERRÃO, R.G.; FONSECA, A.F.A.; BRAGANÇA, S.M.; FERRÃO, G.M.A.G.; MUNER, L.H. **Café Conilon**. Vitória: Incaper, 2007. 702 p.

FERRÃO, R.G.; CRUZ, C.D.; FERREIRA, A.; CECON, P.R.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, A.F.A.; CARNEIRO, P.C.S.; SILVA, M.F. Parâmetros genéticos em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, p. 61-69, jan. 2008.

- FERRÃO, R.G.; FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, M.A.G.; VERDIN FILHO, A.C.; VOLPI, P.S.; MUNER, L.H.; LANI, J.A.; PREZOTTI, L.C.; VENTURA, J.A.; MARTINS, D.S.; MAURI, A.L.; MARQUES, E.M.G.; ZUCATELI, F. **Café Conilon: técnicas de produção com variedades melhoradas**. 14. ed. Vitória: Incaper, 2012. 73 p. (Circular Técnica, 3-I).
- FERREIRA, A.; CECON, P.R.; CRUZ, C.D.; FERRÃO, R.G.; SILVA, M.F.; FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, M.A.G. Seleção simultânea de *Coffea canephora* por meio da combinação de análise de fatores e índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, p. 1189-1195, dez. 2005.
- FERREIRA FILHO, D. **Estudo de expressão gênica em citros utilizando modelos mistos**. 2009. 125 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.
- FONSECA, A.F.A. **Análises biométricas em café conilon (*Coffea canephora* Pierre)**. 1999. 121 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1999.
- FONSECA, A.F.A.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D.; SAKIYAMA, N.S.; FERRÃO, R.G.; FERRÃO, M.A.G.; BRAGANCA, S.M. Repeatability and number of harvests required for selection in robusta coffee. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, n. 3, p. 325-329, out./dez. 2004.
- 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.
- 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**, London, v. 44, p. 571-586, Jan. 2004.
- GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. Piracicaba: ESALQ, 2000. 478 p.
- GUSMÃO, L. Inadequacy of blocking in cultivar yield trials. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 72, n. 1, p. 98-104, Jan. 1986.
- HELMS, R.W. Intentionally incomplete longitudinal designs: I. Methodology and comparison of some full span designs. **Statistics in Medicine**, Chichester, v.11, p. 1889-1913, Oct./Nov. 1992.
- HENDERSON, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Arlington, v. 31, p. 423-447, June 1975.
- INTERNATIONAL COFFEE ORGANIZATION. **Domestic consumption**. Disponível em: <dev.ico.org/historical/2000-09/PDF/DOMCONSUMPTION.pdf>;<dev.ico.org/historical/2010-19/PDF/CONSUMPTION.pdf>. Acesso em: 15 abr. 2012.
- _____. **Exporting countries: total production**. Disponível em: <www.ico.org/prices/po.htm>. Acesso em: 15 dez. 2013.

INSTITUTO BRASILEIRO DO CAFÉ. Processamento, classificação e armazenamento do café. In: _____. **Cultura do café no Brasil**: manual de recomendações. 4. ed. Rio de Janeiro, 1981. cap. 12, p. 421-460.

JOMAR FILHO, A.C. **Modelos lineares mistos: estruturas de matrizes de variâncias e covariâncias e seleção de modelos**. 2002. 85 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

KENNEDY, B.W. Bias and mean square error from ignoring genetic groups in mixed model sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, Amsterdam, v. 64, n. 4, p. 689-697, Apr. 1981.

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

LASHERMES, P.; COUTURON, E.; MOREAU, N.; PAILARD, M.; LOAURN, J. Inheritance and genetic mapping of self-incompatibility in *Coffea canephora* Pierre. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 93, n. 3, p. 458-462, 1996.

LEITE, C.A.M.; SILVA, M. A demanda de cafés especiais. In: ZAMBOLIM, L. (Ed.). **Café: produtividade, qualidade e sustentabilidade**. Viçosa: UFV, 2000. p. 51-89.

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

LEROY, T.; MONTAGNON, C.; CILAS, C.; YAPO, A.; CHARMETANT, P.; ESKES, A.B. Reciprocal recurrent selection applied to *Coffea canephora* Pierre. II. Genetic gains and results of first cycle intergroup crosses. **Euphytica**, Wageningen, v. 95, n. 3, p. 347-354, June 1997.

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

LITTELL, R.C.; MILLIKEN, G.A.; STROUP, W.W.; WOLFINGER, R.D. **SAS system for mixed models**. Cary: Statistical Analysis System Institute, 1996. 633 p.

MACKAY, I.J.; CALIGARI, P.D.S.; GIBSON, J.P. Accelerated recurrent selection. **Euphytica**, Wageningen, v. 105, n.1, p. 53-62, Jan. 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 genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, n. 1, p. 43-50, jan./mar. 2009.

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**, Brasília, v. 46, n. 12, p. 1657-1664, dez. 2011.

McCULLOCH, C.E.; SEARLE, S.R. **Generalized, linear and mixed models**. New York: John Wiley, 2001. 320 p.

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

MONTAGNON, C.; GUYOT, B.; CILAS, C.; LEROY, T. Genetic parameters of several biochemical compounds from green coffee, *Coffea canephora*. **Plant Breeding**, Berlin, v. 117, n. 6, p. 576-578, Dec. 1998.

MORAIS, O.P. Tamanho efetivo de lapoblación. In: GUIMARÃES, E.P. (Ed.). **Selección recurrente en arroz**. Cali: CIAT, 1997. cap. 3, p. 25-44.

OXFORD - COMMITTEE FOR FAMINE RELIEF. **The coffee market: a background study**. 2006. Disponível em: <www.oxfam.org/files/coffee.pdf>. Acesso em: 18 dez. 2012.

PASCOAL, L.N. **Aroma de café**. Campinas: Editora Fundação Educar, 1999. 159 p.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento de milho no Brasil**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. cap. 6, p. 217-265.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, London, v. 58, n. 2, p. 545-554, Dec. 1971.

PERECIN, D.; BARBOSA, J.C. Uma avaliação de seis procedimentos para comparações múltiplas. **Revista Matemática e Estatística**, Jaboticabal, n. 6, p. 95-103, 1988.

PEREIRA, M.B.; VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente: I. Fatores que afetam as frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 7, p. 769-780, jul. 1988.

PEREIRA, R.G.F.A.; BARBOSA, F.C.R.; LOPES, L.M.V.; CASTRO, D.P. Composição química do café obtido pela mistura em diferentes proporções da arábica (*Coffea arabica* L.), bebida riada e conilon (*C. canephora* Pierre) In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 1., 2000, Poços de Caldas. **Anais...** Poços de Caldas: Embrapa Café, 2000. p. 669-672.

PIEPHO, H.P. Best linear unbiased prediction (BLUP) for regional yield trials: a comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 89, n. 5, p. 647-654, Nov. 1994.

_____. Analysis of a randomized block design with unequal subclass numbers. **Agronomy Journal**, Madison, v. 89, n. 5, p. 718-723, Sept./Oct. 1997.

_____. Stability analysis using SAS. **Agronomy Journal**, Madison, v. 91, n. 1, p. 154-160, Jan./Feb. 1999.

- 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**, Malden, v. 189, n. 5, p. 310-322, Oct. 2003.
- PIEPHO, H.P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A.E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 1, p. 209-228, May 2008.
- PINTO JÚNIOR, J.E.; STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V.; RONZELLI JÚNIOR, P.R. Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do Estado de São Paulo. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 53, p. 79-108, 2006.
- RAMALHO, A.R.; ROCHA, R.B.; SOUZA, F.F.; TEIXEIRA, A.L; VENEZIANO, W. Progresso genético com a seleção de clones de conilon no estado de Rondônia. In: SIMPÓSIO DE PESQUISA DOS CAFÉS DO BRASIL, 7., 2011, Araxá. **Anais...** Araxá: Embrapa Café, 2011. 1 CD ROM.
- RAMALHO, M.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.B. **Genética na agropecuária**. 7. ed. São Paulo: Editora Globo, 2000. 359 p.
- RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: Editora UFLA, 2005. 322 p.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMAN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora UFG, 1993. 271p.
- RANGEL, P.H.N.; PEREIRA, J.A.; MORAIS, O.P.; GUIMARAES, E.P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio-Norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1595-1604, ago. 2000.
- REIS, E.F. **Ganhos preditos e realizados, por diferentes estratégias de seleção, em populações de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. 2000. 120 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.
- REIS, E.F.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 3, p. 685-692, maio/jun. 2004.
- RENA, A.B.; MAESTRI, M. Fisiologia do cafeeiro. In: RENA, A.B.; MALAVOLTA, E.; ROCHA, M.; YAMADA, Y.(Ed.). **Cultura do cafeeiro: fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: POTAFOS, 1986. cap. 2, p.13-85.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- _____. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007a. 561 p.

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

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

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

REZENDE, D.M.L.C.; FERREIRA, D.F.; MINIZ, J.A. Comparações de técnicas de análises de experimentos utilizando medidas repetidas no tempo. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 23, n. 4, p. 928-938, ago. 1999.

RIBOLDI, J.; FERNANDEZ, D.W.X.; CASTRO, S.M.J. Análise de observações simultâneas e medidas repetidas. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA, 41., 1996, São José do Rio Preto. **Anais...** São José do Rio Preto: UNESP, 1996. p. 44.

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

SCAPIM, C.A.; OLIVEIRA, V.R.; BRACCINI, A.L.; CRUZ, C.D.; ANDRADE, C.A.B.; VIDIGAL, M.C.G. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. **Genetic and Molecular Biology**, São Paulo, v. 23, n. 2, p. 387-393, June 2000.

SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C.E. **Variance components**. New York: John Wiley, 1992. 528 p.

SERA, T. Coffee genetic breeding at IAPAR. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, n. 2, p. 179-200, Apr. 2001.

SMITH, A.; CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. Analysing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustment for spatial field trend. **Biometrics**, Arlington, v. 57, n. 4, p. 1138-1147, Dec. 2001.

SMITH, R.F. A history of coffee. In: CLIFFORD, M.N.; WILSON, K.C. (Ed.). **Coffee: botany, biochemistry, and productions of beans and beverage**. New York: Croom Helms, 1985. chap. 1, p. 1-12.

SOUZA JÚNIOR, C.L. **Melhoramento de espécies de reprodução vegetativa**. Piracicaba: ESALQ, Departamento de Genética, 1995. 41 p. (Apostila).

_____. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES, M.C. (Ed). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. cap. 8, p. 159-199.

_____. Cultivar development of allogamous crops. **Crop Breeding and Applied Biotechnology S1**, Viçosa, special edition, p. 8-15, June 2011.

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

THOMAZIELLO, R.A.; FAZUOLI, L.C.; PEZZOPANE, J.R.M.; FAHL, J.I.; CARELLI, M.L.C. **Café arábica: cultura e técnicas de produção**. Campinas: IAC, 2000. 82 p. (Boletim Técnico, 187).

TRUGO, L. Coffee: analysis of coffee products. In: CABALLERO, B.; TRUGO, L.; FINGLAS, P. (Ed.). **Encyclopedia of food sciences and nutrition**. 2nded. San Diego: Academic Press, 2003. p. 1498-1506.

VAYEGO, S.A.; DIONELLO, N.J.L.; FIGUEIREDO, E.A.P. Estimativas de parâmetros e tendências genéticas para algumas características de importância econômica em linhagem paterna de frangos de corte sob seleção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 7, p. 1230-1235, jul. 2008.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção e milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, cap. 5, p. 137-214.

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

APÊNDICES

APÊNDICE A - Análises de deviances (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes à análise conjunta das colheitas realizadas entre 1979 e 1984, antes das podas das plantas, no experimento de progênes de *Coffea canephora* em Mococa, SP

Efeito	ANADEV ¹	LRT (X^2) ²	Componentes de variância ³	Coeficientes de determinação ⁴
Progênes	11.416,94 ⁺	1,07 ^{ns}	$V_a = 0,1012$	$h_i^2 = 0,0289$ ($h_m^2 = 0,06$)
Blocos	11.422,79 ⁺	6,92 ^{**}	$V_{\text{blocos}} = 0,7096$	$c_{\text{blocos}}^2 = 0,0202$
Progênes x Colheitas	13.581,45 ⁺	2.165,58 ^{**}	$V_{ge} = 18,4867$	$c_{ge}^2 = 0,5275$
Ambiente permanente	11.728,02 ⁺	312,15 ^{**}	$V_{\text{perm}} = 4,5029$	$c_{\text{perm}}^2 = 0,1285$
Resíduo	-	-	$V_e = 11,2479$	$c_{res}^2 = 0,3209$
Modelo Completo	11.415,87			$c_{total}^2 = 1,0000$
\bar{X}	4,46			$r_{gc} = 0,0560$

* e **: X^2 (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade; ns = não significativo;

1 : ⁺ = deviance do modelo ajustado sem os efeitos correspondentes;

2: LRT = Teste de Razão da Verossimilhança, havendo distribuição com 1 grau de liberdade para o X^2 ;

3: V_a = variância genética aditiva; V_{blocos} = variância ambiental entre blocos; V_{ge} = variância da interação genótipos x ambientes; V_{perm} = variância do ambiente permanente; V_e = variância residual;

4: h_i^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; h_m^2 = herdabilidade com base na média de progênes; c_{blocos}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c_{ge}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes; c_{perm}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos do ambiente permanente; c_{res}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos residuais; r_{gc} = correlação genotípica entre as colheitas; \bar{X} = produção média de frutos em kg de café da roça/planta.

APÊNDICE B - Análises de devianças (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes às colheitas individuais realizadas entre 1987 e 1992, após as podas das plantas, no experimento de progênes de *Coffea canephora* em Mococa, SP

(continua)

1987 - Primeira colheita (Produção média = 9,25 kg/planta)					
Efeito	ANADEV ¹	LRT (X ²) ²	Componentes de variância ³	Coeficientes de determinação ⁴	
Progênes	2.512,03 ⁺	74,95 ^{**}	V _a = 47,3978	h_i^2	= 0,8503 ($h_m^2 = 0,82$)
Blocos	2.441,89 ⁺	4,81 [*]	V _{blocos} = 3,6794	c_{blocos}^2	= 0,0660
Resíduo	-	-	V _e = 4,6633	c_{res}^2	= 0,0837
Modelo Completo	2.437,08			c_{total}^2	= 1,0000
1988 - Segunda colheita (Produção média = 7,01 kg/planta)					
Progênes	2.180,61 ⁺	25,76 ^{**}	V _a = 14,0324	h_i^2	= 0,4335 ($h_m^2 = 0,70$)
Blocos	2.157,21 ⁺	2,36 ^{ns}	V _{blocos} = 1,8136	c_{blocos}^2	= 0,0560
Resíduo	-	-	V _e = 16,5273	c_{res}^2	= 0,5105
Modelo Completo	2.154,85			c_{total}^2	= 1,0000

APÊNDICE B - Análises de devianças (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes às colheitas individuais realizadas entre 1987 e 1992, após as podas das plantas, no experimento de progênies de *Coffea canephora* em Mococa, SP

(continuação)

1989 - Terceira colheita (Produção média = 5,51 kg/planta)				
Efeito	ANADEV ¹	LRT (X ²) ²	Componentes de variância ³	Coefficientes de determinação ⁴
Progênies	2.174,51 ⁺	55,83 ^{**}	V _a = 23,8479	$h_i^2 = 0,7318$ ($h_m^2 = 0,80$)
Blocos	2.119,24 ⁺	0,56 ^{ns}	V _{blocos} = 0,7740	$c_{blocos}^2 = 0,0237$
Resíduo	-	-	V _e = 7,9673	$c_{res}^2 = 0,2445$
Modelo Completo	2.118,68			$c_{total}^2 = 1,0000$
1990 - Quarta colheita (Produção média = 10,73 kg/planta)				
Progênies	2.539,76 ⁺	38,43 ^{**}	V _a = 38,5871	$h_i^2 = 0,5700$ ($h_m^2 = 0,83$)
Blocos	2.502,46 ⁺	1,13 ^{ns}	V _{blocos} = 2,4533	$c_{blocos}^2 = 0,0362$
Resíduo	-	-	V _e = 26,6543	$c_{res}^2 = 0,3938$
Modelo Completo	2.501,33			$c_{total}^2 = 1,0000$

APÊNDICE B - Análises de devianças (ANADEV), significâncias do teste de razão da verossimilhança (LRT), componentes de variância e os coeficientes de determinação referentes às colheitas individuais realizadas entre 1987 e 1992, após as podas das plantas, no experimento de progênies de *Coffea canephora* em Mococa, SP

(conclusão)

1991 - Quinta colheita (Produção média = 10,83 kg/planta)					
Efeito	ANADEV ¹	LRT (X ²) ²	Componentes de variância ³	Coeficientes de determinação ⁴	
Progênies	2.559,57 ⁺	58,89 ^{**}	V _a = 54,2905	h_i^2	= 0,7500 ($h_m^2 = 0,80$)
Blocos	2.504,27 ⁺	3,59 ^{ns}	V _{blocos} = 4,2014	c_{blocos}^2	= 0,0580
Resíduo	-	-	V _e = 13,8874	c_{res}^2	= 0,1920
Modelo Completo	2.500,68			c_{total}^2	= 1,0000
1992 - Sexta colheita (Produção média = 6,72 kg/planta)					
Progênies	2.364,81 ⁺	5,47 [*]	V _a = 7,7548	h_i^2	= 0,1636 ($h_m^2 = 0,48$)
Blocos	2.360,79 ⁺	1,45 ^{ns}	V _{blocos} = 2,1483	c_{blocos}^2	= 0,0453
Resíduo	-	-	V _e = 37,5048	c_{res}^2	= 0,7911
Modelo Completo	2.359,34			c_{total}^2	= 1,0000

* e **: X² (Qui-quadrado) tabelado: significativo a 5% (3,84) e 1% (6,63) de probabilidade; ns = não significativo;

1 : ⁺ = deviance do modelo ajustado sem os efeitos correspondentes;

2: LRT = Teste de Razão da Verossimilhança, havendo distribuição com 1 grau de liberdade para o X²;

3: V_a = variância genética aditiva; V_{blocos} = variância ambiental entre blocos; V_e = variância residual;

4: h_i^2 = herdabilidade individual no sentido restrito; h_m^2 = herdabilidade com base na média de progênies;

c_{blocos}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos; c_{res}^2 = coeficiente de determinação dos efeitos residuais.

APÊNDICE C - Valores de acurácia seletiva para diversos coeficientes de variação relativa (CV_r) sob diferentes números de repetições (b)

CV_r	b											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	20	30	40
0,10	0,14	0,17	0,20	0,22	0,24	0,26	0,27	0,29	0,30	0,41	0,48	0,53
0,20	0,27	0,33	0,37	0,41	0,44	0,47	0,49	0,51	0,53	0,67	0,74	0,78
0,25	0,33	0,40	0,45	0,49	0,52	0,55	0,58	0,60	0,62	0,75	0,81	0,85
0,30	0,39	0,46	0,51	0,56	0,59	0,62	0,65	0,67	0,69	0,80	0,85	0,88
0,40	0,49	0,57	0,62	0,67	0,70	0,73	0,75	0,77	0,78	0,87	0,91	0,93
0,50	0,58	0,65	0,71	0,75	0,77	0,80	0,82	0,83	0,85	0,91	0,94	0,95
0,60	0,65	0,72	0,77	0,80	0,83	0,85	0,86	0,87	0,88	0,94	0,96	0,97
0,70	0,70	0,77	0,81	0,84	0,86	0,88	0,89	0,90	0,91	0,95	0,97	0,98
0,75	0,73	0,79	0,83	0,86	0,88	0,89	0,90	0,91	0,92	0,96	0,97	0,98
0,80	0,75	0,81	0,85	0,87	0,89	0,90	0,91	0,92	0,93	0,96	0,97	0,98
0,90	0,79	0,84	0,87	0,90	0,91	0,92	0,93	0,94	0,94	0,97	0,98	0,98
1,00	0,82	0,87	0,89	0,91	0,93	0,94	0,94	0,95	0,95	0,98	0,98	0,99
1,25	0,87	0,91	0,93	0,94	0,95	0,96	0,96	0,97	0,97	0,98	0,99	0,99
1,50	0,90	0,93	0,95	0,96	0,96	0,97	0,97	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99
1,75	0,93	0,95	0,96	0,97	0,97	0,98	0,98	0,98	0,98	0,99	0,99	1,00
2,00	0,94	0,96	0,97	0,98	0,98	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00
2,25	0,95	0,97	0,98	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00
2,50	0,96	0,97	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00
2,75	0,97	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00
3,00	0,97	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00
3,25	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00
3,50	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
3,75	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
4,00	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00

Tabela extraída do artigo publicado por Resende e Duarte (2007).

APÊNDICE D - Valores alternativos dos coeficientes de variação genotípica (CV_g) e experimental (CV_e), expressos em percentagem, necessários para conseguir acurácias em torno de 90% na avaliação genotípica, sob diferentes números de repetições (b)

b = 2		b = 3		b = 4		b = 5		b = 6	
$CV_r = 1,50$		$CV_r = 1,20$		$CV_r = 1,01$		$CV_r = 0,90$		$CV_r = 0,82$	
CV_g	CV_e								
5,0	3,0	5,0	4,0	5,0	5,0	5,0	6,0	5,0	6,0
10,0	7,0	10,0	8,0	10,0	10,0	10,0	11,0	10,0	12,0
15,0	10,0	15,0	13,0	15,0	15,0	15,0	17,0	15,0	18,0
20,0	13,0	20,0	17,0	20,0	20,0	20,0	22,0	20,0	24,0
25,0	17,0	25,0	21,0	25,0	25,0	25,0	28,0	25,0	30,0
30,0	20,0	30,0	25,0	30,0	30,0	30,0	33,0	30,0	37,0
35,0	23,0	35,0	29,0	35,0	35,0	35,0	39,0	35,0	43,0
40,0	27,0	40,0	33,0	40,0	40,0	40,0	44,0	40,0	49,0
45,0	30,0	45,0	38,0	45,0	45,0	45,0	50,0	45,0	55,0
50,0	33,0	50,0	42,0	50,0	50,0	50,0	56,0	50,0	61,0
55,5	37,0	55,5	46,0	55,5	54,0	55,5	61,0	55,5	67,0
60,0	40,0	60,0	50,0	60,0	59,0	60,0	67,0	60,0	73,0
65,0	43,0	65,0	54,0	65,0	64,0	65,0	72,0	65,0	79,0
70,0	47,0	70,0	58,0	70,0	69,0	70,0	78,0	70,0	85,0
75,0	50,0	75,0	63,0	75,0	74,0	75,0	83,0	75,0	91,0
80,0	53,0	80,0	67,0	80,0	79,0	80,0	89,0	80,0	98,0
90,0	60,0	90,0	75,0	90,0	89,0	90,0	100,0	90,0	110,0
95,0	63,0	95,0	79,0	95,0	94,0	95,0	106,0	95,0	116,0
100,0	67,0	100,0	83,0	100,0	99,0	100,0	111,0	100,0	122,0

Tabela extraída do artigo publicado por Resende e Duarte (2007)